



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DE LONDRINA

JOSÉ DOS SANTOS NETO

**PRÉ-MELHORAMENTO DE FEIJÃO PARA O CONSUMO DE
VAGEM**

Londrina
2021

JOSÉ DOS SANTOS NETO

**PRÉ-MELHORAMENTO DE FEIJÃO PARA O CONSUMO DE
VAGEM**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Estadual de Londrina - UEL, como requisito para a obtenção do título de Doutor em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Leandro Simões Azeredo Gonçalves

Coorientadora: Profa. Dra. Vânia Moda Cirino

Londrina
2021

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UEL

S237 Santos Neto, José.
PRÉ-MELHORAMENTO DE FEIJÃO PARA O CONSUMO DE VAGEM / José Santos Neto. - Londrina, 2021.
176 f.

Orientador: Leandro Simões Azeredo Gonçalves .
Coorientador: Vânia Moda Cirino.
Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual de Londrina, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, 2021.
Inclui bibliografia.

1. Phaseolus vulgaris L. - Tese. 2. Banco de germoplasma - Tese. 3. Melhoramento Genético - Tese. 4. Olericultura - Tese. I. Simões Azeredo Gonçalves , Leandro. II. Moda Cirino, Vânia. III. Universidade Estadual de Londrina. Centro de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. IV. Título.

CDU 63

JOSÉ DOS SANTOS NETO

PRÉ-MELHORAMENTO DE FEIJÃO PARA O CONSUMO DE VAGEM

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Estadual de Londrina - UEL, como requisito para a obtenção do título de Doutor em Agronomia.

BANCA EXAMINADORA

Orientador: Prof. Dr. Leandro Simões Azeredo
Gonçalves
Universidade Estadual de Londrina – UEL

Profa. Dra. Vânia Moda Cirino
Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná –
IAPAR – EMATER (IDR-Paraná)

Prof. Dr. Carlos Alberto de Bastos Andrade
Universidade Estadual de Maringá – UEM

Prof. Dr. Claudemir Zucareli
Universidade Estadual de Londrina – UEL

Dr. Marcos Aparecido Gimenes
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Profa. Dra. Rosana Rodrigues
Universidade Estadual do Norte Fluminense
Darcy Ribeiro – UENF

Londrina, 05 de março de 2021.

Dedico este trabalho ao meu pai, Celso dos Santos (*in memoriam*).

AGRADECIMENTOS

Muitas mãos contribuíram para a realização dessa tese, para que ideias e projetos se tornassem ações e resultados. Agradeço primeiro a Deus, que em sua infinita sabedoria e bondade nos dá o dom da vida e o livre arbítrio para fazermos nossas escolhas. Obrigado Senhor por iluminar o meu caminho.

Agradeço ao meu orientador, Professor Dr. Leandro Simões Azeredo Gonçalves, pela oportunidade de fazer o doutorado, pela confiança no êxito desse projeto, por toda dedicação e conhecimentos transmitidos.

Agradeço à Dra Vânia Moda Cirino, principal responsável para que esse projeto pudesse realmente acontecer. Obrigado por acreditar em mim, por não ter medido esforços para que eu pudesse iniciar essa jornada em 2016, por todos os ensinamentos repassados, pelos conselhos e amizade.

Agradeço à Universidade Estadual de Londrina – UEL e ao Programa de Pós-graduação em Agronomia da UEL pelo suporte na realização da tese e por terem contribuído de modo significativo na minha formação profissional.

Agradeço ao Instituto Agrônômico do Paraná - IAPAR, hoje denominado IDR-Paraná. Em 2012, com 24 anos de idade, iniciei minha vida profissional como servidor do IAPAR, desde então, aprendi muito com a Instituição e com seus colaboradores e tenho muito orgulho de fazer parte da história do IAPAR. Vou me esforçar ao máximo para que toda capacitação que recebi no doutorado seja colocada em prática e para que o IDR-Paraná possa entregar tecnologias, produtos e serviços de excelência para a sociedade paranaense.

Agradeço a minha família. Minha esposa Debora Lachner por ter aceitado comigo o desafio de fazer o doutorado, me incentivado nos momentos de fraqueza e cuidado de nossa família com amor e carinho nos períodos em que não pude estar presente. Agradeço aos meus filhos, Helena e Francisco, que com alegria e ternura, mesmo não sabendo direito o que eu estava fazendo, me deram força para continuar.

Agradeço aos meus pais, Celso dos Santos e Neiva Ap Nunes dos Santos, que me guiaram desde os primeiros passos e me ensinaram que fé, trabalho, honestidade e humildade são as únicas ferramentas que devem ser utilizadas para alcançar os nossos objetivos.

Agradeço aos meus sogros, Maria Cristina Lachner e Paulo Roberto Lachner, e a Sandra Ap. da Silva, por todo o suporte e por cuidarem tão bem da Helena e do Francisco quando foi necessário.

Agradeço à Jéssica Delfini de Paula Iácono, sua contribuição foi essencial para que esse trabalho pudesse ser realizado. Obrigado pela amizade e companheirismo, pelas ideias e pela ajuda nas análises estatísticas e de marcadores moleculares.

Agradeço aos estagiários que passaram pelo Setor de Recursos Genéticos e pelos projetos de melhoramento de feijão ao longo desses quatro anos. Obrigado por todo empenho e dedicação, por terem me ajudado em dias de muito calor, de chuva, durante os recessos de fim de ano e fora do horário de trabalho. Obrigado Abiezer Santana Dalolio, André Sarabia Zamarian, Camila Maria do Carmo, Debora Bianca Jumes, Deyvid Willian Jumes, Giovana dos Santos, Guilherme Vinicius Amorim, Gustavo Ruotulo, Leonardo Miguel dos Santos, Letícia Elisiane Beluzzo e Rita de Cassia Cortez.

Agradeço ao Laboratório de Ecofisiologia e Biotecnologia Agrícola (LEBA) da Universidade Estadual de Londrina – UEL, em especial ao Alison Fernando Nogueira, Leonel Vinicius Constantino, Aida Satie e Silas Mian por terem realizado as análises bioquímicas, e ao Douglas Mariani Zeffa pelo suporte nas análises estatísticas.

Agradeço aos companheiros de trabalho do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná), Paulo Cezar Lopes, Adair Moares e Pedro Inocêncio por não terem hesitado em me ajudar quando foi necessário. Agradeço a Área de Melhoramento e Propagação Vegetal do IDR-Paraná e aos colegas de área pela oportunidade de conviver e aprender muito com profissionais de excelência. Obrigado ao coordenador Dr. Wilmar Ferreira Lima pelo apoio e respaldo nos momentos necessários.

Agradeço ao Laboratório de Solos e Tecidos Vegetais do IDR-Paraná, em especial à Rosinei Ap. de Souza e a equipe do laboratório que auxiliaram na realização das análises de caracterização nutricional.

Agradeço aos membros da banca por terem aceitado o convite e pela dedicação despendida para a melhoria da tese. Tenho certeza de que todas as sugestões proporcionarão a construção de um trabalho melhor.

“Quanto mais e melhor souberes, tanto mais severamente hás de ser julgado se não viveres mais santamente. Não te envaideças, pois, de qualquer arte ou ciência; teme antes pelas luzes que recebeste. Se te parece que sabes e compreendes bem muitas coisas, tem por certo que muito mais são as que ignoras. Não te ensoberbeças, antes confessa a tua ignorância.”

(Tomás de Kempis)

SANTOS NETO, José. **Pré-melhoramento de feijão para o consumo de vagem**. 2021. 176 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2021.

RESUMO

O feijão-de-vagem pertence a mesma espécie do feijão comum e está entre as mais importantes olerícolas cultivadas no mundo. Um dos principais desafios para a produção de vagem é a disponibilidade de cultivares produtivas e adaptadas as condições locais de cultivo. Para o desenvolvimento de novas cultivares é necessário a variabilidade genética, a qual é acessada por meio da caracterização dos bancos de germoplasma. Desse modo, objetivou-se com o presente trabalho (i) determinar a diversidade genética dos acessos de feijão-de-vagem do banco de germoplasma do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná), (ii) avaliar a produtividade de vagens, componentes de rendimento e teor nutricional dos acessos de feijão-de-vagem de hábito determinado, (iii) avaliar a adaptabilidade e estabilidade de 20 acessos de hábito determinado, selecionados na etapa anterior, em diferentes locais do estado do Paraná. Para avaliar a diversidade genética, 102 acessos de hábito de crescimento determinado e indeterminado foram caracterizados de acordo com descritores morfoagronômicos propostos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA, descritores relacionados a componentes de produção e por meio de marcadores moleculares AFLP. A avaliação de produtividade, componentes de produção e teor nutricional de 60 acessos de hábito determinado foi realizada em duas safras no município de Londrina – PR. Os 20 acessos de hábito determinado com melhor desempenho agrônômico foram avaliados quanto à adaptabilidade e estabilidade de produção em cinco ambientes no Paraná. A caracterização morfoagronômica e molecular permitiu diferenciar os acessos de hábito de crescimento determinados e indeterminado e caracterizar a diversidade genética do banco de germoplasma. Na avaliação agrônômica e nutricional com todos os acessos de hábito determinado, variedades tradicionais demonstraram maior dissimilaridade genética, no entanto cultivares e linhagens foram mais produtivas. Considerando as avaliações fenotípicas e a diversidade genética entre os acessos avaliados, foram selecionados 20 acessos, sendo duas variedades tradicionais: Idaho Refugee e Saxa; sete cultivares: Alessa, Clarke, Macarrão Baixo, Napoli, Savannah, Vicenza e Zigane; e 11 linhagens: HAB404, HAB407, HAB415, HAB427, HAB428, HAB432, HAB440, HAB441, HAB443, HAB447 e UEL 2. Nas avaliações em diferentes ambientes do Estado do Paraná foram selecionados genótipos divergentes geneticamente, mais produtivos, com maior teor nutricional nas vagens, estáveis e adaptados. Para maior potencial agrônômico foram selecionados os acessos HAB 428, HAB 440, HAB 441, HAB 443, Clark e Napoli. Considerando o teor nutricional nas vagens foram selecionados os acessos HAB 440, HAB 441, Idaho Refugee, Napoli, Savannah e Vicenza. Os acessos HAB 440, HAB 441 e Napoli foram selecionados tanto para melhoria do desempenho agrônômico, quanto para aumento do teor nutricional das vagens. Os nove acessos selecionados poderão ser utilizados em blocos de cruzamento para iniciar o programa de melhoramento genético de feijão-de-vagem do IDR-Paraná.

Palavras-chave: *phaseolus vulgaris*; banco de germoplasma; melhoramento genético; qualidade nutricional; biofortificação; olericultura.

SANTOS NETO, José. **Pre-breeding common beans for pod consumption**. 2021. 176 p. Doctoral Thesis in Agronomy – Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2021.

ABSTRACT

Snap bean belong to the same specie as common bean and is among the most important cultivated vegetables in the world. One of the main challenges for snap bean production is the availability of productive cultivars adapted to local growing conditions. The development of new cultivars requires genetic variability, which is accessed through the characterization of germplasm banks. This study aimed to (i) determine the genetic diversity of the germplasm bank snap bean accesses of the Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná), (ii) evaluate the productivity, yield components and nutritional content of the bush snap beans accesses, (iii) evaluate the adaptability and stability of 20 bush accessions, selected in the previous stage, in different locations in the state of Paraná. To evaluate genetic diversity, 102 bush and climbing snap beans accessions were characterized by morphoagronomic descriptors proposed by the Ministry of Agriculture, Livestock and Supply – MAPA, descriptors related to production components and AFLP molecular markers. The yield, yield components and nutritional content evaluation of 60 bush accessions was carried out in two harvests in Londrina - PR. The 20 bush accessions with better agronomic performance were evaluated for adaptability and stability in five environments in Paraná. Morphoagronomic and molecular characterization allowed the differentiation of the bush and climbing accessions and to characterize the diversity of the germplasm bank. In the agronomic and nutritional evaluation with all bush accessions traditional varieties showed greater genetic dissimilarity, however cultivars and lines were more productive. Considering the phenotypic evaluations and genetic diversity among the evaluated accessions, 20 accessions were selected, being two traditional varieties: Idaho Refugee and Saxa; seven cultivars: Alessa, Clarke, Macarrão Baixo, Napoli, Savannah, Vicenza and Zigane; and 11 strains: HAB404, HAB407, HAB415, HAB427, HAB428, HAB432, HAB440, HAB441, HAB443, HAB447 and UEL 2. In the evaluations in different environments of the State of Paraná, genotypes with genetic divergence, greater productive potential, nutritional content in pods, stable and adapted were selected. The selected accessions with the greatest agronomic potential were HAB 428, HAB 440, HAB 441, HAB 443, Clark and Napoli. Considering the nutritional content in the pods were selected HAB 440, HAB 441, Idaho Refugee, Napoli, Savannah and Vicenza. Accessions HAB 440, HAB 441 and Napoli were selected both to improve agronomic performance and to increase the nutritional content of the pods. The nine selected accessions can be used in crossing blocks to start the IDR-Paraná snap bean breeding program.

Keywords: *phaseolus vulgaris*; germplasm bank; plant breeding; nutritional quality; biofortification; olericulture.

LISTA DE FIGURAS

- Figura 3.2** – Caracterização dos acessos do banco de germoplasma de feijão-de- vagem do IDR-Paraná considerando os principais descritores morfoagronômicos multicategóricos.45
- Figura 3.3** – Boxplot da caracterização do banco de germoplasma de feijão-de-vagemdo IDR-Paraná considerando os principais descritores morfoagronômicos quantitativos48
- Figura 3.4** – Correlação de Pearson ($p \leq 0,05$) entre os 22 descritores morfoagronômicos quantitativos utilizados na caracterização dos acessos de feijão-de-vagem do banco de germoplasma do IDR-Paraná.50
- Figura 3.5** – Representação gráfica das duas primeiras variáveis canônicas para os dois grupos formados pela estratégia Ward-MLM **(A)** e dendograma formado pelo agrupamento de Ward e matriz de Gower **(B)** de 102 acessos de feijão-de-vagem por meio de 60 descritores morfoagronômicos quantitativos, binários e multicategóricos.53
- Figura 3.6** – Análise de componentes principais **(A)**, dendograma formado pelo agrupamento neighbor-joining e matriz de Jaccard **(B)** e estrutura populacional **(C)** de 102 acessos de feijão-de-vagem por meio de marcadores moleculares AFLP57
- Figura 4.1** – Forma da vagem em sessão transversal **(A)**, cor da vagem **(B)**, presença de fio na sutura ventral da vagem **(C)** e grau de curvatura da vagem **(D)** de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado77
- Figura 4.2** – Análise de correlação de Pearson ($p \leq 0,01$) de 60 acessos de feijão-de- vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas81
- Figura 4.3** – Análise de componentes principais de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas. Representação gráfica dos dois principais componentes **(A)** e

contribuição das variáveis para a formação dos componentes um e dois (B).....	83
Figura 4.4 – Mapa de calor gerado a partir da matriz de distância euclidiana média e agrupamento UPGMA de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas.	86
Figura 4.5 – Média e desvio padrão dos três grupos (G1, G2 e G3) formados pela matriz média euclidiana de dissimilaridade e agrupamento UPGMA de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado	87
Figura 4.6 – Importância relativa dos caracteres (%) de Singh (1981) para divergência genética entre 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas	89
Figura 4.7 – Média e desvio padrão dos 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado selecionados (G1) e os 40 não selecionados (G2) com relação as variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas	91
Figura 5.1 – Análise de correlação de Pearson ($p \leq 0,01$) de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas utilizadas na avaliação de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.	115
Figura 5.2 – Análise de componentes principais de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes. Representação gráfica dos componentes 1 e 2 (A), componentes 1 e 3 (B) e contribuição das variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas para a formação dos componentes 1, 2 e 3 (C).	117
Figura 5.3 – Mapa de calor gerado pelo agrupamento UPGMA e matriz de distância euclidiana média de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado, avaliados por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas e cultivados em cinco ambientes.	119

Figura 5.4 – Média e desvio padrão dos acessos selecionados com base no índice de seleção de Mulamba e Mock com foco em potencial agrônômico. G1: acessos selecionados (n=6). G2: todos os acessos (n=20).....	121
Figura 5.5 – Média e desvio padrão dos acessos selecionados com base no índice de seleção de Mulamba e Mock com foco em qualidade nutricional da vagem. G1: acessos selecionados (n=6). G2: todos os acessos (n=20).	123
Figura 5.6 – Dendograma formado pelo agrupamento de Ward e matriz de dissimilaridade de Jaccard de 20 acessos de feijão de vagem de hábito de crescimento determinado caracterizados por meio de marcadores moleculares AFLP	124

LISTA DE TABELAS

- Tabela 3.1** – Estimativa de componentes de variância e predição de valores e parâmetros genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viesada (BLUP) de 22 descritores morfoagronômicos utilizados na caracterização de 102 acessos do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná.....46
- Tabela 3.2** – Média (\pm desvio padrão, n=102) dos descritores quantitativos para os dois principais grupos formados pela análise de Ward-MLM e correlação com as duas primeiras variáveis canônicas51
- Tabela 3.3** – Número de acessos (n), número de loci polimórficos (NLP) e coeficiente de diferenciação genética entre populações (F_{st}) de 102 acessos do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná56
- Tabela 4.1** – Estimativa de parâmetros genéticos por máxima verossimilhança restrita (REML) e predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viesada (BLUP) de 29 variáveis utilizadas na avaliação de 60 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado79
- Tabela 5.1** – Características dos ambientes de avaliação dos 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado na região norte do Paraná.104
- Tabela 5.2** – Estimativa de parâmetros genéticos por máxima verossimilhança restrita (REML) e predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viesada (BLUP) de 29 variáveis utilizadas na avaliação de 20 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado113

LISTA DE APÊNDICES

- Apêndice A** – Nome do acesso, país de origem, instituição ou empresa de introdução, natureza do material e hábito de crescimento de 102 acessos de feijão-de-vagem do banco de germoplasma do IDR-Paraná149
- Apêndice B** – Visão geral dos ensaios de caracterização morfoagronômica dos acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado e indeterminado conduzidos lado a lado na safra das águas de 2017 (A) e 2018 (B). Ensaio com acessos de hábito de crescimento indeterminado (C) e ensaio com acessos com hábito determinado (D).152
- Apêndice C** – Descritores morfoagronômicos utilizados na caracterização do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná153
- Apêndice D** – Boxplot da caracterização do banco de germoplasma de feijão-de- vagem do IDR-Paraná de 12 descritores morfoagronômicos quantitativos158
- Apêndice E** – Número de grupos formados pela análise de Ward-MLM, baseado na função de probabilidade logarítmica (log-likelihood) e seu incremento.....159
- Apêndice F** – Correlação entre a matriz de dissimilaridade de Gower, obtida por meio da caracterização com descritores morfoagronômicos, e a matriz de Jaccard, obtida por meio da caracterização molecular com marcadores AFLPs.160
- Apêndice G** – Ensaio de fenotipagem de 60 acessos arbustivos de feijão-de-vagem conduzido na safra das águas de 2017 (A) e na safra de outono inverno de 2019 (B). Vista aérea do ensaio de outono inverno de 2019 com a identificação das três repetições (C). Vagens de alguns acessos em ponto de colheita (D).....161
- Apêndice H** – Precipitação (Prec), Temperatura média (T-média), temperatura máxima (T-máx), temperatura mínima (T-mín) e umidade relativa do ar (UR) do ensaio da safra das águas de

2017 (A) e do ensaio de outono-inverno de 2019 (B). Estado do Paraná - Brasil	162
Apêndice I – Status biológico, sessão transversal, cor, curvatura e fio na sutura ventral da vagem de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado	163
Apêndice J – Boxplot dos dados de avaliação de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas. Amb_1: Ambiente 1 - safra das águas 2017; Amb_2: Ambiente 2 – Safra de outono inverno 2019.....	165
Apêndice K – Boxplot dos dados de avaliação de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis nutricionais e bioquímicas. Amb_1: Ambiente 1 - safra das águas 2017; Amb_2: Ambiente 2 – Safra de outono inverno 2019	166
Apêndice L – Distância genética média gerada a partir da matriz de distância euclidiana média de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas.	167
Apêndice M – Ensaio de adaptabilidade e estabilidade de acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado para potencial agrônomo e qualidade nutricional cultivados em cinco ambientes. Londrina-PR safra das águas de 2017 (A), safra das águas 2018 (B) e safra de outono inverno 2019 (C). Cambará-PR safra de outono inverno 2019 (D). Umuarama-PR safra de outono inverno de 2019 (E). Vagens em ponto de colheita (F)	168
Apêndice N – Nome do acesso, país de origem, Instituição de introdução ou Empresa obtentora, status biológico, sessão transversal, cor, curvatura e fio na sutura ventral da vagem de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado do banco de germoplasma do IDR-Paraná.....	169
Apêndice O – Precipitação (Prec), Temperatura média (T-média), temperatura máxima (T-máx), temperatura mínima (T-mín) e	

umidade relativa do ar (UR) dos ensaios em Londrina na safra das águas de 2017 (A) e 2018 (B) e dos ensaios de outono-inverno de 2019 em Londrina (C), Cambará (D) e Umuarama (E). Estado do Paraná - Brasil.....	170
Apêndice P – Variáveis, sentido da seleção das variáveis e peso das variáveis no Índice de Seleção de soma de ranks de Mulamba e Mock aplicado em 20 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.....	171
Apêndice Q – Boxplot dos dados de variáveis morfoagronômicas da avaliação de 20 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.	172
Apêndice R – Boxplot dos dados de variáveis nutricionais e bioquímicas da avaliação de 20 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.	173
Apêndice S – Média e desvio padrão dos três grupos (G1, G2 e G3) formados pela matriz média euclidiana de dissimilaridade e agrupamento UPGMA de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.....	174
Apêndice T – Adaptabilidade e estabilidade por meio média da harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) de variáveis morfoagronômicas de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.	175
Apêndice U – Adaptabilidade e estabilidade por meio média da harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) de variáveis nutricionais e bioquímicas de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes	176

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	19
2	REVISÃO DE LITERATURA	21
2.1	ASPECTOS GERAIS DA PRODUÇÃO DE FEIJÃO-DE-VAGEM.....	21
2.2	DIVERSIDADE GENÉTICA E CARACTERIZAÇÃO DE FEIJÃO-DE-VAGEM.....	23
2.3	MELHORAMENTO GENÉTICO DE FEIJÃO-DE-VAGEM.....	27
2.4	QUALIDADE E TEOR NUTRICIONAL DE FEIJÃO-DE-VAGEM	30
3	ARTIGO A – DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEIJÃO-DE-VAGEM POR MEIO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES MOLECULARES	34
3.1	RESUMO.....	34
3.2	ABSTRACT	35
3.3	INTRODUÇÃO	36
3.4	MATERIAL E MÉTODOS	39
3.4.1	Fenotipagem.....	39
3.4.2	Genotipagem	40
3.4.3	Análise De Dados	42
3.5	RESULTADOS.....	44
3.5.1	Fenotipagem.....	44
3.5.2	Genotipagem	55
3.6	DISCUSSÃO	60
3.7	CONCLUSÕES	65
4	ARTIGO B – FENOTIPAGEM E SELEÇÃO DE ACESSOS DE FEIJÃO-DE- VAGEM DE HÁBITO DE CRESCIMENTO DETERMINADO PARA POTENCIAL AGRONÔMICO E QUALIDADE NUTRICIONAL	66
4.1	RESUMO.....	66
4.2	ABSTRACT	67
4.3	INTRODUÇÃO	68
4.4	MATERIAL E MÉTODOS	70

4.4.1	Avaliação Agronômica	70
4.4.2	Avaliação Nutricional	73
4.4.3	Análise Dos Dados	75
4.5	RESULTADOS.....	76
4.6	DISCUSSÃO	92
4.7	CONCLUSÕES	98
5	ARTIGO C – DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE ACESSOS DE FEIJÃO-DE-VAGEM DE HÁBITO DECRESCIMENTO DETERMINADO PARA POTENCIAL AGRONÔMICO E NUTRICIONAL	99
5.1	RESUMO.....	99
5.2	ABSTRACT	100
5.3	INTRODUÇÃO	101
5.4	MATERIAL E MÉTODOS	103
5.4.1	Material Vegetal E Ambientes.....	103
5.4.2	Avaliação Agronômica	104
5.4.3	Avaliação Nutricional	106
5.4.4	Divergência Genética Por Meio De Marcadores Moleculares AFLP108	
5.4.5	Análise Dos Dados	109
5.5	RESULTADOS.....	112
5.5.1	Divergência Genética Por Meio De Marcadores Moleculares AFLP124	
5.6	DISCUSSÃO	126
5.7	CONCLUSÕES	133
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS	134
	REFERÊNCIAS.....	135
	APÊNDICES.....	148

1. INTRODUÇÃO

A espécie *Phaseolus vulgaris* L. apresenta grande diversidade, de modo que existem genótipos com aptidão para a produção de grãos secos e outros para a produção de vagem, a qual é consumida principalmente na forma de salada. O feijão-de-vagem é um alimento rico em proteínas, minerais e vitaminas e é considerado uma das principais hortaliças do mundo.

O Feijão-de-vagem (*P. vulgaris* L.) apresenta alto valor agregado quando direcionado para o mercado fresco, sendo uma alternativa para os agricultores na diversificação da produção. Além disso, a vagem também pode ser processada e congelada, o que garante maior tempo de pós-colheita e possibilidade de exportação.

No Brasil o cultivo de feijão-de-vagem se limita a utilização de um número reduzido de cultivares, predominantemente de hábito indeterminado. No entanto, as cultivares de hábito determinado vem ganhando espaço, uma vez que apresentam menor ciclo, dispensam o tutoramento e as colheitas são mais concentradas.

Um dos principais desafios para a produção de feijão-de-vagem é o desenvolvimento de cultivares com alto potencial de rendimento e com maior qualidade nutricional. Para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas a condições adversas de cultivo e com características desejáveis pelos consumidores, é necessária a variabilidade genética, a qual está presente nos bancos de germoplasma.

O Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná) possui uma coleção de 14.234 acessos de *Phaseolus vulgaris* L. introduzidos por diferentes instituições de pesquisa e Universidades, bem como linhagens melhoradas pelo próprio instituto (MODA-CIRINO et al., 2012). Esses acessos vêm sendo amplamente caracterizados e utilizados, de modo que o IDR-Paraná se destaca como uma das principais instituições de melhoramento de feijão comum, com o lançamento de 39 cultivares. No entanto, para o melhoramento de feijão-de-vagem a variabilidade do banco foi pouco explorada.

Para o uso eficiente da variabilidade genética é preciso caracterizar os bancos de germoplasma e identificar os acessos promissores. Esta etapa, denominada de pré-melhoramento, possibilita a seleção de genótipos com

características necessárias para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e menos sensíveis a condições desfavoráveis de cultivo (SHARMA et al., 2013).

A caracterização e avaliação do germoplasma são realizados com auxílio de um conjunto de descritores, tais como os fenotípicos e os moleculares, e são essenciais para conservação do banco e utilização em programas de melhoramento (ARUNGA et al., 2015; MOREIRA et al., 2018). As avaliações fenotípicas, genotípicas e os estudos de diversidade genética são normalmente realizados com o auxílio de um conjunto de ferramentas, tais como descritores morfoagronômicos, bioquímicos, nutricionais e marcadores moleculares (ARUNGA et al., 2015; BLAIR; SOLER; CORTÉS, 2012).

Mesmo com o crescente uso de marcadores moleculares para caracterizar e estimar a diversidade genética de coleções, a avaliação fenotípica ainda é crucial para determinar a adaptação local e o potencial agrônomo dos recursos fitogenéticos (CHÁVEZ-SERVIA et al., 2016).

Para que uma cultivar cumpra seu papel de tecnologia inovadora, é necessário que tenha atributos além de maior produtividade, no caso do feijão-de-vagem, a cultivar precisa ter qualidade nutricional. O feijão-de-vagem, além de ser uma hortaliça rica em macronutrientes e micronutrientes essenciais para a dieta humana, apresenta teores elevados de compostos fenólicos, flavonoides e atividade antioxidante (GARCÍA-DÍAZ et al., 2018; MYERS et al., 2019).

O aumento no consumo de alimentos que possuem maior teor de proteínas, carboidratos, vitaminas, minerais e compostos bioativos, tem sido um dos focos de países em desenvolvimento que desejam melhorar a segurança alimentar da população. Assim, o feijão-de-vagem destaca-se como uma opção de alimento que pode ajudar na diminuição da desnutrição e na qualidade de vida de populações em maior vulnerabilidade (ABU-REIDAH et al., 2013; KWAK et al., 2012).

Desse modo, o presente trabalho teve como objetivos (i) determinar a diversidade genética dos acessos de feijão-de-vagem do banco de germoplasma do IDR-Paraná, (ii) avaliar a produtividade de vagens, componentes de rendimento e teor nutricional dos acessos de feijão-de-vagem de hábito determinado e selecionar 20 acessos promissores e (iii) avaliar a adaptabilidade e estabilidade de produção em diferentes ambientes do Paraná dos 20 acessos de hábito determinado selecionados.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. ASPECTOS GERAIS DA PRODUÇÃO DE FEIJÃO-DE-VAGEM

O feijão-de-vagem pertence a mesma espécie do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), com a diferença que no primeiro são consumidas as vagens imaturas com as sementes ainda em desenvolvimento, enquanto no segundo, são consumidos os grãos secos (KOUTSIKA-SOTIRIOU; TRAKA-MAVRONA, 2008). O feijão pertence à família *Fabaceae*, gênero *Phaseolus*, é uma espécie diploide com $2n=22$ cromossomos e possui modo de reprodução predominantemente autógama.

De modo geral, há carência de informações com relação a importância econômica e social do cultivo de feijão-de-vagem. De acordo com dados da Divisão de Estatística da Organização das Nações Unidas para a Alimentação e Agricultura (FAOSTAT, 2021), são cultivados no mundo 1.527.613 hectares de *green beans*, que englobam além da espécie *P. vulgaris* outras espécies como, *Psophocarpus tetragonolobus* (feijão alado), *Vigna unguiculata* (Feijão-de-corda), entre outras. Dos mais de 1,5 milhões de hectares cultivados com *green beans*, apenas 28.211 hectares são cultivados na América do Sul, fato que demonstra o potencial de expansão dessa cultura no território nacional (FAOSTAT, 2021).

A Europa é um dos principais mercados para o feijão-de-vagem, com destaque para Espanha, Itália, França e Reino Unido. Em 2016 a França, principal produtor de feijão-de-vagem da Europa (30%), consumiu 263,9 mil toneladas de feijão-de-vagem (consumo per capita médio de 4 kg por ano), dos quais 62,9 mil toneladas foram importadas principalmente do Marrocos, Egito, Quênia e Senegal (GTI, 2018).

Dentre os vegetais cultivados no território brasileiro, o feijão-de-vagem ocupa posição de destaque. A região Sudeste é a maior produtora nacional, especialmente o estado do Rio de Janeiro, o qual é responsável por 21% da produção (SOUSA et al., 2017). No Brasil, informações estatísticas sobre o cultivo, área plantada, produção e receitas geradas são escassas. Segundo o censo agropecuário de 2006 (IBGE, 2006) haviam 13.140 propriedades agrícolas que produziam feijão-de-vagem, das quais 58,9% tinham menos de 10 hectares.

A região sul do Brasil apresentava 4.497 unidades produtoras e o Paraná 1.644 propriedades, de modo que 63,6% dessas possuíam menos de 10 hectares. Em 2006 o Brasil comercializou 54.774 mil toneladas de feijão-de-vagem, com o Sudeste como principal produtor, seguido do Sul e do Centro-Oeste (IBGE, 2006).

De acordo com o Departamento de Economia Rural do Paraná (DERAL, 2019), em 2018 foram cultivados 1.271 hectares de feijão-de-vagem no Estado, com produção de 21.656 toneladas, o que representa uma produtividade média de 17,04 toneladas por hectare, com um valor bruto de produção total de 37.465.952 reais e valor bruto de produção por hectare de 29.477 reais.

O Feijão-de-vagem apresenta elevados teores de proteínas, vitaminas, sais minerais e menor teor de fibra que o feijão comum. É colhido antes da maturação fisiológica, oito a dez dias após a floração, com o grão ainda em desenvolvimento, de modo que após esse período, com o desenvolvimento da semente, há redução da qualidade da vagem, a qual torna-se fibrosa e rígida (SINGH; SINGH, 2015).

A produção de feijão-de-vagem é favorecida por temperaturas amenas, apresentando desenvolvimento anormal em condições ambientais com temperatura superior a 32°C e inferior a 16°C (RAINEY; GRIFFITHS, 2005), de modo que o período mais crítico quanto a ocorrência de déficit hídrico e incidência de temperaturas extremas é do início da floração ao início da formação de vagens (DIDONET; VITÓRIA, 2006).

No Brasil o sistema de cultivo tutorado é o mais adotado por pequenos agricultores, os quais utilizam cultivares de hábito de crescimento indeterminado em sucessão a hortaliças como o tomate e o pepino, o que permite aproveitar a estrutura de condução das plantas e o resíduo de adubação dessas culturas (PEIXOTO et al., 2001). Por outro lado, a utilização de cultivares de hábito de crescimento determinado vem ganhando espaço, uma vez que apresentam características como menor ciclo, colheita concentrada e não necessidade de estrutura de condução das plantas (VIDAL et al., 2007).

Nos países tropicais os padrões de qualidade de feijão-de-vagem não estão claramente estabelecidos como em países de zonas temperadas. Quando a produção de feijão-de-vagem é destinada ao mercado externo, utiliza-se normalmente

cultivares de hábito de crescimento determinado, uma vez que esses genótipos tendem a produzir vagens de melhor qualidade (BLAIR et al., 2010).

O cultivo de feijão-de-vagem é uma alternativa para a diversificação dos sistemas produtivos, principalmente no período de entressafra de outras olerícolas, tanto em ambientes protegidos como não protegidos, pois além de aproveitar as estruturas de tutoramento e a adubação residual, serve para quebrar o ciclo de algumas doenças (SANTOS et al., 2012).

O cultivo protegido permite o controle em diferentes níveis de variáveis ambientais que interferem diretamente no desenvolvimento e produção das plantas, proporcionando menor risco para o agricultor e obtenção de produtos com maior qualidade (VIDA et al., 2004). Outra vantagem do cultivo protegido é que possibilita a produção em épocas que apresentam condições ambientais não favoráveis, conseqüentemente nessas épocas há uma menor oferta de produto e o preço pago pelo produto tende a ser maior. Por outro lado, o cultivo no campo aberto é o mais praticado no Brasil, demanda menor investimento inicial e menor custo de produção (SILVA; SILVA; PAGIUCA, 2014).

Segundo o censo agropecuário de 2006, das 13.140 propriedades que cultivaram feijão-de-vagem no Brasil, 9.086 (69,14%) utilizam sistema de irrigação, sendo que no Paraná apenas 57,23% utilizam essa prática de manejo (IBGE, 2006), demonstrando que um elevado número de agricultores cultiva feijão-de-vagem em campo aberto, com risco de ocorrência de condições adversas durante o ciclo da cultura, como o déficit hídrico.

O feijão-de-vagem possui uma grande variação no modo em que é cultivado: no campo ou em ambiente protegido, tutorado ou rasteiro e com ou sem sistema de irrigação. Outra variação que pode ocorrer é quanto ao sistema de produção, o qual pode ser considerado convencional ou de base ecológica, como por exemplo o sistema de produção orgânico (ALMEIDA; ABREU, 2009).

2.2. DIVERSIDADE GENÉTICA E CARACTERIZAÇÃO DE FEIJÃO-DE-VAGEM

O feijão começou a ser domesticado a mais de sete mil anos e apresenta dois grandes centros de origem, o mesoamericano, que compreende a América Central e o México, e o andino, localizado na América do Sul (KAPLAN,

1981). Singh, Gepts e Debouck (1991) propõem ainda a divisão do centro de origem mesoamericano nas raças Mesoamerica, Jalisco e Durango e a divisão do centro de origem andino em outras três raças, Nova Granada, Peru e Chile, demonstrando assim a diversidade genética da espécie *P. vulgaris* e a indefinição de uma região que possa ser considerada centro de origem.

Por outro lado, Bitocchia et al. (2012) demonstraram que há uma maior diversidade na região mesoamericana, sugerindo que a região andina na verdade é um centro de diversidade, que se originou por meio de vários eventos de migração de populações do centro de origem mesoamericano. Rendón-Anaya et al. (2017), por meio de dados genômicos e metabolômicos obtidos do sequenciamento de 29 acessos de 12 espécies de *Phaseolus*, apresentam fortes evidências que realmente houve uma migração da região mesoamericana para a região andina. Os autores relataram ainda que ocorreu predominância de fluxo de genes dos centros domesticados para os centros silvestres e que o fluxo de genes de populações de feijão comum e outras espécies como *P. dumosus* e *P. coccineus* pode ter levado a introgressões genômicas adaptativas, permitindo a adaptação de variedades a ambientes fora dos seus centros de domesticação.

Skroch e Nienhuis (1995), por meio de marcadores RAPD, sugerem que o feijão-de-vagem apresenta um centro de origem intermediário entre a região mesoamericana e andina. Blair et al. (2010), ao determinar a diversidade genética de 120 acessos de feijão-de-vagem de hábito indeterminado por meio de marcadores moleculares, obtiveram o agrupamento dos acessos em mesoamericano e andino, com o grupo mesoamericano possuindo um maior número de acessos.

Outro trabalho que corrobora com a hipótese que o feijão-de-vagem apresenta origem intermediária entre os centros mesoamericano e andino foi publicado por Andrade et al. (2016), que ao avaliarem a diversidade genética de um banco de germoplasma de feijão-de-vagem por meio de marcadores AFLP, verificaram predominância do hábito de crescimento determinado associado ao centro de origem andino, enquanto que os acessos de hábito de crescimento indeterminado demonstraram estar mais associados ao centro de origem mesoamericano.

As avaliações fenotípicas, genotípicas e os estudos de diversidade genética são normalmente realizados com o auxílio de um conjunto de ferramentas, tais como descritores morfoagronômicos, bioquímicos, nutricionais e marcadores

moleculares, os quais podem descrever a estrutura da população, determinar a sua diversidade, distribuição biogeográfica e estabelecer estratégias de conservação e utilização (ARUNGA et al., 2015; BLAIR; SOLER; CORTÉS, 2012).

Mesmo com o crescente uso de marcadores moleculares para caracterizar e estimar a diversidade genética de coleções, a avaliação fenotípica ainda é crucial para determinar a adaptação local e o potencial agrônomico dos recursos fitogenéticos (CHÁVEZ-SERVIA et al., 2016).

Os descritores morfoagronômicos são características utilizadas para diferenciar genótipos de uma mesma espécie, pois são de fácil identificação, possuem alta herdabilidade e são relativamente estáveis (ALBUQUERQUE et al., 2011). Para a caracterização preliminar de genótipos, as características morfológicas e agrônomicas são mais empregadas, uma vez que são de fácil visualização e apresentam custo reduzido (LIMA et al., 2012).

Vários descritores têm sido utilizados na caracterização de acessos de feijão de coleções ou bancos de germoplasma. A caracterização consiste no registro de características que são altamente herdáveis, facilmente observáveis e que são expressas em todos os ambientes (IPGRI, 2001). Os descritores comumente utilizados para a espécie *P. vulgaris* L. foram publicados pelo Bioversity International (IPGRI, 2001) e pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) (BRASIL, 2015), os quais utilizam uma lista de descritores mínimos com a finalidade de caracterização de germoplasma e proteção de cultivares.

Os descritores mínimos de feijão são específicos para a espécie *P. vulgaris* L. e sua metodologia de aplicação deve ser realizada de acordo com a recomendação do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – SNPC (BRASIL, 2015). Os descritores contemplam a plântula e diferentes partes da planta (caule, folha, flor, fruto e semente) quanto as suas características morfológicas e agrônomicas, em diferentes estádios de desenvolvimento.

Arunga et al. (2015) utilizaram 20 descritores morfoagronômicos para determinar a diversidade de 36 acessos de feijão-de-vagem e concluíram que os descritores utilizados foram efetivos na discriminação entre os acessos estudados, os quais foram divididos em quatro grupos de acordo com a dissimilaridade genética.

Vaz, Junior e Peixoto (2017), em estudo que teve como um dos objetivos determinar a importância relativa de caracteres morfoagronômicos na

diversidade de acessos de feijão-de-vagem, observaram que as características massa de 100 sementes e aspectos comerciais da vagem contribuíram com 64,5 % da divergência genética entre os acessos. Krause et al. (2009) ao avaliar a diversidade de 15 acessos por meio de características morfoagronômicas determinaram que as variáveis dias até o florescimento, dias até a colheita e comprimento de vagem foram as que apresentaram maiores contribuições para a divergências entre os acessos.

Em estudo que avaliou componentes de produção e características morfológicas de 4.274 acessos de *P. vulgaris* conservados no banco de germoplasma da Índia, Rana et al. (2015) observaram que largura e comprimento da vagem, comprimento e largura da semente e vagens por planta foram as características que mais contribuíram para a diferenciação dos genótipos.

A caracterização morfoagronômica é de grande relevância, pois possibilita a mensuração direta de características de interesse agrônomo. No entanto, algumas dessas características são influenciadas pelo ambiente, fato que pode limitar a utilização na diferenciação de genótipos (NADEEM et al., 2020). Já os marcadores moleculares permitem a caracterização e a realização de estudos de divergência genética com alto grau de precisão, pois não demonstram interferência de fatores ambientais e os dados obtidos são estáveis e reproduzíveis (ADHIKARI et al., 2017).

Existem diferentes tipos de marcadores moleculares, os quais distinguem-se pela capacidade de detecção de diferenças entre indivíduos, custo, facilidade de uso, consistência e repetibilidade dos resultados (GUPTA; RUSTGI; MIR, 2013).

Dentre os marcadores utilizados para estudos de divergência genética de bancos de germoplasma, destaca-se os marcadores AFLP (*Amplified Fragments Length Polymorphism*) (VOS et al., 1995), uma vez que possuem alta reprodutibilidade, geram poucos artefatos e permitem ampla cobertura do genoma (SANTOS et al., 2011). Nyakio, Steele e Palapala (2014) com apenas dois *primers* AFLP observaram de moderada a alta diversidade em 35 acessos de *P. vulgaris* extraídos de quatro populações, com coeficientes de similaridade entre 0,66 e 0,89.

Blair et al. (2010) analisaram a diversidade genética de 120 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado por meio de marcadores moleculares AFLP e encontraram elevado polimorfismo para as quatro combinações

de *primers* utilizadas, de modo que os acessos foram agrupados com sucesso dentro dos centros de origens mesoamericano e andino.

Em estudo que estimou a divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado e indeterminado por meio de marcadores AFLP, Andrade et al. (2016) com apenas três combinações de *primers* obtiveram 485 locos informativos e conseguiram separar os acessos em dois grandes grupos (determinado e indeterminado), com os acessos de hábito indeterminado apresentando maior variabilidade.

2.3. MELHORAMENTO GENÉTICO DE FEIJÃO-DE-VAGEM

A espécie *Phaseolus vulgaris* L. apresenta genótipos com aptidão para a produção de grãos secos e outros para a produção de vagem, a qual é consumida principalmente na forma de salada (KOUTSIKA-SOTIRIOU; TRAKA-MAVRONA, 2008). O feijão-de-vagem é um alimento rico em fibras, proteínas, minerais e vitaminas, sendo considerado uma das principais hortaliças do mundo (KASIM; KASIM, 2015).

O Feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é colhido antes da maturação fisiológica, com o grão ainda em desenvolvimento, de modo que após esse período o desenvolvimento excessivo das sementes reduz a qualidade da vagem, a qual torna-se fibrosa e rígida (SINGH; SINGH, 2015).

É uma hortaliça rica em macronutrientes e micronutrientes essenciais para a dieta humana, além de compostos fenólicos que apresentam diversos efeitos benéficos na saúde humana, principalmente por atuarem como anticarcinogênicos, antimicrobianos e anti-inflamatórios (MYERS et al., 2019).

A cultura possui elevado valor agregado quando direcionada para mercado fresco e pode ser uma alternativa para os agricultores locais diversificarem a produção agrícola. O ciclo curto, com início da colheita aproximadamente 60 dias após a semeadura, e o elevado potencial produtivo, tornam a cultura atrativa, tanto para atender a demanda do mercado interno, quanto para exportação (OCAMPO et al., 2015).

Uma das etapas mais importantes para o sucesso do cultivo dessa leguminosa é a seleção de cultivares adaptadas as condições locais, uma vez que o

posicionamento inadequado da cultivar tem como consequência a diminuição do potencial produtivo da cultura (SANTHI et al., 2015). A escolha da cultivar deve levar em consideração também as características exigidas pelo mercado consumidor. A comunidade europeia, por exemplo, exige que a vagem seja tenra, suculenta, com menos do que 12 mm de largura, não seja fibrosa, não tenha fio na sutura ventral e apresente sementes pequenas e macias (GTI, 2018).

No feijão-de-vagem, as vagens devem ser colhidas imaturas, com a necessidade de colheita do fruto oito a 10 dias após o florescimento (SINGH; SINGH, 2015), para que características relacionadas a qualidade sejam mantidas, tais como: menor espessura e maior suculência da vagem, redução da fibra da parede e ausência de fio na sutura ventral (HAGERTY et al., 2016).

Outro fator importante para a definição da cultivar é a disponibilidade local de mão-de-obra. Os tratos culturais representam uma das principais itens do custo de produção dentro dos sistemas produtivos agrícolas e podem ser realizados manualmente ou com auxílio de máquinas, de modo que a mecanização tem demonstrado ganhos significativos de eficiência, produtividade e retorno econômico (IBARROLA-RIVAS; KASTNER; NONHEBEL, 2016).

As cultivares de feijão-de-vagem são divididas em dois grupos quanto ao hábito de crescimento da planta, determinado e indeterminado. As plantas de hábito determinado possuem caule curto, ereto, ramificado e emitem inflorescências terminais. As cultivares arbustivas, de hábito determinado, permitem a total mecanização da lavoura, apresentam menor ciclo e dispensam o tutoramento, proporcionando colheitas concentradas, menor utilização de mão-de-obra e custo de produção (VAZ; MORAIS JÚNIOR; PEIXOTO, 2017; VIDAL et al., 2007).

No Brasil as cultivares de feijão-de-vagem de hábito indeterminado são as mais utilizadas, pois estão inseridas dentro de um sistema de rotação de cultivos que aproveita a estrutura de tutoramento de espécies principais, tais como pepino e tomate de mesa. O maior ciclo de vida das cultivares de hábito de crescimento indeterminado, apesar de proporcionar maior produção, acarreta maior demanda de mão-de-obra para o tutoramento e colheita, além de expor as plantas ao ataque de pragas e doenças por um maior intervalo de tempo (FRANCELINO et al., 2011; GOMES et al., 2016; SANTOS et al., 2012).

As cultivares podem ser classificadas ainda de acordo com o tipo e coloração das vagens (FILGUEIRA, 2013). O fruto pode ser de três tipos: manteiga, macarrão ou holandesa. O tipo manteiga apresenta seção transversal achatada, perfil longitudinal semiarqueado, ápice abrupto com dente apical arqueado e marginal. O tipo macarrão possui seção transversal elíptica, perfil longitudinal semiarqueado, ápice abrupto com dente apical semiarqueado e marginal. E do tipo holandesa tem seção transversal elíptica, perfil longitudinal reto, ápice abrupto e com dente apical reto e marginal. Quanto a coloração, a vagem pode ser verde escura, verde clara, amarela, rajada ou roxa (PBMH, 2010).

Independentemente do hábito de crescimento, os objetivos de um programa de melhoramento convergem para obtenção de cultivares mais produtivas, com resistência ou tolerância a fatores bióticos e abióticos adversos e com maior eficiência no uso de recursos como água, nutrientes e luz (CRESPO-HERRERA; ORTIZ, 2015).

Para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas as condições locais é necessário a variabilidade genética, a qual está presente nos bancos de germoplasma (CHÁVEZ-SERVIA et al., 2016). O melhoramento genético é essencial para o avanço econômico, social e ecológico da agricultura, no entanto o desenvolvimento de novas cultivares demanda longos períodos de investigação científica e a execução de atividades de caracterização, conservação e utilização dos recursos genéticos presentes nos bancos de germoplasma (MADAKBAŞ et al., 2016).

O uso eficiente da variabilidade genética só é possível por meio da avaliação do germoplasma, etapa conhecida também como pré-melhoramento. Essa etapa permite a seleção de acessos que apresentam atributos necessários para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e menos sensíveis a condições adversas. No entanto, o elevado custo e longo prazo necessário para avaliação do germoplasma são os maiores impasses a realização do pré-melhoramento (SHARMA et al., 2013).

O Pré-melhoramento possui a finalidade de identificar acessos com características desejáveis ou genes de interesse em genótipos não adaptados. As atividades essenciais do pré-melhoramento são: introdução e troca de germoplasma, coleta, caracterização, documentação e conservação. Ressalta-se que o sincronismo

entre as atividades é fundamental a manutenção da variabilidade genética com o intuito de garantir a utilização do banco de germoplasma (IQBAL et al., 2013).

A caracterização do germoplasma de feijão-de-vagem, aliada a métodos estatísticos adequados permite a identificação de genitores divergentes. Os cruzamentos destes indivíduos poderão resultar em combinações genicas favoráveis, acarretando características importantes como o aumento de produtividade, resistência a patógenos e tolerância a condições ambientais adversas (FASAHAT et al., 2016; GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASAN, 2015).

A caracterização dos componentes de produção e do rendimento possibilita a mensuração direta das características de interesse agrônomo e da adaptação local dos acessos (CHÁVEZ-SERVIA et al., 2016). O cultivo de feijão-de-vagem é altamente influenciado por variações no ambiente, desse modo a interação do genótipo por ambiente (GxE) representa um dos desafios mais importantes na criação de programas de melhoramento, uma vez que dificulta o progresso de seleção (VILELA et al., 2011).

Visando amenizar os efeitos da interação genótipo x ambiente (G x A), busca-se identificar genótipos com alto potencial produtivo, ampla adaptabilidade e maior estabilidade fenotípica, ou seja, obter cultivares com alto desempenho médio em diferentes ambientes de cultivo (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Uma das estratégias para melhorar a eficiência na seleção de genótipos é a utilização dos modelos mistos, o qual estima os parâmetros genéticos (REML), prediz os valores genotípicos (BLUP) e possibilita o estudo do comportamento das cultivares sem a influência da interação genótipo x ambiente (CHIORATO et al., 2008). Com os valores genotípicos preditos é possível calcular a média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) e assim, avaliar simultaneamente os efeitos da adaptabilidade, estabilidade e produtividade com resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado (RESENDE, 2009; SANTOS et al., 2018).

2.4. QUALIDADE E TEOR NUTRICIONAL DE FEIJÃO-DE-VAGEM

Qualidade de um alimento é uma característica de difícil quantificação, pois inclui aspectos objetivos e subjetivos, tais como teor de minerais,

aminoácidos, proteínas, vitaminas e características sensoriais como coloração, forma, aroma e sabor (OPARA, 2009).

A segurança alimentar também está relacionada a qualidade do produto, de modo que a preocupação com a contaminação dos alimentos por agrotóxicos e a influência que esses produtos podem exercer nas características nutricionais e organolépticas são objeto de muitos estudos comparativos entre alimentos produzidos pelo sistema de produção convencional e orgânico (FERREIRA et al., 2010; MAGKOS; ARVANITI; ZAMPELAS, 2003; SANTOS NETO et al., 2016; SIMONNE et al., 2016).

Por apresentarem compostos muito importantes para saúde, as leguminosas em geral são inseridas na categoria de alimentos funcionais, pois atuam na redução de doenças, como na prevenção de diabetes, câncer do cólon, osteoporose, redução do colesterol, entre outras. Devido ao efeito sinérgico existente entre os vários componentes das leguminosas, como por exemplo, as fibras e os fitoesteróis, várias espécies de leguminosas podem apresentar efeitos fisiológicos benéficos à saúde devido às suas diferentes composições químicas (ANDERSON; MAJOR, 2002; CAMPOS-VEGA et al., 2013; KABAGAMBE et al., 2005; MACARULLA et al., 2001; TRICHOPOULOU et al., 2005).

Segundo a Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura – FAO, estima-se que 1 a cada 9 pessoas no mundo, aproximadamente 792 milhões de pessoas, têm problemas de desnutrição, desse modo as deficiências minerais nos seres humanos representam um dos principais problemas de saúde coletiva (MCGUIRE, 2015). A biofortificação de alimentos, que consiste em melhorar o teor nutricional das culturas alimentícias por meio do desenvolvimento de novas cultivares, por melhoramento convencional ou biotecnologia, ou práticas agrícolas (GARG et al., 2018), é uma ferramenta que pode melhorar a qualidade nutricional dos alimentos e uma forma viável de combater a desnutrição, principalmente em países em desenvolvimento (BLAIR, 2013; JHA; WARKENTIN, 2020; SIWELA et al., 2020).

Algumas características afetam significativamente a preferência do consumidor por determinada cultivar de feijão-de-vagem, de modo que o mercado possui tendência em preferir vagens retilíneas, com menor comprimento do dente apical, com sementes pequenas e cilíndricas, com menor teor de fibras e com ausência de fio na sutura ventral (SINGH; SINGH, 2015).

O feijão-de-vagem pode ser consumido de várias maneiras, juntos com diferentes pratos da culinária. As vagens são tenras, alongadas, firmes, flexíveis e são consideradas alimento funcional, pois apresentam baixos teores calóricos, são ricas em fibras, vitamina A, vitamina B6, vitamina B1, vitamina C e minerais, tais como ferro, cálcio, magnésio, manganês e potássio. Possuem também antioxidantes, como os compostos fenólicos e flavonoides, que são essenciais para o metabolismo do corpo, principalmente contra os radicais livres (DAVIS; EPP; RIORDAN, 2004; KASIM; KASIM, 2015).

Os antioxidantes encontrados podem prevenir a formação descontrolada de radicais livres e espécies reativas de oxigênio. Os flavonoides são antioxidantes presentes no feijão, de modo que sua concentração pode variar de acordo com o genótipo (FAN; BETA, 2016; HUANG; BOXIN; PRIOR, 2005). Dentro dos flavonoides existem subclasses, como as antocianinas, flavonóis, flavonas, isoflavonas e flavononas (CHEYNIER, 2005; ZHANG et al., 2016).

O ambiente de cultivo, os tratos culturais, a nutrição das plantas, bem como a cultivar utilizada afetam diretamente os teores de macro e micronutrientes, proteínas, carboidratos e acidez das vagens (HUSSIEN et al., 2015). Ramírez et al. (2012) avaliaram a qualidade nutricional de feijão-de-vagem em dois ambientes contrastantes e verificaram que houve interação entre os locais e os teores de minerais nas vagens, demonstrando que a qualidade nutricional da vagem depende do local de cultivo.

Pevicharova, Sofkova-Bobcheva e Zsivanovits (2015) também verificaram variabilidade genética entre genótipos de feijão-de-vagem para características relacionadas a qualidade da vagem, tais como textura e variáveis sensoriais. Esses trabalhos demonstram a importância das avaliações pós-colheita na avaliação de germoplasma e conseqüentemente no desenvolvimento de novas cultivares de feijão-de-vagem.

A variabilidade genética para os macros e micronutrientes e proteína na cultura do feijão é muito estudada em todo mundo (CHÁVEZ-MENDOZA; HERNÁNDEZ-FIGUEROA; SÁNCHEZ, 2019; DELFINI et al., 2020; MASUM AKOND et al., 2011). Todavia, muitos desses estudos são realizadas considerando o grão inteiro e não a vagem imatura. Informações em relação à variabilidade genética no acúmulo e distribuição de minerais na vagem dessa cultura é essencial para o

incremento desses minerais em programas de melhoramento genético, uma vez que o consumo da vagem vem sendo cada vez mais procurado, devido à disponibilidade de nutrientes minerais essenciais à dieta humana (BLAIR, 2013; FIGUEIREDO et al., 2017).

O aumento no consumo de alimentos que possuem maior teor de proteínas, carboidratos, vitaminas, minerais e compostos bioativos, tem sido um dos focos de países em desenvolvimento que desejam melhorar a segurança alimentar da população. Desse modo, o feijão-de-vagem destaca-se como uma opção de alimento que pode ajudar na diminuição da desnutrição e na qualidade de vida de populações em maior vulnerabilidade (ABU-REIDAH et al., 2013; KWAK et al., 2012).

A caracterização agrônômica é de grande relevância, pois possibilita a mensuração direta de características de interesse agrônômico. No entanto, algumas dessas características são influenciadas pelo ambiente, fato que pode limitar a utilização na diferenciação de genótipos (NADEEM et al., 2020). Além da variabilidade genética para diferentes hábitos de crescimento e porte das plantas, as vagens imaturas podem apresentar diversidades em cores, formatos e tamanhos, assim apresentando ampla variabilidade genética, sendo uma ferramenta para o melhorista (BLAIR et al., 2010; MOREIRA et al., 2009).

3. ARTIGO A – DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEIJÃO-DE-VAGEM POR MEIO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS E MARCADORES MOLECULARES

3.1. RESUMO

Considerando a importância da caracterização dos bancos de germoplasma para o início de um programa de melhoramento genético e o potencial comercial e nutricional do feijão para consumo de vagens, objetivou-se no presente estudo caracterizar a diversidade genética dos acessos de feijão-de-vagem do banco de germoplasma do IDR-Paraná por meio de descritores morfoagronômicos e marcadores moleculares AFLP. Foram avaliados 102 acessos de feijão-de-vagem, 60 com hábito de crescimento determinado e 42 com hábito indeterminado. Para a caracterização morfoagronômica foram utilizados 60 descritores, os quais foram avaliados nas safras das águas de 2017 e 2018, em delineamento em blocos ao acaso com três repetições. A caracterização molecular foi realizada por meio de marcadores AFLP. Os 102 acessos foram cultivados em vasos com capacidade de 5 L em casa de vegetação com três plantas por vaso e o primeiro trifolíolo de 12 plantas de cada acesso foi coletado para extração do DNA em bulk. Fragmentos provenientes de quatro combinações de primers foram combinados em uma matriz binária de presença (1) e ausência (0). Para os descritores morfoagronômicos foi realizada análise descritiva, análise de divergência genética, de modo que para os descritores quantitativos foi aplicada a metodologia de modelos mistos REML/BLUP, matriz de distância Gower, agrupamento hierárquico de Ward e correlação de Pearson. Na análise de diversidade genética com os dados moleculares foi elaborada a matriz de similaridade de Jaccard, agrupamento de Neighbour-joining, análise de componentes principais, estrutura genética da população e índice de diversidade genética (F_{st}). Com os dados da caracterização morfoagronômica e molecular foi realizada análise de correlação entre as matrizes de Gower e Jaccard. A utilização de descritores morfoagronômicos e marcadores moleculares AFLP foram eficientes na caracterização do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná. A utilização de 60 descritores morfoagronômicos permitiu uma análise de diversidade robusta, fato que foi corroborado pela correlação significativa entre as matrizes de Gower e Jaccard. Foi observado maior variabilidade genética dentro do grupo de acessos com hábito de crescimento indeterminado. A distância genética média do banco de germoplasma foi de 0,57, tanto na caracterização morfoagronômica, quanto molecular. As ferramentas utilizadas permitiram caracterizar a variabilidade genética do banco de germoplasma. Os acessos divergentes geneticamente e com características agrônômicas desejáveis poderão ser utilizados em cruzamentos para criação de variabilidade e início de um programa de melhoramento.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento genético; fenotipagem; genotipagem; olericultura.

3.2. ABSTRACT

Considering the importance of the characterization of germplasm banks for the beginning of a breeding program and the commercial and nutritional potential of snap beans, The aim of this study was to characterize the genetic diversity of snap bean accessions from the IDR-Paraná germplasm bank using morphoagronomic descriptors and AFLP molecular markers. 102 accessions of snap beans were evaluated, 60 determinate (bush) and 42 indeterminate (climbing) growth habit. For the morpho-agronomic characterization, 60 descriptors were used, which were evaluated in two rainy seasons, 2017 and 2018, in a randomized block design with three replications. Molecular characterization was performed using AFLP markers. The 102 accessions were sown in pots with a capacity of 5 L in a greenhouse and the first trifolius of 12 plants from each access was collected for bulk DNA extraction. Fragments from four primer combinations were transformed into a binary matrix of presence (1) and absence (0). Descriptive analysis, genetic divergence analysis, Gower's distance matrix, Ward's hierarchical grouping and Pearson's correlation were performed for the morpho-agronomic descriptors. For the quantitative descriptors the methodology of mixed models REML / BLUP was applied. For the analysis of genetic diversity with the molecular data, the Jaccard similarity matrix, Neighbor-joining grouping, principal component analysis, population genetic structure and genetic diversity index (F_{st}) were elaborated. With the data of the morpho-agronomic and molecular characterization, a correlation analysis was performed between the Gower and Jaccard matrices. The use of morpho-agronomic descriptors and AFLP molecular markers were efficient for the characterization of the IDR-Paraná snap beans germplasm bank. The use of 60 morpho-agronomic descriptors allowed a robust diversity analysis, a fact that was corroborated by the significant correlation between the Gower and Jaccard matrices. Greater genetic variability was observed for indeterminate growth habit accessions. The average genetic distance from the germplasm bank was 0.57, both in morphological and molecular characterization. The tools used allowed to characterize the genetic variability of the germplasm bank and the accessions with genetic variability and desirable agronomic characteristics can be used in crossings to create variability and start a breeding program.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.; plant breeding; phenotyping; genotyping; olericulture.

3.3. INTRODUÇÃO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das principais leguminosas cultivadas no mundo em termos de rendimento total e área cultivada (FAOSTAT, 2021). A espécie *P. vulgaris* L. pode ser cultivada para atender a demanda de mercado de grãos secos ou de vagem, a qual é consumida como uma hortaliça (FUKUJI et al., 2019; MYERS et al., 2019). O feijão-de-vagem é um alimento com alta qualidade nutricional, sendo uma importante fonte de fibras, minerais e vitaminas, além de ser rico em compostos bioativos que tem impacto positivo na saúde e bem-estar dos consumidores devido às suas atividades antioxidantes, hipolipêmicas e anticarcinogênicas (CHAURASIA, 2020).

Em 2017 foram cultivados 1.601.434 ha de feijão-de-vagem no mundo, com produtividade média de 15,7 t ha⁻¹ e valor bruto de produção de aproximadamente 9,1 bilhões de dólares. Os principais países produtores são China, Indonésia, Índia, Turquia, Tailândia, Egito e Marrocos (FAOSTAT, 2021). Em países em desenvolvimento o feijão-de-vagem é cultivado principalmente por agricultores familiares, sendo considerado uma importante fonte de renda e uma alternativa na diversificação da produção (ANDRADE et al., 2016).

No Brasil as principais cultivares utilizadas pelos agricultores são de hábito de crescimento indeterminado e a maior parte da produção é destinada para o consumo in natura (VAZ; MORAIS JÚNIOR; PEIXOTO, 2017). No entanto, o mercado de vagens processadas (enlatadas ou congeladas) é considerado promissor e vem crescendo nos últimos anos, tanto para mercado nacional como internacional. Nos EUA, na safra 2019, o feijão-de-vagem ocupou uma área de aproximadamente 80 mil hectares e teve um valor de produção de US\$ 303 milhões, sendo que 40% desse valor foi oriundo do mercado de processamento (USDA, 2020).

Para a indústria, as cultivares arbustivas de feijão-de-vagem são as mais adequadas quando comparadas com as de hábito indeterminado, pois são adaptadas à mecanização intensiva, da sementeira à colheita, reduzindo o custo de produção e facilitando o escalonamento da produção (KLEINTOP et al., 2016; KRAUSE et al., 2009; VAZ; MORAIS JÚNIOR; PEIXOTO, 2017). Já as cultivares de hábito de crescimento indeterminado são mais utilizadas pelos agricultores brasileiros,

pois estão inseridas dentro de um sistema de rotação de cultivos que aproveita a estrutura de tutoramento de espécies como pepino e tomate de mesa (FRANCELINO et al., 2011; GOMES et al., 2016; SANTOS et al., 2012).

Nesse contexto, o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, com adequadas características comerciais de vagem, porte de planta para mecanização, resistentes a estresses bióticos e adaptadas as condições edafoclimáticas brasileiras é considerado um dos principais desafios para o melhoramento.

No melhoramento genético várias etapas são necessárias para o desenvolvimento de novas cultivares. A primeira etapa consiste na exploração da variabilidade existente em bancos de germoplasma, a fim de conhecer o potencial genético de alguns acessos para as etapas futuras do programa de melhoramento (DELFINI et al., 2020).

O Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR–IAPAR-EMATER) possui uma coleção de 14.234 acessos de *Phaseolus vulgaris* L. introduzidos por diferentes instituições de pesquisa e Universidades, bem como linhagens melhoradas pelo próprio instituto (MODA-CIRINO et al., 2012). Esses acessos vêm sendo amplamente caracterizados e utilizados, de modo que o IDR-Paraná se destaca como uma das principais instituições de melhoramento de feijão comum, com o lançamento de 39 cultivares. No entanto, para o melhoramento de feijão-de-vagem a variabilidade do banco foi pouco explorada.

A caracterização e avaliação do germoplasma são realizados com auxílio de um conjunto de descritores, tais como os fenotípicos e os moleculares, e são essenciais para conservação do banco e utilização em programas de melhoramento (ARUNGA et al., 2015; MOREIRA et al., 2018). Para o uso eficiente da variabilidade genética é preciso caracterizar os bancos de germoplasma e identificar os acessos promissores. Esta etapa, denominada de pré-melhoramento, possibilita a seleção de genótipos com características necessárias para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e menos sensíveis a condições desfavoráveis de cultivo (SHARMA et al., 2013).

Descritores morfoagronômicos são utilizados na caracterização de acessos de feijão de coleções ou bancos de germoplasma e consistem no registro de características que são altamente herdáveis, que podem ser facilmente observáveis e

que são expressas em qualquer ambiente (RANA et al., 2015). O emprego dos descritores mínimos de feijão é específico para a espécie *P. vulgaris* L. e sua metodologia de aplicação é descrita pela União Internacional para a Proteção de Novas Variedades de Plantas (UPOV), Bioversity International (IPGRI, 2001) e Serviço Nacional de Proteção de Cultivares - SNPC (BRASIL, 2015).

A caracterização fenotípica é de grande relevância, pois possibilita a mensuração direta de descritores de interesse agrônomo. No entanto, alguns desses descritores são influenciadas pelo ambiente, fato que pode limitar a utilização na diferenciação dos acessos (NADEEM et al., 2020). Por sua vez, os marcadores moleculares permitem a caracterização e a realização de estudos de divergência genética com alto grau de precisão, pois não sofrem interferência de fatores ambientais, e os dados obtidos são estáveis e reproduzíveis (ADHIKARI et al., 2017).

A caracterização do germoplasma de feijão-de-vagem, aliada a métodos estatísticos adequados permite a identificação de genitores divergentes. Os cruzamentos destes indivíduos poderão resultar em combinações genicas favoráveis, acarretando características importantes como o aumento de produtividade, resistência a patógenos e tolerância a condições ambientais adversas (FASAHAT et al., 2016; GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASAN, 2015).

Considerando a importância da caracterização de coleções de bancos de germoplasma para o início de um programa de melhoramento genético e o potencial nutricional e comercial do feijão para consumo de vagens, objetivou-se no presente estudo caracterizar a diversidade genética entre acessos de feijão-de-vagem por meio de descritores fenotípicos e moleculares.

3.4. MATERIAL E MÉTODOS

Um total de 102 acessos de feijão-de-vagem provenientes do Banco de Germoplasma do IDR-Paraná, dos quais 60 são de hábito de crescimento determinado e 42 de hábito indeterminado, foram caracterizados por meio de descritores morfoagronômicos e moleculares. Esses acessos são compostos por linhagens melhoradas, introduzidas do Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT (Cali, Colômbia), cultivares e variedades tradicionais do Brasil e introduzidas de outros países (Apêndice A, página 149).

Todos os acessos foram regenerados e multiplicados em ambiente protegido na Estação da Sede de Pesquisa do IDR-Paraná em Londrina, Paraná, Brasil, latitude de 23°21'23.81"S, longitude de 51°9'41.02"W e altitude de 589 m. As etapas de regeneração e multiplicação foram realizadas entre setembro de 2016 e junho de 2017.

3.4.1. FENOTIPAGEM

Para a caracterização morfoagronômica foram estabelecidos dois ensaios, um para os acessos de hábito de crescimento determinado e outro para os acessos de hábito indeterminado (Apêndice A, página 149). Os ensaios foram semeados na mesma data e conduzidos lado a lado na Estação de Pesquisa da Sede de Pesquisa do IDR-Paraná na safra das águas de 2017, com semeadura em 5 de setembro, e na safra das águas de 2018, com semeadura em 13 de agosto (Apêndice B, pág. 152). As duas safras foram conduzidas no mesmo talhão, em local com altitude de 585 m, latitude de 23°21'43.13"S e Longitude de 51° 9'52.63"W.

O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com três repetições, sendo que para o ensaio com os acessos de hábito determinado cada parcela foi composta por três linhas de um metro com 0,5 m entre linhas e 10 plantas por metro linear e para o ensaio com acessos de hábito indeterminado cada parcela por constituída por uma linha de 1,5 m com 1,2 m entre linhas e com sete plantas por metro linear.

Os acessos foram caracterizados por meio de 60 descritores morfoagronômicos (Apêndice C, pág. 153), sendo a maioria desses descritores são

propostos pela União Internacional para a Proteção de Novas Variedades de Plantas (UPOV) e pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – SNPC/MAPA (BRASIL, 2015) para a proteção de cultivares de feijão e pelo Bioversity International (IPGRI, 2001) para estudos de diversidade genética em feijão.

Na semeadura foi utilizado 350 kg ha⁻¹ de adubo na formulação 4-30-10 (N - P₂O₅ - K₂O). A adubação de cobertura foi efetuada no estágio de desenvolvimento V4 (terceiro trifolíolo completamente expandido), com 40 kg ha⁻¹ de N, fonte sulfato de amônio. O controle de doenças, pragas e plantas invasoras foi efetuado em conformidade com as recomendações técnicas para a cultura.

O experimento foi conduzido em condições de campo aberto e o suprimento de água foi realizado por meio de irrigação por aspersão convencional, com duas linhas de irrigação dispostas em paralelo, de modo que os aspersores foram posicionados para que houvesse sobreposição e uma irrigação uniforme em toda a área experimental. A frequência de irrigação, bem como a duração, foi dependente do estágio de desenvolvimento da cultura, umidade do solo e condições meteorológicas.

3.4.2. GENOTIPAGEM

A caracterização molecular foi realizada por meio de marcadores AFLP (*Amplified fragment length polymorphism*). Os 102 acessos foram cultivados em vasos com capacidade de 5 L e cultivados em casa de vegetação. O primeiro trifolíolo de 12 plantas de cada acesso foi coletado para extração do DNA em bulk.

A extração de DNA foi realizada conforme o protocolo de Ferreira e Grattapaglia (1998) com algumas modificações. Para o rompimento das paredes e membranas celulares, os tecidos foliares foram macerados utilizando o aparelho Retsch MM400 Mixer Mill em tubos de 2 mL e, após a maceração, foram adicionados em cada amostra 1000 µl de tampão de extração CTAB 2% com 2% de β-mercaptoetanol. A integridade do DNA foi confirmada por eletroforese em gel de agarose 1% e a concentração do DNA, bem como a pureza, foram determinadas por espectrofotometria, utilizando o Nano Drop® 2000/2000c (Thermo Fisher Scientific).

As amostras foram incubadas a 65 °C por 30 minutos sob agitação, resfriadas a temperatura ambiente e acrescidas de 600µl de clorofórmio: álcool isoamílico (24:1). Após agitação por inversão durante 5 minutos, as amostras foram

centrifugadas a 14000 rpm por 5 minutos. O sobrenadante foi isolado em tubos de 1,5 mL, sobre o qual 400 µL de isopropanol gelado foi adicionado. Após incubação a -20 °C por 20 minutos, as amostras foram centrifugadas por 5 minutos a 10000 rpm. O precipitado foi lavado com álcool 70% por duas vezes e colocado para secar em temperatura ambiente. Em seguida, o DNA precipitado foi ressuscitado com 50µL de TE 1%, tratado com 3,5 µL de RNase 110 ng/µL, incubado por 40 minutos a 37 °C, deixado *overnight* a temperatura de 5 °C e armazenado a -20 °C até o uso.

O protocolo AFLP foi adaptado de Vos et al. (1995) e a restrição de DNA e ligação dos adaptadores foram realizadas simultaneamente. Aproximadamente 700 ng de DNA foram digeridos com 5 U de enzima *EcoRI* e 1 U de enzima *MseI* a 37 °C por 4 h, seguido de ligação dos adaptadores utilizando 2 U T4 DNA ligase a 22 °C por 1 h. Por fim, foi realizada uma incubação a 70 °C por 10 min para inativação térmica das enzimas de restrição.

A reação de amplificação pré-seletiva foi realizada utilizando os *primers EcoRI + A* e *MseI + C*, em um volume de 10 µL, contendo 3 µL template diluído 1x. As condições da PCR foram as seguintes: 72 °C por 2 min, seguido por 20 ciclos de 94 °C por 1 s, 56 °C por 30 s e 72 °C por 2 min, com uma extensão final de 30 minutos a 60 °C.

A reação seletiva foi conduzida com os pares de primers FAN-*Eco* + AAG / *Mse* + CTC; VIC-*Eco* + ACT / *Mse* + CTT; NED-*Eco* + ACA / *Mse* + CAC; PET-*Eco* + AGC / *Mse* + CTGA com 2,5 µL de template diluído 6x e em um volume final de 10 µL. As condições de amplificação seguiram um ciclo inicial de 94 °C por 2 min, seguido por 65 °C por 30 s, 72 °C por 2 min, oito ciclos de 94 °C por 1 s, 64 °C por 30 s (com diminuição de 1 °C por ciclo) e 72 °C por 2 min, 23 ciclos de 94 °C por 1 s, 56 °C por 30 s e 72 °C durante 2 min, com uma extensão final 30 min a 60 °C. Os produtos de PCR foram separados por eletroforese capilar usando um sistema ABI 3500 xL (Applied Biosystems), com GS-600 LIZ (Applied Biosystems) como um marcador de peso molecular.

A detecção de picos dos eletroferogramas gerados pela técnica de AFLP e determinação dos fragmentos foram realizadas pelo software GeneMaPPer® v.4.1 (Applied Biosystems). Fragmentos de 75 a 500 pares de bases, provenientes das quatro combinações de *primers*, foram combinados em uma única matriz binária de presença (1) e ausência (0).

3.4.3. ANÁLISE DE DADOS

Para os descritores fenotípicos quantitativos foi realizada análise descritiva (Box-plot) e os acessos foram agrupados de acordo com sua origem em linhagem, cultivar e variedade tradicional. A análise de box-plot foi realizada utilizando-se o software R (R CORE TEAM, 2020) e os pacotes Tidyverse (WICKHAM et al., 2019), Ggpubr (KASSAMBARA, 2020) e RColorBrewer (NEUWIRTH, 2014).

Para a análise de divergência genética foram utilizados todos os descritores, de modo que para os descritores quantitativos foi aplicada a metodologia de modelos mistos (modelo 21), estimativa de parâmetros genéticos por máxima verossimilhança restrita (REML) e predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viciada (BLUP), por meio do software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016). O modelo estatístico adotado foi $y = Xr + Zg + Wi + e$, na qual y é o vetor de dados, r o vetor de efeito de repetição (considerado como fixo) adicionado a média geral, g o vetor de efeito do genótipo (considerado como variável), i o vetor da interação entre genótipo x ambiente (aleatório) e e o vetor do erro (aleatório). X , Z e W representam as matrizes de incidência sobre os efeitos descrito anteriormente.

Com os dados genotípicos quantitativos e fenotípicos qualitativos foi realizada a análise multivariada usando o procedimento Ward-MLM utilizando os procedimentos CLUSTER e IML do programa SAS (SAS, 2000). Para uso do método de agrupamento Ward, a matriz de distância foi obtida pelo algoritmo de Gower (GOWER, 1971). O número ideal de grupo foi definido de acordo com os critérios pseudo-F e pseudo-T2 conjuntamente com o perfil de verossimilhança associado ao teste da razão de verossimilhança. Com os valores genotípicos preditos dos descritores quantitativos também foi realizada análise de correlação de Pearson. Para gerar o agrupamento de Ward e fazer a análise de correlação de Pearson foi utilizado o software R (R CORE TEAM, 2020) e os pacotes Corrplot (WEI; SIMKO, 2017), Cluster (MÄCHLER et al., 2019) e Rcmdr (FOX; BOUCHET-VALAT, 2020).

Para a análise de diversidade genética com os dados moleculares, matriz binária de presença (1) e ausência (0), foi utilizado o programa Past 3.24 (HAMMER; HARPER; RYAN, 2001) para a elaboração da matriz de similaridade de Jaccard e para a análise de componentes principais (ACP). Os marcadores

monomórficos para todos os acessos foram eliminados. Para o cálculo do índice de diversidade genética (F_{st}) foi utilizado a matriz binária e o software AFLPsurv 1.0. O dendograma foi elaborado por meio do agrupamento de Neighbour-joining com pacote Cluster (MÄCHLER et al., 2019) e a figura da ACP foi gerada com os pacotes Tidyverse (WICKHAM et al., 2019) e Ggrepel (SLOWIKOWSKI, 2020). Para essas análises foi utilizado o software R (R CORE TEAM, 2020).

Com a matriz de dissimilaridade de Gower e a matriz de dissimilaridade de Jaccard (1 - similaridade), foi realizada análise de correlação entre as matrizes. A significância da análise foi verificada pelo teste t e teste de Mantel baseado em 10.000 simulações. A análise foi realizada no programa Genes (CRUZ, 2013).

A estrutura genética dos acessos por meio dos dados moleculares foi calculada a partir do algoritmo de agrupamento sNMF (*sparse non-negative matrix factorization algorithms*) implementado com o pacote LEA (FRICHOT; FRANÇOIS, 2015). O número de grupos (K) foi determinado por meio do critério de *cross-entropy* (CEC), no qual o menor valor indica o número mais provável de agrupamentos (FRICHOT et al., 2014). Foi estimado K variando entre 1 a 10 grupos com 100 repetições por K. Por fim, a melhor corrida das 100 repetições (menor CEC) correspondente ao K selecionado, foi utilizada para a representação gráfica da estrutura populacional.

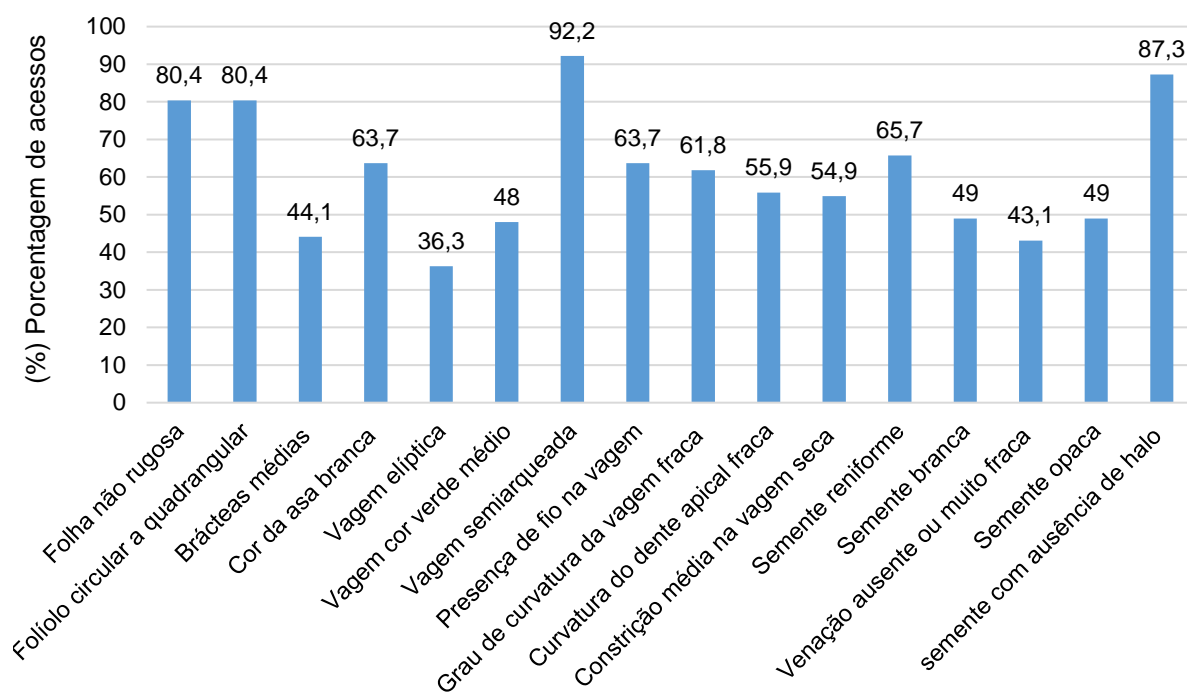
3.5. RESULTADOS

3.5.1. FENOTIPAGEM

A maioria dos descritores avaliados apresentaram variações para os acessos de feijão-de-vagem, exceto o descritor textura da superfície da vagem (PST), com todos os acessos sendo classificados com vagem lisa. Outros três descritores apresentaram variação em apenas três acessos: presença de cor secundária da vagem (PPSC), cor secundária da vagem (PSC) e densidade das manchas da cor secundária da vagem (SCD), evidenciando que a maioria dos acessos possuem apenas uma cor na vagem.

Considerando a predominância dos descritores multicategóricos, os acessos do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná pode ser descrito com as seguintes características: ausência de folha rugosa (80,4% dos acessos); forma terminal do folíolo central de circular a quadrangular (80,4%); brácteas médias (44,1%); cor da asa branca (63,7%); vagem elíptica em seção transversal (36,3%); vagem com coloração verde médio (48%); perfil da vagem semiarqueado (92,2%); presença de fio na sutura ventral da vagem (63,7%); vagem com grau de curvatura fraca (61,8%); dente apical da vagem com curvatura fraca (55,9%); constrição média na vagem seca (54,9%); forma reniforme da semente em seção longitudinal (65,7%); semente com apenas uma cor (84,3%); semente de cor branca (49%); venação da semente ausente ou muito fraca (43,1%); semente opaca (49%); semente com ausência de halo (87,3%) (Figura 3.1).

Figura 3.1 - Caracterização predominante dos acessos do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná considerando os principais descritores morfoagronômicos multicategóricos.



Na análise de máxima verossimilhança restrita (REML) foram estimados os parâmetros genéticos dos 22 descritores quantitativos utilizados na caracterização dos 102 acessos do banco de germoplasma (Tabela 3.1). Apenas os descritores comprimento do dente apical (ALP) e comprimento da semente (SL) apresentaram baixa herdabilidade (h^2_g) e acurácia (Ac), indicando alta influência do ambiente nesses descritores (Tabela 3.1). Para os demais descritores a h^2_g e Ac variou de 0,57 a 0,94 e 0,89 a 0,98, respectivamente.

Tabela 3.1 - Estimativa de componentes de variância e predição de valores e parâmetros genéticos pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) e melhor predição linear não viesada (BLUP) de 22 descritores morfoagronômicos utilizados na caracterização de 102 acessos do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná.

Descritores ^{1/}	V _g ^{2/}	V _e	V _f	h ² _g	Ac	CV _e %	Média
LL	1,69	0,47	2,16	0,78	0,96	6,21	12,10
LW	0,99	0,73	1,72	0,58	0,90	10,37	9,02
PL	4,78	0,49	5,27	0,91	0,98	6,21	13,21
PW	2,57	0,53	3,10	0,83	0,97	7,37	11,30
PT	1,19	0,53	1,71	0,69	0,93	9,45	8,50
PT/PW	0,03	0,01	0,04	0,78	0,96	11,79	0,95
ALP	2,19	81,39	83,58	0,03	0,27	585,91	1,72
W1000	4.802,1	570,59	5.372,7	0,89	0,98	9,53	313,53
ST	0,27	0,09	0,36	0,75	0,95	5,95	5,49
SW	0,62	0,14	0,76	0,81	0,96	6,04	6,94
SL	9,16	128,78	137,94	0,07	0,42	88,61	13,53
SL/SW	0,09	0,01	0,10	0,91	0,98	4,90	2,22
ST/SW	0,01	0,00	0,01	0,82	0,97	5,38	0,90
FC	26,63	4,81	31,43	0,85	0,97	5,52	44,36
HAC	25,58	7,28	32,86	0,78	0,96	4,65	62,63
LNP	0,61	0,30	0,91	0,67	0,93	9,61	6,34
SNP	0,53	0,40	0,93	0,57	0,89	11,83	5,88
TPM	124.759,8	7.313,92	132.073,7	0,94	0,99	26,97	645,95
TPN	4.801,61	362,12	5.163,72	0,93	0,99	29,77	127,86
CPM	89.828,9	6.752,41	96.581,31	0,93	0,99	29,94	551,66
CPN	3.682,79	353,90	4.036,69	0,91	0,98	34,06	111,40
PMA	2,33	1,08	3,40	0,68	0,93	19,08	6,72

^{1/} **LL**: comprimento do folíolo central (cm); **LW**: largura do folíolo central (cm); **PL**: comprimento de vagem (cm); **PW**: largura de vagem (mm); **PT**: espessura de vagem (mm); **PT/PW**: razão entre espessura e largura da vagem; **ALP**: comprimento do dente apical (cm); **W1000**: massa de mil sementes (g); **ST**: espessura da semente (mm); **SW**: largura da semente (cm); **SL**: comprimento da semente(cm); **SL/SW**: razão entre comprimento e largura da semente; **ST/SW**: razão entre espessura e largura da semente; **FC**: ciclo até início do florescimento (dias); **HAC**: ciclo até início da colheita (dias); **LNP**: número de lócus por vagem; **SNP**: número de sementes por vagem; **TPM**: massa total de vagens (g); **TPN**: número total de vagens; **CPM**: massa comercial de vagens (g); **CPN**: número comercial de vagens; **PMA**: massa por unidade de vagem.

^{2/} **V_g**: variância genotípica; **V_e**: variância ambiental; **V_f**: variância fenotípica individual; **h²_g**: herdabilidade da média de genótipo; **Ac**: acurácia da seleção de genótipos; **CV_g%**: coeficiente de variação genotípica; **CV_e%**: coeficiente de variação residual; **Média**: Média geral dos genótipos.

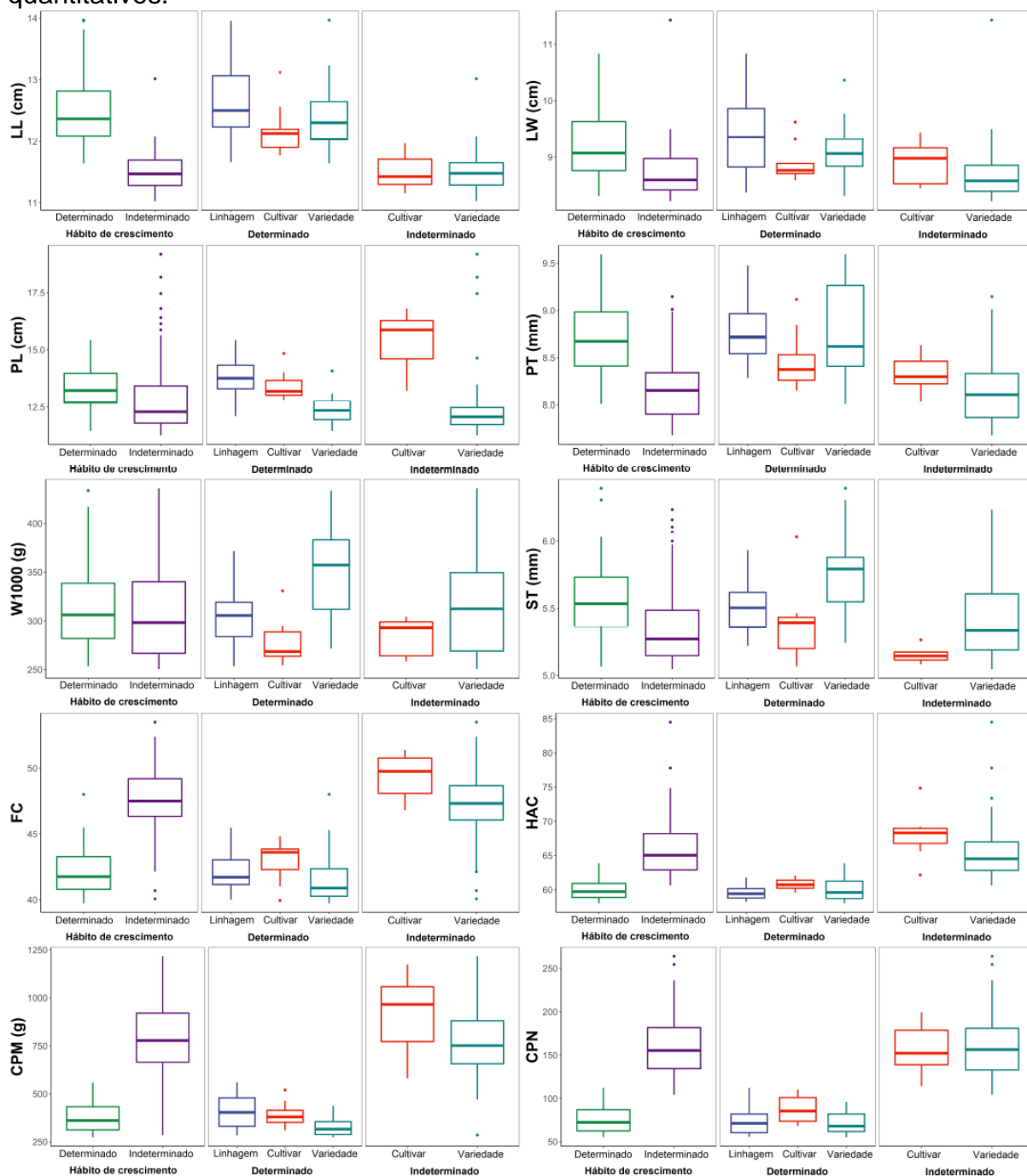
Os descritores com maior h²_g e Ac, indicando menor influência do ambiente, foram: comprimento de vagem (PL), razão entre espessura e largura da semente (SL/SW), massa total (TPM) e comercial (CPM) de vagens e número total (TPN) e comercial (CPN) de vagens (Tabela 3.1).

Com base no método de melhor predição linear não viesada (BLUP) foram preditos os valores genéticos para cada um dos descritores. Considerando os

102 acessos do banco de germoplasma, foi observado massa média de 250,6 g para cada mil sementes, ciclo de 39,7 até início do florescimento e de 58 dias até início da colheita, 5,3 sementes por vagem, 274 g por planta de massa comercial de vagens, 55 vagens comerciais por planta e 5,43 g de massa média por vagem.

Os acessos com hábito de crescimento determinado apresentaram maiores valores para comprimento (LL) e largura (LW) do trifolíolo, espessura da vagem (PT) e espessura da semente (ST). Os acessos com hábito indeterminado tiveram maiores valores para ciclo até o florescimento (FC), ciclo até o início da colheita (HAC), massa comercial de vagens (CPM) e número comercial de vagens (CPN) (Figura 3.2).

Figura 3.2 - Boxplot da caracterização do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná considerando os principais descritores morfoagronômicos quantitativos.



LL: comprimento do folíolo central (cm); **LW:** largura do folíolo central (cm); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PT:** espessura de vagem (mm); **W1000:** massa de mil sementes (g); **ST:** espessura da semente (mm); **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **CPM:** massa comercial de vagem (g); **CPN:** número comercial de vagens.

Os acessos com hábito determinado foram divididos em três grupos: linhagem, cultivar e variedade tradicional (variedade). As linhagens tiveram maior comprimento (LL) e largura (LW) do trifolíolo e comprimento de vagem (PL). Por sua

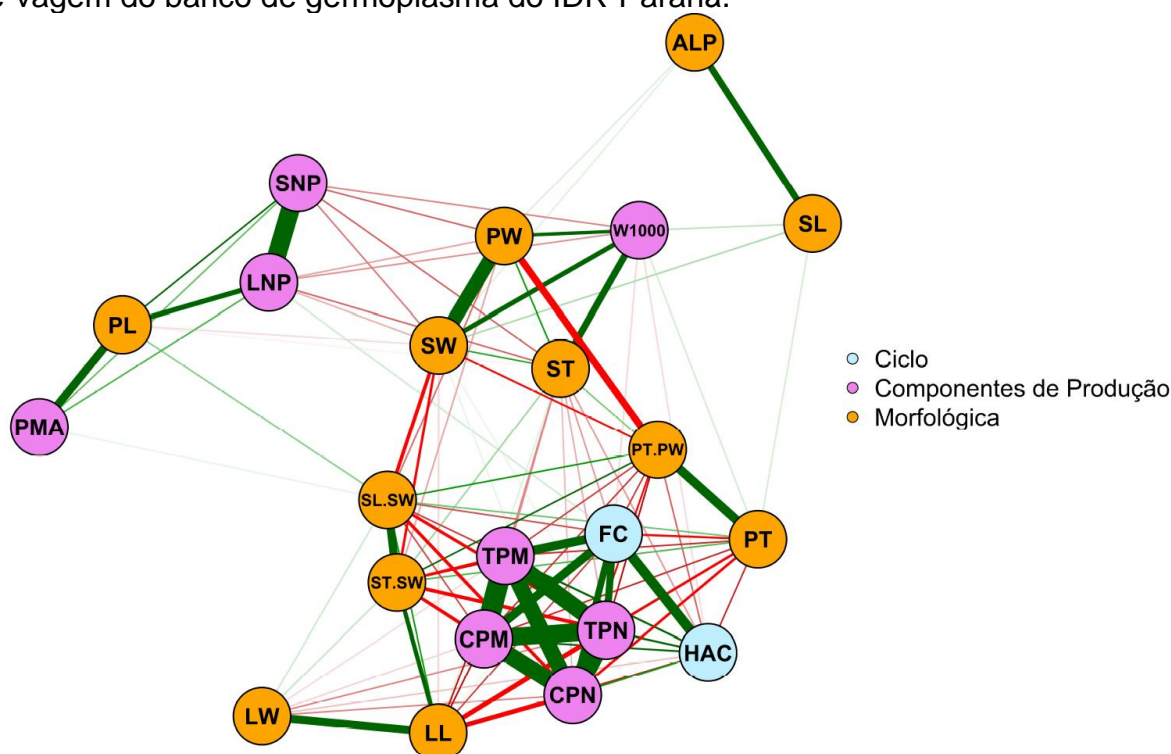
vez, as cultivares apresentaram maior ciclo até o florescimento (HAC) e número comercial de vagens (CPN) e as variedades tradicionais tiveram maior massa de mil sementes (W1000) e espessura da semente (ST) (Figura 3.2).

Os acessos com hábito de crescimento indeterminado foram divididos em dois grupos: cultivar e variedade tradicional (*landraces*). Nas cultivares foi observado maior comprimento de vagem (PL), espessura de vagem (PT), ciclo até início do florescimento (FC), ciclo até início da colheita (HAC) e massa comercial de vagens (COM), enquanto para as variedades tradicionais foi notado maior massa de mil sementes (W1000) e espessura da semente (ST) (Figura 3.2).

A dispersão, simetria e valores discrepantes (outliers) do conjunto de dados dos outros 12 descritores morfoagronômicos quantitativos, os quais demonstraram menor variabilidade entre os grupos de acessos, podem ser observados na análise de box-plot apresentada no Apêndice D (pág. 158).

Pela análise de correlação de Pearson entre os 22 descritores quantitativos (Figura 3.3) foi observado que largura (LL) e comprimento (LW) do folíolo central correlacionaram-se positivamente e tiveram correlação negativa com número total (TPN) e comercial (CPN) de vagens e massa total (TPM) e comercial (CPM) de vagens. A duração do ciclo produtivo (FC e HAC) e os descritores relacionados a componentes de produção (TPM, TPN, CPM e CPN) também se correlacionaram positivamente. Comprimento do dente apical (ALP) teve correlação positiva com comprimento da semente (SL) e comprimento de vagem (PL) demonstrou correlação positiva com número de sementes por vagem (SNP), número de lóculos por vagem (LNP) e massa por unidade de vagem (PMA). Foi observado correlação negativa entre espessura da vagem (PT) e ciclo até início do florescimento (FC), ciclo até início da colheita (HAC), massa total de vagens (TPM), número total de vagens (TPN), massa comercial de vagens (CPM) e número comercial de vagens (CPN) (Figura 3.3).

Figura 3.3 - Correlação de Pearson ($p \leq 0,05$) entre os 22 descritores morfoagronômicos quantitativos utilizados na caracterização dos acessos de feijão-de-vagem do banco de germoplasma do IDR-Paraná.



Correlação mínima significativa de 0,25 e máxima de 0,99.

LL: comprimento do folíolo central (cm); **LW:** largura do folíolo central (cm); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT.PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **ALP:** comprimento do dente apical (cm); **W1000:** massa de mil sementes (g); **ST:** espessura da semente (mm); **SW:** largura da semente (cm); **SL:** comprimento da semente (cm); **SL.SW:** razão entre comprimento e largura da semente; **ST.SW:** razão entre espessura e largura da semente; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **LNP:** número de lócus por vagem; **SNP:** número de sementes por vagem; **TPM:** massa total de vagens (g); **TPN:** número total de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **CPN:** número comercial de vagens; **PMA:** massa por unidade de vagem.

Pelo procedimento do agrupamento Ward-MLM foi determinado que o número ideal de grupos foi dois, de acordo com a função de probabilidade logarítmica (log-likelihood) (Apêndice E, pág. 159). Os descritores quantitativos que mais contribuíram na discriminação dos acessos considerando a primeira variável canônica foram: razão entre espessura e largura da vagem (PT/PW); razão entre comprimento e largura da semente (SL/SW); razão entre espessura e largura da semente (ST/SW); ciclo até início do florescimento (FC); ciclo até início da colheita (HAC); massa total de vagens (TPM); número total de vagens (TPN); massa comercial de vagens (CPM); número comercial de vagens (CPN) (Tabela 3.2).

Tabela 3.2 - Média (\pm desvio padrão, n=102) dos descritores quantitativos para os dois principais grupos formados pela análise de Ward-MLM e correlação com as duas primeiras variáveis canônicas.

Descritores ^{1/}	Grupos		CAN ^{2/}	
	G1	G2	CAN1	CAN2
LL	11,05 \pm 0,61	11,02 \pm 0,52	0,62	0,00
LW	8,31 \pm 0,59	8,21 \pm 0,60	0,29	0,02
PL	11,78 \pm 0,90	11,25 \pm 2,06	0,13	-0,03
PW	9,83 \pm 0,80	9,88 \pm 1,33	-0,48	-0,04
PT	8,01 \pm 0,40	7,68 \pm 0,34	0,63	-0,02
PT/PW	0,85 \pm 0,05	0,81 \pm 0,06	0,74	-0,02
ALP	1,55 \pm 0,31	1,54 \pm 0,63	-0,01	0,00
W1000	253,45 \pm 43,70	250,62 \pm 52,11	0,04	0,01
ST	5,07 \pm 0,23	5,05 \pm 0,39	0,11	0,02
SW	6,22 \pm 0,40	6,30 \pm 0,67	-0,55	-0,03
SL	12,85 \pm 1,14	12,81 \pm 1,84	0,12	0,02
SL/SW	2,09 \pm 0,12	1,98 \pm 0,08	0,75	-0,04
ST/SW	0,84 \pm 0,04	0,82 \pm 0,03	0,71	0,01
FC	39,73 \pm 1,50	40,07 \pm 2,92	-0,82	-0,10
HAC	58,03 \pm 1,39	60,32 \pm 4,84	-0,71	-0,11
LNP	5,85 \pm 0,29	5,73 \pm 0,56	-0,03	-0,01
SNP	5,39 \pm 0,27	5,33 \pm 0,48	0,04	0,00
TPM	322,69 \pm 114,71	317,15 \pm 299,34	-0,74	0,04
TPN	65,02 \pm 22,58	63,93 \pm 49,90	-0,79	-0,05
CPM	279,10 \pm 95,19	274,41 \pm 239,34	-0,76	0,09
CPN	55,69 \pm 19,45	55,23 \pm 45,49	-0,79	0,04
PMA	5,68 \pm 0,69	5,43 \pm 1,70	0,05	0,00

^{1/} **LL**: comprimento do folíolo central (cm); **LW**: largura do folíolo central (cm); **PL**: comprimento de vagem (cm); **PW**: largura de vagem (mm); **PT**: espessura de vagem (mm); **PT/PW**: razão entre espessura e largura da vagem; **ALP**: comprimento do dente apical (cm); **W1000**: massa de mil sementes (g); **ST**: espessura da semente (mm); **SW**: largura da semente (cm); **SL**: comprimento da semente (cm); **SL/SW**: razão entre comprimento e largura da semente; **ST/SW**: razão entre espessura e largura da semente; **FC**: ciclo até início do florescimento (dias); **HAC**: ciclo até início da colheita (dias); **LNP**: número de lócus por vagem; **SNP**: número de sementes por vagem; **TPM**: massa total de vagens (g); **TPN**: número total de vagens; **CPM**: massa comercial de vagens (g); **CPN**: número comercial de vagens; **PMA**: massa por unidade de vagem.

^{2/} Coeficiente de correlação das variáveis canônicas 1 (CAN1) e 2 (CAN2).

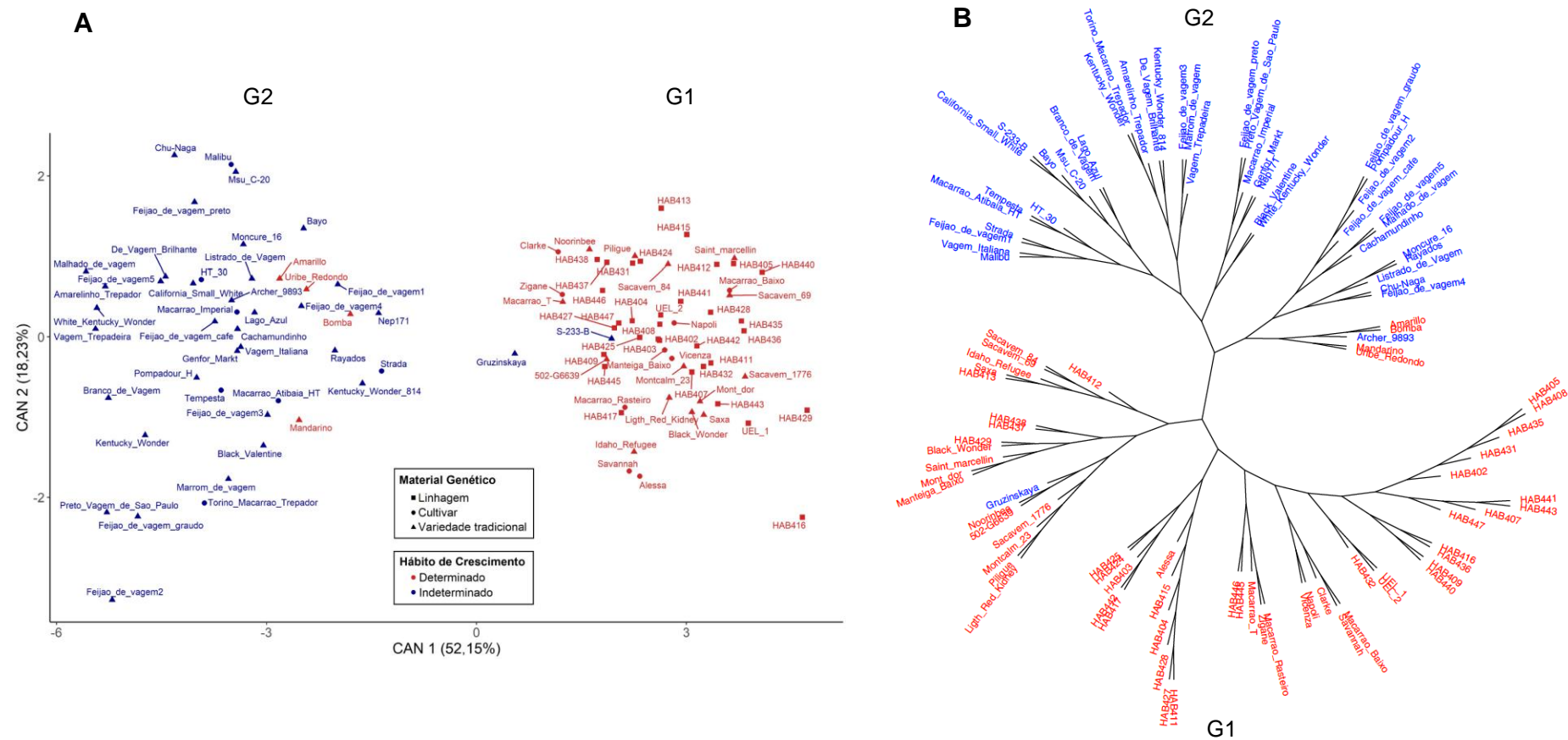
Para a segunda variável canônica, os descritores que mais contribuíram foram: ciclo até início do florescimento (FC); ciclo até início da colheita

(HAC); massa comercial de vagens (CPM). Os descritores quantitativos que demonstraram menor capacidade de diferenciação dos acessos foram: comprimento de vagem (PL); comprimento do dente apical (ALP); massa de mil sementes (W1000); espessura da semente (ST); comprimento da semente (SL); número de lócus por vagem (LNP); número de sementes por vagem (SNP); massa por unidade de vagem (PMA) (Tabela 3.2).

Na representação gráfica das duas primeiras variáveis canônicas para os dois grupos formados pela estratégia Ward-MLM observou-se que o grupo 1 foi formado majoritariamente por acessos com hábito de crescimento determinado e o grupo 2 por acessos com hábito indeterminado (Figura 3.4 A). Os acessos do grupo 1 ficaram agrupados mais próximos, enquanto os acessos do grupo 2 apresentaram uma maior dispersão, principalmente na segunda variável canônica (Eixo y - CAN 2). Em ambos grupos não houve separação clara entre cultivares, linhagens e variedades tradicionais (Figura 3.4 A).

No grupo 1, apenas as variedades tradicionais Gruzinskaya e S-233-B possuem hábito indeterminado e no grupo 2 as variedades tradicionais Amarillo, Bomba, Mandarinino e Uribe Redondo apresentam hábito determinado (Figura 3.4 A). O enquadramento dos acessos Gruzinskaya e S-233-B no grupo 1 se deve ao fato de que esses acessos possuem características em comum com o grupo, tais como: maior espessura (PT) e razão entre espessura e largura da vagem (PT/PW) e menor ciclo até início do florescimento (FC) e colheita (HAC). Entre os descritores com características semelhantes entre os acessos Amarillo, Bomba, Mandarinino e Uribe Redondo e o grupo 2, destacam-se: menor espessura (PT) e razão entre espessura e largura da vagem (PT/PW), presença de fio na sutura ventral da vagem (SPP), menor razão entre comprimento e largura da semente (SL/SW) e maior ciclo até início do florescimento (FC) e colheita (HAC).

Figura 3.4 - Representação gráfica das duas primeiras variáveis canônicas para os dois grupos formados pela estratégia Ward-MLM **(A)** e dendograma formado pelo agrupamento de Ward e matriz de Gower **(B)** de 102 acessos de feijão-de-vagem por meio de 60 descritores morfoagronômicos quantitativos, binários e multicategóricos.



Na análise de dissimilaridade de Gower, a qual levou em consideração os 60 descritores morfoagronômicos, a distância média entre os acessos foi de 0,57, de modo que a maior dissimilaridade foi entre a variedade tradicional “feijão de vagem café” (hábito indeterminado) e a linhagem HAB 413 (hábito determinado), com distância de 0,78. A menor distância foi de 0,19 e ocorreu entre as linhagens HAB 417 e HAB 442. Considerando-se apenas os grupos formado de acordo com o hábito de crescimento, a distância genética média dos acessos com hábito determinado foi de 0,56 e a dos acessos com hábito indeterminado foi de 0,60.

No dendograma do agrupamento de Ward, gerado a partir da matriz de dissimilaridade de Gower, observou-se também a formação de dois grupos (Figura 3.4 B), com resultados semelhantes ao observado na representação gráfica da análise de Ward MLM (Figura 3.4 A). O grupo 1, formado por acessos de hábito de crescimento determinado e o acesso Gruzinskaya, de hábito indeterminado (cor vermelho), foi dividido em dois subgrupos (Figura 3.4 B). O maior subgrupo (direita) foi composto apenas por linhagens (HAB) e cultivares e o menor subgrupo (esquerda) foi formado por linhagens e variedades tradicionais. A distância genética de Gower média entre os acessos foi de 0,49. A maior dissimilaridade genética ocorreu entre os a linhagem HAB 412 (hábito determinado) e a variedade tradicional Gruzinskaya, com distância de 0,66. A menor distância foi de 0,19 e foi observada entre as linhagens HAB 417 e HAB 442.

O segundo grupo (G2), na parte superior da figura, foi formado principalmente por acessos com hábito de crescimento indeterminado (cor azul), com exceção dos acessos Amarillo, Bomba, Mandarino e Uribe Redondo que apresentam hábito determinado. Esses acessos foram agrupados junto com o acesso Archer 9893, que tem hábito indeterminado não trepador e porte ereto. Pode-se observar que o primeiro grupo foi formado por dois subgrupos. O menor subgrupo (direita) foi composto apenas por variedades tradicionais e o maior subgrupo (esquerda) foi formado por cultivares e variedades tradicionais. Baseado na matriz de dissimilaridade de Gower a distância genética média no grupo 2 foi de 0,55. A maior dissimilaridade ocorreu entre as variedades tradicionais Uribe Redondo (hábito determinado) e Kentucky Wonder 814 (hábito indeterminado), com distância de 0,74. A menor dissimilaridade foi de 0,23, entre as cultivares Tempesta e Macarrão Atibaia HT.

Considerando os 102 acessos, a variedade tradicional Feijão de Vagem 4 (hábito indeterminado) foi a que teve maior dissimilaridade genética média (0,69), enquanto a linhagem HAB 435 (hábito determinado) foi a que apresentou a menor dissimilaridade (0,50). Separando os acessos em cultivares, linhagens e variedades tradicionais, a distância genética média das cultivares (n=17) foi de 0,55, linhagens (n=33) 0,54 e variedades tradicionais (n=52) 0,60.

3.5.2. GENOTIPAGEM

Na caracterização molecular por meio de marcadores dominantes AFLPs (Amplified Fragment Length Polymorphism), as quatro combinações de primers produziram 968 locos polimórficos (Tabela 3.3), dos quais 130 (13,43%) foram gerados pelo par de primers FAM-Eco + AAG / Mse + CTC, 222 (22,93%) pelo par NED-Eco + ACA / Mse + CAC, 424 (43,8%) pelo par PET-Eco + AGC / Mse + CTGA e 192 (19,84%) pelo par VIC-Eco + ACT / Mse + CTT.

O coeficiente de diferenciação genética (F_{st}) entre populações com hábito de crescimento determinado e indeterminado foi de 0,13. Dentro da população com hábito determinado foram gerados 747 locos polimórficos, com F_{st} de 0,084 entre as subpopulações cultivares, linhagens e variedades tradicionais. Para a população com hábito indeterminado foram gerados 737 locos polimórficos e F_{st} de 0,103 entre cultivares e variedades tradicionais (Tabela 3.3).

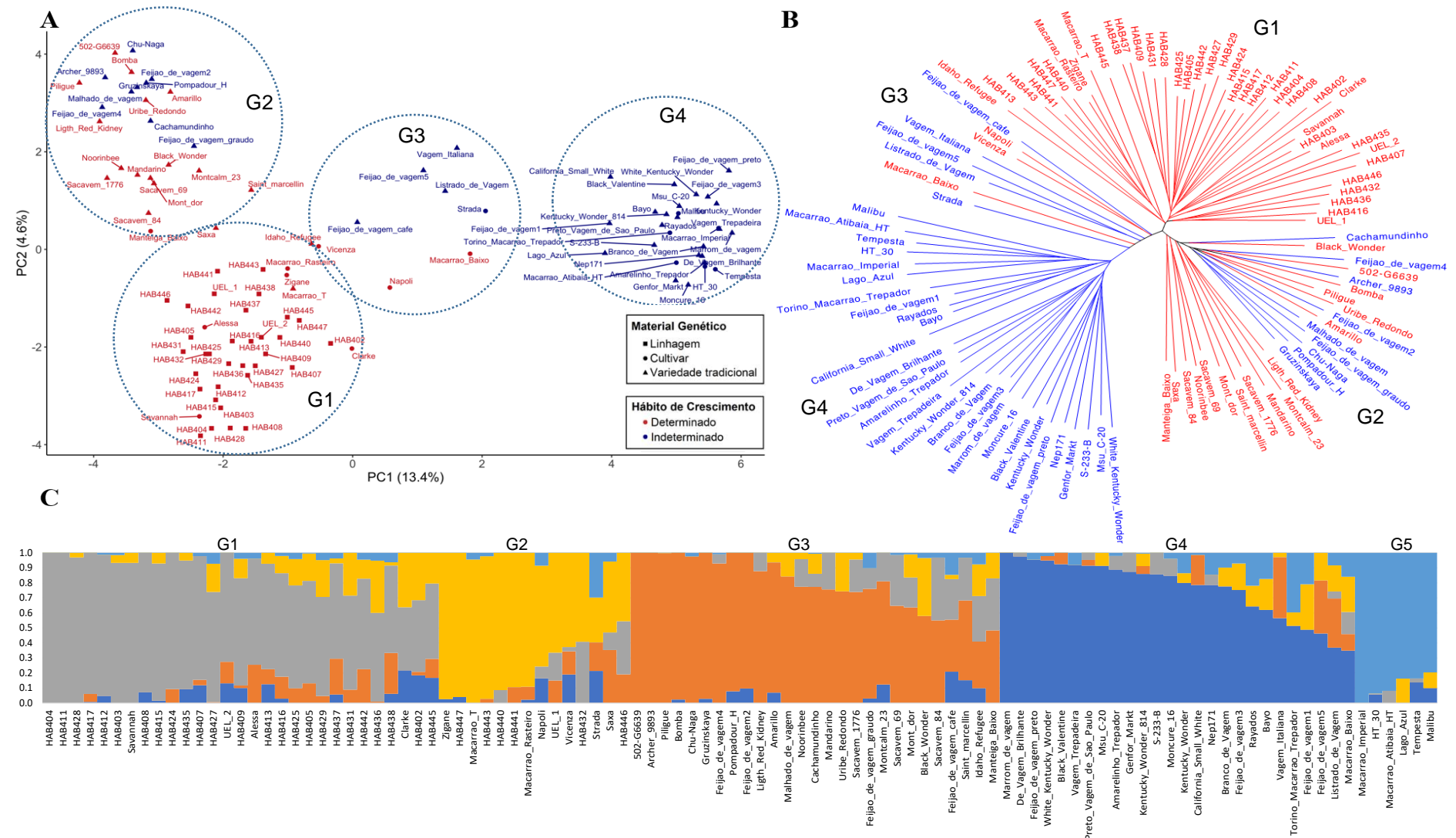
Tabela 3.3 - Número de acessos (n), número de locos polimórficos (NLP) e coeficiente de diferenciação genética entre populações (Fst) de 102 acessos do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná.

População	n	NLP	Fst
Determinado	60	968	0,130*
Indeterminado	42		
Determinado			
Cultivar	9	747	0,084*
Linhagem	33		
Variedade tradicional	18		
Indeterminado			
Cultivar	7	737	0,103*
Variedade tradicional	35		

*Teste de permutação a 1 % de significância para diferenciação genética entre populações (10.000 permutações).

Pela análise de componentes principais e pelo agrupamento hierárquico foi observado a formação de quatro grupos. O grupo 1 foi constituído por acessos de hábito de crescimento determinado e o grupo 4 com acessos de hábito indeterminado. Os grupos 2 e 3 demonstraram um perfil de transição e foram formados com acessos com diferentes hábitos de crescimento (Figura 3.5). A dissimilaridade genética média (1 - similaridade de Jaccard) considerando os 102 acessos foi 0,57. A menor distância genética (0,27) ocorreu entre as cultivares de hábito determinado Macarrão Rasteiro e Zigane e a maior (0,75) foi observada entre a variedade tradicional de hábito determinado Montcalm 23 e a cultivar de hábito indeterminado Tempesta. Considerando apenas os grupos formado de acordo com o hábito de crescimento, o grupo com hábito determinado teve distância genética média de 0,55 e o grupo com hábito indeterminado de 0,60.

Figura 3.5 - Análise de componentes principais (A), dendrograma formado pelo agrupamento neighbor-joining e matriz de Jaccard (B) e estrutura populacional (C) de 102 acessos de feijão-de-vagem por meio de marcadores moleculares AFLP.



Considerando-se os 102 acessos, a cultivar de hábito de crescimento indeterminado Malibu teve a maior dissimilaridade genética média (0,66), enquanto a linhagem de hábito determinado HAB 435 apresentou a menor dissimilaridade (0,51). Quando analisado separadamente os acessos em cultivares, linhagens e variedades tradicionais, a distância genética média das cultivares (n=17) foi de 0,58, linhagens (n=33) 0,55 e variedades tradicionais (n=52) 0,58.

O grupo 1 foi formado por 40 acessos, na maioria cultivares ou linhagens. A dissimilaridade genética média foi de 0,50, com a maior distância (0,66) sendo observada entre a cultivar Clarke e a variedade tradicional Idaho Refugee. Os acessos menos divergentes foram as cultivares Macarrão Rasteiro e Zigane, com dissimilaridade de 0,27.

O grupo 2 foi composto por 26 acessos, sendo nove com hábito de crescimento indeterminado e 15 com hábito determinado. A dissimilaridade genética média do grupo foi de 0,46, com a maior distância genética (0,60) sendo observada entre as variedades tradicionais Montcalm 23 e Saxa e a menor distância (0,36) entre as variedades tradicionais Black Wonder e Piligue.

O grupo 3 teve apenas nove acessos, dos quais três com hábito determinado e seis com hábito indeterminado. A dissimilaridade genética média foi 0,53, de modo que os acessos Feijão de Vagem 5, variedade tradicional de hábito indeterminado, e Macarrão Baixo, cultivar de hábito determinado, tiveram a maior distância (0,60). Os acessos mais semelhantes foram as cultivares com hábito determinado Napoli e Vicenza com distância genética de 0,45.

O grupo 4, formado por 28 acessos com hábito de crescimento indeterminado, exibiu dissimilaridade genética média de 0,54. A maior distância genética (0,67) foi observada entre as variedades tradicionais Lago Azul e S-233-B e a menor distância (0,34) entre as variedades tradicionais Bayo e Rayados.

Na análise da estrutura populacional, baseado no critério de valor mínimo de *cross-entropy*, o número ótimo de grupos foi cinco (k=5) (Figura 3.5 C). O primeiro grupo (G1) foi formado por cultivares e linhagens com hábito de crescimento determinado. No G2 o único acesso com hábito indeterminado foi a cultivar Strada, os demais acessos do grupo foram cultivares e linhagens com hábito determinado. O G3 foi composto principalmente por variedades tradicionais, tanto com hábito determinado, quanto indeterminado. O G4 foi formado por variedades tradicionais com

hábito indeterminado, com exceção do cultivar Macarrão Baixo, o qual possui hábito determinado. O G5 foi composto com cinco das sete cultivares com hábito indeterminado e uma variedade tradicional (Figura 3.5 C).

Comparando-se o agrupamento hierárquico com o a análise de estrutura populacional, houve concordância de 93%. Apenas os acessos Feijão de vagem café, Feijão de vagem 5, Listrado de Vagem, Macarrão Baixo, Vagem Italiana, Saxa e Idaho Refugee não apresentaram concordância nos agrupamentos. O grupo 1 da análise da estrutura populacional teve 29 acessos (100%) alocados no grupo 1 do agrupamento hierárquico, o grupo 2 teve 10 acessos (71,4%) alocados também no grupo 1 do agrupamento hierárquico, o grupo 3 teve 25 acessos (92,6%) alocados no grupo 2, o grupo 4 teve 22 acessos (84,6%) alocados no grupo 4 do agrupamento hierárquico e o grupo 5 teve seis acessos (100%) alocados no grupo 4.

A análise de correlação entre as matrizes de dissimilaridade de Gower, obtida por meio da caracterização com 60 descritores morfoagronômicos, e a matriz de Jaccard, gerada com os dados da caracterização molecular com marcadores AFLPs (968 marcas polimórficas), revelou correlação significativa de 0,43 (Apêndice F, pág. 160).

3.6. DISCUSSÃO

A estreita base genética de cultivares e a baixa utilização de recursos genéticos são um dos principais fatores que limitam o aumento da produtividade das leguminosas que não são commodities. A caracterização da variabilidade genética presente nos bancos de germoplasma, por meio do pré-melhoramento, possibilita a introgressão de genes favoráveis para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, resistentes e com melhores características nutricionais (SHARMA et al., 2013). A ampla variabilidade observada nos acessos do banco de germoplasmas de feijão-de-vagem do IDR-Paraná demonstra que o programa de melhoramento tem potencial para o desenvolvimento de cultivares produtivas e com características adequadas de vagem.

Por ser uma hortaliça, a escolha de uma cultivar de feijão-de-vagem deve considerar aspectos que vão além de produtividade, tais como vagens elípticas (razão entre espessura e largura da vagem próximo de 1), longas, não recurvadas e com reduzido teor de fibras, ausência de fio na sutura ventral e sementes brancas e cilíndricas (HAGERTY et al., 2016). Considerando as características qualitativas preferenciais, observa-se que os acessos do banco de germoplasma possuem características que atendem as exigências do mercado consumidor (Figura 3.1).

Outro fator importante para a sustentabilidade do sistema produtivo do feijão-de-vagem é a dependência de mão-de-obra. Os tratos culturais representam um dos principais itens no custo de produção e podem ser realizados manualmente ou com auxílio de máquinas, de modo que a mecanização tem demonstrado ganhos significativos de eficiência, produtividade e retorno econômico (IBARROLA-RIVAS; KASTNER; NONHEBEL, 2016).

Considerando a utilização racional de mão-de-obra, as cultivares de hábito de crescimento determinado representam uma grande vantagem quando comparadas as cultivares de hábito indeterminado, pois possibilitam a completa mecanização da lavoura. O porte arbustivo, o menor ciclo e a não necessidade de tutoramento das plantas permitem semeadura, pulverizações e colheita mecanizada, com menor demanda de mão-de-obra e menor custo de produção (VAZ; MORAIS JÚNIOR; PEIXOTO, 2017).

Os parâmetros genéticos estimados evidenciaram variância genotípica (V_g) maior que a variância ambiental (V_e) para a maioria dos descritores quantitativos (20 descritores), fato que se refletiu em elevada herdabilidade no sentido amplo (h^2_g) e acurácia de seleção (A_c) (Tabela 3.1). Valores de h^2_g de moderado a elevado (69,7% a 96,5%) indicam que a variável em questão é pouco influenciada pelo ambiente e que a seleção baseada no fenótipo pode acarretar melhorias significativas (KATUURAMU et al., 2020). Alta h^2_g e A_c podem estar associadas a efeitos aditivos dos genes de controle das características, portanto tais características podem ser utilizadas para seleção de acessos ou progênies no programa de melhoramento (HENRY; EVANS; NELSON, 2019).

Para a definição dos descritores a serem utilizados na caracterização do germoplasma, deve-se considerar principalmente a capacidade de discriminação dos genótipos que o descritor possui (LAURA et al., 2018). Considerando as estimativas de herdabilidade no sentido amplo, acurácia seletiva e contribuição para a diferenciação dos acessos por meio das variáveis canônicas (Tabela 3.2), os descritores quantitativos que devem ser priorizados na caracterização de germoplasma de feijão-de-vagem são: componentes de rendimento (TPM, CPN, CPM e CPN), ciclo (FC e HC), razão entre espessura e largura da vagem (PT/PW), razão entre comprimento e largura da semente (SL/SW) e razão entre espessura e largura da semente (ST/SW).

Descritores com baixa capacidade de diferenciar os acessos de um banco de germoplasma não devem ser empregados, uma vez que a utilização de descritores não efetivos implicarão em aumento de custo e tempo na realização do trabalho (DELFINI et al., 2017). Em condições de baixa disponibilidade de recursos humanos e financeiros os descritores comprimento do dente apical (ALP), massa de mil sementes (W_{1000}), número de lóculos por vagem (LNP), número de sementes por vagem (SNP) e massa por unidade de vagem (PMA) não devem ser utilizados.

Os 60 descritores morfoagronômicos, bem como os marcadores moleculares AFLP, proporcionaram uma caracterização satisfatória dos acessos do banco de germoplasma, com a separação dos acessos de hábito de crescimento determinado e indeterminado e a formação de subgrupos majoritariamente compostos por variedades tradicionais, linhagens e cultivares (Figura 3.4). O grupo formado pelos acessos com hábito de crescimento indeterminado na caracterização

morfoagronômica exibiram maior variabilidade genética (distância genética média de 0,55) quando comparado aos acessos com hábito determinado (distância genética média de 0,50), fato que pode ser reforçado pelo maior desvio padrão do Grupo 2 na análise de Ward MLM (Tabela 3.2) e dispersão dos acessos do Grupo 2 na representação gráfica das variáveis canônicas (Figura 3.4 A).

Na caracterização morfoagronômica, o grupo 1, formado majoritariamente com acessos de hábito de crescimento determinado, teve maior quantidade de cultivares e linhagens (70%), enquanto o grupo 2, formado principalmente com acessos de hábito indeterminado, apresentou maior quantidade de variedades tradicionais (83,3%). A base genética de cultivares e linhagens tende a ser mais estreita e variedades tradicionais propendem a possuir maior variabilidade genética (ŠAJGALÍK et al., 2019). Essa tendência também foi observada no presente estudo, com cultivares e linhagens apresentando dissimilaridade genética média de 0,55 e 0,54, enquanto as variedades tradicionais demonstraram dissimilaridade de 0,60. Desse modo, a maior variabilidade do grupo 2 pode ser explicada por sua composição de acessos e não apenas pelo fato de possuir majoritariamente hábito de crescimento indeterminado.

Na caracterização por meio de marcadores moleculares AFLP o coeficiente de diferenciação genética (F_{st}) estimado (0,130) indica que 87% da variação está presente dentro das populações com hábito de crescimento determinado e indeterminado e que apenas 13% da variação genética ocorre entre elas (Tabela 3.3). O F_{st} está diretamente ligado à variação na frequência alélica entre populações, de modo que quanto maior for o F_{st} , maior será a diferenciação genética entre as populações analisadas e menor a diferenciação dentro de cada população (BASHIR et al., 2020).

Analisando-se apenas a população com hábito determinado, verifica-se uma menor diversidade ($F_{st} = 0,084$) entre os grupos cultivar, linhagem e variedade tradicional, uma vez que 91,6% da variação genética foi observada dentro de cada um dos grupos. Na população com hábito indeterminado o F_{st} estimado ($F_{st} = 0,103$) sugere que 90,7% da variação genética está presente dentro de cultivar e variedade tradicional e apenas 10,3% entre elas (Tabela 3.3). Em populações de espécies autógamas como o feijão é comum que o coeficiente de diferenciação genética seja baixo ($\leq 0,05$) ou moderado ($> 0,05$ a $\leq 0,15$), uma vez que há uma menor migração de

genes e as populações tendem a homozigose (BASHIR et al., 2020; BRADSHAW, 2016; PIPAN; MEGLIČ, 2019).

A análise de componentes principais, o dendograma formado pelo agrupamento neighbor-joining e matriz de jaccard, bem como a estrutura populacional (Figura 3.5), apresentaram semelhanças entre si e coerência com os resultados obtidos por meio dos descritores morfoagronômicos. Andrade e colaboradores (2016), ao utilizarem os mesmos primers AFLP do presente estudo para fazer a caracterização de acessos de feijão-de-vagem com hábito de crescimento determinado e indeterminado, observaram dissimilaridade genética média de 0,48, com os acessos de hábito indeterminado apresentando maior variabilidade do que os acessos de hábito determinado.

Estudos sugerem que acessos de feijão-de-vagem com hábito de crescimento determinado podem estar mais próximos do centro de origem andino, enquanto os acessos com hábito indeterminado podem ter uma associação mais estreita com o centro de origem mesoamericano (ANDRADE et al., 2016; BLAIR et al., 2010). Considerando os indícios de existência de maior variabilidade genética no centro de origem mesoamericano quando comprado ao andino (BITOCCHI et al., 2012, 2013; KWAK; GEPTS, 2009), a maior divergência genética dos acessos com hábito indeterminado pode estar associada ao centro de origem e a características evolutivas.

Em estudo realizado na Universidade de Oregon (USA), Wallace e colaboradores (2018) observaram base genética mais estreita para o feijão-de-vagem quando comparado ao feijão comum. Os autores também encontraram evidências da possibilidade de combinações únicas em cruzamentos entre feijão-de-vagem e feijão comum. Essas informações demonstram o potencial dos acessos de feijão-de-vagem para programas de melhoramento genético de feijão para consumo de grãos secos e a necessidade de manutenção ou ampliação da base genética nos programas de melhoramento de feijão-de-vagem.

A correlação existente entre os dados morfoagronômicos e moleculares podem ser relacionado ao número de descritores utilizados. No presente estudo foram utilizados 60 descritores morfoagronômicos. Os resultados do presente estudo indicam a necessidade de utilização de maior quantidade de descritores morfoagronômicos com capacidade de discriminação dos acessos, uma vez que

estudos de caracterização de germoplasma que utilizaram marcadores moleculares e poucos descritores morfoagronômicos não encontram correlação significativa entre a fenotipagem e a genotipagem (ARUNGA et al., 2015; BABA et al., 2016; DELFINI et al., 2017; GHALMI et al., 2010; MARAS et al., 2016; ROLDÁN-RUIZ et al., 2001).

Mesmo com o crescente uso de marcadores moleculares para caracterizar e estimar a diversidade genética de coleções, a avaliação fenotípica ainda é crucial para determinar a adaptação local e o potencial agronômico dos recursos fitogenéticos (CHÁVEZ-SERVIA et al., 2016). A combinação da caracterização morfoagronômica e molecular evidenciam ser o melhor caminho para estudos completos de diversidade genética em bancos de germoplasma (GUIDOTI et al., 2018).

3.7. CONCLUSÕES

Os resultados demonstraram a existência de variabilidade genética no banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná.

As ferramentas utilizadas para a fenotipagem e genotipagem, descritores morfoagronômicos e marcadores moleculares AFLP, foram eficientes e possibilitaram a caracterização dos acessos do banco de germoplasma.

A utilização de 60 descritores morfoagronômicos permitiu uma análise de diversidade robusta, fato que foi corroborado pela correlação significativa entre a matriz de distância gerada com os dados morfoagronômicos e a matriz oriunda dos dados com marcadores moleculares.

Maior variabilidade genética foi observada dentro do grupo de acessos com hábito de crescimento indeterminado, quando comparado ao grupo com hábito determinado.

A distância genética média dos acessos do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná foi de 0,57, tanto na caracterização morfoagronômica quanto molecular.

Acessos divergentes geneticamente e com características agronômicas desejáveis poderão ser utilizados em cruzamentos para criação de variabilidade e início de um programa de melhoramento.

4. ARTIGO B – FENOTIPAGEM E SELEÇÃO DE ACESSOS DE FEIJÃO-DE-VAGEM DE HÁBITO DE CRESCIMENTO DETERMINADO PARA POTENCIAL AGRONÔMICO E QUALIDADE NUTRICIONAL

4.1. RESUMO

Considerando a necessidade de identificar acessos que permitam o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas as condições regionais de cultivo, objetivou-se com o trabalho avaliar a diversidade genética, produtividade de vagens, componentes de produção e teor nutricional de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado do Banco de Germoplasma do IDR-Paraná e efetuar a seleção de acessos promissores. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com três repetições, de modo que foram realizados dois ensaios na Estação de Pesquisa de Londrina do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná), o primeiro na safra das águas de 2017 e o segundo na safra de outono inverno de 2019. Foram avaliadas quatro variáveis qualitativas e 29 variáveis quantitativas: componentes de produção (15 variáveis), produtividade, teor de proteína e nutrientes na vagem (P, K, Ca, Mg, S, Cu, Zn, Mn e Fe) e compostos bioquímicos (fenóis, flavonoides e atividade antioxidante). Para as variáveis quantitativas foi aplicada a metodologia de modelos mistos. Com os valores genotípicos preditos foi realizada análise descritiva (box-plot), correlação de Pearson, componentes principais (ACP), análise de agrupamento de mapa de calor (heatmap) e importância relativa dos caracteres para divergência entre os genótipos. Para a elaboração do mapa de calor, as médias foram padronizadas, a matriz de dissimilaridade foi gerada por meio da distância euclidiana média e o dendograma pelo agrupamento UPGMA. A herdabilidade média e acurácia de seleção para as variáveis morfoagronômicas foi 0,66 e 0,80, para os teores de nutrientes na vagem foi 0,40 e 0,62 e para os compostos bioquímicos foi 0,10 e 0,29. A análise de deviance indicou efeito significativo ($P \leq 0.05$) de genótipo e da interação genótipo x ambiente (GxA) para a maioria das variáveis. Na análise de correlação de Pearson observou-se que Fe foi a única variável que não apresentou correlação significativa ($p \leq 0,01$). Na representação gráfica dos dois principais componentes a maioria dos acessos foi agrupado de acordo com seu status biológico (cultivar, linhagem e variedade tradicional). A dissimilaridade genética média entre os 60 acessos foi de 0,34. O grupo de acessos de cultivares ($n=10$) teve distância genética média de 0,356, linhagens ($n=33$) 0,314 e variedades tradicionais ($n=17$) 0,364. As variáveis que mais contribuíram para a divergência genética entre os acessos foram massa média de vagens, largura de vagem, ciclo até a colheita, razão entre espessura e largura da vagem, teor de Cu e Mn e massa total de vagens. A caracterização permitiu a seleção de genótipos divergentes, com características agronômicas e nutricionais desejáveis, os quais poderão ser avaliados em mais ambientes ou utilizados como genitores para início de um programa de melhoramento genético de feijão-de-vagem.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Germoplasma; Melhoramento genético; Modelos mistos.

4.2. ABSTRACT

Considering the need to identify genotypes that enable the development of more productive cultivars and adapted to regional cultivation conditions, The objective of the present work was to evaluate the genetic diversity, productivity, production components and nutritional content of 60 snap beans accessions of determined growth habit of the Germplasm Bank of IDR-Paraná and to select promising accessions. The experimental design was a randomized block with three replications, so that two experiments were carried out at the Londrina Research Station of the Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná), the first in the rainy season of 2017 and the second in winter season 2019. Four qualitative variables and 29 quantitative variables were evaluated: production components (15 variables), yield, protein and nutrient content in the pod (P, K, Ca, Mg, S, Cu, Zn, Mn and Fe) and biochemical compounds (phenols, flavonoids and antioxidant activity). For the quantitative variables, the mixed model methodology was applied. Descriptive analysis (box-plot), Pearson correlation, main components (ACP), heatmap cluster analysis (heatmap) and relative importance of characters for divergence between genotypes were performed with the predicted genotypic values. For the elaboration of the heat map, the averages were standardized, the dissimilarity matrix was generated through the average Euclidean distance and the dendrogram by the UPGMA cluster. The mean of heritability and accuracy of selection for the morpho-agronomic variables was 0.66 and 0.80, for the nutrient contents in the pod it was 0.40 and 0.62 and for the biochemical compounds it was 0.10 and 0.29. Deviance analysis indicated a significant effect ($P \leq 0.05$) of genotype and genotype x environment (GxE) interaction for most variables. In Pearson's correlation analysis, it was observed that Fe was the only variable that did not show significant correlation ($p \leq 0.01$). In the graphic representation of ACP, the two main components grouped the majority of accessions according to biological status (cultivar, line and landraces). The average genetic dissimilarity among the 60 accessions was 0.34. The accession group of cultivars ($n = 10$) had an average genetic distance of 0.356, lines ($n = 33$) 0.314 and landraces ($n = 17$) 0.364. The variables that most contributed to the genetic divergence between accessions were average pod mass, pod width, cycle until harvest, ratio between pod thickness and width, Cu and Mn content and total pod mass. Phenotyping allowed the selection of divergent genotypes, with desirable agronomic and nutritional characteristics, which could be evaluated in more environments or used as parents to start a snap bean breeding program.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.; Germplasm; Plant breeding; mixed models.

4.3. INTRODUÇÃO

O feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é considerado uma importante olerícola cultivada no mundo. Ao contrário do feijão comum, no qual são comercializados os grãos secos, no feijão-de-vagem são consumidas as vagens imaturas com as sementes em desenvolvimento (MYERS et al., 2019). Essa olerícola possui alta qualidade nutricional, sendo considerada uma importante fonte de vitaminas, minerais e fibras, além de ser rica em compostos bioativos (CHAURASIA, 2020).

As cultivares de feijão-de-vagem são divididas em dois grupos quanto ao hábito de crescimento, determinado e indeterminado. No Brasil as cultivares de hábito indeterminado são as mais utilizadas pelos agricultores, pois estão inseridas dentro de um sistema de rotação de cultivos que aproveita a estrutura de tutoramento de espécies como pepino e tomate de mesa. No entanto, o maior ciclo de produtivo, apesar de proporcionar maior produção, acarreta maior demanda de mão de obra para o tutoramento e colheita e expõe as plantas a maior incidência de pragas e doenças (FRANCELINO et al., 2011; GOMES et al., 2016; SANTOS et al., 2012).

As plantas de feijão-de-vagem de hábito determinado (arbustiva) possuem caule curto, ereto, ramificado, emitem inflorescências terminais, apresentam menor ciclo, dispensam o tutoramento e proporcionam colheitas concentradas e adaptadas à mecanização intensiva, reduzindo o custo de produção e facilitando o escalonamento da produção (VAZ; MORAIS JÚNIOR; PEIXOTO, 2017; VIDAL et al., 2007). No entanto, o número limitado de cultivares é considerado uma importante barreira para o uso desse tipo de cultivar no Brasil (MAPA, 2021).

O desenvolvimento de cultivares arbustivas de feijão-de-vagem mais produtivas, com características comerciais adequadas, porte de planta para mecanização, resistente a estresses bióticos e com alta qualidade nutricional é considerado um importante desafio para o melhoramento de plantas. Nesse contexto, a caracterização da variabilidade genética existente nos bancos de germoplasma tem um importante papel para o fornecimento de informações úteis para os programas de melhoramento (DELFINI et al., 2020; MADAKBAŞ et al., 2016).

O uso eficiente da variabilidade genética só é possível por meio da caracterização do germoplasma. Essa etapa permite a seleção de acessos que

apresentam atributos necessários para o desenvolvimento de novas cultivares que atendam as demandas dos agricultores e do mercado consumidor (BRADSHAW, 2017). A caracterização dos componentes de produção e do rendimento possibilita a mensuração direta das características de interesse agrônomo e da adaptação local dos acessos (CHÁVEZ-SERVIA et al., 2016).

Para que uma cultivar cumpra seu papel de tecnologia inovadora, é necessário que tenha atributos além de maior produtividade, no caso do feijão-de-vagem, a cultivar precisa ter qualidade nutricional. A biofortificação de alimentos consiste no aumento do teor de nutrientes e compostos bioativos em culturas alimentícias por meio do melhoramento genético (GARG et al., 2018) e pode ser uma forma viável para combater a desnutrição, principalmente em países em desenvolvimento (BLAIR, 2013; JHA; WARKENTIN, 2020; SIWELA et al., 2020).

O feijão-de-vagem, além de ser uma hortaliça rica em macronutrientes e micronutrientes essenciais para a dieta humana, apresenta teores elevados de compostos fenólicos, flavonoides e atividade antioxidante com efeitos benéficos na saúde humana, principalmente por atuarem como anticarcinogênicos e anti-inflamatórios (GARCÍA-DÍAZ et al., 2018; MYERS et al., 2019).

Considerando a necessidade de identificar acessos que permitam o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, com maior qualidade nutricional e adaptadas as condições regionais de cultivo, objetivou-se com o presente trabalho avaliar a diversidade genética, produtividade de vagens, componentes de produção e teor nutricional de acessos de feijão-de-vagem com hábito de crescimento determinado (arbustivos) do Banco de Germoplasma do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná) e efetuar a seleção de acessos promissores.

4.4. MATERIAL E MÉTODOS

Foram avaliados 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado (arbustivo), os quais estão separados em linhagens melhoradas (n = 31) introduzidas do Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT (Cali, Colômbia), cultivares (n = 12) e variedades tradicionais (n = 17) do Brasil ou introduzidas de outros países (Apêndice A, pág. 149).

4.4.1. Avaliação agronômica

Para a avaliação agronômica foi estabelecido um ensaio com os acessos semeados em duas épocas na Estação de Pesquisa de Londrina (altitude de 585 m, latitude de 23°21'43.13"S e Longitude de 51° 9'52.63"W) do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná – IAPAR – EMATER (IDR-Paraná).

A primeira época (ambiente 1) foi semeada na safra das águas de 2017 na data de 5 de setembro e a segunda época (ambiente 2) foi semeada na safra de outono inverno de 2019 na data de 27 de março (Apêndice G, pág. 161). O solo do talhão de cultivo apresentou 79% de argila, 15% de silte e 6% de areia. A análise química do solo do ambiente 1 teve as seguintes características: pH (H₂O) = 6,07; CTC = 13,21 cmol_c dm⁻³; V% = 58; Al% = 0 cmol_c dm⁻³; P = 12,1 ppm; Ca = 4,17 cmol_c dm⁻³; Mg = 3,08 cmol_c dm⁻³; k = 0,41 cmol_c dm⁻³. A análise química do solo do ambiente 2 foi: pH (H₂O) = 6,35; CTC = 12,89 cmol_c dm⁻³; V% = 65; Al% = 0 cmol_c dm⁻³; P = 16,7 ppm; Ca = 4,33 cmol_c dm⁻³; Mg = 3,42 cmol_c dm⁻³; k = 0,63 cmol_c dm⁻³.

A semeadura da safra das águas de 2017 teve temperatura média de 22,8°C, temperatura máxima média de 30,2°C, temperatura mínima média de 16,5°C, umidade relativa do ar média de 64,5% e precipitação pluvial acumulada de 489 mm. A safra de outono inverno de 2019 apresentou temperatura média de 21,9°C, temperatura máxima média de 28,1°C, temperatura mínima média de 17,2°C, umidade relativa do ar média de 82,3% e precipitação pluvial acumulada de 219 mm (Apêndice H, pág. 162).

O delineamento experimental adotado foi de blocos ao acaso com três repetições. A parcela experimental do ensaio foi constituída de três linhas de um metro

de comprimento, com espaçamento de 0,5 metro entre linhas e dez plantas por metro linear. A parcela útil foi composta pelas dez plantas da linha central.

Na semeadura foram utilizados 350 kg ha^{-1} de adubo na formulação 4-30-10 (N - P_2O_5 - K_2O). Foram realizadas duas adubações de cobertura, a primeira no estágio de desenvolvimento V3, quando a segunda folha trifoliolada estava completamente expandida, com 40 kg ha^{-1} de N, fonte sulfato de amônio (20% de N), e a segunda no estágio R5, quando 50% das plantas estavam com botões florais, com 200 kg ha^{-1} de adubo formulado 20-05-20 (N - P_2O_5 - K_2O), totalizando em cobertura 80 kg ha^{-1} de N, 10 kg ha^{-1} de P_2O_5 e 40 kg ha^{-1} de K_2O . O controle químico de doenças, pragas e plantas invasoras foi efetuado em conformidade com as recomendações técnicas para a cultura.

O experimento foi conduzido em condições de campo e o suprimento de água foi realizado por meio de irrigação por aspersão convencional, com duas linhas de irrigação dispostas em paralelo, de modo que os aspersores foram posicionados com sobreposição para que houvesse irrigação uniforme em toda a área experimental. A frequência de irrigação, bem como a duração, foi dependente do estágio de desenvolvimento da cultura, umidade do solo e condições meteorológicas.

As variáveis quantitativas relacionadas a componentes de produção foram:

Altura de planta (PH): quando as plantas atingiram o estágio de desenvolvimento R5 (pelo menos uma flor aberta em 50% das plantas da parcela) a altura de plantas foi mesurada com auxílio de uma vareta régua de 1,5 metro graduada em centímetros, medindo-se do colo da planta até a extremidade da haste principal. A avaliação foi realizada em cinco plantas da linha central de cada parcela.

Número de nós (NN): foi avaliado o número de nós na haste principal, do colo da planta até a extremidade. A avaliação foi realizada na colheita das vagens em 5 plantas da linha central.

Altura de inserção da primeira vagem (PIH): a altura de inserção foi determinada medindo-se a distância entre o colo da planta e a inserção (pedúnculo) da vagem mais baixa. A medição foi efetuada em cinco plantas da linha central com o auxílio de uma trena de 1 metro graduada em cm.

Ciclo até o florescimento (FC): número de dias da emergência até o estágio de desenvolvimento R6.

Ciclo até a colheita (HC): número de dias da emergência até a colheita das vagens. A colheita das vagens foi realizada de acordo com os critérios estabelecidos pelas Normas de Classificação de Vagem do Programa Brasileiro para a Modernização da Horticultura (PBMH, 2010), entre os graus de tenrura 1 e 2, ou seja, até a ocupação de $\frac{3}{4}$ do espaço do lóculo pela semente.

Comprimento (PL), largura (PW) e espessura (PT) de vagem: as avaliações foram realizadas com auxílio de uma régua graduada em centímetros para a variável PL e com um paquímetro digital graduado em milímetros para as variáveis PW e PT. Foram avaliadas 10 vagens por parcela.

Relação entre espessura e largura de vagem (PT/PW): foi obtida pela divisão de PT por PW.

Número total de vagens por planta (TPN) e massa total de vagens por planta (TPM): quando as plantas atingiram o ponto de colheita, todas as vagens de cinco plantas da linha central foram retiradas, contadas e medidas a massa. O valor de TPM foi expresso em gramas (g).

Número comercial de vagens por planta (CPN) e massa comercial de vagens por planta (CPM): todas as vagens colhidas das sete plantas da linha central foram submetidas aos critérios estabelecidos pelas Normas de Classificação de Vagem do Programa Brasileiro para a Modernização da Horticultura (PBMH, 2010). As vagens com padrão comercial foram contadas e pesadas com auxílio de uma balança semianalítica. O valor de CPM foi expresso em gramas (g).

Massa média de vagem: foi obtida pela razão entre CPM e CPN.

Porcentagem de vagens comerciais (PCP): foi obtida pela divisão de CPM por TPM e multiplicado por 100.

Para a estimativa de produtividade (PROD) foram consideradas 200 mil plantas por hectare e foi utilizando o valor de CPM. O valor de PROD foi expresso em $t\ ha^{-1}$.

Foram avaliadas quatro variáveis qualitativas de acordo com os critérios estabelecidos pela União Internacional para a Proteção de Novas Variedades de Plantas (UPOV) e pelo Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – SNPC/MAPA (BRASIL, 2015) para a proteção de cultivares de feijão. As variáveis qualitativas avaliadas foram:

Forma da vagem em sessão transversal: foi realizado um corte transversal na vagem através da semente e os acessos foram classificados de acordo com o enquadramento em: achatada, periforme, elíptica, Octomorfa e circular.

Cor da vagem: as vagens colhidas foram classificadas como: verde clara, verde médio, verde escuro, amarela, rajada e roxa.

Presença de fio: cinco vagens de cada parcela foram quebradas ao meio para verificar a presença ou ausência de fio na sutura ventral.

Grau de curvatura da vagem: as vagens colhidas de cada parcela foram classificadas de acordo com o grau de curvatura: ausente ou muito fraca, fraca, média, forte e muito forte.

4.4.2. Avaliação Nutricional

Uma amostra de 20 vagens de cada parcela experimental com uniformidade de tamanho, sem injurias e incidência de patógenos foi retirada, lavada em água corrente, seca em estufa com circulação de ar a 65°C por 72 horas e moída. Com a farinha obtida foram mensurados os teores de fósforo, potássio, cálcio, magnésio, cobre, zinco, manganês, ferro, enxofre e proteína (%).

O teor de proteína foi quantificado por espectrofotometria pelo método de Kjeldahl, como descrito por Miyazawa (1999). Foi realizada a leitura de N no espectrofotômetro UV-VIS, utilizado o fator 6,25 para converter o nitrogênio total da vagem em proteína bruta ($N \times 6,25$) e o valor final foi expresso em porcentagem de proteína corrigida para base seca. Para a determinação dos teores dos minerais foi utilizada a metodologia descrita por Miyazawa et al. (1999), que consiste na digestão nitroperclórica com a solução de HNO₃:HClO₄ na proporção 3:1 de 0,4 g da farinha de cada amostra em um tubo digestor de 80 ml. Os minerais foram determinados em espectrofotômetro de emissão atômica (ICP).

Para a quantificação de compostos fenólicos totais (FEN), flavonoides totais (FLA) e atividade antioxidante (DPPH), foram separadas 20 vagens de cada parcela experimental com uniformidade de tamanho, sem injurias e incidência de patógenos. As vagens foram lavadas em águas corrente, secas com papel toalha e conservadas em freezer -24°C até a realização das análises.

O extrato utilizado para a quantificação de FEN, FLA e DPPH foi preparado a partir de 1 g da farinha suspensa em 10 mL de etanol a 70% (v/v), deixando a suspensão sob agitação por duas horas (Orbital-Nova Orgânica) em temperatura ambiente ($\pm 25^{\circ}\text{C}$). Em seguida, o extrato foi separado por centrifugação 1013xg (Excelsa 2 Fanem modelo 205N) por cinco minutos, seguida de filtração (VÁZQUEZ et al., 2008).

Para determinação do teor de compostos fenólicos, 1 mL de extrato etanólico foi misturado a 1 mL etanol, 1 mL de reagente Folin-Ciocalteu 0,2 N e 1 mL de carbonato de sódio 10% (m/v). A mistura foi deixada em repouso por 30 min no escuro à temperatura de 25°C . Posteriormente a absorbância foi medida em comprimento de onda de 765 nm em um espectrofotômetro (Micronal, AJX-1600). O ácido gálico foi utilizado como padrão nas concentrações 10 a 100 mg L⁻¹ e os resultados expressos como mg equivalentes de ácido gálico por 100 g de amostra (SWAIN; HILLIS, 1959).

A quantificação de flavonoides totais foi realizada a partir de 1 mL do extrato metanólico, adicionado de 1 mL de cloreto de alumínio 5% (m/v) e 2 mL de metanol, deixando-se por 30 minutos no escuro. Posteriormente foi realizado a leitura em espectrofotômetro (Micronal, AJX-1600) com comprimento de onda de 425 nm. A Quercetina foi utilizada como padrão nas concentrações de 50 a 500 mg.L⁻¹ e os resultados foram expresso em mg de equivalente de quercetina (QE) por 100 g de amostra (LEE; HOWARD; VILLALÓN, 1995).

Para a determinação da atividade antioxidante pelo sequestro do radical 2,2- Diphenyl-1-picryl-hidrazil (DPPH), 50 μL do extrato etanólico foram misturados a 1,0 mL de tampão acetato 100 mM (pH 5,5), 1,0 mL de etanol e 0,5 mL de solução etanólica de DPPH 250,0 μM . Os tubos foram mantidos a temperatura ambiente por 15 min no escuro. A absorbância do radical DPPH remanescente foi determinada em espectrofotômetro (Thermo- Genesys) no comprimento de onda de 517 nm, realizadas em três repetições. A curva analítica foi preparada utilizando Trolox (6-hidroxi-2,5,7,8-tetrametilchroman-2-ácido carboxílico) como padrão, e os resultados foram expressos em porcentagem de sequestros de radicais livres (BRAND-WILLIAMS; CUVELIER; BERSET, 1995).

4.4.3. Análise dos dados

Para as quatro variáveis qualitativas foi realizada análise descritiva dos dados. Para as 29 variáveis quantitativas foi aplicada a metodologia de modelos mistos (modelo 25), estimativa de parâmetros genéticos por máxima verossimilhança restrita (REML) e predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viciada (BLUP), por meio do software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016) e do software R com o pacote 'lme4' (BATES et al., 2014). A análise de deviance (ANADEV) foi realizada considerando o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wi + e$$

Em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de locais e de repetições dentro de locais (fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Os efeitos de genótipo e da interação genótipo x ambiente foram testados por meio do teste da razão da verossimilhança (LRT) em nível de 5% de probabilidade.

Com os valores genotípicos preditos de produtividade de vagem, componentes de produção, teor de minerais e compostos bioquímicos na vagem foi realizada análise descritiva (box plot), correlação de Pearson, componentes principais (ACP) e análise de agrupamento de heatmap. Para a elaboração do heatmap foi utilizado a distância euclidiana média padronizada e o agrupamento hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Foi realizada também análise de importância relativa dos caracteres de Singh (1981) para divergência entre os genótipos (matriz da distância euclidiana média).

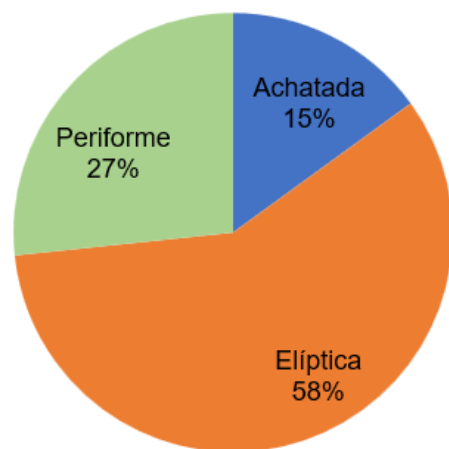
As análises foram realizadas no software R (R CORE TEAM, 2020), de modo que para o box-plot foram usados os pacotes Tidyverse (WICKHAM et al., 2019), Ggpubr (KASSAMBARA, 2020) e RColorBrewer (NEUWIRTH, 2014), para a análise de correlação de Pearson o pacote Corrplot (WEI; SIMKO, 2017), para a análise de componentes principais o pacote Factoextra (KASSAMBARA; MUNDT, 2017) e para a análise de agrupamento de mapa de calor o pacote Pheatmap (KOLDE, 2019).

4.5. RESULTADOS

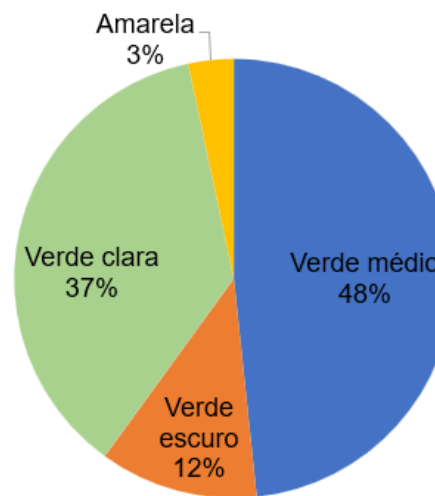
As avaliações de características qualitativas revelaram que 58% dos acessos de feijão-de-vagem com hábito de que crescimento determinado possuem forma da vagem em sessão transversal elíptica, 48% possuem vagens com coloração verde médio, 78% não apresentam fio na sutura ventral da vagem e 62% exibem grau de curvatura da vagem fraco (Figura 4.1).

Figura 4.1 - Forma da vagem em sessão transversal (**A**), cor da vagem (**B**), presença de fio na sutura ventral da vagem (**C**) e grau de curvatura da vagem (**D**) de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado.

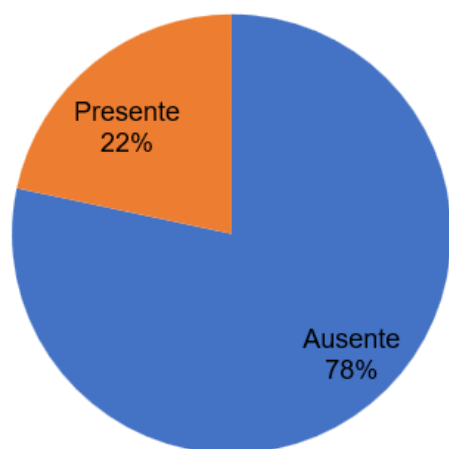
A



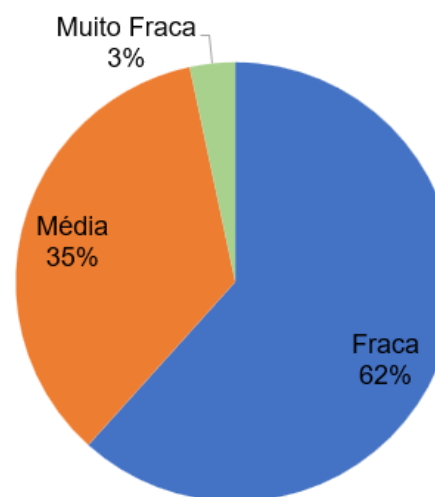
B



C



D



A análise de deviance (ANADEV) indicou efeito significativo ($p \leq 0,05$) para interação genótipo x ambiente (GxA) para a maioria das variáveis, exceto para número de nós na haste principal (NN), espessura da vagem (PT), proteína (PR) e os nutrientes P, K, Ca, Mg, S, Cu, Zn e Fe. Para efeito dos genótipos também foi observado efeito significativo ($p \leq 0,05$) para a maioria das características avaliadas, com exceção para porcentagem de vagens comerciais (PCP), os nutrientes P, K, Mg, Zn, Mn e Fe e fenóis totais (FEN), flavonoides totais (FLA) e atividade antioxidante (DPPH) (Tabela 4.1).

Tabela 4.1 - Estimativa de parâmetros genéticos por máxima verossimilhança restrita (REML) e predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viciada (BLUP) de 29 variáveis utilizadas na avaliação de 60 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado.

Descritores ^{1/}	h^2_g ^{2/}	Ac	Rgloc	CVe%	G	GxA	Média	Min	Max
PH	0,64	0,80	0,59	7,79	14,59** ³	23,79**	48,41	46,20	52,99
NN	0,68	0,82	0,97	9,57	1320,6**	0,00 ^{ns}	7,37	7,06	8,57
PIH	0,71	0,84	0,74	12,16	21,1**	9,2**	17,13	15,90	19,81
FC	0,75	0,87	0,72	4,34	167,1**	17,5**	33,52	32,39	35,98
HC	0,43	0,66	0,33	3,87	4,71*	38,7**	53,49	52,60	54,87
PL	0,93	0,97	0,95	5,63	86,8**	5,41*	13,55	12,55	14,53
PW	0,95	0,97	0,95	6,90	14,6**	23,7**	11,22	9,74	14,02
PT	0,69	0,83	0,75	8,31	19,26**	1,39 ^{ns}	8,66	8,29	9,27
PT/PW	0,90	0,95	0,90	10,19	62,9**	10,52**	0,98	0,88	1,06
TPN	0,75	0,87	0,67	14,03	26,3**	55,4**	17,25	14,87	22,58
TPM	0,59	0,77	0,47	12,12	11,5**	94,6**	92,54	84,19	106,73
CPN	0,54	0,73	0,41	14,37	8,67**	120,0**	13,39	11,98	16,84
CPM	0,42	0,65	0,28	11,39	4,22*	155,9**	75,33	70,29	85,72
PMA	0,81	0,90	0,77	9,84	36,8**	23,8**	6,72	6,10	7,33
PCP	0,36	0,60	0,31	6,68	2,9 ^{ns}	25,9**	85,24	83,80	87,80
PROD	0,42	0,65	0,28	11,37	4,22*	156,5**	15,07	14,06	17,15
PR	0,58	0,76	0,81	9,07	10,7**	0,44 ^{ns}	17,61	17,08	18,83
P	0,33	0,57	0,36	11,93	2,3 ^{ns}	3,44 ^{ns}	4,08	3,99	4,35
K	0,27	0,52	0,90	13,62	0,46 ^{ns}	0,00 ^{ns}	24,76	24,40	25,56
Ca	0,60	0,77	0,64	18,23	11,7**	1,43 ^{ns}	5,18	4,79	6,02
Mg	0,33	0,57	0,45	12,51	2,31 ^{ns}	0,15 ^{ns}	3,31	3,24	3,44
S	0,59	0,77	0,85	15,94	11,7**	0,2 ^{ns}	1,97	1,86	2,43
Cu	0,69	0,83	0,96	18,36	20,3**	0,0 ^{ns}	8,82	8,15	9,77
Zn	0,35	0,59	0,53	16,53	2,7 ^{ns}	0,77 ^{ns}	36,03	35,04	38,58
Mn	0,15	0,39	0,13	26,87	0,4 ^{ns}	23,1**	64,61	63,00	67,62
Fe	0,16	0,41	0,26	25,58	0,5 ^{ns}	1,45 ^{ns}	97,73	95,90	100,98
FEN	0,02	0,13	0,01	5,25	0,1 ^{ns}	1271**	13,45	13,29	14,09
FLA	0,16	0,40	0,09	6,10	0,5 ^{ns}	599**	42,00	40,43	47,27
DPPH	0,11	0,33	0,06	4,66	0,2 ^{ns}	724,6**	48,80	47,69	50,25

^{1/} **PH**: altura de planta; **NN**: número de nós na haste principal; **PIH**: altura de inserção da primeira vagem; **FC**: ciclo até início do florescimento (dias); **HAC**: ciclo até início da colheita (dias); **PL**: comprimento de vagem (cm); **PW**: largura de vagem (mm); **PT**: espessura de vagem (mm); **PT/PW**: razão entre espessura e largura da vagem; **TPN**: número total de vagens; **TPM**: massa total de vagens; **CPN**: número comercial de vagens; **CPM**: massa comercial de vagens (g); **PMA**: massa por unidade de vagem; **PCP**: porcentagens de vagens comerciais; **PROD**: produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹); **PR**: teor de proteína na vagem (%); **P**: teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); **K**: potássio (g.ka⁻¹); **Ca**: Cálcio (g.ka⁻¹); **Mg**: magnésio (g.ka⁻¹); **S**: enxofre (g.ka⁻¹); **Cu**: cobre (mg.kg⁻¹); **Zn**: zinco (mg.kg⁻¹); **Mn**: Manganês (mg.kg⁻¹); **Fe**: ferro (mg.kg⁻¹); **FEN**: compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); **FLA**: flavonoides (mg.100g⁻¹); **DPPH**: atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

^{2/} h^2_g : herdabilidade da média de genótipo; **Ac**: acurácia da seleção de genótipos; **Rgloc**: correlação entre ambientes; **CVe%**: coeficiente de variação ambiental; **G**: efeito de genótipos; **GxA**: efeito da interação entre genótipo e ambiente; **Média**: Média geral dos genótipos; **Min**: valor mínimo dos genótipos; **Max**: valor máximo dos genótipos.

^{3/} ** significativo a 1% de probabilidade pelo Teste da Razão da Verossimilhança (LRT); * significativo a 5% de probabilidade pelo Teste da Razão da Verossimilhança (LRT); ^{ns} Não significativo.

O ensaio cultivado na safra das águas (ambiente 1) exibiu maior número total (TPN) e comercial de vagens (TPM), massa total (CPN) e comercial de vagens (CPM), produtividade (PROD), Ca, Mg, Zn e Fe que o ensaio cultivado na safra de outono-inverno (ambiente 2). No entanto, o ensaio de outono inverno demonstrou maior altura de planta (PH), altura de inserção da primeira vagem (PIH), comprimento de vagem (PL), teor de proteína (PR), P, K, Cu, Mn e flavonoides (FLA). A dispersão, simetria e valores discrepantes (outliers) do conjunto de dados das 29 variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas, tanto do ambiente um, quanto do ambiente dois, podem ser observados na análise de boxplot apresentada no Apêndice J (pág. 165) e no Apêndice K (pág. 166).

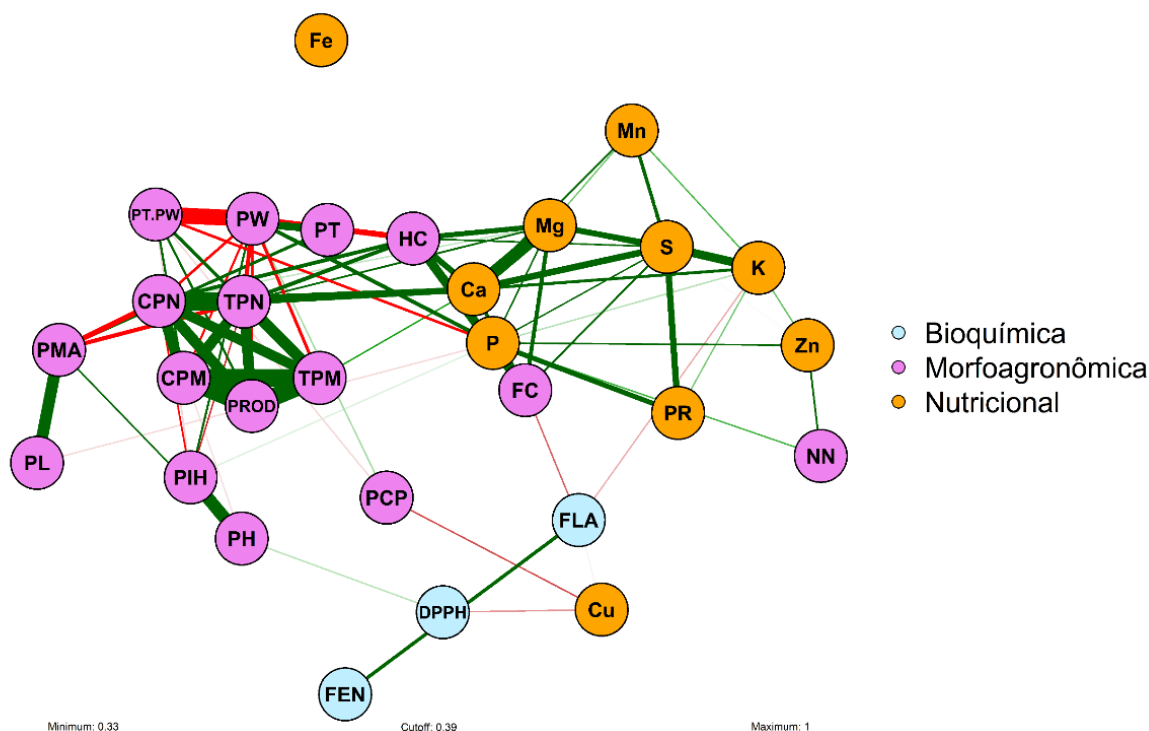
Na análise de máxima verossimilhança restrita (REML) foram estimados os parâmetros genéticos das 29 variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas utilizadas na avaliação dos 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em duas safras (Tabela 4.1). Para as variáveis morfoagronômicas a herdabilidade (h^2_g) variou de 0,36 a 0,95 e a acurácia de seleção (Ac) de 0,60 a 0,97, sendo os maiores valores observados para as características comprimento de vagem (PL), largura de vagem (PW), massa por unidade de vagem (PMA), número total de vagens (TPN) e ciclo até o início do florescimento (FC). Para teor de nutrientes e compostos bioquímicos a h^2_g variou de 0,02 a 0,69 e a Ac de 0,13 a 0,83, com os maiores valores sendo observados para Cu, Ca, S e proteína (PR). As variáveis que demonstraram menores valores de h^2_g e Ac foram compostos fenólicos (FEN), atividade antioxidante (DPPH) e Fe (Tabela 4.1)..

A correlação média entre os dois ambientes (Rgloc) foi 0,56, variando de 0,28 a 0,97 para as variáveis morfoagronômicas e de 0,01 a 0,96 para as características nutricionais e bioquímicas. As variáveis com maior Rgloc foram número de nós (NN), comprimento da vagem (PL), largura da vagem (PW), teor de K e proteína (PR), enquanto as variáveis com menor Rgloc foram compostos bioquímicos (FEN, FLA e DPPH), Mn, Fe e Produtividade (PROD). O coeficiente de variação residual (CVe%) foi menor que 30% para todas as variáveis analisadas (Tabela 4.1).

Na análise de correlação de Pearson das 29 variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas, foi observado que Fe foi a única variável que não apresentou correlação significativa ($p \leq 0,01$) com as demais características. Dentro do grupo de variáveis morfoagronômicas, comprimento de

vagem (PL) demonstrou forte correlação positiva com massa média de vagem (PMA) e altura de inserção da primeira vagem (PIH) correlacionou-se com altura de plantas (PH). Número total de vagens (TPN), massa total de vagens (TPM), número comercial de vagens (CPN), massa comercial de vagens (CPM) e produtividade de vagens comerciais (PROD) exibiram elevada correlação entre si. Foi observado correlação negativa entre massa média de vagem (PMA) e número total e comercial de vagens (TPN e CPN) e entre ciclo até a colheita (HC) e espessura de vagem (PT) (Figura 4.2).

Figura 4.2 - Análise de correlação de Pearson ($p \leq 0,01$) de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas.



PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **TPN:** número total de vagens; **TPM:** massa total de vagens; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **PCP:** porcentagens de vagens comerciais; **PROD:** produtividade de vagens comerciais ($t \cdot ha^{-1}$); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem ($g \cdot ka^{-1}$); **K:** potássio ($g \cdot ka^{-1}$); **Ca:** Cálcio ($g \cdot ka^{-1}$); **Mg:** magnésio ($g \cdot ka^{-1}$); **S:** enxofre ($g \cdot ka^{-1}$); **Cu:** cobre ($mg \cdot kg^{-1}$); **Zn:** zinco ($mg \cdot kg^{-1}$); **Mn:** Manganês ($mg \cdot kg^{-1}$); **Fe:** ferro ($mg \cdot kg^{-1}$); **FEN:** compostos fenólicos ($mg \cdot 100g^{-1}$); **FLA:** flavonoides ($mg \cdot 100g^{-1}$); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

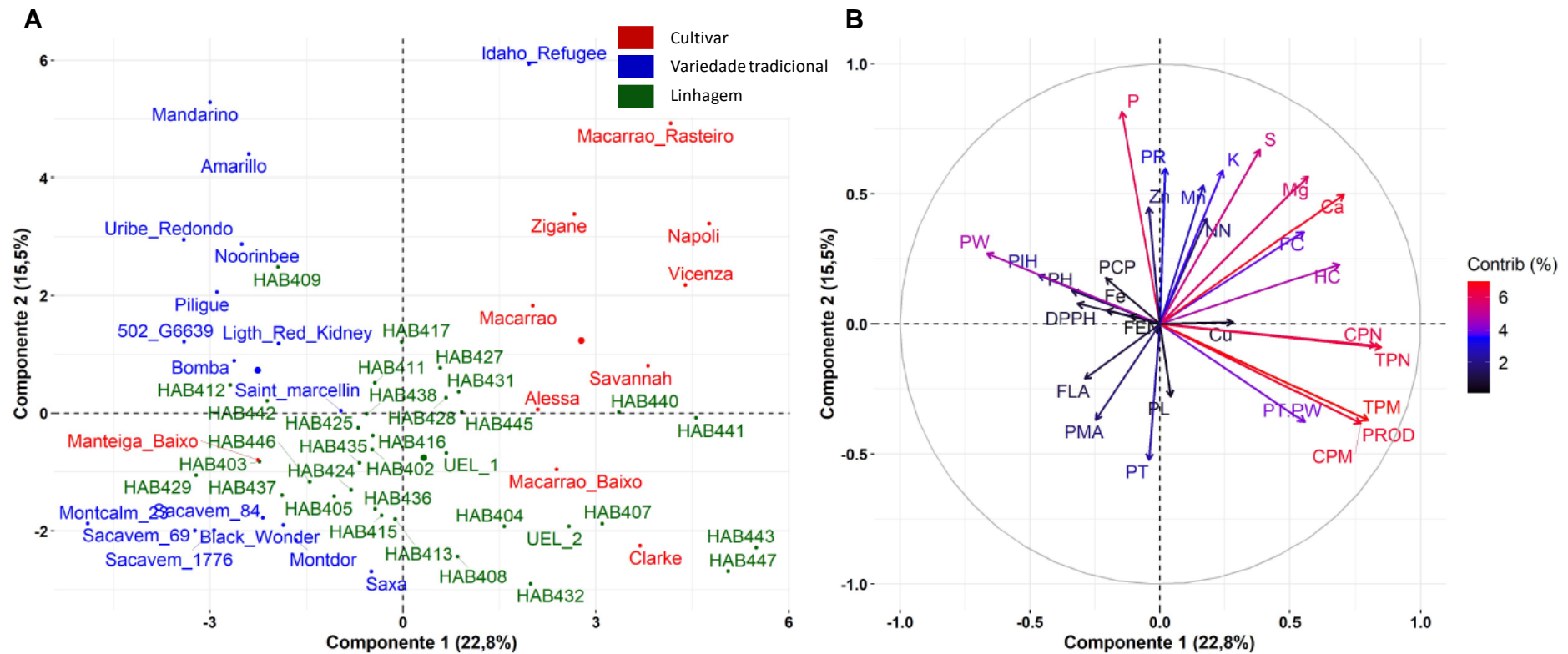
No grupo de variáveis nutricionais, S demonstrou correlação positiva com proteína (PR), K, Mn, Mg, Ca e P. Observou-se também elevada correlação entre Mg e Ca e entre P e PR. Quanto aos compostos bioquímicos, compostos fenólicos

(FEN) e flavonoides (FLA) demonstraram correlação positiva com atividade antioxidante (DPPH).

Verificou-se também correlações significativas entre os grupos de variáveis morfoagronômicas e nutricionais/bioquímicas. Ca demonstrou correlação positiva com ciclo até a colheita (HC) e número total e comercial de vagens (TPN e CPN). Mg teve correlação positiva com ciclo até o florescimento (FC) e ciclo até a colheita (HC) e número de nós (NN) demonstrou correlação com Zn e proteína (PR).

A análise de componentes principais (ACP) revelou que os dois primeiros componentes somados explicam 38,3% da variação dos resultados. As variáveis que mais contribuíram para a formação do componente 1, representado pelo eixo X, foram: TPN, CPN, TPM, PROD, CPM, Ca, HC, PW, Mg e PT/PW. Para a formação do componente 2, representado pelo eixo Y, as variáveis que mais contribuíram foram: P, S, PR, K, Mg, Mn, PT, Ca, Zn e NN (Figura 4.3 B).

Figura 4.3 - Análise de componentes principais de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas. Representação gráfica dos dois principais componentes **(A)** e contribuição das variáveis para a formação dos componentes um e dois **(B)**.



PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **TPN:** número total de vagens; **TPM:** massa total de vagens; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **PCP:** porcentagens de vagens comerciais; **PROD:** produtividade de vagens comerciais ($t \cdot ha^{-1}$); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem ($g \cdot ka^{-1}$); **K:** potássio ($g \cdot ka^{-1}$); **Ca:** Cálcio ($g \cdot ka^{-1}$); **Mg:** magnésio ($g \cdot ka^{-1}$); **S:** enxofre ($g \cdot ka^{-1}$); **Cu:** cobre ($mg \cdot kg^{-1}$); **Zn:** zinco ($mg \cdot kg^{-1}$); **Mn:** Manganês ($mg \cdot kg^{-1}$); **Fe:** ferro ($mg \cdot kg^{-1}$); **FEN:** compostos fenólicos ($mg \cdot 100g^{-1}$); **FLA:** flavonoides ($mg \cdot 100g^{-1}$); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

Na representação gráfica dos dois principais componentes a maioria dos acessos foi agrupado de acordo com seu status biológico (cultivar, linhagem e variedade tradicional). As variedades tradicionais foram alocadas mais à esquerda e divididas em dois grupos, com o grupo alocado na parte inferior da representação gráfica tendo maior teor de flavonoides (FLA), massa média de vagem (PMA), espessura de vagem (PT) e menor ciclo até o florescimento (FC) e até a colheita (HC). O grupo de variedades tradicionais posicionado na parte superior teve maior largura de vagem (PW), altura de planta (PH) e altura de inserção da primeira vagem (PIH). De modo geral as variedades tradicionais demonstraram menor ciclo, potencial produtivo e teor de nutrientes nas vagens. Os genótipos Idaho Refugee e Saxa se destacaram das demais variedades tradicionais pela maior produtividade, de modo que o Idaho Refugee também demonstrou maior teor de proteína (PR), P, K, S, Zn e Mn (Figura 4.3).

As linhagens foram agrupadas mais ao centro na ACP, indicando valores intermediários para as características analisadas. Dentro do grupo de linhagens, destacaram-se: HAB 440, HAB 441, HAB 443, HAB 447, HAB 407, HAB 432, HAB 404 e UEL 2, as quais demonstraram maior potencial produtivo, ciclo e teores de Ca e Mg. As cultivares foram alocadas mais à direita na ACP, com exceção do genótipo Manteiga Baixo, o qual ficou mais à esquerda da figura. De modo geral o grupo formado por cultivares demonstrou maior potencial produtivo, ciclo e teores de Ca, Mg e S (Apêndice J, pág.165 e Apêndice K, pág. 166), com os acessos Macarrão rasteiro, Napoli, Vicenza e Zigane se destacando pelos maiores valores de número de nós (NN), proteína (PR), P, K, Mn e Zn.

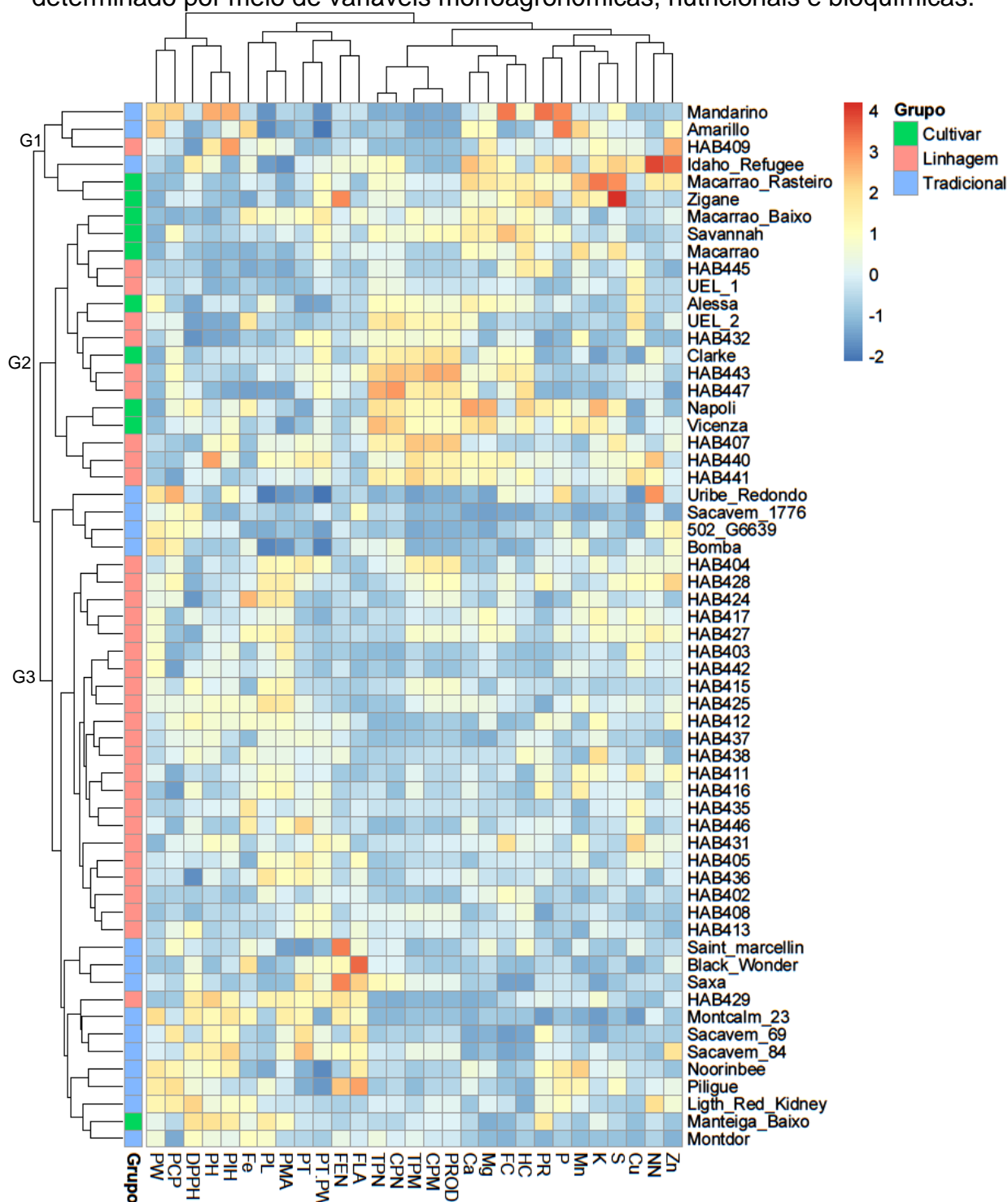
A dissimilaridade genética média entre os 60 acessos foi de 0,34, com a menor distância (0,10) sendo observada entre as linhagens HAB 403 e HAB 442 e a maior distância (0,58) entre a linhagem HAB 447 e a variedade tradicional Mandarino.

O grupo de acessos formado por cultivares (n=10) teve uma distância genética média de 0,356, com a cultivar Manteiga baixo apresentando o menor valor (0,32) e a Napoli o maior (0,41). As linhagens (n=33) tiveram distância genética média de 0,314, com a menor distância sendo observada na HAB 413 (0,275) e a maior distância na HAB 447 (0,40). O grupo com maior distância genética média foi o formado por variedades tradicionais, com valor de 0,364. A variedade Montdor

demonstrou a menor distância (0,30) e Mandarinino a maior (0,449) (Apêndice L, pág. 167).

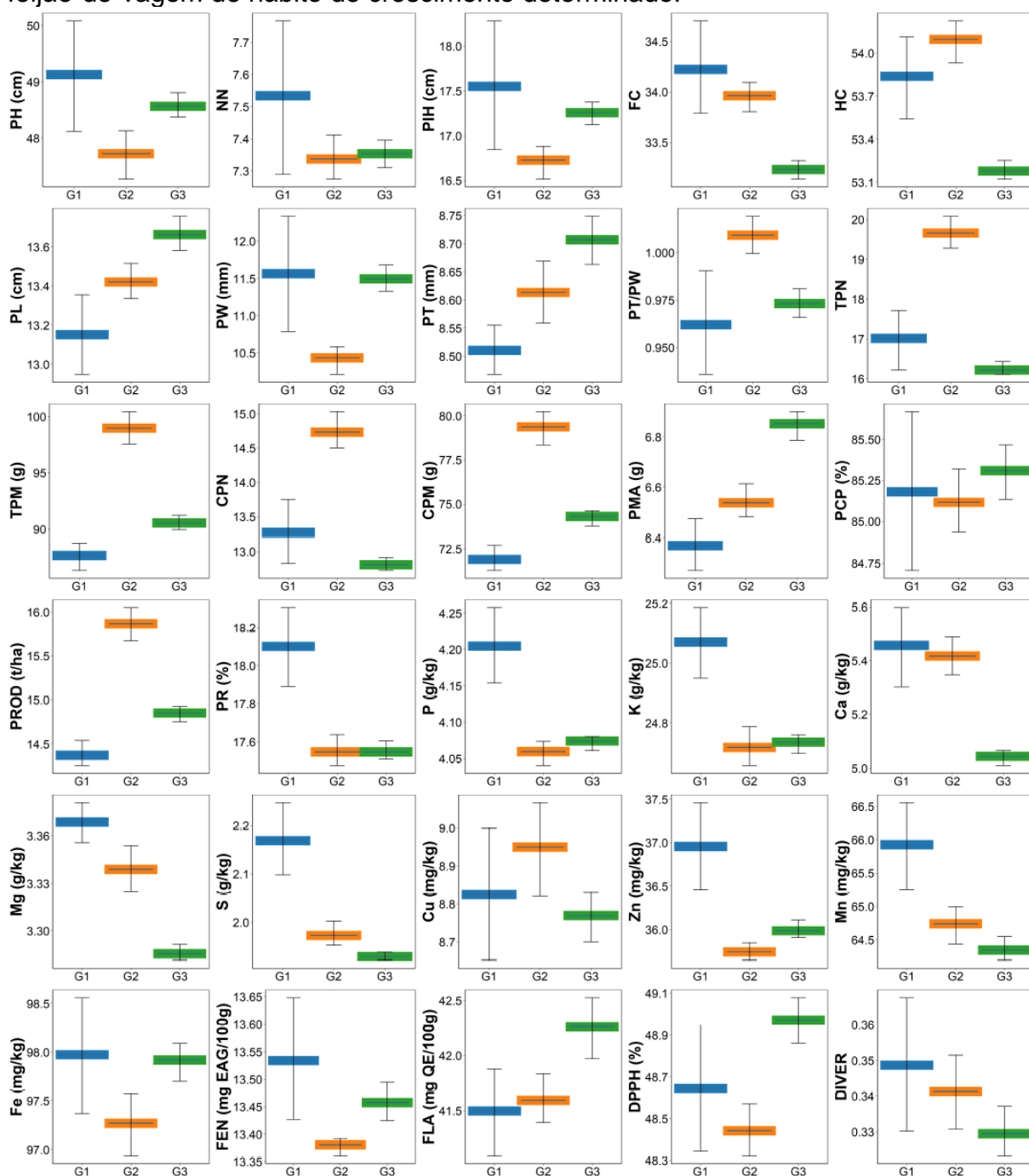
Na análise de agrupamento de UPGMA expressa por meio do mapa de calor (Figura 4.4), observa-se a formação de três grupos de acessos, os quais demonstram concordância com a análise de componentes principais (Figura 4.3). O primeiro grupo (G1) teve a maior dissimilaridade genética média (0,34) e foi formado por seis acessos: três variedades tradicionais (Amarillo, Idaho Refugee e Mandarinino), duas cultivares (Macarrão Rasteiro e Zigane) e uma linhagem (HAB 409). Esse grupo se destacou por apresentar valores inferiores de massa total (TPM), massa comercial de vagens (CPM) e produtividade (PROD) e maior altura de planta (PH), número de nós (NN), altura de inserção da primeira vagem, maior teor de proteína (PR), P, K, Mg, S, Zn, Mn e compostos fenólicos (FEN) (Figura 4.5).

Figura 4.4 - Mapa de calor gerado a partir da matriz de distância euclidiana média e agrupamento UPGMA de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas.



PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **TPN:** número total de vagens; **TPM:** massa total de vagens; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **PCP:** porcentagens de vagens comerciais; **PROD:** produtividade de vagens comerciais ($t \cdot ha^{-1}$); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem ($g \cdot ka^{-1}$); **K:** potássio ($g \cdot ka^{-1}$); **Ca:** Cálcio ($g \cdot ka^{-1}$); **Mg:** magnésio ($g \cdot ka^{-1}$); **S:** enxofre ($g \cdot ka^{-1}$); **Cu:** cobre ($mg \cdot kg^{-1}$); **Zn:** zinco ($mg \cdot kg^{-1}$); **Mn:** Manganês ($mg \cdot kg^{-1}$); **Fe:** ferro ($mg \cdot kg^{-1}$); **FEN:** compostos fenólicos ($mg \cdot 100g^{-1}$); **FLA:** flavonoides ($mg \cdot 100g^{-1}$); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

Figura 4.5 - Média e desvio padrão dos três grupos (G1, G2 e G3) formados pela matriz média euclidiana de dissimilaridade e agrupamento UPGMA de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado.



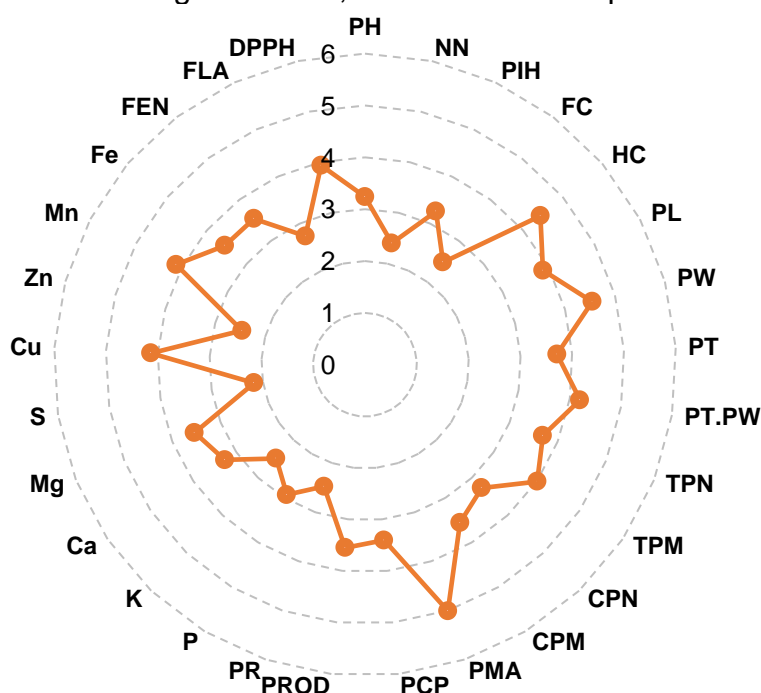
PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **TPN:** número total de vagens; **TPM:** massa total de vagens; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **PCP:** porcentagens de vagens comerciais; **PROD:** produtividade de vagens comerciais ($t \cdot ha^{-1}$); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem ($g \cdot ka^{-1}$); **K:** potássio ($g \cdot ka^{-1}$); **Ca:** Cálcio ($g \cdot ka^{-1}$); **Mg:** magnésio ($g \cdot ka^{-1}$); **S:** enxofre ($g \cdot ka^{-1}$); **Cu:** cobre ($mg \cdot kg^{-1}$); **Zn:** zinco ($mg \cdot kg^{-1}$); **Mn:** Manganês ($mg \cdot kg^{-1}$); **Fe:** ferro ($mg \cdot kg^{-1}$); **FEN:** compostos fenólicos ($mg \cdot 100g^{-1}$); **FLA:** flavonoides ($mg \cdot 100g^{-1}$); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados); **DIVER:** distância genética média obtida por meio da matriz de dissimilaridade Euclidiana.

O segundo grupo (G2) apresentou dissimilaridade genética média de 0,341 e foi formado por 15 acessos: sete cultivares (Alessa, Clarke, Macarrão, Macarrao Baixo, Napoli, Savannah e Vicenza) e oito linhagens (HAB407, HAB432, HAB440, HAB441, HAB445, HAB447, UEL 1 e UEL). De modo geral esse grupo apresentou maior número total (TPN) e comercial de vagens (CPN), massa total (TPM) e comercial de vagens (CPM), produtividade (PROD), ciclo até a colheita (HC) e teor de Cu nas vagens (Figura 4.5).

O terceiro grupo (G3) foi o que teve maior quantidade de acessos (n=39) e menor dissimilaridade genética média (0,33). Os acessos do G3 demonstraram valores intermediários para a maioria das variáveis e maior comprimento (PL) e espessura (PT) de vagem, teor de flavonoides (FLA) e atividade antioxidante (DPPH) (Figura 4.5).

As variáveis que mais contribuíram para a divergência genética entre os acessos foram massa média de vagens (PMA), largura de vagem (PW), ciclo até a colheita (HC), razão entre espessura e largura da vagem (PT/PW), teor de Cu e Mn e massa total de vagens (TPM). As variáveis que demonstraram menor importância relativa foram: ciclo até o florescimento (FC), teor de proteína (PR), Zn e S na vagem e número de nós na haste principal (NN) (Figura 4.6).

Figura 4.6 - Importância relativa dos caracteres (%) de Singh (1981) para divergência genética entre 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas.



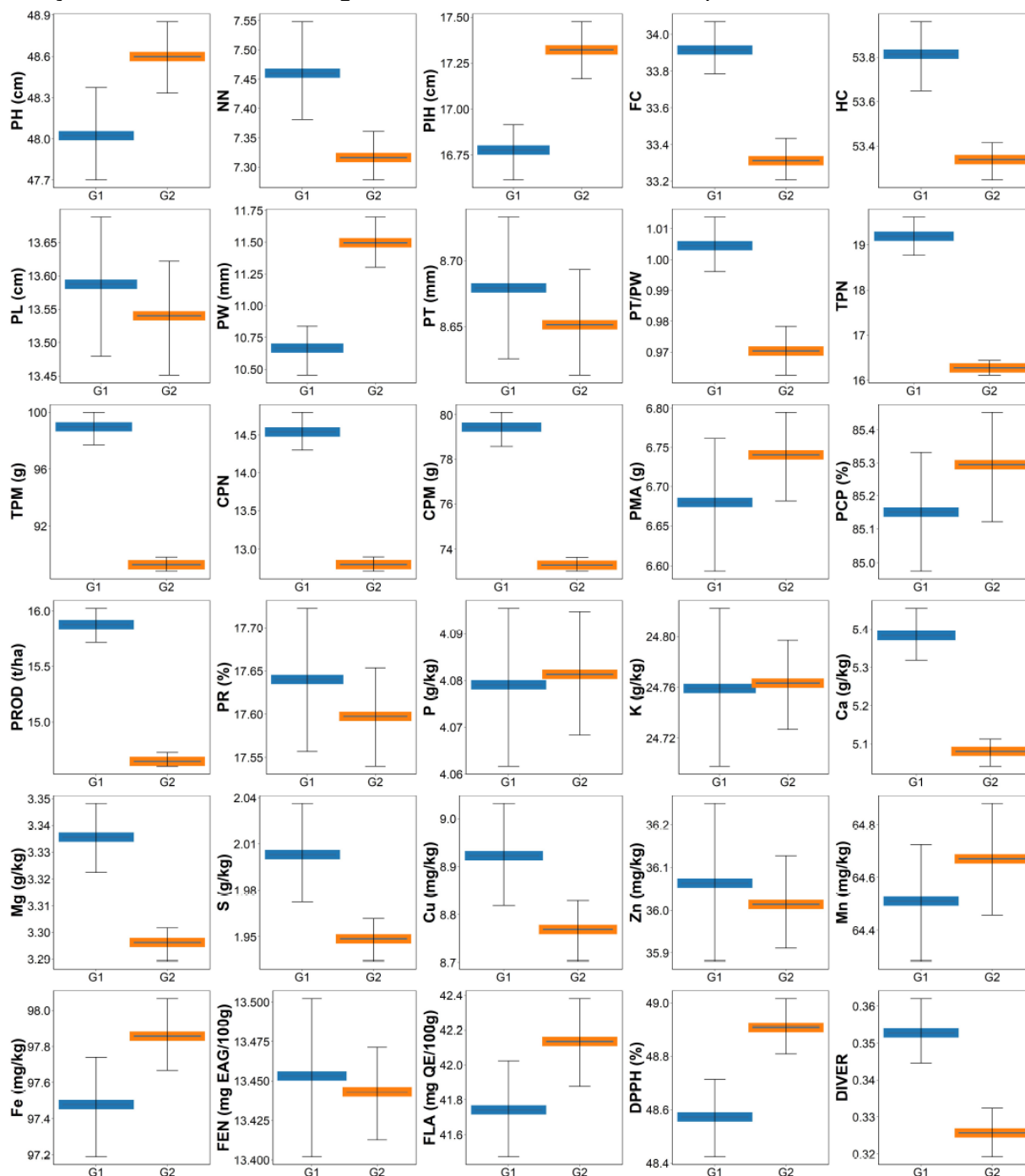
PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **TPN:** número total de vagens; **TPM:** massa total de vagens; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **PCP:** porcentagens de vagens comerciais; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); **K:** potássio (g.ka⁻¹); **Ca:** Cálcio (g.ka⁻¹); **Mg:** magnésio (g.ka⁻¹); **S:** enxofre (g.ka⁻¹); **Cu:** cobre (mg.kg⁻¹); **Zn:** zinco (mg.kg⁻¹); **Mn:** Manganês (mg.kg⁻¹); **Fe:** ferro (mg.kg⁻¹); **FEN:** compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); **FLA:** flavonoides (mg.100g⁻¹); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

A caracterização fenotípica permitiu a seleção de 20 genótipos divergentes, com características agronômicas e nutricionais desejáveis, os quais poderão ser avaliados em mais ambientes ou utilizados como genitores para início de um programa de melhoramento genético de feijão-de-vagem. Foram selecionados duas variedades tradicionais: Idaho Refugee e Saxa; sete cultivares: Alessa, Clarke, Macarrão Baixo, Napoli, Savannah, Vicenza e Zigane; e 11 linhagens: HAB404, HAB407, HAB415, HAB427, HAB428, HAB432, HAB440, HAB441, HAB443, HAB447 e UEL 2.

Na Figura 4.7 é apresentado o Boxplot de comparação dos 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado selecionados (G1) e não selecionados (G2) com relação as variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas. Foi observado que os acessos selecionados apresentam menor altura

média de planta, maior número de nós, ciclo até o florescimento e até a colheita, maior relação entre espessura e largura de vagem, número total e comercial de vagens, maior massa total e comercial de vagens, produtividade e maior teor de Ca, Mg, S e Cu nas vagens. Os acessos selecionados também demonstraram maior divergência genética (DIVER), com distância genética média de 0,353 contra 0,326 dos acessos não selecionados.

Figura 4.7 – Média e desvio padrão dos 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado selecionados (G1) e os 40 não selecionados (G2) com relação as variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas.



PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **TPN:** número total de vagens; **TPM:** massa total de vagens; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **PCP:** porcentagens de vagens comerciais; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); **K:** potássio (g.ka⁻¹); **Ca:** Cálcio (g.ka⁻¹); **Mg:** magnésio (g.ka⁻¹); **S:** enxofre (g.ka⁻¹); **Cu:** cobre (mg.kg⁻¹); **Zn:** zinco (mg.kg⁻¹); **Mn:** Manganês (mg.kg⁻¹); **Fe:** ferro (mg.kg⁻¹); **FEN:** compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); **FLA:** flavonoides (mg.100g⁻¹); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados); **DIVER:** distância genética média obtida por meio da matriz de dissimilaridade Euclidiana.

4.6. DISCUSSÃO

Para a definição da cultivar de feijão-de-vagem a ser utilizada, deve-se considerar características que vão além da produtividade e componentes de rendimento, tais como: coloração e formato da vagem, menor espessura e maior succulência da vagem, reduzido teor de fibra da parede e ausência de fio na sutura ventral (HAGERTY et al., 2016). Nos países tropicais os padrões de qualidade de feijão-de-vagem não estão claramente estabelecidos como em países de zonas temperadas. Quando a produção de feijão-de-vagem é destinada ao mercado externo, utiliza-se normalmente cultivares de hábito de crescimento determinado, uma vez que esses genótipos tendem a produzir vagens de melhor qualidade (BLAIR et al., 2010).

O mercado consumidor internacional tem preferência por vagens com forma em sessão transversal elíptica, coloração verde escura, sem fio na sutura ventral e pouco recurvadas (HAGERTY et al., 2016; PEVICHAROVA; SOFKOVA-BOBCHEVA; ZSIVANOVITS, 2015). Considerando esses critérios, apenas sete acessos apresentaram as quatro características qualitativas desejáveis, sendo todas cultivares: Clarke e Savannah da empresa HM Clause, Macarrão Rasteiro e Zigane da empresa TopSeed, Macarrão da empresa Hortices, Macarrão Baixo da empresa ISLA e Napoli da empresa Feltrin (Apêndice I, pág. 163). Esse fato pode ser explicado pelo cuidado que as empresas de melhoramento possuem com relação as exigências do mercado consumidor, sendo o padrão comercial um critério decisivo para a definição de lançamento de uma nova cultivar.

A demanda de mão-de-obra é outro fator que deve ser considerado com atenção na definição do sistema produtivo. As operações manuais são um dos principais itens dentro do custo de produção e podem ser realizadas com auxílio de máquinas, de modo que a mecanização tem demonstrado ganhos significativos de eficiência, produtividade e retorno econômico (IBARROLA-RIVAS; KASTNER; NONHEBEL, 2016).

Para a colheita mecanizada do feijão-de-vagem há a necessidade de que a cultivar seja de hábito de crescimento determinado, tenha porte ereto e produção uniforme (VAZ; MORAIS JÚNIOR; PEIXOTO, 2017; VIDAL et al., 2007). As cultivares também devem ter altura de inserção da primeira vagem acima de 12 cm

(OLIVEIRA et al., 2014). Neste contexto, todos os acessos avaliados demonstraram aptidão para colheita mecânica (Tabela 4.1).

Com o intuito de simular a condição de colheita mecanizada, foi realizada apenas uma colheita em cada um dos experimentos. Desse modo, os acessos com maior produção comercial de vagens (CPN, CPM, CPC e PROD) podem ter apresentado esse desempenho devido, entre outros fatores, a maior uniformidade de floração e produção. Nesse sentido, os acessos que mais se destacaram com relação a produção comercial de vagens foram: 11 linhagens (HAB404, HAB407, HAB415, HAB427, HAB428, HAB432, HAB440, HAB441, HAB443, HAB447 e UEL 2) e cinco cultivares (Alessa, Clarke, Napoli, Savannah e Vicenza). Dentro do grupo de variedade tradicionais destacou-se o acesso Saxa (Figura 4.3 e Figura 4.4).

Embora represente uma das características de maior interesse para o agricultor, as variáveis relacionadas com a produção (CPN, CPM, PCP e PROD) tiveram baixa herdabilidade e acurácia quando comparadas as outras variáveis de componentes de produção, demonstrando que a expressão do fenótipo para essas características tendem a ter maior influência do ambiente. Variáveis relacionadas a produtividade são controladas por vários genes e portanto, tendem a ser mais influenciadas pelo ambiente (ASSEFA et al., 2019; RESENDE et al., 2018).

A herdabilidade pode ser classificada como baixa ($h^2_g < 0,15$), média/moderada ($0,15 < h^2_g < 0,50$) ou alta magnitude ($h^2_g > 0,50$) (RESENDE, 2009). A maioria das 29 variáveis utilizadas no presente trabalho apresentaram parâmetros genéticos adequados para emprego na seleção de genótipos, com exceção de teor de Mn, Fe, FEN, FLA e DPPH, as quais tiveram baixa h^2_g e Ac (Tabela 4.1). A h^2_g classificada como moderada, aliada a acurácia seletiva, sugere que a avaliação fenotípica pode permitir ganhos de seleção com melhorias no desempenho das variáveis e seleção de indivíduos agronomicamente superiores (KATUURAMU et al., 2020; SOUZA et al., 2018).

A maioria das variáveis analisadas tiveram efeito significativo para a interação genótipo x ambiente (Tabela 4.1), fato que está diretamente relacionado a resposta diferencial dos genótipos de acordo com o local de cultivo (TEIXEIRA et al., 2004). O maior potencial produtivo dos acessos na safra das águas pode estar associado as características do ambiente, tais como: temperatura média um pouco superior e menor umidade relativa do ar média (Apêndice H, pág. 162).

A espécie *Phaseolus vulgaris* L. é sensível a altas temperaturas no florescimento, condição que pode causar abortamento floral e diminuição da produtividade (SILVA et al., 2020). No entanto essa condição não foi observada na safra das águas de 2017 durante o período de florescimento dos acessos, uma vez que a semeadura foi realizada dentro do zoneamento agrícola indicado para a espécie (MAPA, 2015).

Outra estratégia para seleção com objetivo de ganho para características que são mais influenciadas pelo ambiente é a utilização da seleção indireta (ARAÚJO et al., 2012; RIBEIRO et al., 2019). O teor de enxofre, por exemplo, exibiu elevada herdabilidade e acurácia, sendo pouco influenciada pelo ambiente, e teve alta correlação positiva com a maioria dos outros nutrientes e com proteína. Número total de vagens (TPN) e massa total de vagens (TPM) também demonstraram elevada h^2_g e Ac e alta correlação com produtividade (PROD). Desse modo, a seleção para alto teor de enxofre na vagem poderá ser eficiente para aumentar as concentrações de proteína (PR), K, Mn, Mg, Ca e P, bem como a seleção para TPN e TPM podem ser mais eficientes na identificação de acessos mais produtivos.

Na análise de agrupamento expressa pelo mapa de calor (Figura 4.4) é possível observar que o grupo 1 (G1) foi o que exibiu maior quantidade de nutrientes e proteína nas vagens (Figura 4.4). Os acessos com maior teor de proteína na vagem foram as variedades tradicionais Mandarino (18,8%) e Idaho Refugee (18,3) e a cultivar Zigane (18,4%), todas agrupadas no G1. Considerando a tendência de aumento do consumo de proteína vegetal com o intuito de garantir o uso mais sustentável dos recursos naturais, o feijão-de-vagem torna-se uma opção atrativa, pois pode ser preparado mais rápido do que outras leguminosas de grãos secos, encaixando-se nos hábitos de consumo dos consumidores modernos que preferem alimentos mais nutritivos e fáceis de serem preparados (NTATSI et al., 2018).

Os acessos do G1 podem ser utilizados em cruzamentos de programas de biofortificação de alimentos para aumentar o teor nutricional de feijão-de-vagem. O desenvolvimento de cultivares que possam suprir parte das carências nutricionais da população faz parte das prioridades de diversos programas ao redor do mundo, desse modo a biofortificação é uma alternativa para melhorar a qualidade nutricional dos alimentos e uma forma viável de combater a desnutrição

principalmente em países em desenvolvimento (BLAIR, 2013; PETRY et al., 2015; RIBEIRO, 2010).

O grupo 2 (G2) demonstrou maior potencial agrônômico (Figura 4.5), produtividade média de $15,8 \text{ t ha}^{-1}$, com destaque para as linhagens HAB 447 ($17,1 \text{ t ha}^{-1}$) e HAB 407 ($16,9 \text{ t ha}^{-1}$) e a cultivar Clark ($16,6 \text{ t ha}^{-1}$). O G2 também exibiu vagens mais cilíndricas (PT/PW próximo de 1), sendo essa uma característica comercial desejável, além de maior período do florescimento até a colheita. O G2 foi o segundo grupo com menor dias até o florescimento e o que demonstrou maior tempo para início da colheita. Esse maior período produtivo entre florescimento e colheita pode estar associado a maior produtividade do grupo e pode ser uma variável adicional em estudos de avaliação agrônômica de acessos de feijão-de-vagem.

Gomes e colaboradores (2020) estudaram a produtividade de cultivares e linhagens de feijão-de-vagem de hábito determinado em diferentes safras de cultivo e encontraram maior rendimento de vagens na safra das águas, com a linhagem UEL 2 e a cultivar Napoli exibindo maior potencial produtivo. Vaz, Morais Júnior e Peixoto (2017) realizaram a caracterização de 29 acessos de feijão-de-vagem de hábito determinado de diferentes países origem e constaram ampla variabilidade para os caracteres avaliados, comprimento de vagem médio de $14,75 \text{ cm}$, 18 vagens comerciais por planta e produtividade média de $11,85 \text{ t ha}^{-1}$. Os dados referenciados reforçam o potencial agrônômico dos acessos do grupo 2, uma vez que demonstraram produtividade média superior.

O grupo 3 (G3), formado pela maioria dos acessos, destacou-se principalmente pelos maiores teores de compostos bioquímicos. Devido à baixa contribuição dos compostos bioquímicos para a formação dos dois primeiros componentes na ACP, essa análise não foi efetiva para identificação dos acessos com maior teor de FEN, FLA e DPPH (Figura 4.3). Os acessos com maior teor de compostos fenólicos (FEN) foram as variedades tradicionais Saint Marcelilin e Saxa. Para flavonoides (FLA) destacaram-se as variedades tradicionais Black Wonder, Piligue e Saxa. Para atividade antioxidante (DPPH), valores superiores foram verificados na cultivar Manteiga Baixo, linhagem HAB 429 e variedades tradicionais Montcalm 23, Idaho Refugee e Saxa.

Destaca-se que para as variáveis relacionadas a compostos bioquímicos (FEN, FLA e DPPH) foi observado efeito significativo apenas para a

interação genótipo x ambiente e que essas características foram altamente influenciadas pelo ambiente, apresentando baixa h^2_g e A_c .

Normalmente verifica-se variabilidade genética para teor de nutrientes, proteína, FEN, FLA e DPPH, características que apresentam herança quantitativa e moderada a alta influência do ambiente e da interação genótipo x ambiente (MYERS et al., 2019; PEREIRA et al., 2017; RIBEIRO et al., 2011, 2019). Assim, recomenda-se que a seleção de genótipos para maior qualidade nutricional seja feita com dados obtidos de vários ambientes (RIBEIRO, 2010).

Kleintop e colaboradores (2016) avaliaram a concentração de compostos fenólicos (FEN) em uma coleção de feijão-de-vagem e identificaram grande variabilidade para essa característica, com apenas 16% dos genótipos sendo agrupados com teor intermediário ou alto de FEN, de modo que um desses acessos foi a variedade tradicional Idaho Refugee. Os acessos do G3 podem ser utilizados em cruzamentos com foco no desenvolvimento de produtos nutracêuticos, os quais podem ser consumido diretamente ou utilizado como matéria prima pela indústria farmacêutica (ALCÁZAR-VALLE et al., 2020).

O agrupamento efetivo dos acessos de acordo com características comuns só foi possível devido a quantidade de variáveis utilizadas, as quais demonstraram capacidade satisfatória de discriminação dos genótipos (Figura 4.6). No entanto, caso o foco do trabalho seja avaliar a divergência genética de acessos e haja escassez de recursos humanos e financeiros, as variáveis com menor contribuição relativa poderão retiradas das análises (DELFINI et al., 2017).

Com o intuito de iniciar um programa de melhoramento genético de feijão-de-vagem, foram selecionados 20 acessos considerando-se as características comerciais, agronômicas e nutricionais, de modo que o grupo foi formado com genótipos dos três grupos da análise de agrupamento (Figura 4.4). Considerando que para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas é necessário a variabilidade genética (CHÁVEZ-SERVIA et al., 2016), a seleção efetuada proporcionou aumento de produtividade (Figura 4.7) sem estreitar a base genética, uma vez que a distância genética média dos 20 acessos selecionados foi de 0,353, enquanto a distância genética média dos 60 acessos foi de 0,34.

A caracterização dos acessos de feijão-de-vagem permitiu a identificação de genótipos divergentes, com características agronômicas e nutricionais

desejáveis, de modo que esses acessos poderão ser utilizados como genitores para início de um programa de melhoramento genético. Os cruzamentos destes indivíduos poderão resultar em combinações genicas favoráveis, acarretando características importantes como o aumento de produtividade e melhoria da qualidade nutricional e comercial (FASAHAT et al., 2016; GOVINDARAJ; VETRIVENTHAN; SRINIVASAN, 2015).

4.7. CONCLUSÕES

A fenotipagem para componentes de produção, produtividade e qualidade nutricional possibilitou a diferenciação genética dos 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado.

As variáveis de componentes de produção e produtividade exibiram maior herdabilidade e acurácia e as relacionadas a qualidade nutricional foram mais influenciadas pelo ambiente.

A dissimilaridade genética média entre os 60 acessos foi de 0,34. O grupo de acessos de cultivares (n=10) teve distância genética média de 0,356, linhagens (n=33) 0,314 e variedades tradicionais (n=17) 0,364. Variedades tradicionais demonstraram maior dissimilaridade genética, no entanto cultivares e linhagens foram mais produtivas.

De acordo com os dados fenotípicos, os acessos foram agrupados em três grupos, de modo que o grupo 1 (n=6) se destacou pelo maior teor de nutrientes e proteína na vagem, o grupo 2 (n=15) pela maior produtividade e o grupo 3 (n=39) pela maior quantidade de compostos bioquímicos e atividade antioxidante.

Considerando os resultados das avaliações qualitativas, agrônômicas, nutricionais e bioquímicas, bem com a diversidade genética entre os acessos avaliados, foram selecionados 20 acessos para serem utilizados em programas de melhoramento genético de feijão-de-vagem. Foram selecionadas duas variedades tradicionais: Idaho Refugee e Saxa; sete cultivares: Alessa, Clarke, Macarrão Baixo, Napoli, Savannah, Vicenza e Zigane; e 11 linhagens: HAB404, HAB407, HAB415, HAB427, HAB428, HAB432, HAB440, HAB441, HAB443, HAB447 e UEL 2.

5. ARTIGO C – DIVERGÊNCIA GENÉTICA, ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE DE ACESSOS DE FEIJÃO-DE-VAGEM DE HÁBITO DE CRESCIMENTO DETERMINADO PARA POTENCIAL AGRONÔMICO E NUTRICIONAL

5.1. RESUMO

Considerando a crescente demanda de alimentos com elevado teor nutricional, o potencial econômico do cultivo de feijão-de-vagem e a necessidade de cultivares com adaptabilidade e estabilidade produtiva, objetivou-se avaliar a diversidade genética e a adaptabilidade e estabilidade para desempenho agronômico e a qualidade nutricional de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado, bem como selecionar genitores para início de um programa de melhoramento genético. Os acessos foram avaliados em cinco ambientes do Estado do Paraná, Brasil. O delineamento experimental foi de blocos ao acaso com três repetições e as variáveis (29) mensuradas foram: componentes de produção (15 variáveis), produtividade, teor de proteína e nutrientes na vagem (P, K, Ca, Mg, S, Cu, Zn, Mn e Fe) e compostos bioquímicos (fenóis, flavonoides e atividade antioxidante). Também foi realizada a caracterização molecular por meio de marcadores AFLP. Fragmentos provenientes de quatro combinações de primers foram combinados em uma matriz binária de presença (1) e ausência (0). Para as variáveis quantitativas foi aplicada a metodologia de modelos mistos. Com os valores genotípicos preditos foi realizada análise de adaptabilidade e estabilidade para todas as variáveis respostas por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG). As médias de MHPRVG foram utilizadas nas análises descritivas (box plot), correlação de Pearson, componentes principais (ACP), agrupamento de mapa de calor (heatmap) e índice de seleção baseado na soma de ranks. Na análise de deviance (ANADEV) foram observados efeitos significativos ($P \leq 0,05$) de genótipos para 13 das 29 variáveis analisadas e para a interação genótipo x ambiente (GxA) a única variável que não exibiu efeito significativo foi comprimento de vagem (PL). A herdabilidade genotípica (h^2_g) considerando todas as variáveis foi de 0,69, variando de 0,10 para teor de Mn na vagem a 0,98 para razão entre espessura e largura da vagem. A utilização da estratégia de modelos mistos aliada a adaptabilidade e estabilidade por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) mostrou-se uma ferramenta eficaz para a seleção de genótipos promissores. A fenotipagem possibilitou a seleção de genótipos divergentes geneticamente e com características agronômicas e nutricionais desejáveis. Para maior potencial agronômico foram selecionados os acessos HAB 428, HAB 440, HAB 441, HAB 443, Clark e Napoli. Considerando o teor nutricional nas vagens foram selecionados os acessos HAB 440, HAB 441, Idaho Refugee, Napoli, Savannah e Vicenza. Os acessos HAB 440, HAB 441 e Napoli foram selecionados tanto para melhoria do desempenho agronômico, quanto para aumento do teor nutricional das vagens. Os genótipos selecionados poderão ser utilizados como genitores para início de um programa de melhoramento genético e as cultivares indicadas para cultivo na região.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; melhoramento genético; modelos mistos; fenotipagem; genotipagem; recursos genéticos.

5.2. ABSTRACT

Considering the growing demand for foods with a high nutritional content, the economic potential of the snap bean cultivation and the need for cultivars with productive adaptability and stability, the objective was to evaluate genetic diversity and adaptability and stability for agronomic performance and nutritional quality of 20 bush snap beans accessions and select parents to start a plant breeding program. The accessions were evaluated in five environments in the State of Paraná, Brazil. The experimental design was randomized block design with three replications and the variables (29) measured were: production components (15 variables), yield, protein and nutrient content in the pod (P, K, Ca, Mg, S, Cu, Zn, Mn and Fe) and biochemical compounds (phenols, flavonoids and antioxidant activity). Molecular characterization was also performed using AFLP markers. Fragments from four primer combinations were combined in a binary matrix of presence (1) and absence (0). For the quantitative variables, the mixed model methodology was applied. With the predicted genotypic values, adaptability and stability analysis was performed for all response variables using harmonic mean of the relative performance of genetic values (HMRPGV). HMRPGV means were used to perform descriptive analyzes (box-plot), Pearson correlation, main components (ACP), heat map clustering and selection index based on the ranks sum. In the analysis of deviance significant effects ($P \leq 0.05$) of genotypes were observed for 13 of the 29 variables analyzed and for the genotype x environment interaction (GxE) the only variable that did not show significant effect was pod length. Genotypic heritability considering all variables was 0.69, ranging from 0.10 for Mn content in the pod to 0.98 for ratio between thickness and width of the pod. The use of the mixed model strategy combined with adaptability and stability through the harmonic mean of the relative performance of genetic values proved to be an effective tool for the selection of promising genotypes. Phenotyping enabled the selection of divergent genotypes with desirable agronomic and nutritional characteristics. The selected accessions with the greatest agronomic potential were HAB 428, HAB 440, HAB 441, HAB 443, Clark and Napoli. Considering the nutritional content in the pods were selected HAB 440, HAB 441, Idaho Refugee, Napoli, Savannah and Vicenza. Accessions HAB 440, HAB 441 and Napoli were selected both to improve agronomic performance and to increase the nutritional content of the pods. The selected genotypes can be used as parents to start a breeding program and the cultivars indicated for cultivation in the region.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L.; Plant breeding; Mixed models; Phenotyping; Genotyping; Genetic resources.

5.3. INTRODUÇÃO

O Feijão-de-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma importante olerícola cultivada no Brasil, apresentando alto valor agregado quando direcionado para o mercado fresco, sendo uma alternativa para os agricultores na diversificação da produção (ANDRADE et al., 2017). Além disso, a vagem também pode ser processada e congelada, o que garante maior tempo de pós-colheita e possibilidade de exportação (FERREIRA et al., 2006; MANZOOR et al., 2019). Essa olerícola possui elevados teores de proteínas, vitaminas, minerais e menor teor de fibra que o feijão comum (MYERS et al., 2019).

O sucesso do cultivo do feijão-de-vagem depende da utilização de cultivares adaptadas as condições locais, uma vez que o posicionamento inadequado da cultivar tende a diminuir o potencial produtivo da cultura (SANTHI et al., 2015). No entanto, para a definição da cultivar a ser utilizada deve-se considerar características além da produtividade. O mercado consumidor tem preferência por vagens com maior teor nutricional, menor espessura, pouco recurvadas, maior succulência, forma elíptica, reduzido teor de fibra e sem fio na sutura ventral (HAGERTY et al., 2016; NTATSI et al., 2018; PEVICHAROVA; SOFKOVA-BOBCHEVA; ZSIVANOVITS, 2015).

O feijão-de-vagem é dividido em dois grupos quanto ao hábito de crescimento da planta, determinado e indeterminado. As cultivares com hábito indeterminado possuem maior ciclo de vida e demandam maior quantidade de mão-de-obra, devido principalmente ao tutoramento e a colheita (FRANCELINO et al., 2011; GOMES et al., 2016; SANTOS et al., 2012). Todos os sistemas produtivos agrícolas altamente exigentes em mão-de-obra tendem a apresentar dificuldades de manutenção ao longo do tempo, por outro lado a mecanização tem demonstrado ganhos significativos de eficiência, produtividade e retorno econômico (IBARROLA-RIVAS; KASTNER; NONHEBEL, 2016).

As cultivares de hábito determinado permitem a total mecanização da lavoura, apresentam menor ciclo e dispensam o tutoramento, proporcionando colheitas concentradas, menor utilização de mão-de-obra e, conseqüentemente, menor custo de produção (VAZ; MORAIS JÚNIOR; PEIXOTO, 2017; VIDAL et al., 2007). Quando a produção de feijão-de-vagem é destinada ao mercado externo,

utiliza-se normalmente cultivares de hábito de crescimento determinado, as quais tendem a produzir vagens de melhor qualidade (BLAIR et al., 2010).

O cultivo de feijão-de-vagem é altamente influenciado por variações no ambiente e a interação do genótipo com o ambiente (GxA) representa um dos principais desafios para os programas de melhoramento, uma vez que dificulta o processo de seleção (VILELA et al., 2011). Visando amenizar os efeitos da interação GxA, busca-se identificar genótipos com alto potencial produtivo, ampla adaptabilidade e maior estabilidade fenotípica, ou seja, obter cultivares com alto desempenho médio em diferentes ambientes de cultivo (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Uma das estratégias para melhorar a eficiência na seleção de genótipos é a utilização dos modelos mistos, o qual estima os parâmetros genéticos, prediz os valores genotípicos e possibilita o estudo do comportamento das cultivares sem a influência da interação genótipo x ambiente (GOMES et al., 2018). Com os valores genotípicos preditos é possível calcular a média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) e assim, avaliar simultaneamente os efeitos da adaptabilidade, estabilidade e produtividade com resultados na própria grandeza ou escala do caráter avaliado (RESENDE, 2009; SANTOS et al., 2018).

Considerando a crescente demanda por alimentos com elevado teor nutricional, o potencial econômico do cultivo de feijão-de-vagem e a necessidade do desenvolvimento de cultivares produtivas e estáveis, objetivou-se avaliar a diversidade genética e a adaptabilidade e estabilidade para desempenho agrônômico e a qualidade nutricional de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado, bem como selecionar genitores para início de um programa de melhoramento genético.

5.4. MATERIAL E MÉTODOS

5.4.1. Material vegetal e ambientes

Foram avaliados 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado em cinco ambientes do estado do Paraná, Brasil, safra das águas de 2017 e 2018 em Londrina, safra de outono inverno de 2019 em Londrina, Cambará e Umuarama, Paraná, Brasil (Apêndice M, pág. 168). Os acessos avaliados são compostos por linhagens melhoradas do Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT (Cali, Colômbia), cultivares e variedades tradicionais. As informações dos acessos, tais como nome, país de origem, Instituição de introdução ou Empresa obtentora, status biológico, sessão transversal, cor, curvatura e fio na sutura ventral da vagem podem ser analisadas no Apêndice N (pág. 169).

O ensaio foi estabelecido nas Estações de Pesquisa do IDR-Paraná nas cidades de Londrina, Cambará e Umuarama, Paraná, Brasil. As coordenadas geográficas, altitude e os dados de temperatura média, temperatura máxima média, temperatura mínima média, umidade relativa do ar, precipitação acumulada, teor de areia, silte e argila do solo, pH, saturação de bases (V%) e alumínio, concentração de P, Ca, Mg e K do solo de cada ensaio estão descritos na Tabela 5.1. Os dados diários de temperatura média, temperatura máxima, temperatura mínima, umidade relativa do ar e precipitação de cada ensaio podem ser analisados no Apêndice O (pág. 170).

Tabela 5.1 - Características dos ambientes de avaliação dos 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado no Estado do Paraná, Brasil.

Característica	Londrina 2017	Londrina 2018	Londrina 2019	Cambará 2019	Umuarama 2019
Safra	Águas	Águas	Outono/inverno	Outono/inverno	Outono/inverno
Semeadura	05/09	03/09	26/03	06/04	11/04
Latitude	23°21'43.13"S	23°22'6.89"S	23°21'43.13"S	23°0'26.34"S	23°47'31.04"S
Longitude	51°9'52.63"W	51°9'46.58"W	51°9'52.63"W	50°2'18.46"W	53°15'11.52"W
Altitude	585 m	559 m	585 m	416 m	391 m
T-média	22,8°C	21,8°C	21,9°C	21,0°C	22,0°C
T-máx	30,2°C	28,2°C	28,1°C	28,9°C	27,9°C
T-mín	16,5°C	16,7°C	17,2°C	15,3°C	17,8°C
UR	64,5%	76,8%	82,3%	77,7%	79,2%
Precip	489 mm	383 mm	219 mm	228 mm	284 mm
Areia	6%	5%	6%	17%	71%
Silte	15%	15%	15%	10%	4%
Argila	79%	80%	79%	73%	25%
pH	6,07	6,14	6,35	5,22	4,91
CTC	13,21	11,48	12,89	9,21	4,13
V%	58	62	65	66	31
Al%	0,0	0,0	0,0	2,72	28,7
P (ppm)	12,1	18,4	16,7	7,19	99,1
Ca (cmol dm ⁻³)	4,17	4,23	4,33	4,38	0,79
Mg (cmol dm ⁻³)	3,08	2,35	3,42	1,29	0,26
K (cmol dm ⁻³)	0,41	0,54	0,63	0,40	0,21

T-média: temperatura média durante o cultivo; T-máx: temperatura máxima média; T-mín: temperatura mínima média; UR: umidade relativa do ar média; Precip: precipitação acumulada; CTC: Capacidade de troca catiônica (cmol dm⁻³); V%: saturação de bases (Ca, Mg e K); Al%: saturação de alumínio; P: teor de fósforo no solo (ppm) extraído pelo método Mehlich 1.

5.4.2. Avaliação agrônômica

O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso com três repetições, com parcela de quatro linhas de dois metros de comprimento, com espaçamento de 0,5 metro entre linhas e dez plantas por metro linear. A parcela útil foi composta pelas duas linhas centrais.

Na semeadura foi utilizado 350 kg ha⁻¹ de adubo na formulação 4-30-10 (N -P₂O₅-K₂O). Foram realizadas duas adubações de cobertura, a primeira no estágio de desenvolvimento V3, quando a segunda folha trifoliolada estava completamente expandida, com 40 kg ha⁻¹ de N, fonte sulfato de amônio (20% de N), e a segunda no estágio R5, quando 50% das plantas estavam com botões florais, com 200 kg ha⁻¹ de adubo formulado 20-05-20 (N - P₂O₅ - K₂O), totalizando em cobertura

80 kg ha⁻¹ de N, 10 kg ha⁻¹ de P₂O₅ e 40 kg ha⁻¹ de K₂O. O controle químico de doenças, pragas e plantas invasoras foi realizado em conformidade com as recomendações técnicas para a cultura.

O experimento foi conduzido em condição de campo e o suprimento de água foi realizado por meio de irrigação por aspersão convencional, com duas linhas de irrigação dispostas em paralelo, de modo que os aspersores foram posicionados com sobreposição para maior uniformidade da irrigação em toda a área experimental. A frequência de irrigação, bem como a duração, foi dependente do estágio de desenvolvimento da cultura, umidade do solo e condições meteorológicas.

As variáveis analisadas foram:

Altura de planta (PH): quando as plantas atingiram o estágio de desenvolvimento R6 (pelo menos uma flor aberta em 50% das plantas da parcela) a altura de plantas foi mesurada com auxílio de uma vareta régua de 1,5 metro graduada em centímetros, medindo-se do colo da planta até a extremidade da haste principal. A Avaliação foi realizada em cinco plantas da linha central.

Ciclo até o florescimento (FC): número de dias da emergência até o estágio de desenvolvimento R6.

Ciclo até a colheita (HC): número de dias da emergência até a colheita das vagens.

Número de nós (NN): foi avaliado o número de nós na haste principal, do colo da planta até a extremidade. A avaliação foi realizada na colheita das vagens em 5 plantas da linha central.

Altura de inserção da primeira vagem (PIH): a altura de inserção foi determinada medindo-se a distância entre o colo da planta e a inserção (pedúnculo) da vagem mais baixa. A medição foi efetuada em cinco plantas da linha central com o auxílio de uma trena de 1 metro graduada em cm.

Comprimento (PL), largura (PW) e espessura (PT) de vagem: as avaliações foram realizadas com auxílio de uma régua graduada em centímetros para a variável PL (cm) e com um paquímetro digital graduado em milímetros para as variáveis PW (mm) e PT (mm). Foram avaliadas 10 vagens por parcela.

Relação entre largura e espessura de vagem (PT/PW): foi obtida pela divisão de PT por PW.

Número comercial de vagens por planta (CPN) e massa comercial de vagens por planta (CPM): a colheita das vagens foi realizada de acordo com os critérios estabelecidos pelas Normas de Classificação de Vagem do Programa Brasileiro para a Modernização da Horticultura (PBMH, 2010), entre os graus de tenrura 1 e 2, ou seja, até que a semente tenha ocupado $\frac{3}{4}$ do espaço do lóculo. Foram colhidas sete plantas da linha central e as vagens com padrão comercial foram contadas e pesadas com auxílio de uma balança semianalítica.

Massa seca da parte aérea (SDW): as sete plantas colhidas da linha central foram acondicionadas em sacos de papel, secas em estufa com circulação de ar a 65°C por 72 horas e pesadas em balança analítica. Para as análises dos dados foi considerado a média aritmética das sete plantas.

Massa seca de vagem (PDM): uma amostra com 20 vagens foi separada e seca em estufa com circulação de ar a 65°C por 72 horas e pesadas em balança analítica. Para as análises dos dados foi considerado a média aritmética das 20 vagens.

Massa média de vagem (PMA): foi obtida pela divisão de CPM por CPN.

Índice de colheita (HI): foi mensurado por meio da seguinte fórmula:

$$\frac{PDM * CPN}{SDW}$$

Para a estimativa de produtividade (PROD) foram consideradas 200 mil plantas por hectare e foi utilizando o valor de CPM. O valor de PROD foi expresso em t ha⁻¹.

5.4.3. Avaliação Nutricional

Uma amostra de 20 vagens da parcela experimental útil com uniformidade de tamanho, sem injúrias e incidência de patógenos foi retirada, lavada em água corrente, seca em estufa com circulação de ar a 65°C por 72 horas e moída. Com a farinha obtida foram mensurados os teores de fósforo, potássio, cálcio, magnésio, enxofre, cobre, zinco, manganês, ferro e proteína (%).

O teor de proteína foi quantificado por espectrofotometria pelo método de Kjeldahl, como descrito por Miyazawa (1999). Foi realizada a leitura de N no

espectrofotômetro UV-VIS, utilizado o fator 6,25 para converter o nitrogênio total da vagem em proteína bruta ($N \times 6,25$) e o valor final foi expresso em porcentagem de proteína corrigida para base seca. Para a determinação dos teores dos minerais foi utilizada a metodologia descrita por Miyazawa et al. (1999), que consiste na digestão nitroperclórica com a solução de $HNO_3:HClO_4$ na proporção 3:1 de 0,4 g da farinha de cada amostra em um tubo digestor de 80 ml. Os minerais foram determinados em espectrofotômetro de emissão atômica (ICP).

Para a quantificação de compostos fenólicos totais (FEN), flavonoides totais (FLA) e atividade antioxidante (DPPH), foram separadas 20 vagens de cada parcela experimental com uniformidade de tamanho, sem injúrias e incidência de patógenos. As vagens foram lavadas em águas corrente, secas com papel toalha e conservadas em freezer $-24^\circ C$ até a realização das análises.

O extrato utilizado para a quantificação de FEN, FLA e DPPH foi realizado a partir de 1 g da farinha suspensa em 10 mL de etanol a 70% (v/v), deixando a suspensão sob agitação por duas horas (Orbital-Nova Orgânica) em temperatura ambiente ($\pm 25^\circ C$). Em seguida, o extrato foi separado por centrifugação 1013xg (Excelsa 2 Fanem modelo 205N) por cinco minutos, seguida de filtração (VÁZQUEZ et al., 2008).

Para determinação do teor de compostos fenólicos, 1 mL de extrato etanólico foi misturado a 1 mL etanol, 1 mL de reagente Folin-Ciocalteu 0,2 N e 1 mL de carbonato de sódio 10% (m/v). A mistura foi deixada em repouso por 30 min no escuro à temperatura de $25^\circ C$. Posteriormente a absorvância foi medida em comprimento de onda de 765 nm em um espectrofotômetro (Micronal, AJX-1600). O ácido gálico foi utilizado como padrão nas concentrações 10 a 100 mg L^{-1} e os resultados expressos como mg equivalentes de ácido gálico por 100 g de amostra (SWAIN; HILLIS, 1959).

A quantificação de flavonoides totais foi realizada a partir de 1 mL do extrato metanólico, adicionado de 1 mL de cloreto de alumínio 5% (m/v) e 2 mL de metanol, deixando-se por 30 minutos no escuro. Posteriormente foi realizado a leitura em espectrofotômetro (Micronal, AJX-1600) com comprimento de onda de 425 nm. A Quercetina foi utilizada como padrão nas concentrações de 50 a 500 mg. L^{-1} e os resultados foram expresso em mg de equivalente de quercetina (QE) por 100 g de amostra (LEE; HOWARD; VILLALÓN, 1995).

Para a determinação da atividade antioxidante pelo sequestro do radical 2,2-Diphenyl-1-picryl-hidrazil (DPPH), 50 µL do extrato etanólico foram misturados a 1,0 mL de tampão acetato 100 mM (pH 5,5), 1,0 mL de etanol e 0,5 mL de solução etanólica de DPPH 250,0 µM. Os tubos foram mantidos a temperatura ambiente por 15 min no escuro. A absorbância do radical DPPH remanescente foi determinada em espectrofotômetro (Thermo-Genesys) no comprimento de onda de 517 nm, realizadas em três repetições. A curva analítica foi preparada utilizando Trolox (6-hidroxi-2,5,7,8-tetrametilchroman-2-ácido carboxílico) como padrão, e os resultados foram expressos em porcentagem de sequestros de radicais livres (BRAND-WILLIAMS; CUVELIER; BERSET, 1995).

5.4.4. Divergência genética por meio de marcadores moleculares AFLP

A caracterização molecular foi realizada por meio de marcadores AFLP (*Amplified fragment length polymorphism*). Os 20 acessos foram semeados em vasos com capacidade de 5 L contendo solo, em casa de vegetação e o primeiro trifolíolo de 12 plantas de cada acesso foi coletado para extração do DNA em bulk.

A extração de DNA foi realizada conforme o protocolo de Ferreira e Grattapaglia (1998) com algumas modificações. Para o rompimento das paredes e membranas celulares, os tecidos foliares foram macerados utilizando o aparelho Retsch MM400 Mixer Mill em tubos de 2 mL e, após a maceração, foram adicionados em cada amostra 1000 µl de tampão de extração CTAB 2% com 2% de β-mercaptoetanol. A integridade do DNA foi confirmada por eletroforese em gel de agarose 1% e a concentração do DNA, bem como a pureza, foram determinadas por espectrofotometria, utilizando o Nano Drop® 2000/2000c (Thermo Fisher Scientific).

As amostras foram incubadas a 65 °C por 30 minutos sob agitação, resfriadas a temperatura ambiente e acrescidas de 600µl de clorofórmio: álcool isoamílico (24:1). Após agitação por inversão durante 5 minutos, as amostras foram centrifugadas a 14000 rpm por 5 minutos. O sobrenadante foi isolado em tubos de 1,5 mL, sobre o qual 400 µl de isopropanol gelado foi adicionado. Após incubação a -20 °C por 20 minutos, as amostras foram centrifugadas por 5 minutos a 10000 rpm. O precipitado foi lavado com álcool 70% por duas vezes e colocado para secar em temperatura ambiente. Em seguida, o DNA precipitado foi ressuspensionado com 50µl de

TE 1%, tratado com 3,5 µl de RNase 110 ng/µl, incubado por 40 minutos a 37 °C, deixado *overnight* a temperatura de 5 °C e armazenado a -20 °C até o uso.

O protocolo AFLP foi adaptado de Vos et al. (1995) e a restrição de DNA e ligação dos adaptadores foram realizadas simultaneamente. Aproximadamente 700 ng de DNA foram digeridos com 5 U de enzima *EcoRI* e 1 U de enzima *MseI* a 37 °C por 4 h, seguido de ligação dos adaptadores utilizando 2 U T4 DNA ligase a 22 °C por 1 h. Por fim, foi realizada uma incubação a 70 °C por 10 min para inativação térmica das enzimas de restrição.

A reação de amplificação pré-seletiva foi realizada utilizando os primers *EcoRI* + A e *MseI* + C, em um volume de 10 µL, contendo 3 µL template diluído 1x. As condições da PCR foram as seguintes: 72 °C por 2 min, seguido por 20 ciclos de 94 °C por 1 s, 56 °C por 30 s e 72 °C por 2 min, com uma extensão final de 30 minutos a 60 °C.

A reação seletiva foi conduzida com os pares de primers FAN-*Eco* + AAG / *Mse* + CTC; VIC-*Eco* + ACT / *Mse* + CTT; NED-*Eco* + ACA / *Mse* + CAC; PET-*Eco* + AGC / *Mse* + CTGA com 2,5 µL de template diluído 6x e em um volume final de 10 µL. As condições de amplificação seguiram um ciclo inicial de 94 °C por 2 min, seguido por 65 °C por 30 s, 72 °C por 2 min, oito ciclos de 94 °C por 1 s, 64 °C por 30 s (com diminuição de 1 °C por ciclo) e 72 °C por 2 min, 23 ciclos de 94 °C por 1 s, 56 °C por 30 s e 72 °C durante 2 min, com uma extensão final 30 min a 60 °C. Os produtos de PCR foram separados por eletroforese capilar usando um sistema ABI 3500 xL (Applied Biosystems, EUA), com GS-600 LIZ (Applied Biosystems) como um marcador de peso molecular.

A detecção de picos dos eletroferogramas gerados pela técnica de AFLP e determinação dos fragmentos foram realizadas pelo software GeneMaPPER® v.4.1 (Applied Biosystems). Fragmentos de 75 a 500 pares de bases, provenientes das quatro combinações de primers, foram combinados em uma única matriz binária de presença (1) e ausência (0).

5.4.5. Análise dos dados

Para as 29 variáveis quantitativas foi aplicada a metodologia de modelos mistos (modelo 54), estimativa de parâmetros genéticos por máxima

verossimilhança restrita (REML) e predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viciada (BLUP), por meio do software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016) e do software R com o pacote 'lme4' (BATES et al., 2014). A análise de deviance (ANADEV) foi realizada considerando o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Zg + Wi + e$$

Em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de locais e de repetições dentro de locais (fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (aleatórios), i é o vetor dos efeitos da interação genótipo x ambiente (aleatórios) e e é o vetor de erros (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos. Os efeitos de genótipo e da interação genótipo x ambiente foram testados por meio do teste da razão da verossimilhança (LRT) em nível de 5% de probabilidade.

Com os valores genotípicos preditos de produtividade, componentes de produção, teor de minerais e compostos bioquímicos na vagem foi realizada a análise de adaptabilidade estabilidade para todas as variáveis respostas por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), a qual foi realizada por meio do software Selegen REML/BLUP (RESENDE, 2016). O método HMRPGV foi utilizado pois capitaliza os efeitos da adaptabilidade e estabilidade simultaneamente por meio da seguinte equação:

$$\text{HMRPGV}_i = \frac{n}{\left[\sum_{j=1}^n \left(\frac{Vg_{ij}}{Vg_{.j}} \right) \right]}$$

em que n é o número de ambientes onde se avaliou a cultivar i , Vg_{ij} é o valor genotípico da cultivar i no ambiente j e $Vg_{.j}$ é a média geral genotípica no ambiente j .

Com os valores de média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) das 29 variáveis foi realizada análise descritiva (box plot), correlação de Pearson, componentes principais (ACP) e análise de agrupamento de mapa de calor (heatmap). Para a elaboração do mapa de calor, as médias foram padronizadas, a matriz de dissimilaridade foi gerada por meio da distância euclidiana média e o dendograma pelo agrupamento UPGMA.

Para o teste da razão da verossimilhança (LRT) foi utilizado o pacote 'lme4' (Bates et al., 2007), para análise de boxplot foram usados os pacotes 'tidyverse' (WICKHAM et al., 2019), 'Ggpubr' (KASSAMBARA, 2020) e 'RColorBrewer'

(NEUWIRTH, 2014), para a análise de correlação de Pearson o pacote 'Corrplot' (WEI; SIMKO, 2017), para a análise de componentes principais o pacote 'Factoextra' (KASSAMBARA; MUNDT, 2017) e para a análise de agrupamento de mapa de calor o pacote 'Pheatmap' (KOLDE, 2019). Todas as análises descritas anteriormente foram realizadas no software R (R CORE TEAM, 2020).

Foi realizado também o índice de seleção baseado na soma de ranks (MULAMBA; MOCK, 1978), o qual hierarquiza os genótipos de acordo com as variáveis selecionadas, sentido de seleção das variáveis e peso de importância de cada variável (Apêndice P, pág. 171). O Índice de seleção foi realizado no programa Genes (CRUZ, 2013).

Para a análise de diversidade genética por meio dos marcadores moleculares AFLPs, os marcadores monomórficos para todos os acessos foram eliminados e os dados binários de presença (1) e ausência (0) foram utilizados para gerar a matriz de dissimilaridade de Jaccard (1 - similaridade) e posteriormente o agrupamento hierárquico de Ward. O dendograma foi elaborado por meio dos pacotes Cluster (MÄCHLER et al., 2019) e Rcmdr (FOX; BOUCHET-VALAT, 2020) do software R (R CORE TEAM, 2020).

5.5. RESULTADOS

Na análise de deviance (ANADEV) foram observados efeitos significativos ($P \leq 0.05$) de genótipos para 13 das 29 variáveis analisadas, com destaque para as variáveis morfoagronômicas, uma vez que para as variáveis nutricionais a maioria não demonstrou efeito significativo para genótipo. As variáveis significativas foram: número de nós na haste principal (NN); altura de inserção da primeira vagem (PIH); ciclo até início do florescimento (FC); ciclo até início da colheita (HC); comprimento de vagem (PL); largura de vagem (PW); espessura de vagem (PT); razão entre espessura e largura da vagem (PT/PW); número comercial de vagens (CPN); massa comercial de vagens (CPM); massa por unidade de vagem (PMA); produtividade de vagens comerciais (PROD) e teor de proteína na vagem (PR). Quanto a interação genótipo x ambiente (GxA), a única variável que não exibiu efeito significativo ($P \leq 0.05$) foi comprimento de vagem (PL) (Tabela 5.2).

Tabela 5.2 - Estimativa de parâmetros genéticos por máxima verossimilhança restrita (REML) e predição de valores genéticos pelo procedimento da melhor predição linear não viciada (BLUP) de 29 variáveis utilizadas na avaliação de 20 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado.

Var ¹	h^2_g ²	Ac	Rgloc	CVe%	G ³	GxA	Média	Min	Max
PH	0,81	0,90	0,58	7,40	0,64ns	143,1**	44,88	42,80	49,41
NN	0,80	0,89	0,55	8,39	16,6**	52,8**	7,53	7,14	8,66
PIH	0,73	0,85	0,58	11,76	14,2**	5,27*	15,73	15,11	16,40
FC	0,89	0,94	0,67	3,53	15,7**	70,9**	33,47	32,31	35,58
HC	0,94	0,97	0,81	2,49	34,2**	198,3**	58,22	55,53	62,52
PL	0,97	0,99	0,97	5,78	103,6**	1,94ns	14,31	13,41	14,95
PW	0,97	0,99	0,92	5,01	121,9**	18,24**	9,96	9,03	11,43
PT	0,90	0,95	0,82	6,43	47,1**	11,9**	8,82	8,44	9,11
PT/PW	0,98	0,99	0,96	5,85	144,1**	13,8**	1,03	0,95	1,11
CPN	0,79	0,89	0,49	12,83	11,1**	127,7*	14,99	13,46	17,43
CPM	0,85	0,92	0,61	12,25	17,1**	101,6**	89,24	80,29	106,73
SDW	0,78	0,88	0,50	13,05	0,11ns	192,2**	16,51	15,30	17,77
PDM	0,41	0,64	0,16	13,37	1,66ns	58,6**	0,76	0,74	0,77
PMA	0,90	0,95	0,72	9,79	53,2**	49,4**	6,82	6,15	7,46
HI	0,51	0,71	0,21	20,47	1,86ns	98,03**	0,74	0,69	0,79
PROD	0,85	0,92	0,61	12,25	17,1**	101,6**	17,85	16,06	21,35
PR	0,59	0,77	0,39	8,59	4,54*	9,28**	16,89	16,54	17,18
P	0,54	0,73	0,40	11,20	0,01ns	75,9**	3,89	3,81	3,99
K	0,64	0,80	0,78	10,04	0,004ns	88,2**	25,75	25,18	26,30
Ca	0,65	0,81	0,45	13,72	0,001ns	109,2**	5,49	5,25	5,87
Mg	0,75	0,87	0,69	10,27	3,38ns	19,4**	3,08	2,96	3,21
S	0,71	0,84	0,52	10,75	0,01ns	84,2**	2,14	2,06	2,29
Cu	0,69	0,83	0,51	17,48	0,001ns	122,2**	7,12	6,72	7,66
Zn	0,64	0,80	0,53	14,44	0,04ns	32,3**	34,10	32,87	35,69
Mn	0,10	0,32	0,04	21,82	0,001ns	79,0**	63,61	63,12	64,75
Fe	0,23	0,48	0,11	21,83	0,00ns	68,2**	90,09	88,68	91,41
FEN	0,50	0,71	0,17	4,77	1,82ns	702,6**	11,35	10,35	12,90
FLA	0,34	0,58	0,09	5,01	0,001ns	565,5**	49,30	47,53	52,33
DPPH	0,46	0,68	0,15	5,43	3,43ns	488,7**	43,59	41,12	47,35

¹PH: altura de planta; NN: número de nós na haste principal; PIH: altura de inserção da primeira vagem; FC: ciclo até início do florescimento (dias); HC: ciclo até início da colheita (dias); PL: comprimento de vagem (cm); PW: largura de vagem (mm); PT: espessura de vagem (mm); PT/PW: razão entre espessura e largura da vagem; CPN: número comercial de vagens; CPM: massa comercial de vagens (g); SDW: massa seca da parte aérea (g); PDM: massa seca de vagem (g); PMA: massa por unidade de vagem; HI: índice de colheita; PROD: produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹); PR: teor de proteína na vagem (%); P: teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); K: potássio (g.ka⁻¹); Ca: Cálcio (g.ka⁻¹); Mg: magnésio (g.ka⁻¹); S: enxofre (g.ka⁻¹); Cu: cobre (mg.kg⁻¹); Zn: zinco (mg.kg⁻¹); Mn: Manganês (mg.kg⁻¹); Fe: ferro (mg.kg⁻¹); FEN: compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); FLA: flavonoides (mg.100g⁻¹); DPPH: atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

² h^2_g : herdabilidade da média de genótipo; Ac: acurácia da seleção de genótipos; Rgloc: correlação entre ambientes; CVe%: coeficiente de variação ambiental; G: efeito de genótipos; GxA: efeito da interação entre genótipo e ambiente; Média: Média geral dos genótipos; Min: valor mínimo dos genótipos; Max: valor máximo dos genótipos.

³** significativo a 1% de probabilidade pelo Teste da Razão da Verossimilhança (LRT); * significativo a 5% de probabilidade pelo Teste da Razão da Verossimilhança (LRT); ns Não significativo.

O ambiente Londrina águas/2017 (21,25 t ha⁻¹), seguido de Londrina outono inverno/2019 (20,27 t ha⁻¹) obtiveram maior produtividade, seguido pelos ambientes Cambará outono inverno/2019 (18,35 t ha⁻¹), Umuarama outono inverno/2019 (15,98 t ha⁻¹) e Londrina águas/2018 (15,94 t ha⁻¹). A dispersão, simetria e valores discrepantes (outliers) do conjunto de dados das 29 variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas, nos cinco ambientes de cultivo, podem ser observados na análise de boxplot apresentada no Apêndice Q (pág. 172) e Apêndice R (pág. 173).

Na análise de adaptabilidade e estabilidade por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG), a qual fornece o valor genotípico médio penalizado pela instabilidade e capitalizado pela adaptabilidade, foram estimados os parâmetros genéticos das 29 variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas utilizadas na avaliação dos 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes (Tabela 5.2).

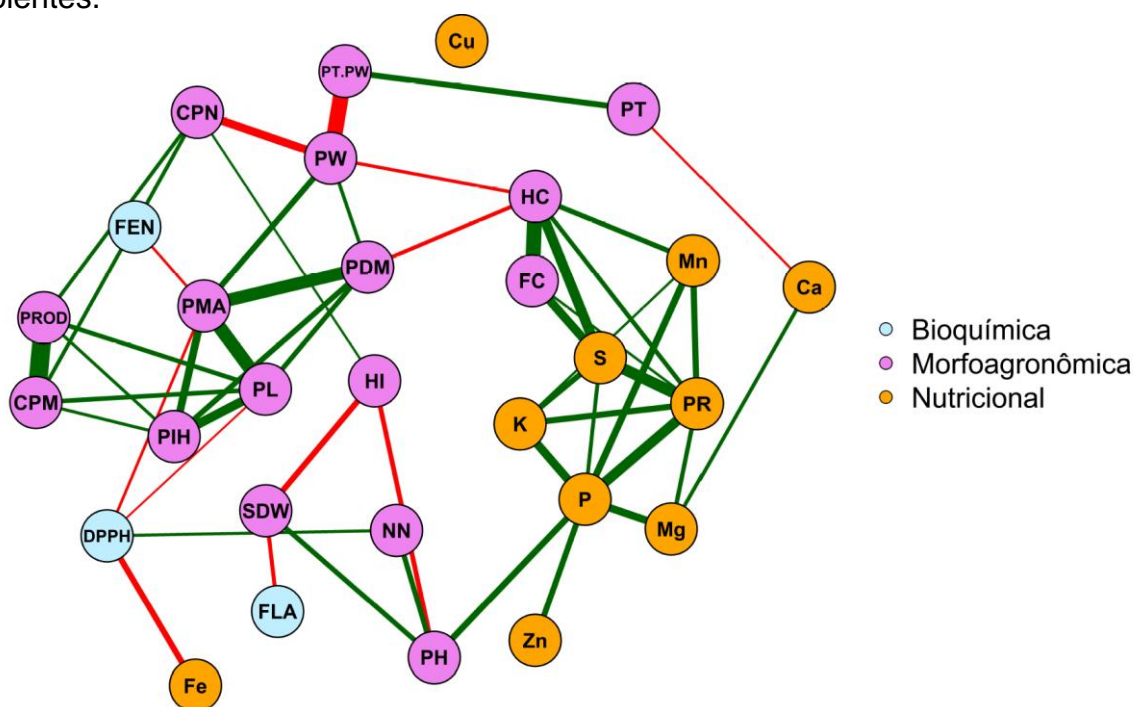
A herdabilidade genotípica (h^2_g) média foi de 0,69, variando de 0,41 a 0,98 para as variáveis morfoagronômicas e de 0,10 a 0,75 para as variáveis relacionadas a qualidade nutricional. As variáveis morfoagronômicas que demonstraram maior h^2_g foram comprimento (PL) e largura da vagem (PW), ciclo até o florescimento (HF) e colheita (HC), massa por unidade de vagem (PMA) e produtividade de vagens (PROD). Para qualidade nutricional as variáveis com maior h^2_g foram teor de Mg, S, Cu, Ca, K e Zn (Tabela 5.2).

A acurácia seletiva (Ac) média foi 0,81, com as variáveis morfoagronômicas variando de 0,64 a 0,99 e as variáveis nutricionais de 0,32 a 0,87. Os menores valores de Ac foram observados para massa seca de vagem (PDM), índice de colheita (HI), teor de Mn, Fe e flavonoides totais (FLA). A correlação média entre ambientes (R_{gloc}) foi de 0,52, com variação de 0,16 a 0,97 para as variáveis morfoagronômicas e de 0,04 a 0,78 para as nutricionais. O coeficiente de variação residual (CVe%) médio foi 10,55%, de modo que as variáveis com maior CVe% foram teor de Fe na vagem (21,83%), Mn (21,82%) e índice de colheita (20,47%) (Tabela 5.2).

Pela análise de correção de Pearson foi observado que o teor de cobre na vagem (Cu) foi a única variável que não apresentou correlação significativa

maior que 0,5. Flavonoides total (FEN), Fe, Zn e Ca também demonstraram correlação com poucas variáveis (Figura 5.1).

Figura 5.1 - Análise de correlação de Pearson ($p \leq 0,01$) de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas utilizadas na avaliação de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.



Correlação mínima significativa representada = 0,5

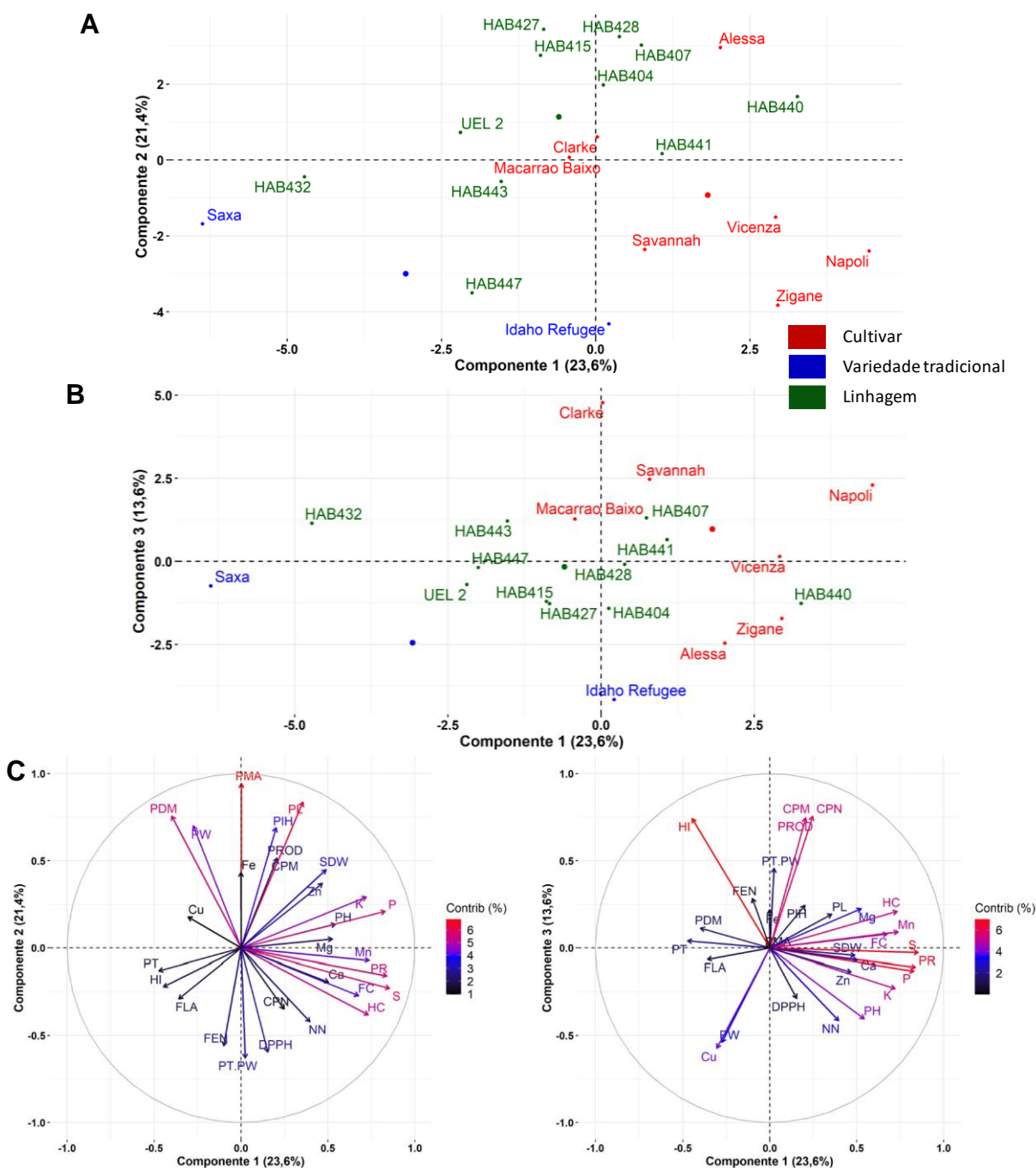
PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **SDW:** massa seca da parte aérea (g); **PDM:** massa seca de vagem (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **HI:** índice de colheita; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); **K:** potássio (g.ka⁻¹); **Ca:** Cálcio (g.ka⁻¹); **Mg:** magnésio (g.ka⁻¹); **S:** enxofre (g.ka⁻¹); **Cu:** cobre (mg.kg⁻¹); **Zn:** zinco (mg.kg⁻¹); **Mn:** Manganês (mg.kg⁻¹); **Fe:** ferro (mg.kg⁻¹); **FEN:** compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); **FLA:** flavonoides (mg.100g⁻¹); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

Na categoria de variáveis morfoagronômicas, produtividade (PROD) teve correlação positiva com massa comercial (CPM) e número comercial de vagens (CPN), comprimento de vagem (PL) e altura de inserção da primeira vagem (PIH). Para teor de nutriente na vagem, S e P foram as variáveis que mais se correlacionaram, com S apresentando correlação positiva com Mn, K, P, proteína (PR), ciclo até início do florescimento (FC) e ciclo até a colheita (HC), enquanto P demonstrou correlação positiva com S, K, Mg, Mn, Zn e proteína (PR) e altura de planta (PH).

Considerando os compostos bioquímicos, atividade antioxidante (DPPH) não demonstrou correlação com compostos fenólicos (FEN) e flavonoides (FLA) teve correlação negativa com massa por unidade de vagem (PMA) e comprimento de vagem (PL) e correlação positiva com número de nós na haste principal (NN). FEN foi correlacionado positivamente com número (CPN) e massa comercial de vagens (CPM) e negativamente com massa por unidade de vagem (PMA).

Na análise de componentes principais (ACP), os dois primeiros componentes somados traduzem 45% da variação dos resultados (Figura 5.2 A), enquanto os componentes 1 e 3 explicam 37,2% (Figura 5.2 B), desse modo, os três principais componentes juntos conseguem explicar 58,6% da variação dos resultados. O componente 1 (23,6%) teve maior contribuição de variáveis relacionadas a teor de nutriente na vagem e ciclo produtivo, com destaque para S, proteína (PR), P, Mn, Ca, Mg, ciclo até o florescimento (FC) e ciclo até a colheita (HC). O componente 2 (21,4%) foi formado com maior peso por variáveis de componentes de produção e compostos bioquímicos, tais como massa por unidade de vagem (PMA), comprimento de vagem (PL), massa seca de vagem (PDM), largura de vagem (PW), altura de inserção da primeira vagem (PIH), atividade antioxidante (DPPH) e compostos fenólicos (FEN). O componente 3 (13,6%) foi constituído principalmente por variáveis ligadas diretamente ao potencial agrônômico dos genótipos, com maior contribuição de número comercial de vagens (CPN), massa comercial de vagens (CPM), produtividade (PROD) e índice de colheita (HI) (Figura 5.2 C).

Figura 5.2 - Análise de componentes principais de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes. Representação gráfica dos componentes 1 e 2 (A), componentes 1 e 3 (B) e contribuição das variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas para a formação dos componentes 1, 2 e 3 (C).



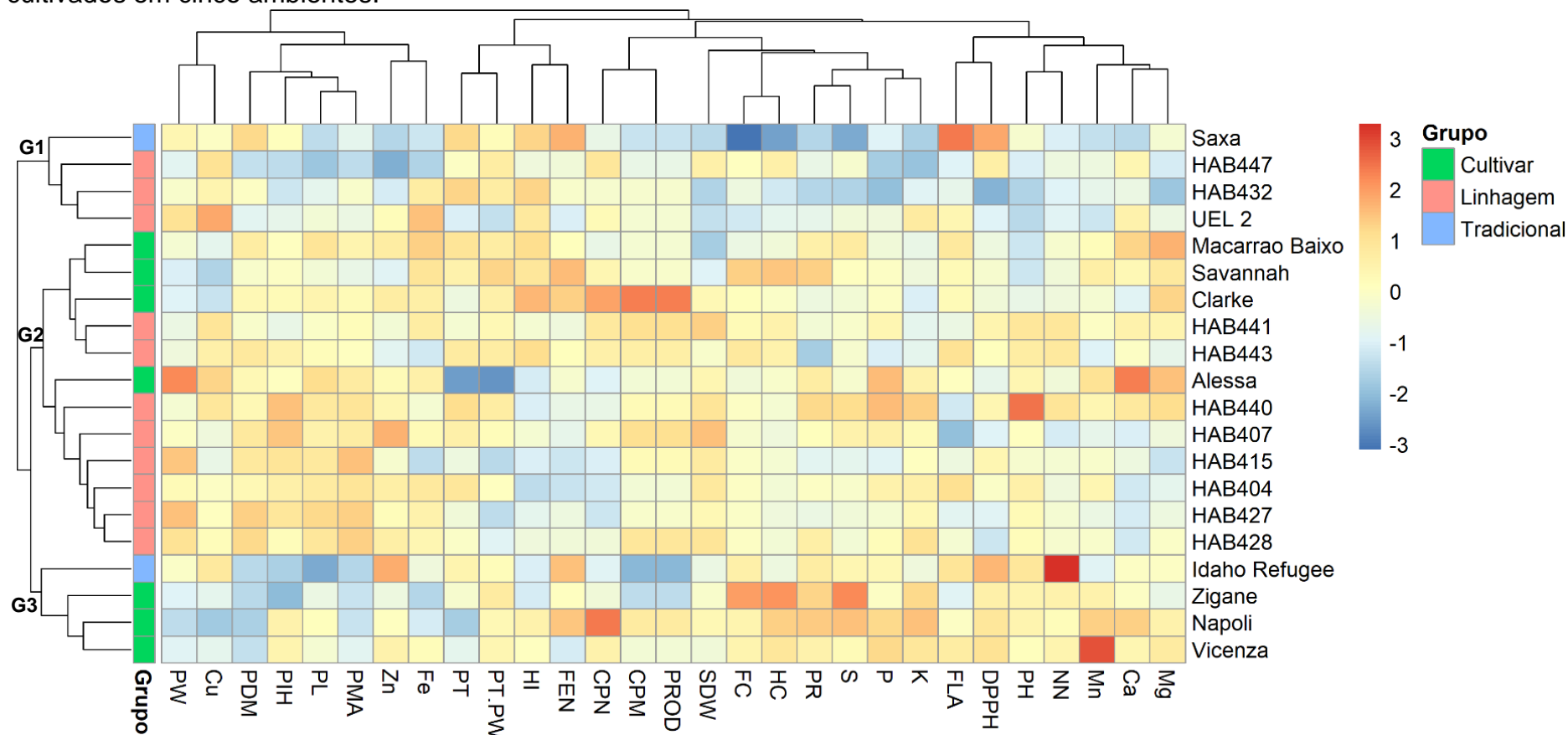
PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **SDW:** massa seca da parte aérea (g); **PDM:** massa seca de vagem (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **HI:** índice de colheita; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); **K:** potássio (g.ka⁻¹); **Ca:** Cálcio (g.ka⁻¹); **Mg:** magnésio (g.ka⁻¹); **S:** enxofre (g.ka⁻¹); **Cu:** cobre (mg.kg⁻¹); **Zn:** zinco (mg.kg⁻¹); **Mn:** Manganês (mg.kg⁻¹); **Fe:** ferro (mg.kg⁻¹); **FEN:** compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); **FLA:** flavonoides (mg.100g⁻¹); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

Analisando-se os dois primeiros componentes, os acessos que exibiram maior adaptabilidade e estabilidade por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) para teor de nutrientes na vagem foram as cultivares Napoli, Zigane, Vicenza, Alessa e Sanannah e as linhagens HAB 440 e HAB 441. Para compostos bioquímicos (FLA, FEN e DPPH) os acessos que demonstraram maior adaptabilidade e estabilidade foram as variedades tradicionais Idaho Refugee e Saxa e as linhagens HAB 432, HAB 443 e HAB 447 (Figura 5.2 A). Considerando as variáveis relacionadas a componentes de produção (PMA, PIH, PL, PW, PDM) e teor de Fe nas vagens, as linhagens HAB 427, HAB 415, HAB 428, HAB 407 e HAB 404 apresentaram maior adaptabilidade e estabilidade.

Na representação gráfica dos componentes 1 e 3 (Figura 5.2 B), observa-se que as cultivares Clarke, Savannah, Macarrão Baixo e Napoli e as linhagens HAB 407, HAB 441 e HAB 443 exibiram maior adaptabilidade e estabilidade para potencial agrônomico (CPN, CPM, PROD e HI).

Na análise de agrupamento representada pela figura de mapa de calor (Figura 5.3), os 20 acessos foram divididos em três grupos. O G1 caracterizou-se por apresentar valores intermediários ou baixos para a maioria das variáveis, com exceção de espessura da vagem (PT), índice de colheita (HI) e teor de Cu na vagem, as quais o grupo teve uma maior resposta (Apêndice S, pág. 174). O G2 exibiu maior potencial agrônomico (CPN, CPM, PMA e PROD), maior massa seca da parte aérea (SDW) e de vagem (PDM), massa por unidade de vagem (PMA) e altura de inserção da primeira vagem (PIH). O G3 distinguiu-se dos demais pela maior qualidade nutricional das vagens, apresentando elevado teor de proteína (PR), P, K, Ca, S, Mn, compostos fenólicos (FEN) e atividade antioxidante (DPPH), além de maior ciclo até início do florescimento (FC) e até a colheita (HC) (Apêndice S, pág. 174).

Figura 5.3 - Mapa de calor gerado pelo agrupamento UPGMA e matriz de distância euclidiana média de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado, avaliados por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas e cultivados em cinco ambientes.



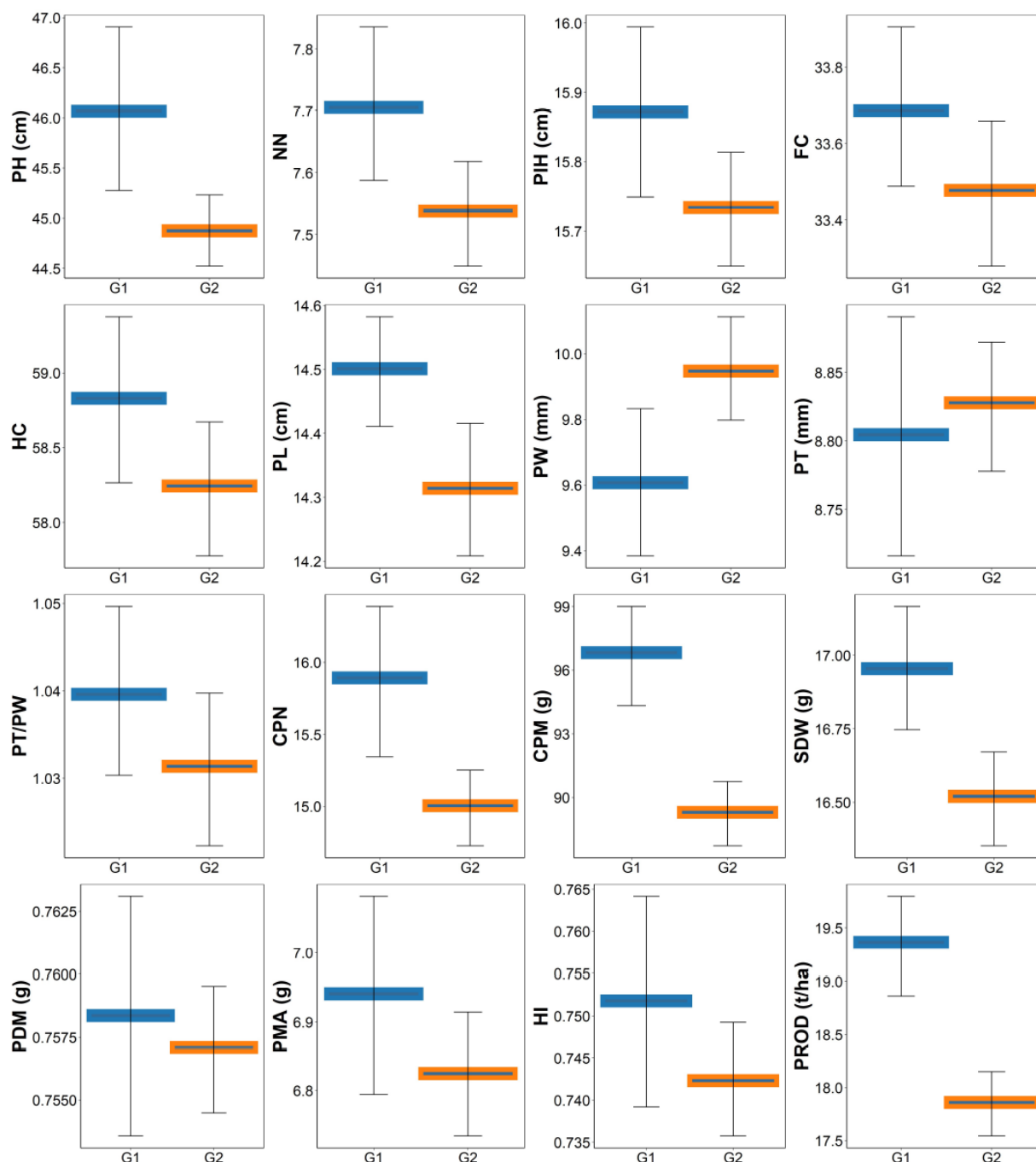
PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **SDW:** massa seca da parte aérea (g); **PDM:** massa seca de vagem (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **HI:** índice de colheita; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); **K:** potássio (g.ka⁻¹); **Ca:** Cálcio (g.ka⁻¹); **Mg:** magnésio (g.ka⁻¹); **S:** enxofre (g.ka⁻¹); **Cu:** cobre (mg.kg⁻¹); **Zn:** zinco (mg.kg⁻¹); **Mn:** Manganês (mg.kg⁻¹); **Fe:** ferro (mg.kg⁻¹); **FEN:** compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); **FLA:** flavonoides (mg.100g⁻¹); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

Visando a seleção de acessos promissores, foi estabelecido o índice de seleção de 30% (n=6) para cada uma das 29 variáveis, considerando-se os valores de adaptabilidade e estabilidade por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG). Os acessos com maior frequência entre os selecionados foram: HAB 440, o qual foi selecionado para 16 variáveis, seguido por Napoli (13 variáveis), HAB443 (11 variáveis), Macarrão Baixo (11 variáveis), Zigane (11 variáveis), Savannah (10 variáveis) e Vicenza (10 variáveis). Os valores de MHPRVG, penalizados pela instabilidade e capitalizados pela adaptabilidade, para as variáveis morfoagronômicas e nutricionais podem ser analisados no Apêndice T (pág. 175) e no Apêndice U (pág. 176).

Com os valores de MHPRVG foi aplicado o índice de seleção de Mulamba e Mock com três simulações de seleção com pesos diferentes em cada uma delas (Apêndice P, pág. 171). Na primeira simulação, com peso 1 para as 29 variáveis, os seis acessos (30%) selecionados foram: Clarke, HAB428, HAB440, HAB441, Napoli e Savannah. Na segunda simulação, com o critério de seleção focado em desempenho agrônômico, maior peso para as variáveis morfoagronômicas, os acessos selecionados foram: Clark, HAB 428, HAB440, HAB441, HAB443 e Napoli. Na terceira simulação, com o critério de seleção direcionado para qualidade nutricional, maior peso para teor de nutrientes e compostos bioquímicos, os acessos selecionados foram: HAB441, HAB440, Idaho Refugee, Napoli, Savannah e Vicenza.

Considerando o critério de seleção focado em desempenho agrônômico é possível visualizar que os seis acessos selecionados, quando comparados aos valores médios dos 20 acessos, podem proporcionar incremento para a maioria das variáveis morfoagronômicas (Figura 5.4). O incremento médio para as 16 variáveis morfoagronômicas foi de 25,8% e para as 13 variáveis nutricionais e bioquímicas foi de 3,9%. Os acessos Clark, HAB 428, HAB440, HAB441, HAB443 e Napoli apresentaram produtividade (PROD) 8,3% maior que a média geral (n=20), além do incremento de 5,9% para número comercial de vagens (CPN), 2,7% para altura de plantas (PH), 2,7% para massa seca da parte aérea (SDW), 2,4% para número de nós (NN), 1,7% para massa por unidade de vagem (PMA) e 1,3% para comprimento de vagem (PL) (Figura 5.4).

Figura 5.4 - Média e desvio padrão dos acessos selecionados com base no índice de seleção de Mulamba e Mock com foco em potencial agrônômico. G1: acessos selecionados (n=6). G2: todos os acessos (n=20).

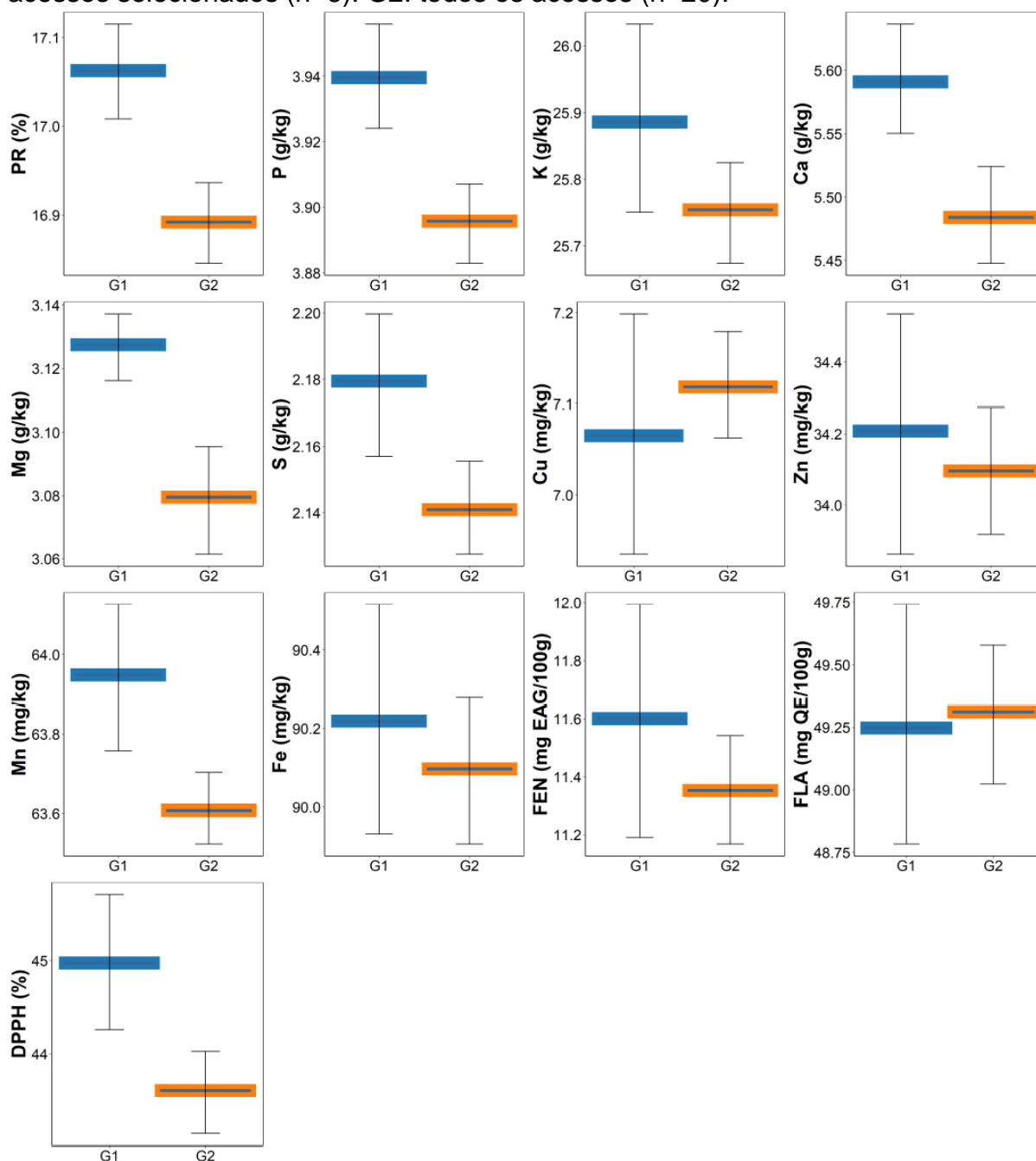


Valores de adaptabilidade e estabilidade para variáveis morfoagronômicas por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG).

PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **SDW:** massa seca da parte aérea (g); **PDM:** massa seca de vagem (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **HI:** índice de colheita; **PROD:** produtividade de vagens comerciais ($t \cdot ha^{-1}$);

Para o critério de seleção focado em aumento do teor nutricional e de compostos bioquímicos na vagem, os acessos selecionados proporcionaram incremento para a maioria das variáveis de interesse, com aumento de 10,29% da qualidade nutricional quando comparado a média geral dos acessos (Figura 5.5). Além do aumento da qualidade nutricional, houve também melhoria de 3,2% para número comercial de vagens (CPN) e 1,01% para produtividade (PROD). Os acessos HAB441, HAB440, Idaho Refugee, Napoli, Savannah e Vicenza exibiram atividade antioxidante (DPPH) 3,2% maior que a média geral (n=20), bem como maior teor de compostos fenólicos (2,1%), Ca (1,9%), Mg (1,7%), P (1,1%) e proteína (1%) (Figura 5.5).

Figura 5.5 - Média e desvio padrão dos acessos selecionados com base no índice de seleção de Mulamba e Mock com foco em qualidade nutricional da vagem. G1: acessos selecionados (n=6). G2: todos os acessos (n=20).



Valores de adaptabilidade e estabilidade para variáveis morfoagronômicas por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG).

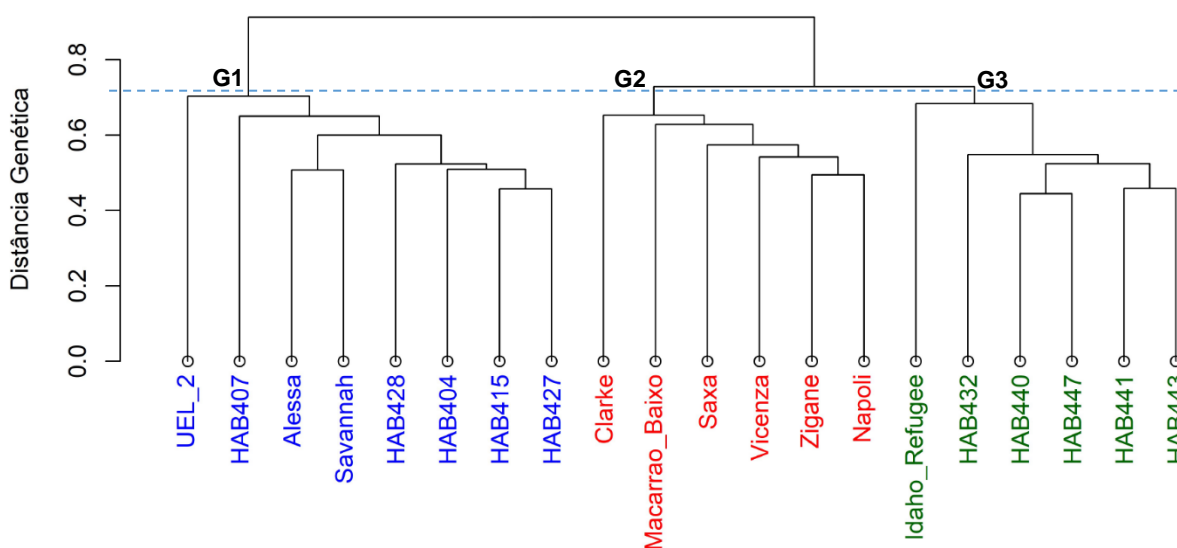
PR: teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **K:** potássio ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **Ca:** Cálcio ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **Mg:** magnésio ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **S:** enxofre ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **Cu:** cobre ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **Zn:** zinco ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **Mn:** Manganês ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **Fe:** ferro ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **FEN:** compostos fenólicos ($\text{mg}\cdot 100\text{g}^{-1}$); **FLA:** flavonoides ($\text{mg}\cdot 100\text{g}^{-1}$); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

5.5.1. Divergência genética por meio de marcadores moleculares AFLP

Na caracterização molecular por meio de marcadores dominantes AFLPs (Amplified Fragment Length Polymorphism), as quatro combinações de primers produziram 567 lócus polimórficos, dos quais 13,6% foram gerados pelo par de prime FAN-Eco + AAG / Mse + CTC, 23,8% pelo par NED-Eco + ACA / Mse + CAC, 41,3% pelo par PET-Eco + AGC / Mse + CTGA e 21,3% pelo par VIC-Eco + ACT / Mse + CTT.

O dendograma formado pelo agrupamento de Ward e matriz de dissimilaridade de Jaccard (1 – similaridade) formou três grupos e a dissimilaridade genética média dos 20 acessos pela dissimilaridade de Jaccard foi 0,59, com a menor distância (0,44) sendo observada entre as linhagens HAB 440 e HAB 447 e a maior distância (0,75) entre a cultivar Macarrão Baixo e a linhagem UEL 2 (Figura 5.6). O Grupo 1 (n=8) foi formado pelas cultivares Alessa e Savannah e pelas linhagens HAB 404, HAB 407, HAB 415, HAB 427, HAB 428 e UEL 2. A dissimilaridade genética média do grupo foi 0,598, com as linhagens HAB 415 e HAB 427 demonstrando a menor distância genética (0,45) e as linhagens HAB 427 e UEL 2 a maior distância (0,68).

Figura 5.6 - Dendograma formado pelo agrupamento de Ward e matriz de dissimilaridade de Jaccard de 20 acessos de feijão de vagem de hábito de crescimento determinado caracterizados por meio de marcadores moleculares AFLP.



O grupo 2 (n=6) foi formado pelas cultivares Clark, Macarrão Baixo, Vicenza, Zigane e Napoli e pela variedade tradicional Saxa. A distância genética média do grupo foi 0,6, com a menor distância (0,49) sendo observada entre as cultivares Zigane e Napoli e a maior (0,63) entre a variedade tradicional Saxa e a cultivar Clark. O grupo 3 foi composto pelas linhagens HAB432, HAB440, HAB441, HAB443, HAB447 e pela variedade tradicional Idaho Refugee. A dissimilaridade genética média do grupo foi 0,58, a menor (0,44) distância foi observada entre as linhagens HAB 440 e HAB 447 e a maior (0,63) entre a variedade tradicional Idaho Refugee e a linhagem HAB 432 (Figura 5.6).

5.6. DISCUSSÃO

Na safra das águas/2018 (Amb2), 36 dias após a semeadura (DAS), ocorreu uma tempestade em Londrina com rajadas de ventos que atingiram 96km h^{-1} e precipitação de 54 mm (Apêndice O, pág. 170). A tempestade coincidiu com o início da floração, ocasionando queda de flores e menor produtividade no referido ambiente. A safra de outono inverno/2019 em Umuarama (Amb5), além de baixa produtividade, exibiu o menor teor de Fe nas vagens (Apêndice R, pág. 173), fatos que podem ser atribuídos, entre outros fatores, ao solo arenoso e a menor fertilidade natural do solo (Tabela 5.1).

O cultivo de feijão-de-vagem pode ser altamente influenciado pelas variações do ambiente, desse modo a interação do genótipo com o ambiente dificulta o processo de seleção e representa um dos maiores desafios para o desenvolvimento de novas cultivares (GOMES et al., 2018; SOUSA et al., 2017). Para que um programa de melhoramento genético promova ganhos é preciso que a seleção dos indivíduos, tanto para genitores quanto dentro de gerações avançadas, seja realizada de modo eficiente, ou seja, que a seleção do genótipo com base no fenótipo seja a mais precisa possível.

A estratégia de seleção por meio de modelos mistos permite o estudo do desempenho dos genótipos sem a influência da interação com o ambiente, uma vez que o modelo consegue estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos para cada variável analisada (CHIORATO et al., 2008). Para os genótipos avaliados no presente estudo, foi verificada variabilidade genética por meio da análise de deviance, indicando que poderá haver progresso genético no programa de melhoramento caso a seleção seja assertiva (Tabela 5.2).

O efeito significativo da interação genótipo por ambiente indica a forte influência dos ambientes sobre os genótipos (Tabela 5.2). A avaliação de cultivares em diferentes anos e ambientes é mais segura, uma vez que dados obtidos em apenas um ano ou local de cultivo podem gerar informações viesadas (DELFINI et al., 2017). No desenvolvimento de novas cultivares há a necessidade de comparação dos genótipos em regiões e safras suficiente para representar as possíveis alterações climáticas. Para a correta avaliação dos dados obtidos de ensaios multilocais, há a necessidade de que seja considerada a variação dos caracteres quantitativos, aqueles

controlados por muitos genes e que possuem uma grande interferência do ambiente (EUZEBIO et al., 2018).

Os parâmetros genéticos h^2_g , Ac e R_{gloc} evidenciam que as variáveis nutricionais e bioquímicas foram mais influenciadas pelo ambiente quando comparadas com as variáveis morfoagronômicas (Tabela 5.2). As variações geradas pelo ambiente devem ser separadas daquelas que são garantidas por componentes genéticos, assim as características com maior herdabilidade poderão ser identificadas e utilizadas para a seleção de genótipos com maior probabilidade de ganho (ARAUS et al., 2018; SANTOS et al., 2018).

As variáveis teor de nutrientes, proteína, FEN, FLA e DPPH apresentaram variabilidade genética, fato que aliado a herança quantitativa e moderada a alta influência do ambiente e da interação genótipo x ambiente pode dificultar a seleção de indivíduos superiores e o ganho genético (MYERS et al., 2019; PEREIRA et al., 2017; RIBEIRO et al., 2011, 2019).

A herdabilidade (h^2_g) reflete a proporção da variação fenotípica que tem possibilidade de ser herdada e pode ser classificada como baixa ($h^2_g \leq 0,15$), média ($0,15 < h^2_g < 0,50$) ou alta ($h^2_g \geq 0,50$) (RESENDE, 2009). A acurácia seletiva (Ac) é uma medida de precisão baseada na correlação entre os valores genéticos preditos e os observados, quanto maior a Ac , maior a confiabilidade dos valores genéticos preditos e maior a precisão da seleção (PIMENTEL et al., 2014). Segundo Resende & Duarte (2007) a Ac pode ser classificada como baixa ($Ac < 0,50$), moderada ($0,70 < Ac \leq 0,90$), alta ($0,9 < Ac \leq 0,99$) e muito alta ($Ac \geq 0,99$).

A h^2_g e Ac classificadas como moderada a alta (Tabela 5.2) indicam condição favorável para a seleção altamente precisa dos genótipos melhorados (SANTOS et al., 2018), de modo que as variáveis com esses parâmetros podem ser utilizadas em avaliações fenotípicas com o intuito de obter ganhos e selecionar indivíduos superiores (KATUURAMU et al., 2020; SOUZA et al., 2018). Considerando os valores de h^2_g e Ac , espera-se que haja maior ganho na seleção para componentes de produção e rendimento e menor ganho para teor de minerais e compostos bioquímicos.

O valor da correlação genotípica entre os ambientes (R_{gloc}) fornece informações para determinar qual a natureza da interação genótipo x ambiente (G x A). O entendimento da interação G x A é fundamental para a interpretação de

resultados de adaptabilidade e estabilidade e podem ser de dois tipos: (I) interação simples: há diferença de variabilidade entre genótipos sem a alteração do ranqueamento nos diferentes ambientes; (II) interação complexa: há menor correlação entre o desempenho dos genótipos nos diferentes ambientes e o ranqueamento dos genótipos é alterado nesses ambientes. A interação complexa indica que houve desempenho irregular dos genótipos, ou seja, inconsistência de superioridade com a variação ambiental, tornando mais difícil a seleção e recomendação de genótipos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Considerando os valores de R_{gloc} (Tabela 5.2), observa-se que para a maioria das variáveis houve interação G x A complexa. Segundo Santos e colaboradores (2015) correlações genóticas entre ambientes de 0,39, 0,57 e 0,67 podem ser consideradas baixa, moderada e alta. Para Torres et al. (2015), R_{gloc} de 0,48 apresenta magnitude mediana. Desse modo, variáveis que demonstraram tendência de interação G x A simples ($R_{gloc} \geq 0,67$) foram: ciclo até início do florescimento (FC), ciclo até a colheita (HC), largura de vagem (PW), espessura de vagem (PT), razão entre espessura e largura de vagem (PT/PW), massa por unidade de vagem (PMA) e teor de K e Mg na vagem.

Para as variáveis que são mais influenciadas pelo ambiente, é possível adotar a estratégia de seleção indireta, ou seja, o incremento de uma característica por meio da seleção baseada em outra que demonstra correlação com o caráter de interesse (ARAÚJO et al., 2012; RIBEIRO et al., 2019). As correlações fornecem informações sobre a magnitude e a direção de influência das variáveis respostas e possibilitam a seleção de modo indireto (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

A correlação ocorre principalmente devido a pleiotropia, que é a propriedade de um gene determinar mais de uma característica fenotípica (SINGH; GEZAN; VALLEJOS, 2019). Mg e S foram os minerais com maior h^2_g e A_c e apresentaram elevada correlação positiva com a maioria dos outros nutrientes e com proteína, bem como número comercial de vagens (CPN), comprimento de vagem (PL) e altura de inserção da primeira vagem (PIH) tiveram correlação positiva com produtividade (PROD). Desse modo, a seleção para alto teor de S e Mg na vagem poderá ser utilizada para a seleção indireta de maior teor de proteína (PR), K, Mn, Ca

e P e a seleção para CPN, PL e PIH possibilitará a identificação de genótipos com maior potencial de rendimento.

Segundo MASUKA et al., (2017) o ganho genético em um programa de melhoramento pode ser potencializado com algumas estratégias: (I) aumentar o tamanho do programa para ter maior intensidade de seleção, (II) acelerar os ciclos de reprodução, (III) aumentar a repetibilidade dos ensaios para garantir maior acurácia de seleção, (IV) aumentar a quantidade de genes funcionais, aqueles que codificam características de resiliência e (V) melhorar as ferramentas de apoio à decisão. Independentemente da estratégia a ser adotada, a precisão das avaliações fenotípicas irão influenciar direta ou indiretamente na amplitude do ganho. Observa-se no presente estudo que o coeficiente de variação residual (C_{Ve}%) foi baixa para a maioria das variáveis, indicando elevada precisão experimental.

Uma das estratégias para superar as dificuldades impostas pelas variações do ambiente é a utilização de cultivares com elevado potencial produtivo, estabilidade e adaptabilidade. A média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) possibilita avaliar simultaneamente os efeitos da estabilidade, adaptabilidade e variáveis respostas na própria grandeza do caráter avaliado, penalizando os genótipos por sua instabilidade nos diferentes locais e capitalizando a habilidade de resposta à melhoria do ambiente (RESENDE, 2009; SANTOS et al., 2018).

Os valores de MHPRVG para características de componentes de produção e rendimento (Apêndice T, pág. 175), juntamente com as análises multivariadas (Figura 5.2 e Figura 5.3) e o emprego do índice de seleção de Mulamba e Mock para seleção de genótipos com maior potencial agrônomico (Apêndice P, pág. 171), permitiram a seleção dos acessos Clark, HAB 428, HAB440, HAB441, HAB443 e Napoli. As duas cultivares e as quatro linhagens selecionadas apresentaram um ganho de seleção predito para potencial agrônomico 25,8% maior que a população original (Figura 5.4).

Em trabalho que objetivou selecionar progênies F₂ de feijão-de-vagem por meio do procedimento REML/BLUP, o ganho genético aditivo predito com a seleção foi de 33,5% para a produção de vagens verdes. Os autores concluíram que a seleção via BLUP possibilitou a predição e obtenção de ganhos genéticos

significativos para o melhoramento do feijão-vagem nas próximas gerações (SOUSA et al., 2017).

Gomes et al., (2018) avaliaram quatro índices de seleção e o método REML/BLUP na avaliação de ganhos genéticos preditos das características de interesse do programa de melhoramento de feijão-de-vagem. O método REML/BLUP permitiu selecionar linhagens com desempenhos relativos altos e obter ganhos simultâneos entre as características avaliadas, 6,31% para produtividade de vagens e 14,10% para número de vagens por planta, sendo a metodologia de modelos mistos superior em relação aos índices de seleção testados que utilizam valores fenótipos.

A metodologia REML/BLUP foi eficiente na seleção de progênies superiores e proporcionou ganhos significativos ao melhoramento do feijão-de-vagem em estudo que utilizou intensidade de seleção de 10,6% (CRUZ et al., 2018). Com base nos maiores valores genéticos foi possível obter um ganho de seleção predito de 15,8% para massa de vagem por planta e 14,3% para número de vagem por planta em relação à média da população original.

Embora o potencial agrônomo de uma cultivar seja um dos principais fatores ponderado pelo agricultor, outras características devem ser consideradas no momento da escolha da cultivar, principalmente aquelas ligadas ao mercado consumidor e que podem representar um diferencial no momento da comercialização e na agregação de valor do produto (ALEMU, 2018).

O feijão-de-vagem é considerado uma leguminosa com elevada qualidade nutricional e com potencial para auxiliar na melhoria de hábitos alimentares mais saudáveis, no entanto as características nutricionais tendem a serem afetadas por diversos fatores, tais como: cultivar, características do ambiente, estação de cultivo e estágio fenológico da planta no momento da colheita (GARTNER et al., 2020; NTATSI et al., 2018).

Considerando os valores genotípicos de adaptabilidade e estabilidade para teor nutricional e compostos bioativos (Apêndice U, pág. 176), bem como as análises de componentes principais (Figura 5.2), agrupamento de mapa de calor (Figura 5.3) e índice de seleção de Mulamba e Mock com maior peso para as variáveis relacionadas a qualidade nutricional (Apêndice P, pág. 171), os acessos selecionados foram: HAB441, HAB440, Idaho Refugee, Napoli, Savannah e Vicenza, os quais

apresentam um ganho de seleção médio para teor de nutrientes e compostos bioquímicos de 10,29% (Figura 5.5).

Os acessos selecionados poderão ser utilizados em cruzamentos de programas de melhoramento genéticos focados na biofortificação de alimentos (KUMAR; PANDEY, 2020; RORIZ et al., 2020), que consiste em melhorar o teor nutricional das culturas alimentícias por meio do desenvolvimento de novas cultivares, por melhoramento convencional ou biotecnologia, ou práticas agrícolas (GARG et al., 2018).

Segundo a Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura – FAO, estima-se que 1 a cada 9 pessoas no mundo, aproximadamente 792 milhões de pessoas, têm problemas de desnutrição, desse modo as deficiências minerais nos seres humanos representam um dos principais problemas de saúde coletiva (MCGUIRE, 2015). A utilização dos genótipos de feijão-de-vagem selecionados com foco na melhoria da qualidade nutricional pode proporcionar o desenvolvimento de cultivares com capacidade de suprir parte das carências nutricionais da população, sendo uma alternativa eficiente para melhorar a qualidade nutricional da alimentação e uma forma viável de combater a desnutrição, principalmente em países em desenvolvimento (BLAIR, 2013; JHA; WARKENTIN, 2020; SIWELA et al., 2020).

De modo geral, os acessos de feijão-de-vagem estudados apresentaram menor teor de compostos fenólicos, flavonoides e atividade antioxidante quando comparado ao feijão comum (grãos secos). Esses resultados podem estar associados ao fato de que todos os 20 acessos avaliados possuem tegumento da semente de cor branca e pouca variação no formato da semente. Alcázar-Valle et al. (2020) observaram maiores concentrações de compostos fenólicos e atividade antioxidante em acessos de *P. vulgaris* com tegumento vermelho e preto. Resultados semelhantes foram encontrados em estudo que avaliou acessos de feijão de diferentes origens, o qual constatou correlação positiva entre polifenóis totais, atividade antioxidante e antocianina, de modo que os acessos de feijão-de-vagem com grãos brancos demonstraram baixos valores dos compostos avaliados (AKOND et al., 2011).

García-Díaz et al. (2018) avaliaram a composição de polifenóis, flavonoides, antocianinas, atividade antioxidante e parâmetros de cor das sementes

em populações de feijão e verificaram que a origem geográfica das populações e a época de cultivo afetaram significativamente a composição dos tegumentos e cotilédones. Entre as populações, a concentração de compostos fenólicos e atividade antioxidante foi maior em tegumentos escuros ou pigmentados.

O mercado consumidor tem preferência por feijão-de-vagem com grãos brancos e alongados (BLAIR et al., 2010), características que parecem estar associadas com menor teor de compostos bioativos e atividade antioxidante. Caso o programa de melhoramento tenha o objetivo de obter maiores ganhos para essas características, deverá explorar a variabilidade genética de acessos que estão fora dos padrões comerciais e tentar, por meio de retrocruzamentos, melhorar o teor de compostos bioativos e atividade antioxidante nas cultivares comerciais.

O objetivo final de um programa de melhoramento é o lançamento de cultivares superiores as que já existem no mercado, as quais devem reunir características exigidas pelos agricultores e consumidores. Para que esse objetivo seja atingido os genitores que irão dar início ao programa de melhoramento precisam ser cuidadosamente escolhidos.

5.7. CONCLUSÕES

A utilização da estratégia de modelos mistos aliada a adaptabilidade e estabilidade por meio da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) mostrou-se uma ferramenta eficaz para a seleção de genótipos promissores.

Para maior potencial agronômico foram selecionados os acessos HAB 428, HAB 440, HAB 441, HAB 443, Clark e Napoli. Considerando o teor nutricional nas vagens foram selecionados os acessos HAB 440, HAB 441, Idaho Refugee, Napoli, Savannah e Vicenza. Os acessos HAB 440, HAB 441 e Napoli foram selecionados tanto para melhoria do desempenho agronômico, quanto para aumento do teor nutricional.

Os acessos Clark, Napoli, Savannah e Vicenza são cultivares registradas no Registro Nacional de Cultivares – RNC/MAPA e podem ser utilizadas pelos agricultores para aumentar a produtividade da cultura e melhorar a qualidade nutricional e comercial das vagens ofertadas para os consumidores.

Considerando os acessos selecionados e a diversidade genética por meio de marcadores moleculares AFLP, recomenda-se os seguintes cruzamentos: (i) aumento do potencial agronômico - HAB 428 x HAB 440, Clark x HAB 441 e Napoli x HAB 443; (ii) melhoria do teor nutricional nas vagens - Savannah x Idaho Refugee, Vicenza x HAB 440 e HAB 441 x Napoli; (iii) melhoria do teor nutricional em genótipo produtivo - Clark x Idaho Refugee.

Os cruzamentos propostos poderão resultar em combinações genicas favoráveis com o aumento de produtividade e melhoria da qualidade nutricional das vagens.

6. CONSIDERAÇÕES FINAIS

A caracterização dos acessos do Banco de Germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná possibilitou o conhecimento da variabilidade genética presente no banco, o entendimento mais aprofundado sobre a cultura e suas oportunidades, bem como o estabelecimento de estratégias para início de um programa de melhoramento genético de feijão-de-vagem, o qual poderá contar com a expertise que o IDR-Paraná possui com *Phaseolus vulgaris* L. direcionado para grãos secos.

Considerando a demanda dos agricultores por sistemas produtivos mais eficientes e com menor custo de produção, uma das estratégias é direcionar o programa de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares com hábito de crescimento determinado, porte ereto e uniformidade de produção, possibilitando assim semeadura, pulverizações e colheita mecanizada.

O potencial econômico do cultivo de feijão para o consumo de vagem é notório, uma vez que é uma cultura de ciclo curto (58 dias da semeadura até a colheita), tem elevado potencial produtivo (17,8 t ha⁻¹), demanda proporcionalmente menos recursos naturais, é um alimento de fácil preparo e que tem elevado teor de proteína, minerais e compostos antioxidantes, características que estão em total harmonia com as necessidades dos consumidores modernos.

O banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná apresenta ampla variabilidade genética e acessos com características agrônômicas, nutricionais, bioquímicas e comerciais desejáveis. Os genótipos selecionados poderão utilizados em cruzamentos, os quais deverão resultar em combinações genicas favoráveis com o aumento de produtividade e melhoria da qualidade nutricional das vagens.

REFERÊNCIAS

- ABU-REIDAH, I. M. et al. Phytochemical characterisation of green beans (*Phaseolus vulgaris* L.) by using high-performance liquid chromatography coupled with time-of-flight mass spectrometry. **Phytochemical Analysis**, v. 24, n. 2, p. 105–116, 2013.
- ADHIKARI, S. et al. Application of molecular markers in plant genome analysis: a review. **Nucleus**, v. 60, n. 3, p. 283–297, 2017.
- AKOND, M. et al. Anthocyanin, Total Polyphenols and Antioxidant Activity of Common Bean. **American Journal of Food Technology**, v. 6, 2011.
- ALBUQUERQUE, A. N. et al. Avaliação de acessos de feijoeiro com uso de variáveis multicategóricas. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 33, n. 4, p. 627–632, 2011.
- ALCÁZAR-VALLE, M. et al. Bioactive Compounds, Antioxidant Activity, and Antinutritional Content of Legumes: A Comparison between Four *Phaseolus* Species. **Molecules**, v. 25, n. 15, p. 3528, 2020.
- ALEMU, H. Breeding Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) for Canning Quality Traits: A Review. **Journal of Agricultural Science and Food Research**, v. 9, n. 1, p. 9–12, 2018.
- ALMEIDA, G.; ABREU, L. Estratégias produtivas e aplicação de princípios da agroecologia: o caso dos agricultores familiares de base ecológica da cooperativa dos agropecuaristas solidários de Itápolis - COAGROSOL. **Revista de Economia Agrícola**, v. 56, n. 1, p. 37–53, 2009.
- ANDERSON, J. W.; MAJOR, A. W. Pulses and lipaemia, short- and long-term effect: Potential in the prevention of cardiovascular disease. **British Journal of Nutrition**, v. 88, n. S3, p. 263–271, 2002.
- ANDRADE, F. A. DE et al. Análise de AFLP na diversidade genética em acessos de feijão-de-vagem de hábito determinado e indeterminado. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 38, n. 1, p. 29–34, 2016.
- ANDRADE, F. A. et al. Snap beans for organic farming and evaluation of resistance to the common bacterial blight. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 3, p. 385–389, 2017.
- ARAÚJO, L. C. et al. Contribution of components of production on snap bean yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 3, p. 206–210, 2012.
- ARAUS, J. L. et al. Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. **Trends in Plant Science**, v. 23, n. 5, p. 451–466, 2018.
- ARUNGA, E. et al. Genetic diversity of determinate French beans grown in Kenya based on morpho-agronomic and simple sequence repeat variation. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 7, p. 240–250, 1 set. 2015.
- ASSEFA, T. et al. A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-

assisted methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular Breeding**, v. 39, n. 2, 2019.

BABA, V. Y. et al. Genetic diversity of *Capsicum chinense* accessions based on fruit morphological characterization and AFLP markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 63, n. 8, p. 1371–1381, 2016.

BASHIR, H. et al. Molecular characterization and insights into the origin of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces of north western Himalayas. **Nucleus**, v. 63, n. 3, p. 271–279, 2020.

BATES, D. et al. **Package lme4**: Linear Mixed-Effects Models Using Eigen and S4R package version, jan. 2014. Disponível em: <<http://cran.r-project.org/package=lme4>>

BITOCCHI, E. et al. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 109, n. 14, 2012.

BITOCCHI, E. et al. Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. **New Phytologist**, v. 197, n. 1, p. 300–313, 2013.

BLAIR, M. W. et al. Extensive diversity and inter-genepool introgression in a world-wide collection of indeterminate snap bean accessions. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 120, n. 7, p. 1381–1391, 2010.

BLAIR, M. W. Mineral biofortification strategies for food staples: The example of common bean. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 61, n. 35, p. 8287–8294, 2013.

BLAIR, M. W.; SOLER, A.; CORTÉS, A. J. Diversification and Population Structure in Common Beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **PLoS ONE**, v. 7, n. 11, 2012.

BRADSHAW, J. E. Genetic Structure of Landraces. In: BRADSHAW, J. E. (Ed.). **Plant Breeding: Past, Present and Future**. Springer International Publishing, 2016. p. 693.

BRADSHAW, J. E. Plant breeding : past , present and future. **Euphytica**, v. 213, n. 3, p. 1–12, 2017.

BRAND-WILLIAMS, W.; CUVELIER, M. E.; BERSET, C. Use of a free radical method to evaluate antioxidant activity. **LWT - Food Science and Technology**, v. 28, n. 1, p. 25–30, 1995.

BRASIL. Presidência da República. **Decreto nº 2.366, de 05 de novembro de 1997 e Ato nº4, de 13 de julho de 2015**. Regulamentam a Lei no 9.456, de 25 de abril de 1997, que institui a Proteção de Cultivares, dispões sobre o Serviço Nacional de Proteção de Cultivares, 2015.

CAMPOS-VEGA, R. et al. Common Beans and Their Non-Digestible Fraction: Cancer Inhibitory Activity—An Overview. **Foods**, v. 2, n. 3, p. 374–392, 2013.

CHAURASIA, S. Green beans. In: JAISWAL, A. K. (Ed.). **Nutritional Composition and Antioxidant Properties of Fruits and Vegetables**. Academic Press, 2020. p. 766.

CHÁVEZ-MENDOZA, C.; HERNÁNDEZ-FIGUEROA, K. I.; SÁNCHEZ, E. Antioxidant capacity and phytonutrient content in the seed coat and cotyledon of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from various regions in Mexico. **Antioxidants**, v. 8, n. 1, 2019.

CHÁVEZ-SERVIA, J. L. et al. Diversity of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Landraces and the Nutritional Value of their Grains. In: RON, A. M. DE (Ed.). **Grain Legumes**. IntechOpen, 2016. p. 438.

CHEYNIER, V. Polyphenols in foods are more complex than often thought. **The American journal of clinical nutrition**, v. 81, n. 1 Suppl, p. 223–229, 2005.

CHIORATO, A. F. et al. Prediction of Genotypic Values and Estimation of Genetic Parameters in Common Bean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 51, p. 465–472, 2008.

CRESPO-HERRERA, L. A.; ORTIZ, R. Plant breeding for organic agriculture: Something new? **Agriculture and Food Security**, v. 4, n. 1, p. 1–7, 2015.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético - Vol 2**. 3ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2014.

CRUZ, D. P. et al. Selection of progenies of snap beans using mixed models (REML/BLUP). **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 2, 2018.

DAVIS, D.; EPP, M.; RIORDAN, H. Changes in USDA Food Composition Data for 43 Garden Crops, 1950 to 1999. **Journal of the American College of Nutrition**, v. 23, p. 669–682, 2004.

DELFINI, J. et al. Distinctness of Brazilian common bean cultivars with carioca and black grain by means of morphoagronomic and molecular descriptors. **PLoS ONE**, v. 12, n. 11, 2017.

DELFINI, J. et al. Diversity of nutritional content in seeds of Brazilian common bean germplasm. **PLoS ONE**, v. 15, n. 9, p. 1–13, 2020.

DERAL. **Olericultura - Análise da Conjuntura**. Disponível em: <http://www.agricultura.pr.gov.br/sites/default/arquivos_restritos/files/documento/2019-12/olericultura_2020.pdf>. Acesso em: 29 dez. 2020.

DIDONET, A. D.; VITÓRIA, T. B. Resposta do feijoeiro comum ao estresse térmico aplicado em diferentes estágios fenológicos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 36, n. 3, p. 199–204, 2006.

EUZEBIO, M. P. et al. Adaptability and stability assessment of bean cultivars of the

carioca commercial group by a Bayesian approach. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 40, n. 1, p. 1-8, 2018.

FAN, G.; BETA, T. Proximate Composition, Phenolic Profiles and Antioxidant Capacity of Three Common Bean Varieties (*Phaseolus Vulgaris* L.). **Journal of Food Chemistry and Nanotechnology**, v. 2, n. 1, p. 147–152, 2016.

FAOSTAT. **Crop statistics**. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data>>. Acesso em: 6 jun. 2020.

FASAHAT, P. et al. Principles and Utilization of Combining Ability in Plant Breeding. **Biometrics & Biostatistics International Journal**, v. 4, n. 1, p. 1–22, 2016.

FERREIRA, M. E. et al. Predicting pod quality of green beans for processing. **Scientia Horticulturae**, v. 109, n. 3, p. 207–211, 2006.

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

FERREIRA, S. M. R. et al. Postharvest quality of conventional and organic tomatoes. **Food Science and Technology**, v. 30, p. 858–869, 2010.

FIGUEIREDO, M. A. et al. Zinc and selenium accumulation and their effect on iron bioavailability in common bean seeds. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 111, p. 193–202, 2017.

FILGUEIRA, F. A. R. **Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 3º ed. Viçosa: UFV, 2013. 421p.

FOX, J.; BOUCHET-VALAT, M. **Rcmdr: R Commander**, 2020. Disponível em: <<http://socserv.socsci.mcmaster.ca/jfox/Misc/Rcmdr/>>

FRANCELINO, F. M. A. et al. Evaluation of Promising of snap bean to the North and Northwest Fluminense. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 554–562, 2011.

FRICHOT, E. et al. Fast and efficient estimation of individual ancestry coefficients. **Genetics**, v. 196, n. 4, p. 973–983, 2014.

FRICHOT, E.; FRANÇOIS, O. LEA: An R package for landscape and ecological association studies. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 6, n. 8, p. 925–929, 1 ago. 2015.

FUKUJI, A. Y. S. et al. Amino acid concentration, total phenolic compound content and antioxidant activity of snap bean genotypes. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 22, p. 2–7, 2019.

GARCÍA-DÍAZ, Y. D. et al. Bioactive compounds and antioxidant activity in the common bean are influenced by cropping season and genotype. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 78, n. 2, p. 255–265, 2018.

GARG, M. et al. Biofortified Crops Generated by Breeding, Agronomy, and Transgenic

Approaches Are Improving Lives of Millions of People around the World. **Frontiers in Nutrition**, v. 5, n. February, 2018.

GARTNER, W. et al. Changes in sugar concentrations of seed and pod tissue during development in snap and dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **HortScience**, v. 55, n. 10, p. 1692–1697, 2020.

GHALMI, N. et al. Morphological and molecular diversity within Algerian cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) landraces. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 57, n. 3, p. 371–386, 2010.

GOMES, A. B. S. et al. Genetic gain via REML/BLUP and selection indices in snap bean. **Horticultura Brasileira**, v. 36, n. 2, p. 195–198, 2018.

GOMES, G. R. et al. Yield performance of bushing snap bean genotypes in two environments. **Scientia Agropecuaria**, v. 07, n. 02, p. 85–92, 2016.

GOMES, G. R. et al. Productivity, mineral composition, and phenolic compound content in bush snap beans grown during different seasons. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 41, n. 5, p. 1469–1482, 2020.

GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASAN, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. **Genetics research international**, v. 2015, p. 431487, 2015.

GOWER, J. C. A. General Coefficient of Similarity and Some of Its Properties. **Biometrics**, v. 27, n. 4, p. 857–871, 1971.

GTI - Green Trade Initiative. **Green beans market overview in France**. França: GTI, 2018. 52p.

GUIDOTI, D. T. et al. Interrelação entre características morfológicas, agronômicas e moleculares na análise de diversidade genética em feijão comum. **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 40, n. 1, p. 1–9, 2018.

GUPTA, P.; RUSTGI, S.; MIR, R. Array-Based High-Throughput DNA Markers and Genotyping Platforms for Cereal Genetics and Genomics. In: GUPTA, P. & VARSHNEY, R. (ed), **Cereal genomics II**, London: Springer. 438p.

HAGERTY, C. H. et al. Mapping snap bean pod and color traits, in a dry bean × snap bean recombinant inbred population. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 141, n. 2, p. 131–138, 2016.

HAMMER, O.; HARPER, D.; RYAN, P. PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. **Palaeontologia Electronica**, v. 4, p. 1–9, 2001.

HENRY, N. A.; EVANS, N. N.; NELSON, O. A. Evaluation of genetic variability, heritability, genetic advance and correlation for agronomic and yield components in common bean landraces from South western Kenya. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 11, n. 5, p. 144–157, 2019.

HUANG, D.; BOXIN, O. U.; PRIOR, R. L. The chemistry behind antioxidant capacity assays. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 53, n. 6, p. 1841–1856, 2005.

HUSSIEN, M. B. et al. Pod quality of snap bean as affected by Nitrogen fixation, cultivar and climate zone under dryland agriculture. **African Journal of Agricultural Research**, v. 10, n. 32, p. 3157–3169, 2015.

IBARROLA-RIVAS, M. J.; KASTNER, T.; NONHEBEL, S. How much time does a farmer spend to produce my food? An international comparison of the impact of diets and mechanization. **Resources**, v. 5, n. 4, 2016.

IBGE. **Censo agropecuário 2006**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/pesquisa/censo-agropecuario/censo-agropecuario-2006/segunda-apuracao>>. Acesso em: 6 jun. 2019.

IPGRI. **Descritores para Phaseolus vulgaris**. Roma: International Plant Genetic Resources Institute, 2001. 54p.

IQBAL, A. M. et al. Pre-breeding and Population Improvement. **LS: International Journal of Life Sciences**, v. 2, n. 3, p. 188, 2013.

JHA, A. B.; WARKENTIN, T. D. Biofortification of pulse crops: Status and future perspectives. **Plants**, v. 9, n. 1, 2020.

KABAGAMBE, E. K. et al. Decreased consumption of dried mature beans is positively associated with urbanization and nonfatal acute myocardial infarction. **Journal of Nutrition**, v. 135, n. 7, p. 1770–1775, 2005.

KAPLAN, L. What is the origin of the common bean? **Economic Botany**, v. 35, n. 2, p. 240–254, 1981.

KASIM, R.; KASIM, M. U. Biochemical changes and color properties of fresh-cut green bean (*Phaseolus vulgaris* L. cv.gina) treated with calcium chloride during storage. **Food Science and Technology**, v. 35, n. 2, p. 266–272, 2015.

KASSAMBARA, A. **ggpubr: “ggplot2” Based Publication Ready Plots**, 2020. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=ggpubr>>

KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. **factoextra: Extract and visualize the results of multivariate data analyses.**, 2017. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=factoextra>>

KATUURAMU, D. N. et al. On-farm multi-location evaluation of genotype by environment interactions for seed yield and cooking time in common bean. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 1–12, 2020.

KLEINTOP, A. E. et al. Total phenolic content and associated phenotypic traits in a diverse collection of snap bean cultivars. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 141, n. 1, p. 3–11, 2016.

KOLDE, R. **Pheatmap: Pretty Heatmaps**R package version 1.0.12, , 2019. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/pheatmap/index.html>>

KOUTSIKA-SOTIRIOU, M.; TRAKA-MAVRONA, E. Snap Bean. In: PROHENS, J.; NUEZ, F. (Eds.). . **Vegetables II: Fabaceae, Liliaceae, Solanaceae, and Umbelliferae**. New York, NY: Springer New York, 2008. p. 27–83.

KRAUSE, W. et al. Genetic divergence in snap bean based on agronomic traits and resistance to bacterial wilt. **Cropp Breeding and Applied Biotechnology**, v. 9, n. 3, p. 246–252, 2009.

KUMAR, S.; PANDEY, G. Biofortification of pulses and legumes to enhance nutrition. **Heliyon**, v. 6, n. 3, p. e03682, 2020.

KWAK, M. et al. Multiple origins of the determinate growth habit in domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Annals of Botany**, v. 110, n. 8, p. 1573–1580, 2012.

KWAK, M.; GEPTS, P. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 118, n. 5, p. 979–992, 2009.

LAURA, E. Y. L. et al. Morphological characterization of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces of Central region of Benin Republic. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 10, n. 11, p. 304–318, 2018.

LEE, Y.; HOWARD, L. R.; VILLALÓN, B. Flavonoids and Antioxidant Activity of Fresh Pepper (*Capsicum annuum*) Cultivars. **Journal of Food Science**, v. 60, n. 3, p. 473–476, 1 maio 1995.

LIMA, M. S. DE et al. Characterization of genetic variability among common bean genotypes by morphological descriptors. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. 1, p. 76–84, 2012.

MACARULLA, M. T. et al. Effects of the whole seed and a protein isolate of faba bean (*Vicia faba*) on the cholesterol metabolism of hypercholesterolaemic rats. **British Journal of Nutrition**, v. 85, n. 5, p. 607–614, 2001.

MÄCHLER, M. et al. **Cluster: Cluster Analysis Basics and Extensions**R package version 2.1.0., 2019. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/cluster>>

MADAKBAŞ, S. Y. et al. Genetic Characterization of Green Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Accessions from Turkey with SCAR and SSR Markers. **Biochemical Genetics**, v. 54, n. 4, p. 495–505, 2016.

MAGKOS, F.; ARVANITI, F.; ZAMPELAS, A. Organic food: Nutritious food or food for thought? A review of the evidence. **International Journal of Food Sciences and Nutrition**, v. 54, n. 5, p. 357–371, 2003.

MANZOOR, N. et al. Effect of Blanching and Drying Temperatures on Various Physico-

chemical Characteristics of Green Beans. **Asian Journal of Dairy and Food Research**, v. 38, n. 03, p. 213–223, 2019.

MAPA. **Zoneamento Agrícola de Risco Climático para a cultura de feijão 1ª safra no Estado do Paraná**, 2015. Disponível em: <<https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/riscos-seguro/programa-nacional-de-zoneamento-agricola-de-risco-climatico/portarias/safra-2015-2016/parana/pdf/port-ndeg-72-feijao-1-safra-pr.pdf/view>>

MAPA. **Registro Nacional de Cultivares - RNC**. Disponível em: <http://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php>.

MARAS, M. et al. Genetic diversity of common bean accessions from Former Yugoslav Republic of Macedonia as revealed by molecular and morphological markers. **Genetika**, v. 48, n. 2, p. 729–742, 2016.

MASUKA, B. et al. Gains in maize genetic improvement in eastern and southern Africa: I. CIMMYT hybrid breeding pipeline. **Crop Science**, v. 57, n. 1, p. 168–179, 2017.

MASUM AKOND, A. S. M. G. et al. Minerals (Zn, Fe, Ca and Mg) and Antinutrient (Phytic Acid) Constituents in Common Bean. **American journal of food technology**, v. 6, n. 3, p. 235–243, 2011.

MCGUIRE, S. FAO, IFAD, and WFP. The State of Food Insecurity in the World 2015: Meeting the 2015 International Hunger Targets: Taking Stock of Uneven Progress. Rome: FAO, 2015. **Advances in Nutrition**, v. 6, n. 5, p. 623–624, 1 set. 2015.

MODA-CIRINO, V. et al. Plant breeding at Instituto Agronômico do Paraná: IAPAR. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 12, n. spe, p. 25–30, 2012.

MOREIRA, A. F. P. et al. Genetic diversity, population structure and genetic parameters of fruit traits in *Capsicum chinense*. **Scientia Horticulturae**, v. 236, p. 1–9, 2018.

MOREIRA, R. M. P. et al. Potencial agronômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, n. 4Sup1, p. 1051, 2009.

MYERS, J. R. et al. Improving the health benefits of snap bean: Genome-wide association studies of total phenolic content. **Nutrients**, v. 11, n. 10, p. 1–17, 2019.

NADEEM, M. A. et al. Phenotypic characterization of 183 Turkish common bean accessions for agronomic, trading, and consumer-preferred plant characteristics for breeding purposes. **Agronomy**, v. 10, n. 2, 2020.

NEUWIRTH, E. **RColorBrewer: ColorBrewer Palettes**, 2014. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=RColorBrewer>>

NTATSI, G. et al. The quality of leguminous vegetables as influenced by preharvest factors. **Scientia Horticulturae**, v. 232, p. 191–205, 2018.

NYAKIO, N. K.; STEELE, K.; PALAPALA, V. A. P. Genetic diversity of dry bean (*Phaseolus vulgaris*) accessions of Kenya using AFLP markers. **African Journal of Horticultural Science**, v. 8, n. 1, p. 12–23, 2014.

OCAMPO, G. A. H. et al. **Production and Export of Green Beans (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Nicaragua: CIAT, 2015. 54p.

OLIVEIRA, T. C. et al. Desempenho agronômico de cultivares de feijão em função da adubação fosfatada no sul do estado do Tocantins. **Revista Caatinga**, v. 27, n. 1, p. 50–59, 2014.

OPARA, U. Quality Management: An Industrial Approach to Produce Handling. In: FLORKOWSKI, W. J.; SHEWFELT, R. L.; BRUECKNER, B.; PRUSSIA, S. E. (Ed.). **Postharvest Handling**. San Diego: Academic Press, 2009. p. 153–204.

PBMH. Programa Brasileiro para Modernização da Horticultura: Normas de Classificação de Vagem. **CEAGESP**, Doc 34, 2010. 2p.

PEIXOTO, N. et al. Seleção de linhagens de feijão-vagem de crescimento indeterminado para cultivo no Estado de Goiás. **Horticultura Brasileira**, v. 19, n. 1, p. 85–88, 2001.

PEREIRA, H. S. et al. Culinary and nutritional quality of common bean lines with Carioca grain type and interaction with environments. **Revista Ceres**, v. 64, n. 2, p. 159–166, 2017.

PETRY, N. et al. Review: The potential of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) as a vehicle for iron biofortification. **Nutrients**, v. 7, n. 2, p. 1144–1173, 2015.

PEVICHAROVA, G.; SOFKOVA-BOBCHEVA, S.; ZSIVANOVITS, G. Sensory and instrumental texture of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **International Journal of Food Properties**, v. 18, n. 6, p. 1169–1180, 2015.

PIMENTEL, A. J. B. et al. Estimativa de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882–890, 2014.

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

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2020. Disponível em: <www.R-project.org>

RAINEY, K. M.; GRIFFITHS, P. D. Diallel analysis of yield components of snap beans exposed to two temperature stress environments. **Euphytica**, v. 142, n. 1–2, p. 43–53, 2005.

RAMÍREZ, N. et al. Yield and nutritional quality of snap bean in two environments. **Revista Fitotecnia Mexicana**, v. 35, p. 317–323, 2012.

RANA, J. C. et al. Characterisation of 4274 accessions of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm conserved in the Indian gene bank for phenological, morphological and agricultural traits. **Euphytica**, v. 205, n. 2, p. 441–457, 2015.

RENDÓN-ANAYA, M. et al. Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest sister species. **Genome Biology**, v. 18, n. 1, p. 1–17, 2017.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2009.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 330–339, 2016.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e Controle de Qualidade em Experimentos de Avaliação de Cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182–194, 2007.

RESENDE, R. T. et al. Genome-wide association and Regional Heritability Mapping of plant architecture, lodging and productivity in *phaseolus vulgaris*. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 8, n. 8, p. 2841–2854, 2018.

RIBEIRO, N. D. Potencial de aumento da qualidade nutricional do feijão por melhoramento genético. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 31, n. 4Sup1, p. 1367, 2010.

RIBEIRO, N. D. et al. Genetics of phosphorus content in common bean seeds. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 3, p. 250–256, 2011.

RIBEIRO, N. D. et al. Genetic parameters and combined selection for seed coat color and macrominerals in mesoamerican common bean lines. **Agricultural Sciences**, v. 18, n. 2, 2019.

ROLDÁN-RUIZ, I. et al. A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 103, n. 8, p. 1138–1150, 2001.

RORIZ, M. et al. Legume Biofortification and the Role of Plant Growth-Promoting Bacteria in a Sustainable Agricultural Era. **Agronomy**, v. 10, n. 3, 2020.

ŠAJGALÍK, M. et al. Higher effectiveness of new common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm acquisition by collecting expeditions associated with molecular analyses. **Sustainability (Switzerland)**, v. 11, n. 19, 2019.

SANTHI, V. P. et al. Evaluation of french beans (*Phaseolus vulgaris* L.) bush type at mid and higher elevations of Nilgiris. **The Asian Journal of Horticulture**, v. 10, n. 1, p. 100–104, 2015.

SANTOS, C. A. F. et al. Genetic similarity among onion cultivars of different types and origins, based on AFLP markers. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 1, p. 32–37, 2011.

SANTOS, D. et al. Tamanho ótimo de parcela para a cultura do feijão-vagem. **Revista**

Ciencia Agronomica, v. 43, n. 1, p. 119–128, 2012.

SANTOS, P. R. DOS et al. Simultaneous selection for yield, stability, and adaptability of carioca and black beans. **Pesquisa Agropecuaria Brasileira**, v. 53, p. 736–745, 2018.

SANTOS, G. A. et al. Interação genótipos x ambientes para produtividade de clones de eucalyptus L'Hér. no estado do Rio Grande do Sul. **Revista Árvore**, v. 39, n. 1, p. 81–91, 2015.

SANTOS NETO, J. DOS et al. Quality of tomato fruit grown under organic production and treated with by-products of lemon-grass. **Revista Ciência Agronômica**, v. 47, p. 633–642, 2016.

SAS. **SAS software v4.0.3**. North Carolina SAS Institute Inc., 2000.

SHARMA, S. et al. Pre-breeding for diversification of primary gene pool and genetic enhancement of grain legumes. **Frontiers in Plant Science**, v. 4, n. 309, p. 1-14, 2013.

SILVA, B. A.; SILVA, A. R. DA; PAGIUCA, L. G. Cultivo protegido versus campo aberto. **Revista Hortifruti Brasil**, v. 12, n. 132, p. 10–18, 2014.

SILVA, D. A. et al. Influence of high temperature on the reproductive biology of dry edible bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Scientia Agricola**, v. 77, n. 3, p. 1–9, 2020.

SIMONNE, A. et al. Organic and conventional produce in the U.S.: Examining safety and quality, economic values, and consumer attitudes. **Horticulturae**, v. 2, n. 2, p. 10–14, 2016.

SINGH, B.; SINGH, D. B. Breeding perspectives of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Vegetable Science**, v. 42, p. 1–17, 2015.

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

SINGH, J.; GEZAN, S. A.; VALLEJOS, C. E. Developmental pleiotropy shaped the roots of the domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Plant Physiology**, v. 180, n. 3, p. 1467–1479, 2019.

SINGH, S. P.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). **Economic Botany**, v. 45, n. 3, p. 379–396, 1991.

SIWELA, M. et al. Biofortified Crops for Combating Hidden Hunger in South Africa: Availability, Acceptability, Micronutrient Retention and Bioavailability. **Foods**, v. 9, n. 8, p. 1–23, 2020.

SKROCH, P. W.; NIENHUIS, J. Qualitative and quantitative characterization of RAPD variation among snap bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 91, n. 6–7, p. 1078–1085, 1995.

SLOWIKOWSKI, K. **ggrepel: Automatically Position Non-Overlapping Text Labels with 'ggplot2**, 2020. Disponível em: <<https://cran.r-project.org/package=ggrepel>>

SOUSA, C. M. et al. Selection of snap bean F2 progenies for production using the REML/BLUP methodology. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 1, p. 33–40, 2017.

SOUZA, Y. P. et al. Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. **Ciencia Rural**, v. 48, n. 7, 2018.

SWAIN, T.; HILLIS, W. E. The phenolic constituents of *Prunus domestica*. I.—The quantitative analysis of phenolic constituents. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 10, n. 1, p. 63–68, 1959.

TEIXEIRA, A. B. et al. Genetic divergence in snap-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluated by different methodologies. **Cropps Breeding and Applied Biotechnology**, v. 4, n. 1, p. 57–62, 2004.

TORRES, F. E. et al. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, v. 74, n. 3, p. 255–260, 2015.

TRICHOPOULOU, A. et al. Mediterranean diet in relation to body mass index and waist-to-hip ratio: The Greek European Prospective Investigation into Cancer and Nutrition Study. **American Journal of Clinical Nutrition**, v. 82, n. 5, p. 935–940, 2005.

USDA - United States Department of Agriculture. **Vegetables 2019 Summary**. National Agricultural Statistics Service, 2020. 101p.

VAZ, D. DA C.; MORAIS JÚNIOR, O. P. DE; PEIXOTO, N. Agro-morphological characterization and genetic divergence assessment in bush snap bean genotypes1. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 47, n. 2, p. 134–144, 2017.

VÁZQUEZ, G. et al. Antioxidant activity and phenolic content of chestnut (*Castanea sativa*) shell and eucalyptus (*Eucalyptus globulus*) bark extracts. **Industrial Crops and Products**, v. 28, n. 3, p. 279–285, 2008.

VIDA, J. B. et al. Manejo de doenças de plantas em cultivo protegido. **Fitopatologia Brasileira**, v. 29, n. 4, p. 355–372, 2004.

VIDAL, V. L. et al. Desempenho de feijão-vagem arbustivo, sob cultivo orgânico em duas épocas. **Horticultura Brasileira**, v. 25, n. 1, p. 10–14, 2007.

VILELA, F. et al. Stability of F7:8 snap bean progenies in the Northern and Northwestern regions of Rio de Janeiro State. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 1, p. 84–90, 2011.

VOS, P. et al. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. **Nucleic acids research**, v. 23, n. 21, p. 4407–4414, 11 nov. 1995.

WALLACE, L. et al. Genetic diversity within snap beans and their relation to dry beans. **Genes**, v. 9, n. 12, 2018.

WEI, T.; SIMKO, V. **R package “corrplot”: Visualization of a Correlation Matrix (Version 0.84)**, 2017. Disponível em: <<https://github.com/taiyun/corrplot>>

WICKHAM, H. et al. Welcome to the Tidyverse. **Journal of Open Source Software**, v. 4, p. 1686, 21 nov. 2019.

ZHANG, M. et al. Spatial-temporal analysis of polyethylene glycol-reduced aluminium accumulation and xyloglucan endotransglucosylase action in root tips of common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Annals of Botany**, v. 118, n. 1, p. 1–9, 2016.

APÉNDICES

Apêndice A - Nome do acesso, país de origem, instituição ou empresa de introdução, natureza do material e hábito de crescimento de 102 acessos de feijão-de-vagem do banco de germoplasma do IDR-Paraná.

N	Acesso	País de origem	Origem de introdução	Status Biológico	Hábito de crescimento
1	502 - G6639	Haiti	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
2	Alessa	Brasil	PESAGRO-RIO	Cultivar	Determinado
3	Amarillo	Peru	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
4	Black Wonder	África do Sul	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
5	Bomba	Ucrânia	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
6	Clarke	Brasil	HM Clause	Cultivar	Determinado
7	HAB402	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
8	HAB403	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
9	HAB404	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
10	HAB405	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
11	HAB407	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
12	HAB408	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
13	HAB409	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
14	HAB411	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
15	HAB412	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
16	HAB413	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
17	HAB415	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
18	HAB416	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
19	HAB417	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
20	HAB424	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
21	HAB425	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
22	HAB427	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
23	HAB428	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
24	HAB429	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
25	HAB431	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
26	HAB432	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
27	HAB435	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
28	HAB436	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
29	HAB437	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
30	HAB438	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
31	HAB440	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
32	HAB441	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
33	HAB442	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
34	HAB443	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
35	HAB445	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
36	HAB446	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
37	HAB447	Colômbia	CIAT	Linhagem	Determinado
38	Idaho Refugee	EUA	Embrapa	Variedade tradicional	Determinado

(Continua)

(Continuação)

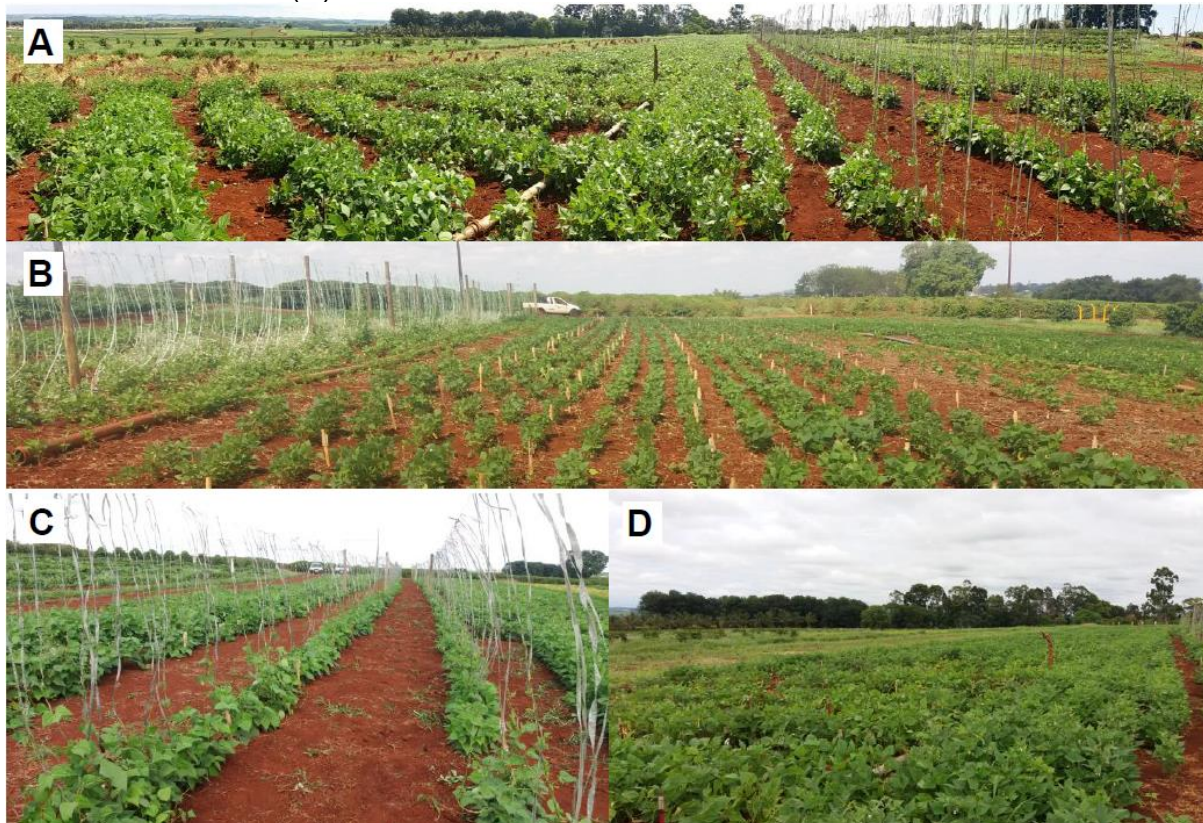
N	Acesso	País de origem	Origem de introdução	Status Biológico	Hábito de crescimento
39	Ligth Red Kidney	EUA	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
40	Macarrão Baixo	Brasil	ISLA	Cultivar	Determinado
41	Macarrão Rasteiro	Brasil	TOP SEED	Cultivar	Determinado
42	Macarrão	Brasil	Hortices	Cultivar	Determinado
43	Mandarino	Colômbia	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
44	Manteiga Baixo	Brasil	ISLA	Cultivar	Determinado
45	Mont d'or	França	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
46	Montcalm 23	EUA	CIAT ¹	Variedade tradicional	Determinado
47	Napoli	Brasil	Feltrin	Cultivar	Determinado
48	Noorinbee	Austrália	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
49	Piligue	Guatemala	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
50	Sacavem 1776	Brasil	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
51	Sacavem 69	Brasil	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
52	Sacavem 84	Brasil	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
53	Saint marcellin	Chile	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
54	Savannah	Brasil	HM Clause	Cultivar	Determinado
55	Saxa	Polônia	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
56	UEL 1	Brasil	UEL	Cultivar	Determinado
57	UEL 2	Brasil	UEL	Cultivar	Determinado
58	Uribe Redondo	Colômbia	CIAT	Variedade tradicional	Determinado
59	Vicenza	Brasil	Feltrin	Cultivar	Determinado
60	Zigane	Brasil	TOPSEED	Cultivar	Determinado
61	Amarelinho Trepador	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
62	Archer 9893	Etiópia	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
63	Bayo	México	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
64	Black Valentine	EUA	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
65	Branco de Vagem	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
66	Cachamundinho	Portugal	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
67	California Small White	EUA	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
68	Chu-Naga	Japão	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
69	De Vagem Brilhante	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
70	Feijão de vagem café	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
71	Feijão de vagem graúdo	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
72	Feijão de vagem preto	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
73	Feijão de vagem1	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
74	Feijão de vagem2	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
75	Feijão de vagem3	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado

(Continua)

(Continuação)

N	Acesso	País de origem	Origem de introdução	Status Biológico	Hábito de crescimento
76	Feijão de vagem4	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
77	Feijão de vagem5	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
78	Genfor Markt	Alemanha	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
79	Gruzinskaya	Geórgia	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
80	HT 30	Brasil	Hortec	Cultivar	Indeterminado
81	Kentucky Wonder	EUA	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
82	Kentucky Wonder 814	EUA	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
83	Lago Azul	Colômbia	Agricultor	Variedade tradicional	Indeterminado
84	Listrado de Vagem	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
85	Macarrão Atibaia HT	Brasil	Hortec	Cultivar	Indeterminado
86	Macarrão Imperial	Brasil	Master seeds	Cultivar	Indeterminado
87	Malhado de vagem	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
88	Malibu	Brasil	HM Clause	Cultivar	Indeterminado
89	Marrom de vagem	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
90	Moncure 16	Guatemala	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
91	Msu C-20	EUA	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
92	Nep171	Não determinado	Não determinado	Variedade tradicional	Indeterminado
93	Pompadour H	Rep. Dominicana	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
94	Preto Vagem de São Paulo	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
95	Rayados	Chile	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
96	S-233-B	El Salvador	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado
97	Strada	Brasil	TOPSEED	Cultivar	Indeterminado
98	Tempesta	Brasil	Feltrin	Cultivar	Indeterminado
99	Torino Macarrão Trepador	Brasil	Feltrin	Cultivar	Indeterminado
100	Vagem Italiana	Não determinado	Não determinado	Variedade tradicional	Indeterminado
101	Vagem Trepadeira	Brasil	Embrapa	Variedade tradicional	Indeterminado
102	White Kentucky Wonder	EUA	CIAT	Variedade tradicional	Indeterminado

Apêndice B - Visão geral dos ensaios de caracterização morfoagronômica dos acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado e indeterminado conduzidos lado a lado na safra das águas de 2017 (A) e 2018 (B). Ensaio com acessos de hábito de crescimento indeterminado (C) e ensaio com acessos com hábito determinado (D).



Apêndice C - Descritores morfoagronômicos utilizados na caracterização do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná.

Nº	Descritor	Descrição da característica
1	Plântula: pigmentação antocianínica no hipocótilo QL ¹ VG ²	1- ausente 2- presente
2	Plântula: intensidade da pigmentação antocianínica no hipocótilo QN VG	1- fraca 2- média 3- forte
3	Planta: hábito de crescimento QL VG (a) ³	1- determinado 2- indeterminado
4	Planta: porte QL VG (a)	1-prostado 2-arbustivo 3-trepador
5	Somente para cultivares com porte trepador: Planta: forma QL VG (a)	1-piramidal 2-terangular
6	Folha: intensidade da cor verde QN VG (a)	3- clara 5-média 7-escura
7	Folha rugosidade (a ser avaliada no terço médio da planta) QL VG (a)	1-ausente 2-presente
8	Folha: Largura folículo central (no 6º nó da planta) QN MI	Centímetros
9	Folha: Largura folículo central (no 6º nó da planta) QN MI	Centímetros
10	Folículo terminal: forma PQ VG (a)	1-triangular 2-triangular e circular 3-circular 4-circular e quadrangular 5-quadrangular
11	Folíolo terminal: comprimento do ápice QN VG (a)	1-curto 2-médio 3-longo
12	Somente para hábito determinado Inflorescências: localização (no florescimento pleno) QN VG	1-dentro da Folhagem 2-intermediárias 3-acima da folhagem
13	Flor: tamanho das brácteas QN VG	3-pequeno 5-médio 7-grande
14	Flor: cor das estandarte PQ VG	1-branca 2-branca rosada 3-rosa 4-violeta

(Continua)

(Continuação)

Nº	Descritor	Descrição da característica
15	Flor: cor da asa PQ VG	1-branca 2-branca rosada 3-rosa 4-violeta
16	Vagem: comprimento (excluindo o bico) QN MI (b)	Milímetros
17	Vagem: largura QN MI (b)	Milímetros
18	Vagem: espessura QN MI (b)	Milímetros
19	Vagem: forma da sessão transversal (através da semente) PQ VG (b)	1-achatada 2-periforme 3-elíptica 4-octomorfa 5-circular
20	Vagem: razão espessura/largura QN MI (b)	Milímetros
21	Vagem: cor primária PQ VG (b)	1-verde clara 2-verde médio 3-verde escura 4-amarela 5-rajada 6-roxa
22	Vagem: perfil PQ VG (b)	1-reto 2-semiarqueado 3-arqueado 4-recurvado
23	Grupo comercial PQ VG (b)	1-holandesa 2-macarrão 3-manteiga 4-outro
24	Vagem: cor secundária QL VG (c)	1-ausente 2-presente
25	Vagem: cor secundária PQ VG (c)	1-rosa 2-vermelha 3-roxa
26	Vagem: densidade das manchas da cor Secundária QN VG (c)	3-esparsa 5-média 7-densa
27	Vagem: fio da sutura ventral QL VG (b)	1-ausente 2-presete

(Continua)

(Continuação)

Nº	Descritor	Descrição da característica
28	Vagem: grau da curvatura QN VG (b)	1-ausente ou muito fraca 3-fracas 5-média 7-forte 9-muito forte
29	Vagem: forma da curvatura PQ VG (b)	1-côncava 2-forma de "S" 3-convexa
30	Vagem: forma da parte distal (excluindo o dente apical) PQ VG (b)	1-aguda 2-aguda e truncada 3-truncada
31	Vagem: comprimento do dente apical QN MI/VG (b)	Milímetros
32	Vagem: curvatura do dente apical QN VG (b)	1-ausente ou muito fraca 3-fracas 5-média 7-forte 9-muito forte
33	Vagem: posição dente apical QL VG (c)	1-marginal 2-não marginal
34	Vagem: textura da superfície QN VG (b)	1-lisa ou ligeiramente rugosa 2-moderadamente rugosa 3-muito rugosa
35	Vagem: constrictões (vagem seca) QN VS (c)	1-ausente ou muito fracas 2-médias 3-fortes
36	Semente: peso de 1000 sementes QN MG (d)	Gramas
37	Semente: forma em seção longitudinal PQ VG (d)	1-circular 2-circular a elíptica 3-elípita 4-reniforme 5-retangular
38	Semente reniforme: Semente: grau da curvatura QN VG (d)	3-fraco 5-médio 7-forte
39	Semente: espessura QN MI (d)	Milímetros
40	Semente: largura QN MI (d)	Milímetros

(Continua)

(Continuação)

Nº	Descritor	Descrição da característica
41	Semente: comprimento QN MI/VG (d)	Milímetros
42	Semente: relação comprimento/largura QN MI/VG (d)	Milímetros
43	Semente: relação espessura/largura QN MI/VG (d)	Milímetros
44	Semente: número de cores QL VG (d)	1-uma 2-duas 3-mais de duas
45	Semente: cor principal (que cobre a maior área) PQ VG (d)	1-branca 2-verde ou esverdeada 3-cinza 4-amarela 5-bege 6-marrom 7-vermelha 8-violeta 9-preta
46	Semente: cor secundária PQ VG (d)	1-cinza 2-amarela 3-bege 4-marrom 5-vermelha 6-violeta 7-preta
47	Semente: distribuição da cor secundária QL VG (d)	1-ao redor do hilo 2-na metade da semente 3-por toda semente
48	Semente: venação QN VG (d)	1-ausente ou muito fraca 3-fracas 5-média 7-forte 9-muito forte
49	Semente: brilho QN VG (d)	3-opaco 5-intermediário 7-brilhante
50	Semente: cor da área ao redor do hilo QN VG (d)	1-mesma cor da semente 2-diferente da semente (halo)

(Continua)

(Continuação)

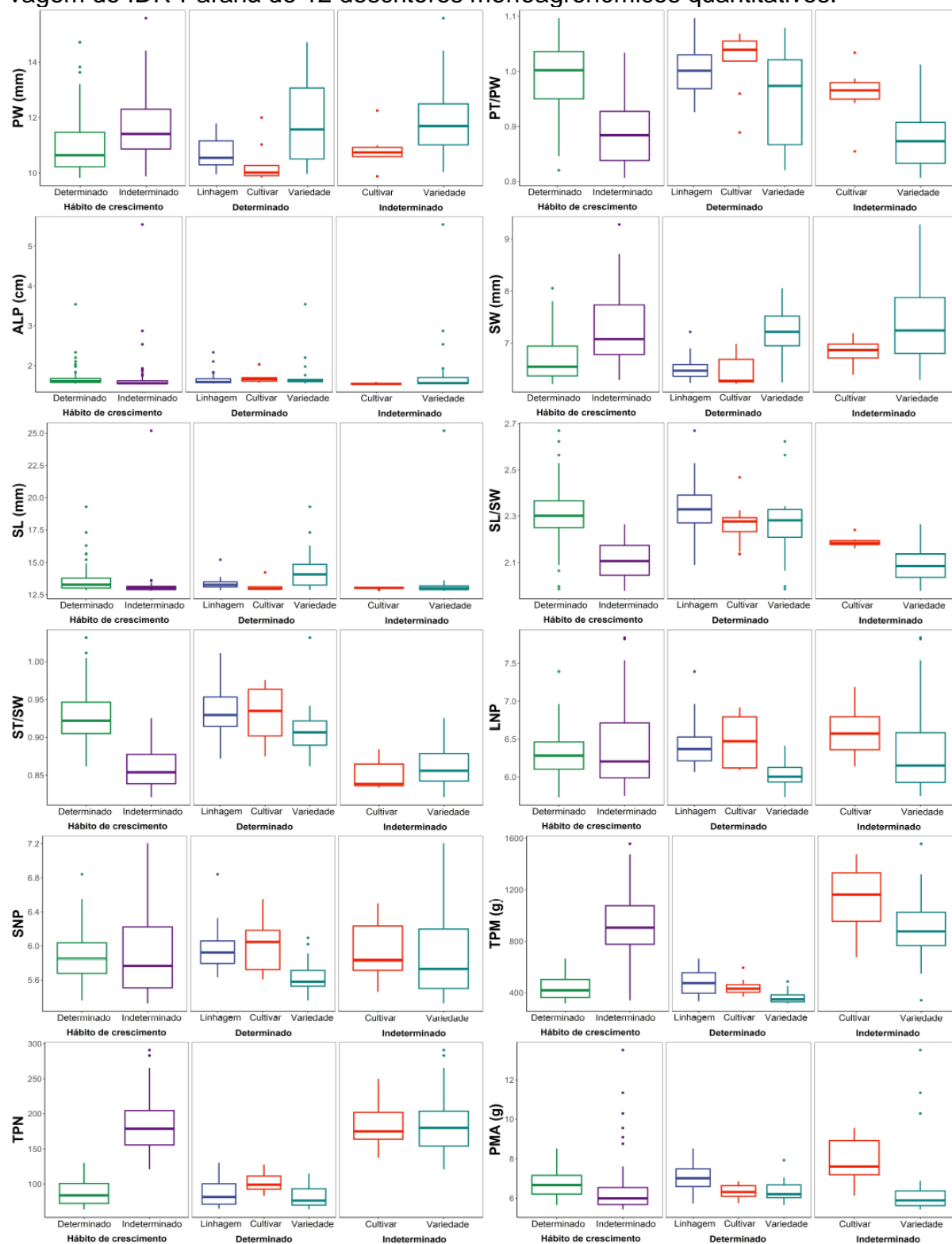
Nº	Descritor	Descrição da característica
51	Semente: cor do halo PQ VG (d)	1-branca 2-amarela 3-laranja 4-marrom 5-violeta 6-preta
52	Ciclo até o florescimento (50% com ao menos uma flor) QN MG	Dias
53	Ciclo total (da emergência ao ponto de colheita da vagem) QN MG	Dias
54	Número de lócos por vagem QN MI (e)	Unidade
55	Número de sementes por vagem QN MI (e)	Unidade
56	Número total de vagens por planta QN MG (b)	Unidade
57	Massa total de vagens por planta QN MG (b)	Gramas
58	Número comercial de vagens por planta QN MG (b)	Unidade
59	Massa comercial de vagens por planta QN MG (b)	Gramas
60	Massa média de cada vagem QN MG (b)	Gramas

¹Categoria da característica a ser avaliada: QL - Característica qualitativa; PQ - Característica pseudoqualitativa; QN - Característica quantitativa

²Métodos recomendados para a observação das características: MG: Mensuração única de um grupo de plantas ou partes de plantas; - MI: Mensurações de um número de plantas ou partes de plantas, individualmente; - VG: Avaliação visual única de um grupo de plantas ou partes dessas plantas; - VI: Avaliações visuais em plantas ou partes dessas plantas, individualmente.

³As características com as codificações "a", "b", "c" e "d" foram examinadas como indicado a seguir: (a) Planta e Folhas: as observações foram realizadas no florescimento pleno (todas as plantas com pelo menos uma flor aberta); (b) Vagem: as observações foram realizadas quando as vagens estavam aptas para o consumo, antes da maturação fisiológica; (c) Vagem: as observações foram realizadas no ponto de colheita (quando as sementes estavam completamente desenvolvidas e secas); (d) Semente: as observações foram realizadas nas sementes completamente desenvolvidas e secas, logo após a colheita das parcelas; (e) planta: as observações foram realizadas na planta ou partes da planta no ponto de colheita, logo após a colheita das parcelas.

Apêndice D - Boxplot da caracterização do banco de germoplasma de feijão-de-vagem do IDR-Paraná de 12 descritores morfoagronômicos quantitativos.



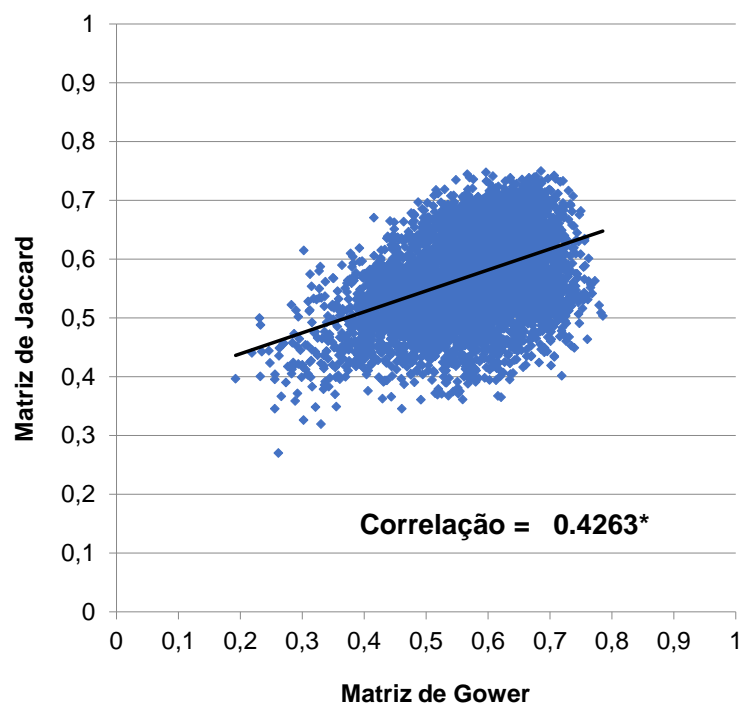
PW: largura de vagem (mm); **PT.PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **ALP:** comprimento do dente apical (cm); **ST:** espessura da semente (mm); **SW:** largura da semente (cm); **SL:** comprimento da semente (cm); **SL.SW:** razão entre comprimento e largura da semente; **ST.SW:** razão entre espessura e largura da semente; **LNP:** número de lócus por vagem; **SNP:** número de sementes por vagem; **TPM:** massa total de vagens; **TPN:** número total de vagens; **PMA:** massa por unidade de vagem.

Apêndice E - Número de grupos formados pela análise de Ward-MLM, baseado na função de probabilidade logarítmica (log-likelihood) e seu incremento.

Número de grupos	Log-likelihood	Incremento
1	-3435,51	0
2	-3314,04	121,46*
3	-3228,85	85,19
4	-3178,76	50,10
5	-3117,46	61,30
6	-3070,07	47,39
7	-3055,19	14,88
8	-3001,37	53,82

*Maior incremento

Apêndice F - Correlação entre a matriz de dissimilaridade de Gower, obtida por meio da caracterização com descritores morfoagronômicos, e a matriz de Jaccard, obtida por meio da caracterização molecular com marcadores AFLPs.

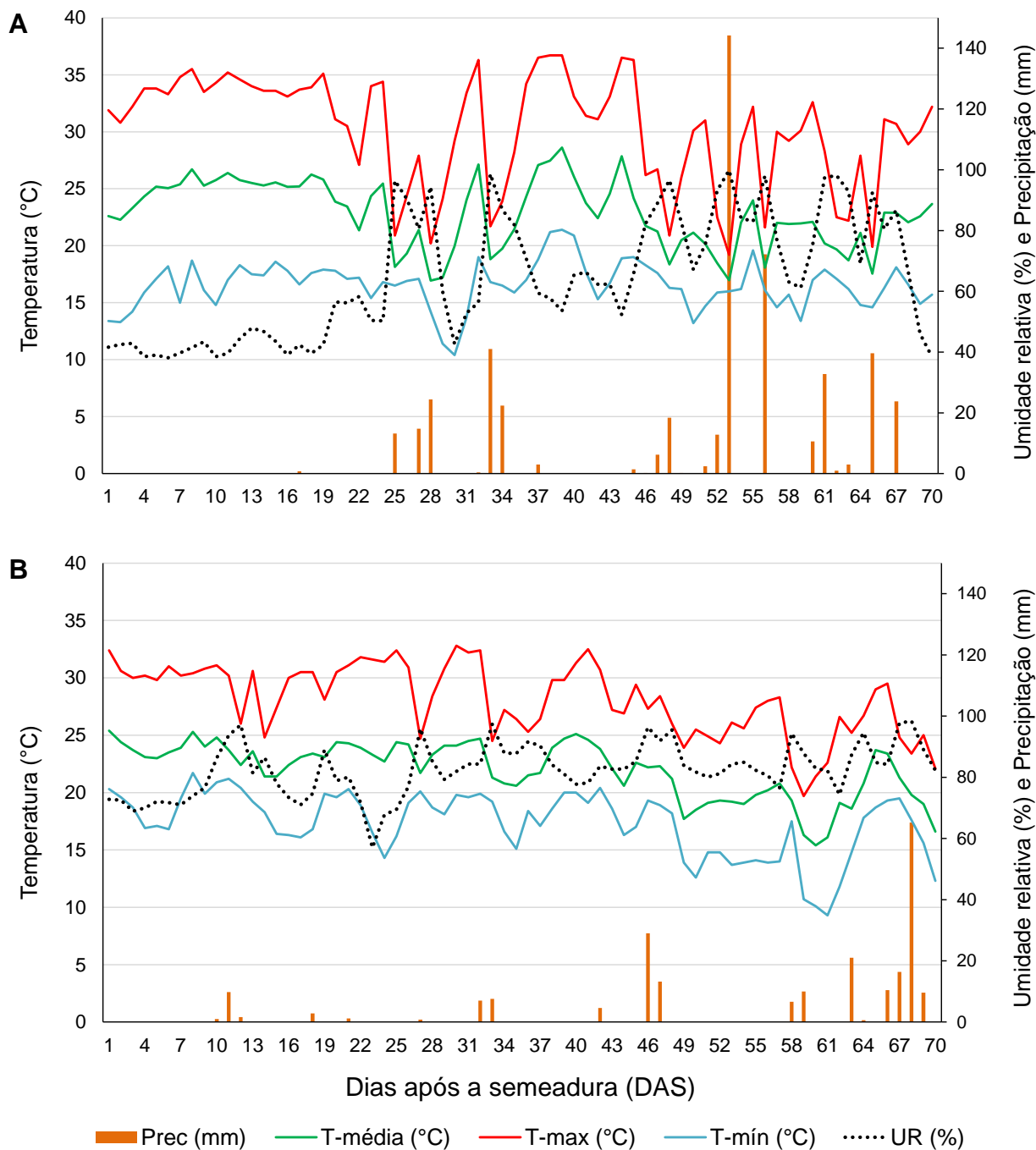


* Significativo a 1 % de probabilidade pelo teste t e 1% pelo teste de Mantel baseado em 10.000 simulações

Apêndice G - Ensaio de fenotipagem de 60 acessos arbustivos de feijão-de-vagem conduzido na safra das águas de 2017 (A) e na safra de outono inverno de 2019 (B). Vista aérea do ensaio de outono inverno de 2019 com a identificação das três repetições (C). Vagens de alguns acessos em ponto de colheita (D).



Apêndice H - Precipitação (Prec), Temperatura média (T-média), temperatura máxima (T-máx), temperatura mínima (T-mín) e umidade relativa do ar (UR) do ensaio da safra das águas de 2017 (A) e do ensaio de outono-inverno de 2019 (B). Estado do Paraná - Brasil.



Apêndice I - Status biológico, sessão transversal, cor, curvatura e fio na sutura ventral da vagem de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado.

Genótipo	Status biológico	Sessão transversal da vagem	Cor da vagem	Curvatura da vagem	Fio na sutura ventral
502 - G6639	Tradicional*	Achatada	Verde médio	Muito Fraca	Presente
Alessa	Cultivar	Achatada	Verde clara	Média	Ausente
Amarillo	Tradicional	Achatada	Verde clara	Fraca	Presente
Black Wonder	Tradicional	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
Bomba	Tradicional	Achatada	Verde clara	Fraca	Presente
Clarke	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
HAB402	Linhagem	Elíptica	Verde clara	Fraca	Presente
HAB403	Linhagem	Periforme	Verde clara	Fraca	Ausente
HAB404	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB405	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB407	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB408	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB409	Linhagem	Periforme	Verde médio	Média	Ausente
HAB411	Linhagem	Periforme	Verde clara	Fraca	Ausente
HAB412	Linhagem	Elíptica	Verde clara	Fraca	Ausente
HAB413	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB415	Linhagem	Periforme	Verde clara	Média	Ausente
HAB416	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB417	Linhagem	Periforme	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB424	Linhagem	Periforme	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB425	Linhagem	Periforme	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB427	Linhagem	Periforme	Verde clara	Fraca	Ausente
HAB428	Linhagem	Periforme	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB429	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Presente
HAB431	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB432	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB435	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB436	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB437	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB438	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB440	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB441	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB442	Linhagem	Periforme	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB443	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB445	Linhagem	Elíptica	Verde clara	Média	Ausente
HAB446	Linhagem	Periforme	Verde clara	Média	Ausente
HAB447	Linhagem	Elíptica	Verde clara	Fraca	Ausente
Idaho Refugee	Tradicional	Elíptica	Verde clara	Média	Ausente
Ligth Red Kidney	Tradicional	Achatada	Verde clara	Fraca	Presente

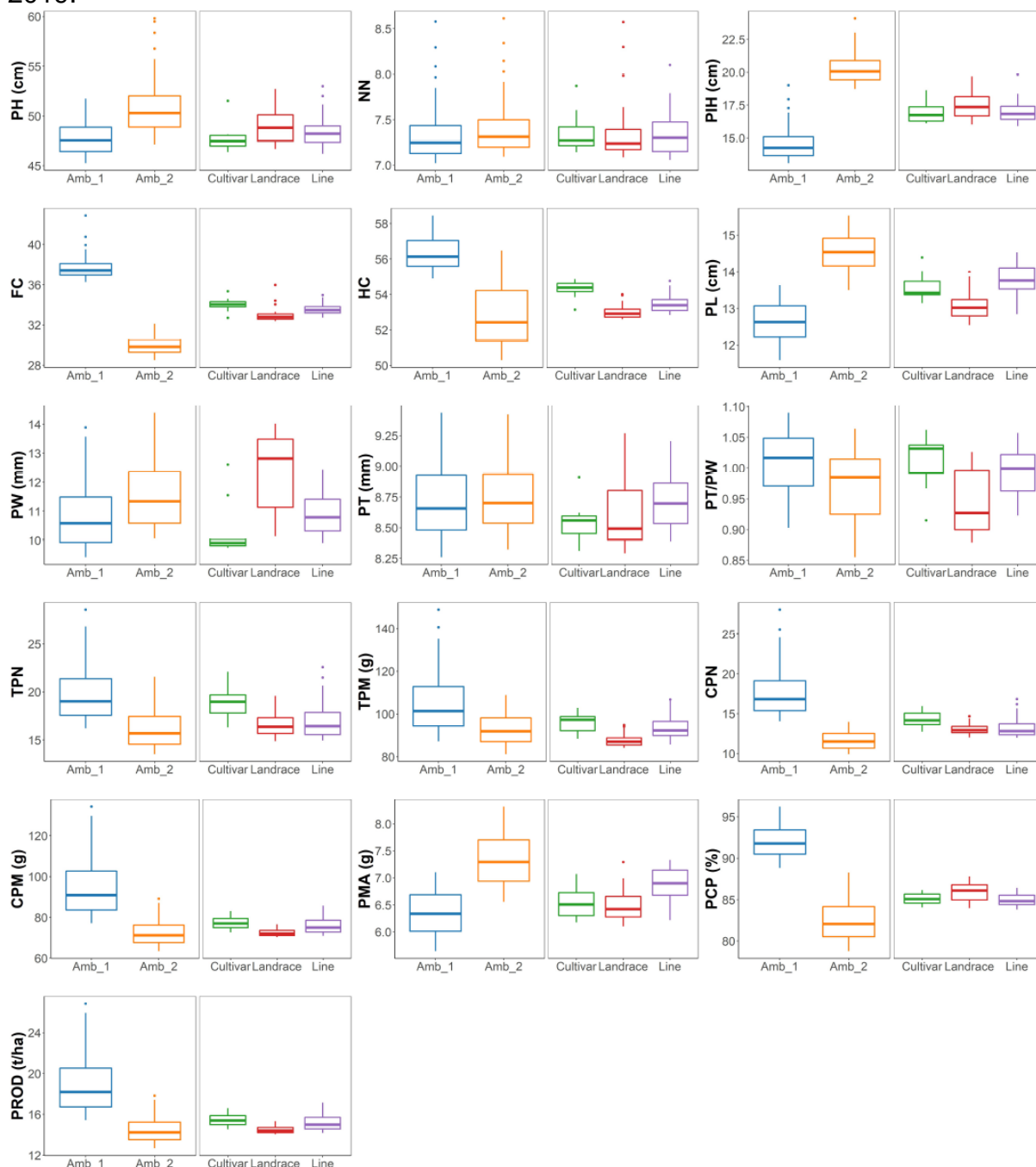
(Continua)

(Continuação)

Genótipo	Status biológico	Sessão transversal da vagem	Cor da vagem	Curvatura da vagem	Fio na sutura ventral
Macarrão	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
Macarrão Baixo	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
Macarrão Rasteiro	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
Mandarino	Tradicional	Achatada	Verde médio	Média	Ausente
Manteiga Baixo	Cultivar	Elíptica	Amarela	Média	Ausente
Mont d'or	Tradicional	Periforme	Verde clara	Fraca	Presente
Montcalm 23	Tradicional	Achatada	Verde clara	Fraca	Presente
Napoli	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
Noorinbee	Tradicional	Periforme	Verde médio	Fraca	Presente
Piligue	Tradicional	Achatada	Verde clara	Fraca	Presente
Sacavem 1776	Tradicional	Periforme	Verde clara	Fraca	Presente
Sacavem 69	Tradicional	Elíptica	Verde clara	Fraca	Ausente
Sacavem 84	Tradicional	Elíptica	Verde clara	Fraca	Ausente
Saint Marcellin	Tradicional	Elíptica	Verde clara	Fraca	Presente
Savannah	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
Saxa	Tradicional	Elíptica	Verde clara	Média	Ausente
UEL 1	Linhagem	Periforme	Verde médio	Fraca	Ausente
UEL 2	Linhagem	Periforme	Verde médio	Média	Ausente
Uribe Redondo	Tradicional	Achatada	Verde médio	Muito Fraca	Presente
Vicenza	Cultivar	Elíptica	Amarela	Fraca	Ausente
Zigane	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Média	Ausente

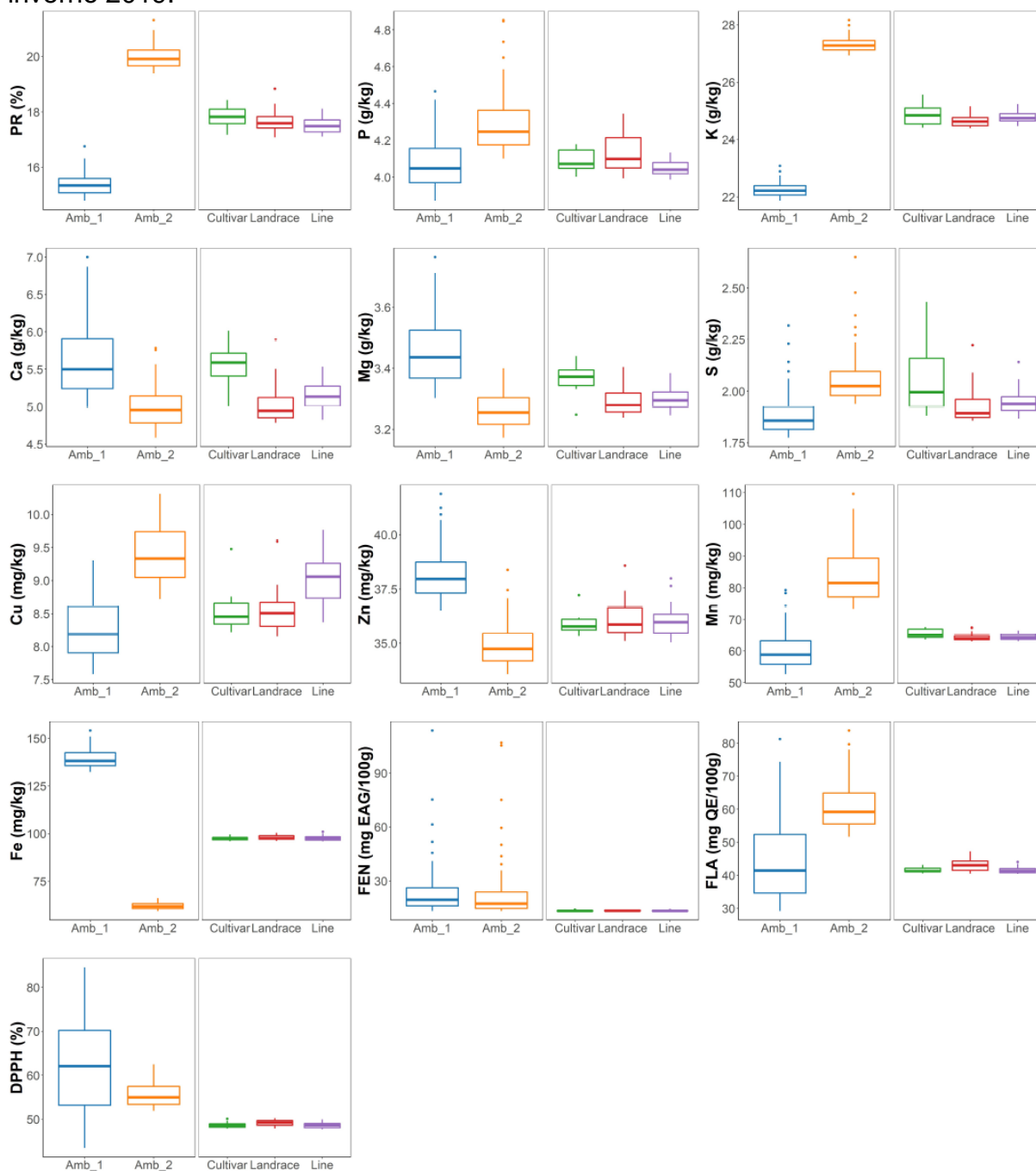
*Tradicional: Variedade tradicional ou crioula

Apêndice J - Boxplot dos dados de avaliação de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas. Amb_1: Ambiente 1 - safra das águas 2017; Amb_2: Ambiente 2 – Safra de outono inverno 2019.



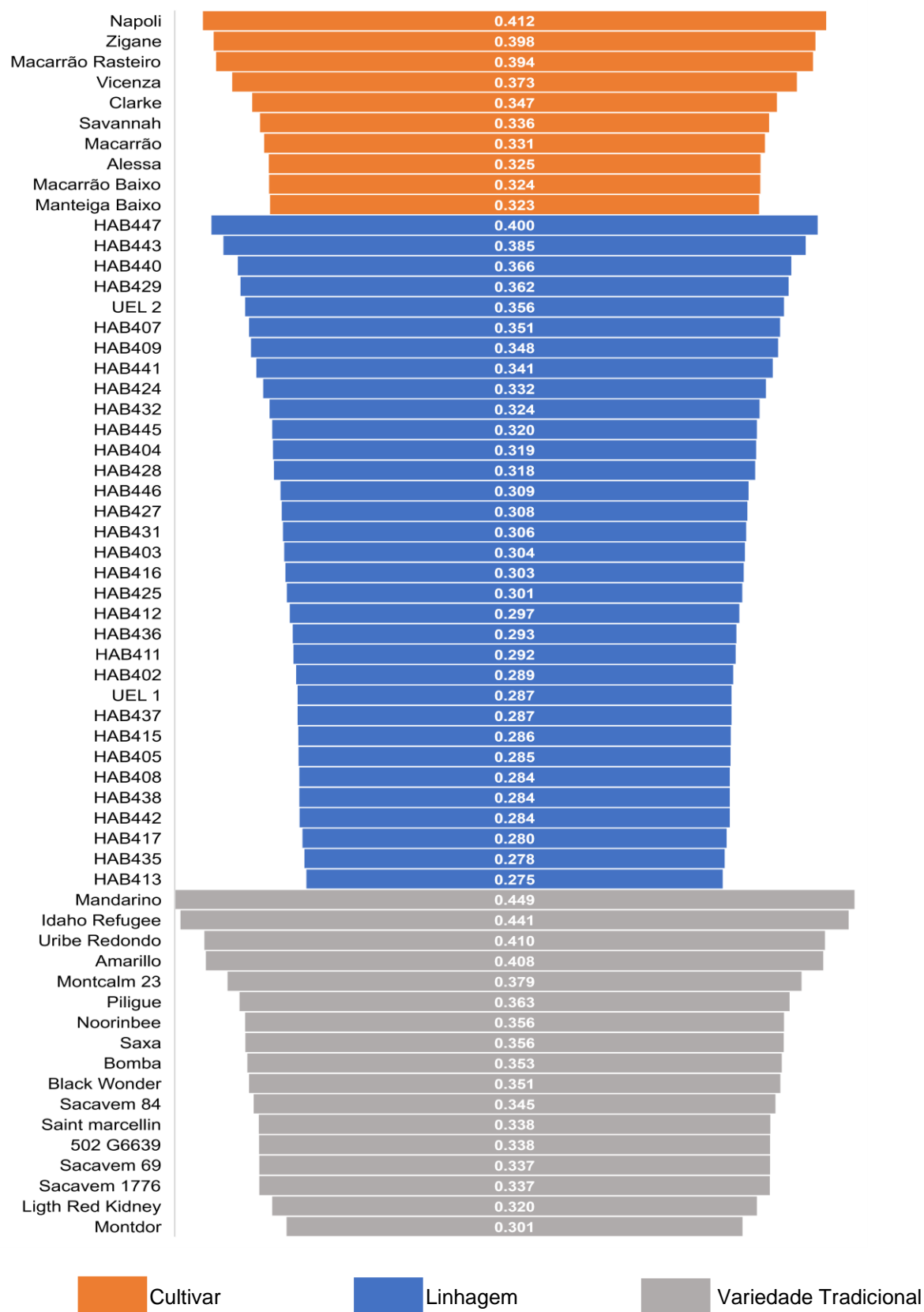
PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **TPN:** número total de vagens; **TPM:** massa total de vagens; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **PCP:** porcentagens de vagens comerciais; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹).

Apêndice K - Boxplot dos dados de avaliação de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis nutricionais e bioquímicas. Amb_1: Ambiente 1 - safra das águas 2017; Amb_2: Ambiente 2 – Safra de outono inverno 2019.

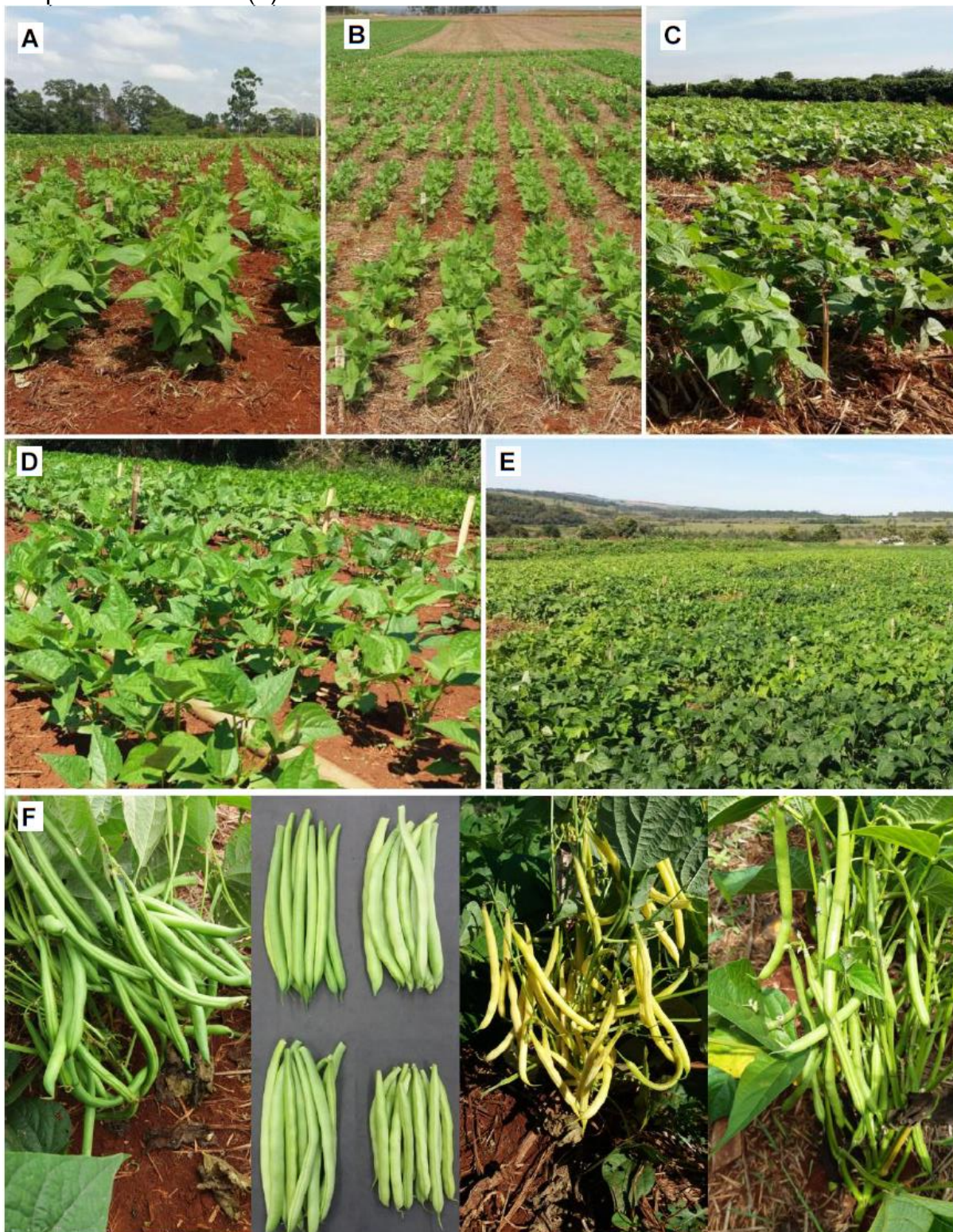


PR: teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **K:** potássio ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **Ca:** Cálcio ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **Mg:** magnésio ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **S:** enxofre ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **Cu:** cobre ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **Zn:** zinco ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **Mn:** Manganês ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **Fe:** ferro ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **FEN:** compostos fenólicos ($\text{mg}\cdot 100\text{g}^{-1}$); **FLA:** flavonoides ($\text{mg}\cdot 100\text{g}^{-1}$); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

Apêndice L - Distância genética média gerada a partir da matriz de distância euclidiana média de 60 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado por meio de variáveis morfoagronômicas, nutricionais e bioquímicas.



Apêndice M - Ensaio de adaptabilidade e estabilidade de acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado para potencial agrônômico e qualidade nutricional cultivados em cinco ambientes. Londrina-PR safra das águas de 2017 (A), safra das águas 2018 (B) e safra de outono inverno 2019 (C). Cambará-PR safra de outono inverno 2019 (D). Umuarama-PR safra de outono inverno de 2019 (E). Vagens em ponto de colheita (F).

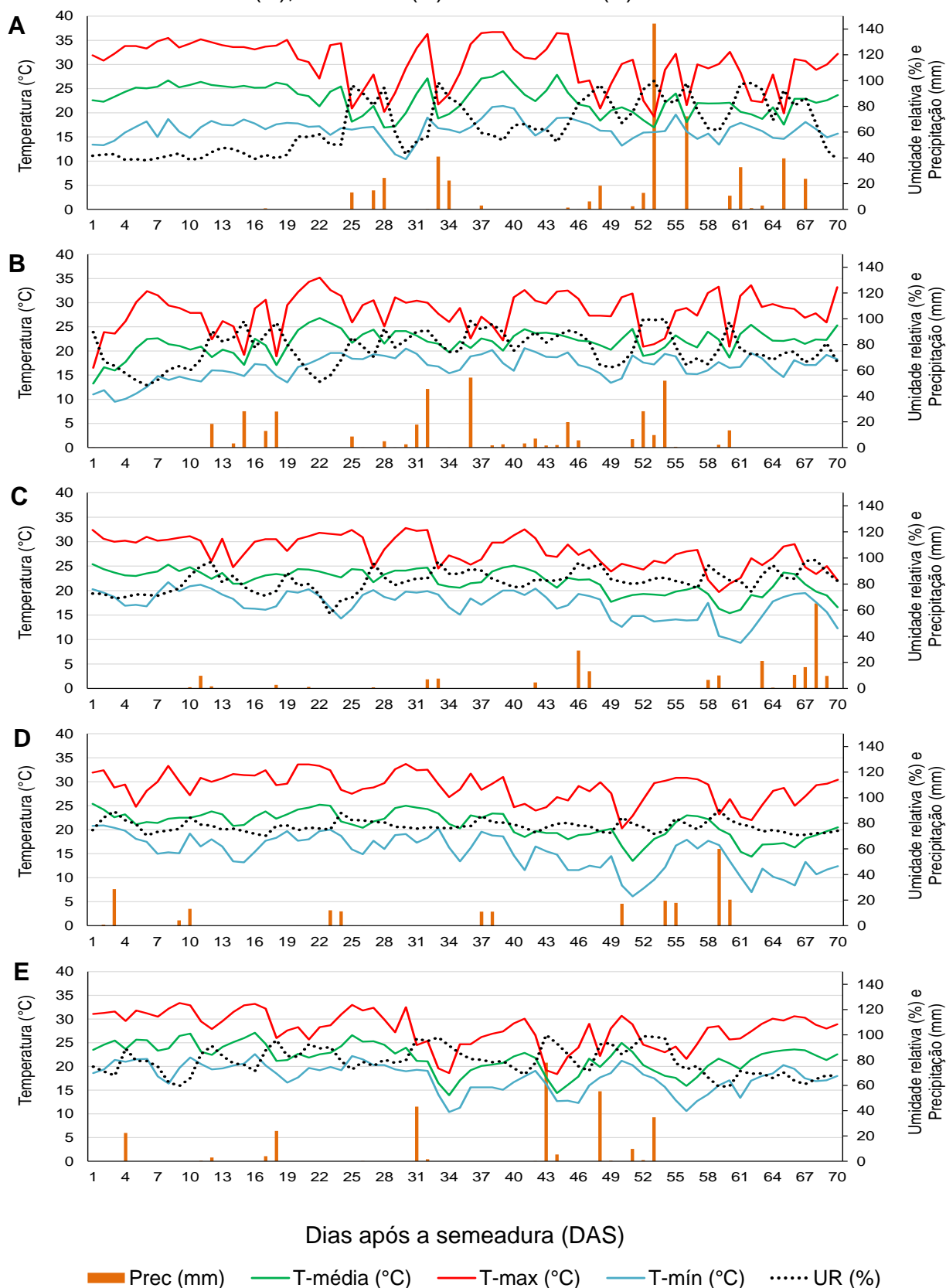


Apêndice N - Nome do acesso, país de origem, Instituição de introdução ou Empresa obtentora, status biológico, sessão transversal, cor, curvatura e fio na sutura ventral da vagem de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado do banco de germoplasma do IDR-Paraná.

Genótipo	País de origem	Instituição	Status biológico	Sessão transversal da vagem	Cor da vagem	Curvatura da vagem	Fio na sutura ventral
Alessa	Brasil	Pesagro - RIO	Cultivar	Achatada	Verde clara	Média	Ausente
Clarke	Brasil	HM Clause	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
HAB402	Colombia	CIAT	Linhagem	Elíptica	Verde clara	Fraca	Presente
HAB407	Colombia	CIAT	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB415	Colombia	CIAT	Linhagem	Periforme	Verde clara	Média	Ausente
HAB427	Colombia	CIAT	Linhagem	Periforme	Verde clara	Fraca	Ausente
HAB428	Colombia	CIAT	Linhagem	Periforme	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB432	Colombia	CIAT	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB440	Colombia	CIAT	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Média	Ausente
HAB441	Colombia	CIAT	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB443	Colombia	CIAT	Linhagem	Elíptica	Verde médio	Fraca	Ausente
HAB447	Colombia	CIAT	Linhagem	Elíptica	Verde clara	Fraca	Ausente
Idaho Refugee	EUA	Embrapa	Tradicional*	Elíptica	Verde clara	Média	Ausente
Macarrão Baixo	Brasil	ISLA	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
Napoli	Brasil	Feltrin	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
Savannah	Brasil	HM Clause	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Fraca	Ausente
Saxa	Polônia	CIAT	Tradicional	Elíptica	Verde clara	Média	Ausente
UEL 2	Colombia	CIAT	Linhagem	Periforme	Verde médio	Média	Ausente
Vicenza	Brasil	Feltrin	Cultivar	Elíptica	Amarela	Fraca	Ausente
Zigane	Brasil	TOPSEED	Cultivar	Elíptica	Verde escuro	Média	Ausente

Tradicional: variedade tradicional ou crioula

Apêndice O -Precipitação (Prec), Temperatura média (T-média), temperatura máxima (T-máx), temperatura mínima (T-mín) e umidade relativa do ar (UR) dos ensaios em Londrina na safra das águas de 2017 (A) e 2018 (B) e dos ensaios de outono-inverno de 2019 em Londrina (C), Cambará (D) e Umuarama (E). Estado do Paraná - Brasil.

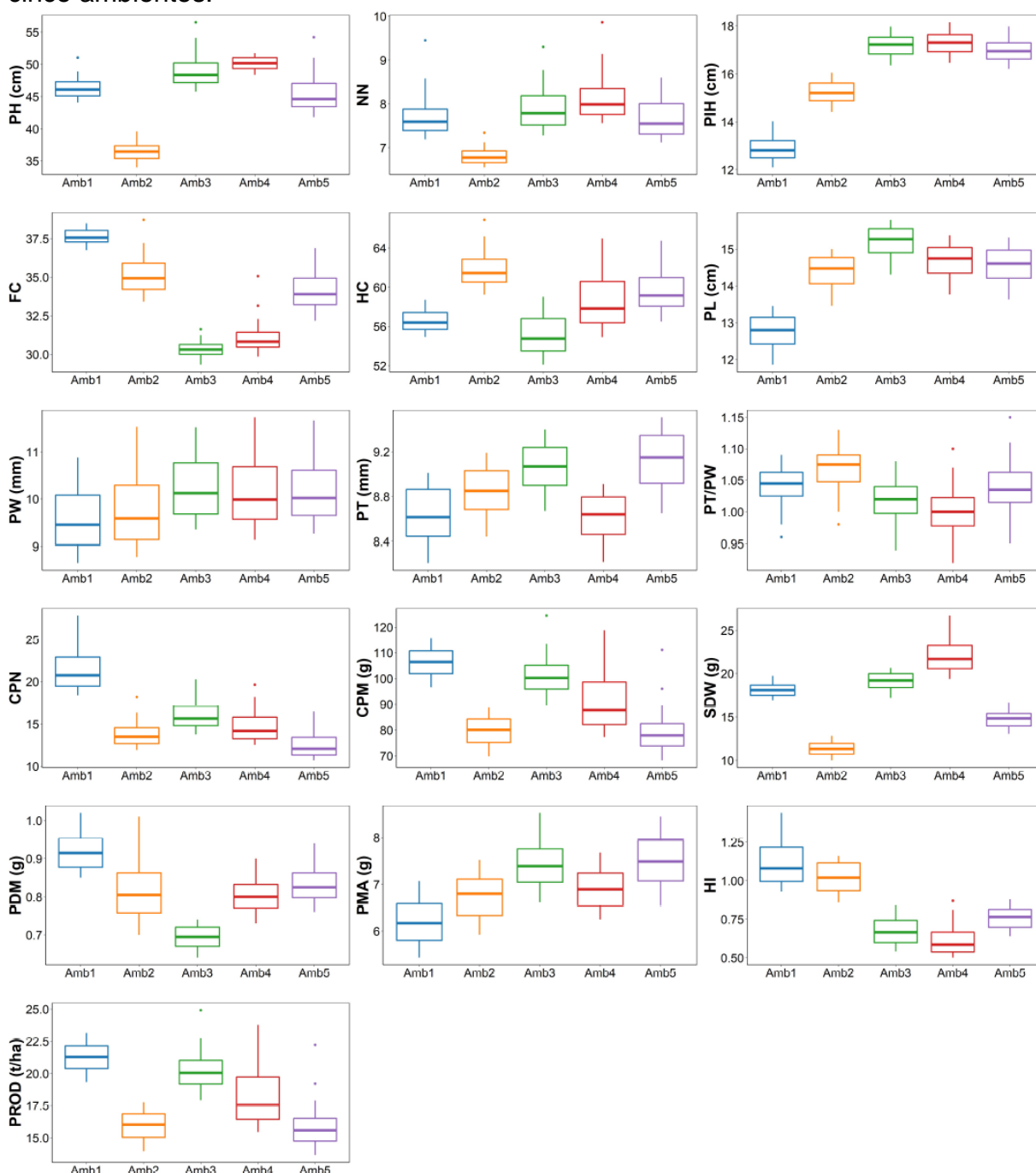


Apêndice P - Variáveis, sentido da seleção das variáveis e peso das variáveis no Índice de Seleção de soma de ranks de Mulamba e Mock aplicado em 20 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.

Variáveis	Sentido da seleção	Seleção para produtividade e teor nutricional	Seleção para produtividade	Seleção para teor nutricional
		Peso	Peso	Peso
PH	Superior	1	3	1
NN	Superior	1	3	1
PIH	Superior	1	3	1
FC	Superior	1	2	1
HC	Superior	1	2	1
PL	Superior	1	3	1
PW	Superior	1	2	1
PT	Superior	1	2	1
PT.PW	Superior	1	2	1
CPN	Superior	1	3	1
CPM	Superior	1	3	1
SDW	Superior	1	2	1
PDM	Superior	1	2	1
PMA	Superior	1	2	1
HI	Superior	1	3	1
PROD	Superior	1	4	1
PR	Superior	1	1	4
P	Superior	1	1	2
K	Superior	1	1	2
Ca	Superior	1	1	2
Mg	Superior	1	1	2
S	Superior	1	1	2
Cu	Superior	1	1	2
Zn	Superior	1	1	3
Mn	Superior	1	1	2
Fe	Superior	1	1	4
FEN	Superior	1	1	3
FLA	Superior	1	1	3
DPPH	Superior	1	1	4

PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **SDW:** massa seca da parte aérea (g); **PDM:** massa seca de vagem (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **HI:** índice de colheita; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); **K:** potássio (g.ka⁻¹); **Ca:** Cálcio (g.ka⁻¹); **Mg:** magnésio (g.ka⁻¹); **S:** enxofre (g.ka⁻¹); **Cu:** cobre (mg.kg⁻¹); **Zn:** zinco (mg.kg⁻¹); **Mn:** Manganês (mg.kg⁻¹); **Fe:** ferro (mg.kg⁻¹); **FEN:** compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); **FLA:** flavonoides (mg.100g⁻¹); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

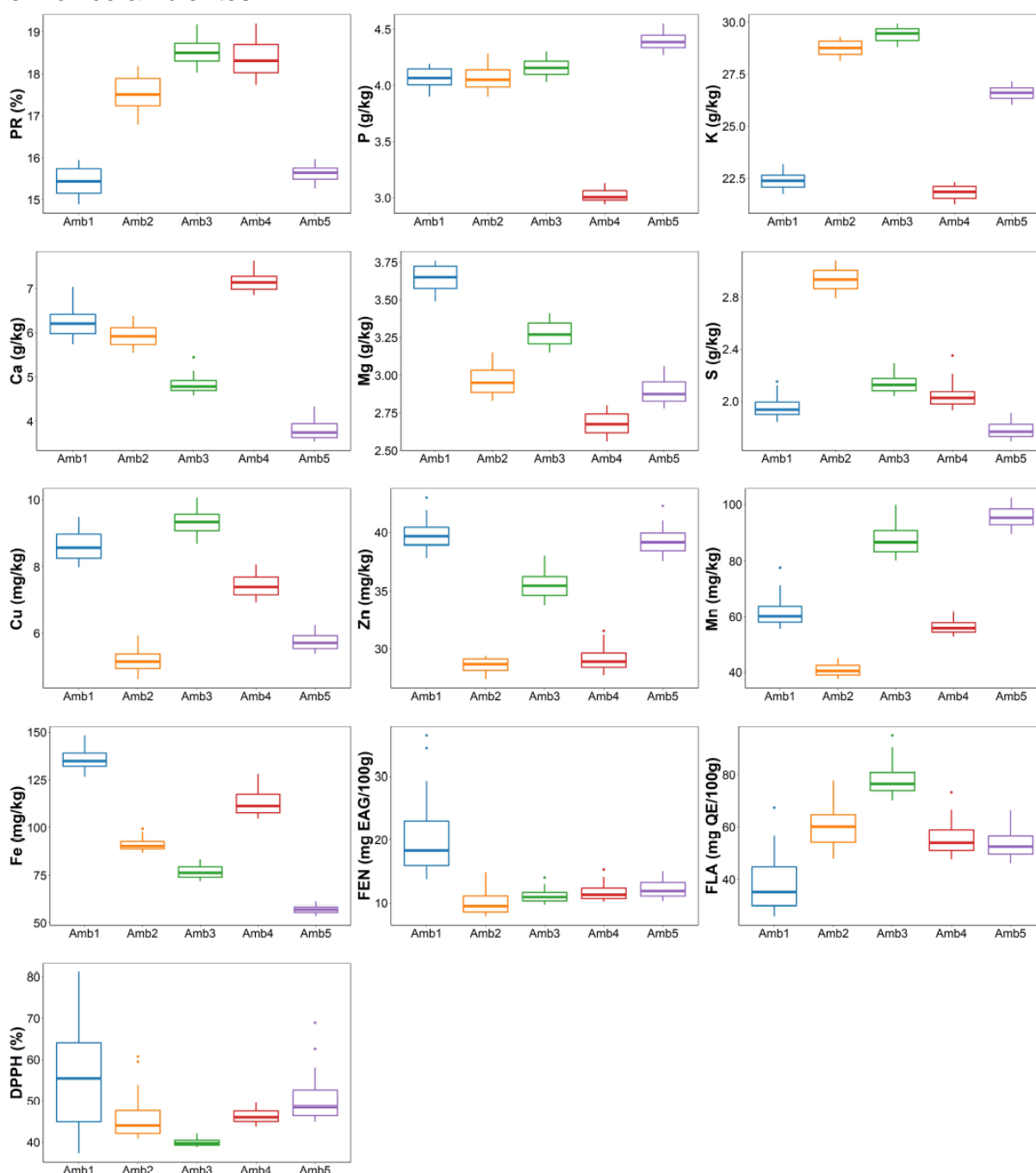
Apêndice Q - Boxplot dos dados de variáveis morfoagronômicas da avaliação de 20 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.



Amb1: safra das águas de 2017 em Londrina; **Amb2:** Safra das águas de 2018 em Londrina; **Amb3:** safra de outono inverno de 2019 em Londrina; **Amb4:** safra de outono inverno de 2019 em Cambará; **Amb5:** safra de outono inverno de 2019 em Umuarama.

PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **SDW:** massa seca da parte aérea (g); **PDM:** massa seca de vagem (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **HI:** índice de colheita; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹).

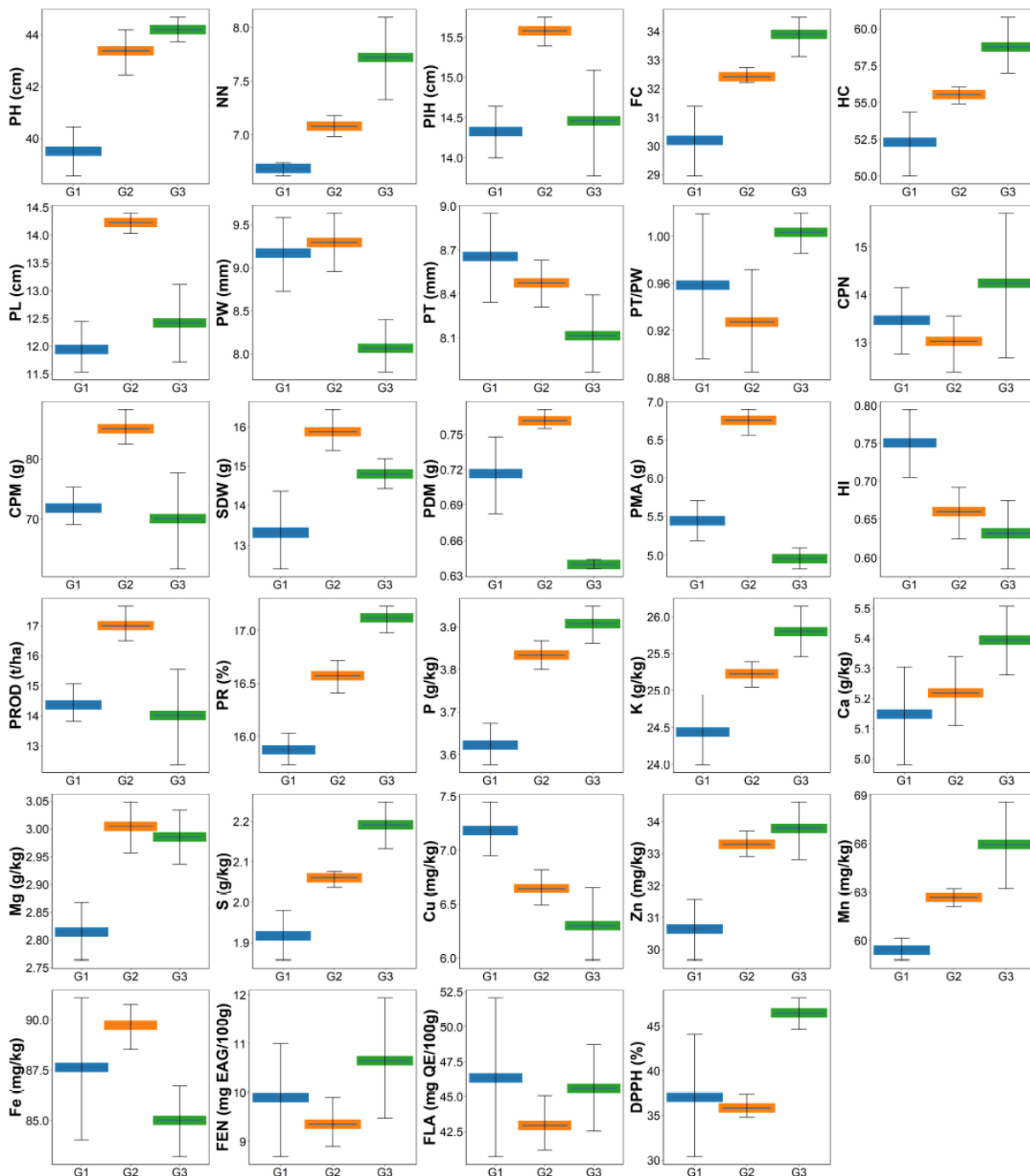
Apêndice R - Boxplot dos dados de variáveis nutricionais e bioquímicas da avaliação de 20 genótipos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.



Amb1: safra das águas de 2017 em Londrina; **Amb2:** Safra das águas de 2018 em Londrina; **Amb3:** safra de outono inverno de 2019 em Londrina; **Amb4:** safra de outono inverno de 2019 em Cambará; **Amb5:** safra de outono inverno de 2019 em Umuarama.

PR: teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **K:** potássio ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **Ca:** Cálcio ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **Mg:** magnésio ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **S:** enxofre ($\text{g}\cdot\text{ka}^{-1}$); **Cu:** cobre ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **Zn:** zinco ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **Mn:** Manganês ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **Fe:** ferro ($\text{mg}\cdot\text{kg}^{-1}$); **FEN:** compostos fenólicos ($\text{mg}\cdot 100\text{g}^{-1}$); **FLA:** flavonoides ($\text{mg}\cdot 100\text{g}^{-1}$); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

Apêndice S - Média e desvio padrão dos três grupos (G1, G2 e G3) formados pela matriz média euclidiana de dissimilaridade e agrupamento UPGMA de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.



PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **SDW:** massa seca da parte aérea (g); **PDM:** massa seca de vagem (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **HI:** índice de colheita; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹); **PR:** teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); **K:** potássio (g.ka⁻¹); **Ca:** Cálcio (g.ka⁻¹); **Mg:** magnésio (g.ka⁻¹); **S:** enxofre (g.ka⁻¹); **Cu:** cobre (mg.kg⁻¹); **Zn:** zinco (mg.kg⁻¹); **Mn:** Manganês (mg.kg⁻¹); **Fe:** ferro (mg.kg⁻¹); **FEN:** compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); **FLA:** flavonoides (mg.100g⁻¹); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).

Apêndice T - Adaptabilidade e estabilidade por meio média da harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) de variáveis morfoagronômicas de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.

Genótipo	PH	NN	PIH	FC	HC	PL	PW	PT	PT/PW	CPN	CPM	SDW	PDM	PMA	HI	PROD
Alessa	45,03	7,33	15,60	32,84	58,19	14,93	11,43	8,44	0,95	13,83	83,96	16,58	0,757	7,13	0,699	16,79
Clarke	43,90	7,30	15,78	33,51	58,59	14,50	9,18	8,67	1,05	17,08	106,73	16,67	0,763	6,88	0,787	21,35
HAB404	45,69*	7,28	16,01	33,28	57,08	14,63	10,25	9,03	1,02	13,58	84,47	16,98	0,761	7,19	0,694	16,89
HAB407	44,41	7,14	16,35	32,91	56,70	14,56	10,10	8,96	1,02	15,41	97,18	17,77	0,768	7,08	0,743	19,44
HAB415	44,24	7,40	16,21	33,04	57,84	14,68	10,91	8,64	0,97	13,70	90,39	16,90	0,766	7,46	0,714	18,08
HAB427	44,86	7,44	16,12	32,98	56,54	14,95	11,05	8,71	0,98	13,46	87,07	16,78	0,772	7,33	0,731	17,41
HAB428	44,70	7,48	15,73	33,11	57,30	14,77	10,59	8,81	1,00	14,69	95,27	17,36	0,770	7,37	0,725	19,05
HAB432	42,80	7,19	15,36	32,76	55,96	13,83	9,86	9,11	1,05	14,89	87,98	15,45	0,755	6,75	0,769	17,60
HAB440	49,41	8,12	16,40	33,38	57,55	14,72	9,76	9,09	1,07	14,21	91,46	17,18	0,759	7,25	0,708	18,29
HAB441	47,26	7,93	15,50	33,65	59,07	14,25	9,50	8,74	1,03	16,16	99,92	17,65	0,754	6,94	0,736	19,98
HAB443	46,08	7,83	15,94	34,56	59,38	14,41	9,59	9,00	1,05	15,63	92,77	16,38	0,767	6,82	0,781	18,55
HAB447	43,68	7,26	15,28	33,19	59,80	13,56	9,41	8,86	1,06	16,64	83,46	17,07	0,747	6,22	0,752	16,69
Idaho Refugee	46,54	8,66	15,20	34,22	56,38	13,41	9,97	8,90	1,03	13,95	80,29	16,04	0,739	6,15	0,719	16,06
Macarrão Baixo	43,22	7,54	15,64	32,69	56,89	14,84	9,67	9,05	1,06	14,08	85,02	15,30	0,765	7,02	0,766	17,00
Napoli	45,20	7,61	15,88	33,97	61,03	14,33	9,03	8,51	1,04	17,43	93,82	16,50	0,737	6,37	0,757	18,76
Savannah	43,44	7,36	15,57	35,02	61,52	14,00	9,11	8,93	1,11	15,23	89,07	15,89	0,752	6,59	0,763	17,81
Saxa	44,10	7,17	15,68	32,31	55,53	13,71	10,40	9,11	1,02	14,35	82,48	15,59	0,772	6,52	0,776	16,50
UEL 2	43,01	7,22	15,44	32,57	56,19	14,08	10,71	8,56	0,99	15,09	85,62	15,73	0,750	6,67	0,772	17,12
Vicenza	44,55	7,67	15,83	33,81	60,41	14,16	9,33	8,60	1,04	15,84	86,30	16,15	0,744	6,45	0,748	17,26
Zigane	45,41	7,74	15,11	35,58	62,52	13,92	9,25	8,78	1,08	14,52	81,50	16,26	0,742	6,29	0,703	16,30
Média	44,88	7,53	15,73	33,47	58,22	14,31	9,96	8,82	1,03	14,99	89,24	16,51	0,757	6,82	0,742	17,85

*Valores em negrito representam os acessos entre os 30% com maior valor de MHPRVG.

PH: altura de planta; **NN:** número de nós na haste principal; **PIH:** altura de inserção da primeira vagem; **FC:** ciclo até início do florescimento (dias); **HAC:** ciclo até início da colheita (dias); **PL:** comprimento de vagem (cm); **PW:** largura de vagem (mm); **PT:** espessura de vagem (mm); **PT/PW:** razão entre espessura e largura da vagem; **CPN:** número comercial de vagens; **CPM:** massa comercial de vagens (g); **SDW:** massa seca da parte aérea (g); **PDM:** massa seca de vagem (g); **PMA:** massa por unidade de vagem; **HI:** índice de colheita; **PROD:** produtividade de vagens comerciais (t.ha⁻¹).

Apêndice U - Adaptabilidade e estabilidade por meio média da harmônica da performance relativa dos valores genéticos (MHPRVG) de variáveis nutricionais e bioquímicas de 20 acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento determinado cultivados em cinco ambientes.

Genótipo	PR	P	K	Ca	Mg	S	Cu	Zn	Mn	Fe	FEN	FLA	DPPH
Alessa	17,05*	3,98	25,90	5,87	3,20	2,11	7,52	34,14	64,24	90,13	11,17	49,11	41,47
Clarke	16,81	3,89	25,33	5,36	3,18	2,10	6,81	34,80	63,51	90,49	12,90	49,31	42,04
HAB404	16,89	3,93	25,94	5,27	3,00	2,14	7,09	34,50	63,71	90,82	10,61	50,69	43,05
HAB407	16,92	3,94	25,80	5,29	3,05	2,18	7,01	35,66	63,29	89,94	10,49	47,53	41,29
HAB415	16,67	3,85	25,75	5,41	2,98	2,08	6,97	33,78	63,60	89,01	10,35	48,74	44,25
HAB427	16,77	3,87	25,84	5,34	3,04	2,09	7,13	34,04	63,38	90,63	10,68	47,91	41,65
HAB428	17,01	3,90	26,11	5,31	3,08	2,09	7,17	34,62	63,55	90,23	10,94	48,40	41,84
HAB432	16,59	3,81	25,38	5,39	2,96	2,07	7,21	33,20	63,26	90,35	11,32	48,23	41,12
HAB440	17,14	3,99	26,23	5,65	3,16	2,23	7,36	34,25	63,93	89,69	10,55	47,73	43,68
HAB441	16,85	3,91	25,49	5,52	3,11	2,11	7,42	33,68	63,66	91,00	10,84	48,56	43,94
HAB443	16,54	3,83	25,43	5,46	3,01	2,12	7,25	33,44	63,21	89,37	11,68	49,76	43,35
HAB447	16,74	3,82	25,18	5,56	2,99	2,13	7,33	32,87	63,33	88,84	11,05	48,07	45,16
Idaho Refugee	17,08	3,92	25,61	5,48	3,09	2,16	7,29	35,69	63,43	89,85	12,35	49,63	47,35
Macarrão Baixo	16,98	3,86	25,55	5,71	3,21	2,20	6,92	35,09	63,47	91,41	11,92	50,37	42,25
Napoli	17,18	3,97	26,30	5,77	3,12	2,25	6,72	33,88	64,05	89,53	12,82	48,94	45,85
Savannah	17,16	3,89	25,67	5,60	3,15	2,15	6,76	33,32	63,83	91,23	12,23	51,19	42,78
Saxa	16,63	3,84	25,26	5,25	3,06	2,06	7,06	33,06	63,17	89,20	12,52	52,33	47,24
UEL 2	16,70	3,86	26,00	5,50	3,03	2,10	7,66	33,96	63,12	91,41	10,42	50,09	42,49
Vicenza	16,96	3,96	26,05	5,54	3,13	2,17	6,85	34,37	64,75	90,04	10,76	49,52	46,32
Zigane	17,15	3,88	26,17	5,44	3,02	2,29	6,89	33,57	63,77	88,68	11,49	49,90	44,65
Média	16,89	3,89	25,75	5,49	3,08	2,14	7,12	34,10	63,61	90,09	11,35	49,30	43,59

*Valores em negrito representam os acessos entre os 30% com maior valor de MHPRVG.

PR: teor de proteína na vagem (%); **P:** teor de fósforo na vagem (g.ka⁻¹); **K:** potássio (g.ka⁻¹); **Ca:** Cálcio (g.ka⁻¹); **Mg:** magnésio (g.ka⁻¹); **S:** enxofre (g.ka⁻¹); **Cu:** cobre (mg.kg⁻¹); **Zn:** zinco (mg.kg⁻¹); **Mn:** Manganês (mg.kg⁻¹); **Fe:** ferro (mg.kg⁻¹); **FEN:** compostos fenólicos (mg.100g⁻¹); **FLA:** flavonoides (mg.100g⁻¹); **DPPH:** atividade antioxidante (% de radicais livres neutralizados).