

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE ACESSOS DE FEIJÃO-COMUM NO ESPÍRITO SANTO ATRAVÉS DE DESCRITORES QUALITATIVOS

Sara de Oliveira Olimpio, Amanda Fagundes Zambom, Bárbara Caetano
Ferreira, Thiarly de Abreu Carvalho, Monique Moreira Moulin e Rafael de
Almeida Nunes.

Instituto Federal do Espírito Santo - Campus de Alegre/Departamento de Desenvolvimento
Educativo, Rua Principal s/nº Distrito de Rive, CEP: 29520-000, Alegre, ES, Brasil
saraolipio72@gmail.com, amandafzambombio@gmail.com; babi.ca.f79@gmail.com;
thiarlyabreu3@gmail.com; almeida.rna94@gmail.com; moniquemoulin@gmail.com.

Resumo

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das principais leguminosas cultivadas e é reconhecido por sua relevância econômica e valor nutricional, sendo uma cultura alimentar essencial em muitas regiões, especialmente na América Latina, África e Ásia. Sua conservação é de extrema importância para garantir a segurança alimentar e a sustentabilidade da produção agrícola. O presente estudo teve como objetivo realizar a caracterização morfológica qualitativa de 67 acessos de feijão-comum coletados no estado do Espírito Santo. Através dos dados obtidos, foi possível identificar uma ampla diversidade de caracteres fenotípicos entre os genótipos estudados, refletindo a grande variabilidade genética presente.

Palavras-chave: Variabilidade Genética. Agricultura Familiar. Conservação.

Área do Conhecimento: Ciências Biológicas Genética

Introdução

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa amplamente consumida em todo o mundo devido a suas qualidades nutricionais e importância econômica. Rico em proteínas, carboidratos, fibras, vitaminas e minerais, é um alimento versátil e essencial em diversas culinárias regionais. Sua composição nutricional é relevante em tratamentos contra a desnutrição, melhorando o estado nutricional em indivíduos com carências alimentares. (PAREDES, 2017).

Devido à sua importância, o feijão-comum é objeto de diversas pesquisas em todo o país. As pesquisas visam desenvolver variedades mais produtivas, resistentes a pragas e adaptadas a diversas condições ambientais, atendendo à crescente demanda por alimentos em um mundo em constante mudança (SILVA et al., 2013; BARBOSA et al., 2012).

Os agricultores familiares desempenham um papel vital na preservação da diversidade de variedades de feijão. Cultivam o feijão em pequenas propriedades, utilizando práticas agrícolas tradicionais e de baixo impacto ambiental. Esses agricultores têm um papel importante na conservação de variedades adaptadas às condições locais e na manutenção da diversidade genética dessa cultura alimentar essencial (TELLES, 2019).

Além disso, os bancos de germoplasma também desempenham um papel crucial como meio de conservação e preservação da diversidade genética do feijão-comum (GRICOLO et al., 2018). Esses bancos são locais onde amostras de sementes e outros materiais genéticos de plantas são armazenados a longo prazo, garantindo a disponibilidade de recursos genéticos valiosos para pesquisas futuras, melhoramento de culturas, segurança alimentar e adaptação a desafios ambientais e climáticos (RAO, 2007).

A análise da diversidade morfológica e agrônômica dos genótipos de feijão é uma ferramenta valiosa para identificar características únicas e importantes. Essas informações são cruciais para selecionar variedades mais adequadas às diferentes condições de cultivo e preferências locais, contribuindo para a segurança alimentar em um cenário de mudanças ambientais e climáticas (BORÉM et al., 2021).

O presente trabalho teve como objetivo promover a caracterização morfológica qualitativa de 67 acessos de feijão-comum coletados no estado do Espírito Santo.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Metodologia

Foram realizadas expedições de coleta no estado do Espírito Santo, focadas em municípios com economia voltada para a agricultura familiar. Um total de 78 acessos de feijão-comum foram coletados, juntamente com informações dos produtores, como nome, nome comum do acesso e tempo de cultivo. Foi fornecida aos produtores uma carta de doação, solicitando sua assinatura para concordância, e posteriormente o material foi registrado no Sistema Nacional de Gestão do Patrimônio Genético (SisGen). A identificação dos agricultores e as visitas foram realizadas em colaboração com órgãos de extensão dos municípios (INCAPER e Secretarias de Agricultura) e a Universidade Federal do Espírito Santo, Campus de Alegre. As coordenadas geográficas dos estabelecimentos agrícolas foram obtidas por meio do Sistema de Posicionamento Global (GPS) durante o levantamento de campo.

A caracterização das variedades de feijão-comum foi realizada com base em grupos morfológicos, considerando os descritores de cor primária, padrão do tegumento, forma e tamanho da semente, de acordo com as classes estabelecidas pelo International Board for Plant Genetic Resources (1982), atualmente conhecido como *Bioversity International*. Foi possível realizar a avaliação de 67 genótipos.

O experimento foi conduzido no Setor de Agroecologia do Instituto Federal do Espírito Santo (IFES), localizado no Campus de Alegre, no distrito de Rive, em Alegre, ES. As coordenadas geográficas do local são latitude 21°19'23"S e longitude 41°19'40"W, com altitude de 13 metros. O experimento foi realizado em casa de vegetação. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados (DBC), com três repetições, e cada repetição consistiu de uma planta cultivada em vasos de 5 litros. No plantio, foram semeadas inicialmente três sementes por vaso e, após a germinação, foi realizado o desbaste, deixando-se apenas uma planta por vaso. Os tratamentos culturais, como tutoramento das plantas e controle de pragas e doenças, seguiram as recomendações específicas para a cultura do feijão (CARNEIRO et al., 2015).

Foram avaliados dezessete descritores qualitativos, como cor do hipocótilo, cor do estandarte, padrão da superfície abaxial do estandarte, cor das asas, relação do comprimento bractéola/cálice, forma da bractéola, forma do folíolo, hábito de crescimento, antocianina no caule, cor da vagem seca, orientação do ápice da vagem, posição do ápice da vagem, cor predominante na semente, cor secundária do tegumento, padrão do tegumento, brilho da semente e forma da semente. Todos esses descritores foram avaliados seguindo o protocolo descrito para *Phaseolus vulgaris* (IPGRI, 2001), que apresenta as variações e escalas para cada característica mencionada.

Para a análise multivariada de agrupamento referente aos dados qualitativos, foram primeiro eliminados os caracteres que apresentaram valores constantes/uniformes: Relação do comprimento bractéola/cálice (RCABA), antocianina no caule (ACA), forma do folíolo (FMF) e posição do ápice da vagem (PSAP). A partir da correlação linear de Spearman (dados não apresentados) detectou-se correlação forte positiva (0,97) entre as variáveis Cor predominante na semente (CRPRT) e Cor secundária do tegumento (CRSCT). Com isso, a variável CRPRT foi retirada da análise por ser, dentre essas duas últimas, aquela com menor variância amostral. Após o descarte das variáveis anteriormente citadas, foi estimada a matriz de distância de Gower entre os acessos para os caracteres: Cor do estandarte (CRE), Cor da semente (CRAS), hábito de crescimento (HCE), forma da bractéola (FMBA), Orientação do ápice da vagem (OAP), brilho da semente (BS), forma da semente (FMS) e padrão do tegumento (PAT). A partir da matriz de distâncias os acessos foram agrupados pelo método de ligação média entre grupos (UPGMA).

Na análise multivariada de agrupamento referente aos dados qualitativos foi realizada a correlação linear de Spearman. Estabeleceu a matriz de distância de Gower e o agrupamento pelo método UPGMA. As análises foram conduzidas com auxílio do programa R (R Core Team, 2021).

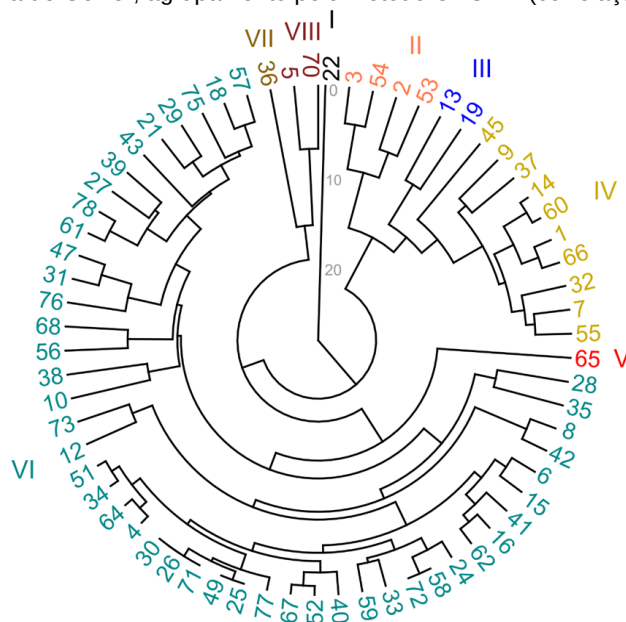
Através da análise estatística, foram criados oito grupos com os 67 acessos avaliados, nos quais eles foram agrupados de acordo com suas dissimilaridades para nove características.

Resultados

Tornou-se possível avaliar 67 dos 78 acessos. Após a caracterização dos 67 acessos, foi feito um dendrograma com as informações qualitativas obtidas na análise (figura 1).

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Figura 1 – Dendrograma de dissimilaridade entre 67 acessos de feijoeiro comum para nove caracteres qualitativos. Distância de Gower; agrupamento pelo método UPGMA (correlação cofenética = 0,86).



Fonte: Os autores

Foi possível constatar uma ampla variabilidade fenotípica entre os acessos coletados, com diferentes formatos, tamanhos e cores para os feijões. Ao observar o dendrograma, foi possível notar a formação de grupos compostos por apenas um acesso, sendo eles os grupos I, V e VII. A coloração roxa no estandarte foi identificada em apenas dois desses grupos, mais precisamente nos genótipos BGI 22 e BGI 65, o que nos indica uma baixa variação na diversidade da cor do estandarte entre os acessos do BGI. Portanto, essa característica não é um bom indicador de dissimilaridade entre os acessos, pois não representa um agrupamento padrão para a cor do estandarte. No entanto, esses grupos se diferenciam pela cor secundária do tegumento.

O genótipo BGI 2 se destacou por ser o único a apresentar o padrão de tegumento marginal. Também foi observada a ausência de variação nos padrões de tegumento na maioria dos indivíduos estudados. A diversidade do padrão de tegumento foi identificada apenas nos grupos II e III conforme indicado na Figura 1.1H, onde foram encontrados os padrões listrado e bicolor. Os demais grupos não apresentaram um padrão de tegumento, sendo classificados como padrão de tegumento ausente (IPGRI, 2001).

Com os dados obtidos foi possível identificar cinco padrões distintos de forma da semente. A forma mais predominante foi a alongada e truncada, encontrada em 26 variedades, representando 38% da população total. A forma cubóide foi observada em 28% dos acessos, enquanto a forma reniforme foi encontrada em 9% deles. Além disso, 12% dos acessos apresentaram forma oval, e apenas 6% exibiram a forma redonda, especificamente nos indivíduos BGI 68, BGI 56, BGI 36 e BGI 2. Verificou-se que a maior variação nesse caráter foi encontrada no grupo VI, conforme indicado no figura 1.1G.

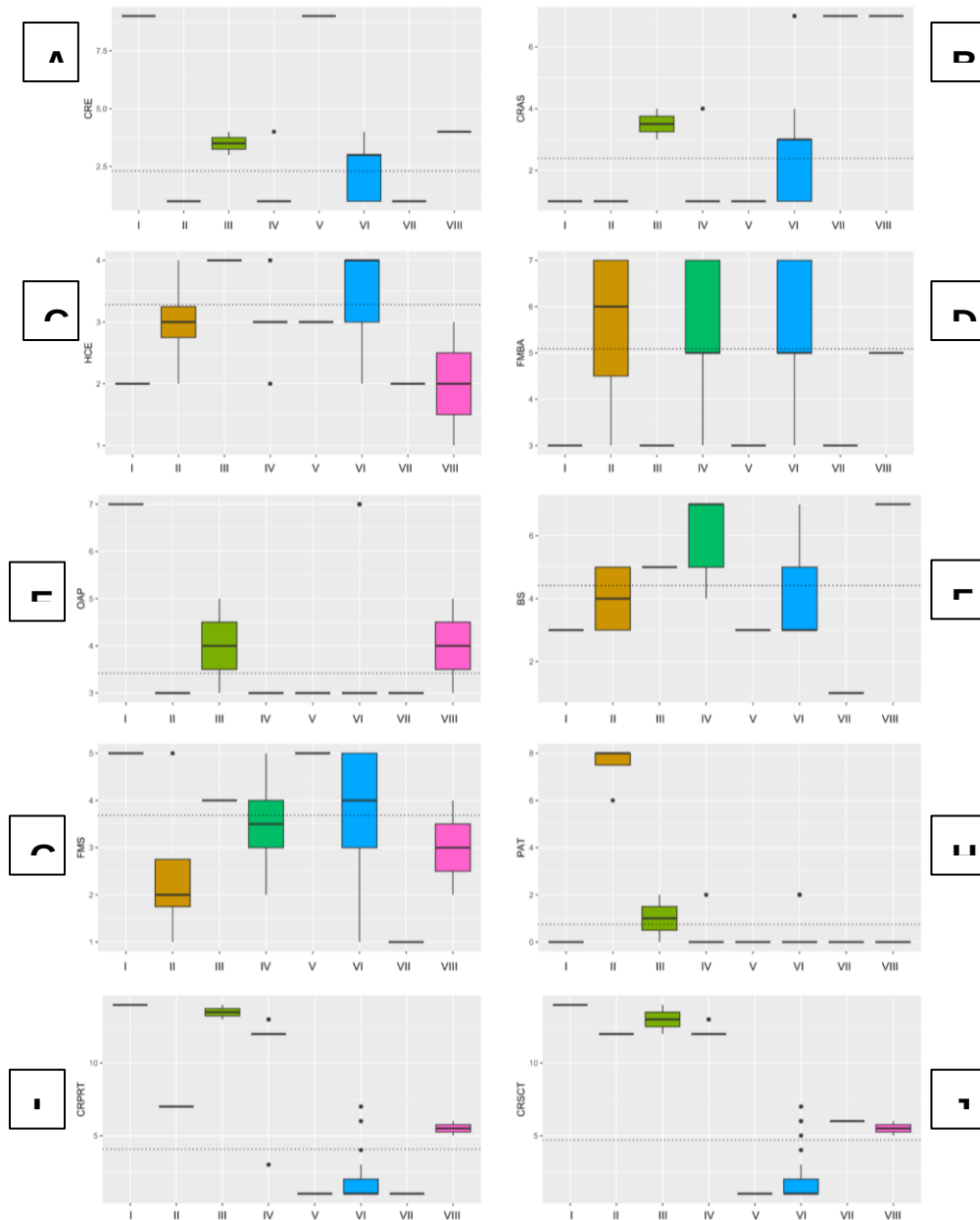
A cor primária predominante do tegumento entre os acessos foi a cor preta, encontrada em 31 genótipos. Além disso, foram identificados 11 genótipos com coloração variando do castanho claro ao escuro, 7 genótipos com coloração vermelha, 5 genótipos com coloração branca pura e apenas 3 genótipos com coloração castanho avermelhado.

No grupo III (BGI 13 e BGI 19), foram observadas semelhanças entre os acessos em quatro características: hábito de crescimento, forma da bractéola, brilho da semente e forma da semente. No entanto, a característica que mais se destaca nesse grupo é a orientação do ápice da semente. Essa característica também é semelhante ao grupo VII (BGI 70 e BGI 5), que apresenta uma variabilidade genética para essa mesma característica em uma proporção semelhante, conforme representado na figura 1.1E.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

O brilho opaco da semente, também conhecido como brilho baço, foi encontrado em 29 indivíduos do Banco de Germoplasma Ifes. Durante a análise do brilho da semente, foi observada uma variação significativa entre os grupos II, V e VI (figura 1.1F), que representam cerca de 90% da população total estudada, totalizando 60 indivíduos. Esses grupos apresentam um claro agrupamento em relação a essa característica no dendrograma, indicando que o brilho da semente foi um dos principais fatores responsáveis pela formação desses grupos.

Figura 1.1 – Boxplot com distribuição dos valores discretos para as variáveis qualitativas em genótipos de feijoeiro de acordo com os grupos de dissimilaridade considerando apenas os dados qualitativos



: (A) cor do estandarte; (B) cor da asa; (C) hábito de crescimento; (D) forma da bractéola; (E) orientação do ápice da vagem; (F) brilho da semente; (G) forma da semente; (H) padrão do tegumento; (I) cor primária do tegumento; (J) cor secundária do tegumento.

Fonte: Os autores

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Em relação à característica da cor da asa, foi observada uma diversidade de cores, incluindo branca, lilás, branca raiada de carmim e lilás com nervação lilás escuro. Dos indivíduos estudados, 32 apresentaram a cor da asa branca, representando 48% da população total. Os grupos I, II, VII e VIII não mostraram uma variação significativa nessa característica, sendo a maior parte da variação de coloração observada nos grupos III e VI.

A cultivar identificada como BGI 5 foi a única a apresentar o hábito de crescimento determinado arbustivo, 30 genótipos apresentaram um crescimento indeterminado trepadeira, 27 indeterminado semi-trepadeira/prostrada (com muitas guias laterais) e 9 indeterminada arbustiva (com uma guia central).

Dentre as formas de bractéolas descritas, foi identificada a presença dos três padrões (lanceolada, intermédia e ovada) no Banco de Germoplasma Ifes. O grupo dois se destacou pela maior diversidade de formas, apresentando os três padrões distintos.

Discussão

A seleção de cultivares com alto potencial genético é de suma importância para aumentar a disponibilidade de sementes de qualidade, especialmente para pequenos agricultores (SILVEIRA, 2019). Nesse contexto, a análise dos genótipos locais de feijão-comum revelou uma notável diversidade fenotípica, tornando esses acessos fontes valiosas de características de interesse para os programas de melhoramento genético do feijoeiro.

A diversidade observada nos formatos das sementes é particularmente relevante, uma vez que o formato oval é o mais aceito entre os consumidores, enquanto grãos com forma achatada tendem a ser mais rejeitados. Essa informação é de grande importância para o desenvolvimento de cultivares que atendam às preferências dos consumidores e, assim, possam aumentar sua aceitação no mercado (RAMALHO et al., 2004). Essa informação é relevante para os programas de melhoramento, pois indica a importância de buscar cultivares com grãos no formato oval, visando atender às preferências dos consumidores.

A cor das sementes também representa um desafio para o melhoramento genético, conforme destacado por Ramalho (2004), que menciona a identificação de 18 genes relacionados a essa característica. Essa complexidade genética evidencia as dificuldades em obter linhagens com cores que atendam aos anseios dos consumidores. Além disso, o brilho opaco foi predominante entre os grãos estudados, e a baixa variabilidade de brilho da semente entre os genótipos pode estar associada a uma má qualidade da cultivar em relação ao cozimento, influenciada pelo gene Asp que altera a estrutura do tegumento e dificulta a absorção de água (RAMALHO et al., 2004).

Outro dado relevante nos programas de melhoramento genético é o hábito de crescimento, pois a partir dessa característica é possível identificar outras características de interesse no meio (SEBIM, 2014). A análise dos genótipos permitiu notar agrupamentos com base nessa característica, fornecendo informações valiosas para o desenvolvimento de cultivares adaptadas a diferentes ambientes.

É importante ressaltar que a cor do estandarte foi a variável que menos contribuiu para o agrupamento dos genótipos. Isso indica que, embora seja uma característica marcante no feijão-comum, outros atributos podem ser mais relevantes para determinar a diversidade entre os acessos. Nesse contexto, a seleção criteriosa das características a serem estudadas e valorizadas é essencial para o sucesso desses programas (CELIN, 2011).

Conclusão

A partir da análise da diversidade fenotípica dos diferentes acessos de feijão-comum local, fica evidente a riqueza genética existente no Banco de Germoplasma Ifes. Cada acesso apresenta uma combinação única de características, o que os torna valiosas fontes de fenótipos de interesse para o desenvolvimento de novas cultivares com maior potencial genético e adaptabilidade às demandas do mercado.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Referências

- BARBOSA, Flávia Rabelo et al. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014. 2012.
- BORÉM, Aluísio; MIRANDA, Glauco V.; FRITSCHÉ-NETO, Roberto. **Melhoramento de plantas**. Oficina de Textos, 2021.
- CARNEIRO, JE de S.; PAULA JÚNIOR, TJ de; BORÉM, A. Feijão: do plantio à colheita. **UFV, Viçosa, 384p**, v. 410, 2015.
- CELIN, Elaine Facco. Caracterização morfoagronômica de acessos do banco ativo de germoplasma de feijão da UFV. 2011.
- DA SILVA, Osmira Fátima; WANDER, Alcido Elenor. O feijão-comum no Brasil: passado, presente e futuro. 2013.
- GRIGOLO, Sibila et al. Implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 17, n. 3, p. 351-360, 2018.
- IPGRI. Descritores para *Phaseolus vulgaris* L. 2001.
- MENEZES JÚNIOR, J. B. F. O feijão comum. Taxonomia, morfologia, histologia, parasitologia, microbiologia, composição química e usos. **Revista do Instituto Adolfo Lutz, [S. l.]**, v. 20, n. Único, p. 83-104, 1960.
- VELA PAREDES, Rafael Segundo. **Bioacessibilidade de compostos fenólicos e minerais em feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2017. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo.
- RAMALHO, Magno Antônio Patto; ABREU, A.; CARNEIRO, José Eustáquio de Souza. Cultivares. 2004.
- RAO, N. Kameswara et al. Manual para el manejo de semillas en bancos de germoplasma. **Manuales para bancos de germoplasma**, 2007.
- R CORE TEAM et al. R: A language and environment for statistical computing. r foundation for statistical computing (Vienna, Austria: R Development Core Team). 2021.
- SEBIM, Danilo Eduardo. **Diversidade genética e morfológica de populações de feijão crioulo (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2014. Trabalho de Conclusão de Curso. Universidade Tecnológica Federal do Paraná.
- SILVEIRA, Diógenes Cecchin et al. Diversidade genética de acessos de feijão crioulo na região Noroeste do Rio Grande do Sul. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, v. 25, n. 1/2, p. 133-146, 2019.
- TELLES, Carolini dos Santos et al. **Guardiões de sementes crioulas de feijão como agentes da conservação da agrobiodiversidade: um estudo de caso no sudoeste do Paraná**. 2019. Dissertação de Mestrado. Universidade Tecnológica Federal do Paraná.