

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

RESGATE E CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA QUANTITATIVA DE GERMOPLASMA DE FEIJÃO-COMUM NO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO

Thiaryly de Abreu Carvalho¹, Amanda Fagundes Zambom¹, Sara de Oliveira
Olimpio¹, Ronei Costa Silva², José Dias de Souza Neto¹, Monique Moreira
Moulin¹.

¹Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo, Campus Alegre,
Rodovia BR 482, km 47, s/n, Distrito de Rive - 29520-000 – Alegre - ES, Brasil.
thiaryly1984@outlook.com, amandafzambombio@gmail.com, saraolimpio72@gmail.com,
jose.neto@ifes.edu.br, mmmoulin@ifes.edu.br.

²Universidade Federal do Espírito Santo, Campus Alegre, Alto Universitário, S/N – Guararema -
29500-000 - Alegre - ES, Brasil, roneisilva2008@hotmail.com.

Resumo

O Feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) possui grande importância econômica, social e cultural no Brasil, além disso, ele é cultivado por pequenos agricultores familiares, voltado principalmente para a subsistência das famílias. O objetivo desse trabalho foi a caracterização morfoagronômica quantitativa. Os caracteres avaliados foram comprimento da folha (CF) cm; largura da folha (LF) mm; altura da planta (AP) cm; comprimento da vagem (CVA) mm; largura da vagem (LVA) mm; comprimento do ápice (CAP) mm; número de vagens por planta (NVA); comprimento da semente (CS) mm; altura da semente (AS) mm; largura da semente (LS) mm; número de sementes por vagem (NS) e massa de 100 sementes (P100S) g. Para a análise dos dados foi feita a média de Scott-Knott a 5% de probabilidade e o dendrograma de dissimilaridade, a partir da distância de Mahalanobis. A partir dos dados processados, foi possível identificar alta dissimilaridade genética entre os acessos para os caracteres CF, AP, CVA, LVA, NVA, LS, NS e P100S, formando dez grupos e comprovando a alta variabilidade presente nos acessos de feijão no estado do Espírito Santo.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris*. Melhoramento genético. Características morfoagronômicas. Erosão genética.

Área do Conhecimento: Ciências Biológicas – Genética.

Introdução

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) tem grande importância econômica, nutricional e cultural no Brasil (ELIAS *et al.*, 2021). O gênero *Phaseolus* possui seu centro primário de diversidade no território da América Latina, sendo o Brasil um importante centro secundário de diversidade de feijão, apresentando ampla variabilidade de germoplasma, com diferentes formas, cores e tamanhos (GEPTS *et al.*, 1998). O feijão-comum é cultivado por agricultores familiares, voltado, sobretudo para a subsistência das famílias. No estado do Espírito Santo, o feijão tem se mostrado uma boa opção de renda para os produtores, sendo muitas vezes cultivado em consórcio com outras culturas, tais como café e milho. Outro fator importante é a mão de obra empregada durante o ciclo da cultura, em especial na época da colheita, que na maioria das vezes é manual. Nos últimos anos a produção e o consumo de feijão tem sofrido um declínio em grande parte do país (CAVALCANTI *et al.*, 2021), trata-se de um cenário preocupante, pois muitos genótipos estão desaparecendo devido ao abandono das atividades agrícolas, que têm provocado a perda de diversidade genética de culturas como o feijão-comum. A preservação da biodiversidade agrícola e promoção da segurança alimentar preconizadas na Agenda 2030 é uma importante iniciativa global da qual o Brasil é signatário.

O desenvolvimento de trabalhos que busquem descrever esses genótipos é muito importante, visto que, ações de coleta, caracterização, multiplicação e documentação, fornecem diversas informações sobre seus caracteres, além de retratarem a importância da cultura, para com os consumidores e produtores rurais (MOULIN *et al.*, 2014). Além disso, o desenvolvimento de novas cultivares pelo melhoramento, pode se beneficiar de trabalhos que estudam a diversidade genética, (BORBOREMA

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

et al., 2020), evitando, assim, o processo de erosão genética acometida nos últimos anos. Portanto, o presente trabalho tem por finalidade estimar a divergência genética entre os acessos de feijão-comum utilizando-se descritores morfoagronômicos quantitativos e identificar acessos em potencial para uso como genitores em programa de melhoramento genético, considerando suas características morfoagronômicas.

Metodologia

O experimento foi conduzido em casa de vegetação no Setor de Agroecologia do Instituto Federal do Espírito Santo – Ifes, Campus de Alegre, localizado no distrito de Rive, em Alegre, ES (latitude 21°19'23"S e longitude de 41°19'40"W, a 13 m de altitude), utilizando delineamento experimental de Blocos Casualizados (DBC) com três repetições, onde no total 78 acessos de feijão do Banco de Germoplasma do Ifes (BGI) foram plantados, com espaçamento 0,5 m entre linhas e 0,5 m entre plantas, com três repetições e uma planta por parcela. 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, foram feitos seguindo as recomendações específicas para a cultura do feijão (CARNEIRO *et al.*, 2015).

Os caracteres quantitativos foram avaliados por meio do descritor para *P. vulgaris* (IPGRI, 1982) em 5 plantas por acesso e, sempre que possível, com 5 medidas por repetição. Utilizando 12 caracteres quantitativos: comprimento da folha (CF) cm – aferido com paquímetro digital; largura da folha (LF) cm, aferido com paquímetro digital; altura da planta (AP) cm, aferido com trena; comprimento da vagem (CVA) mm, aferido com paquímetro digital; largura da vagem (LVA) mm, aferido com paquímetro digital; comprimento do ápice (CAP) mm, aferido com paquímetro digital; número de vagens por planta (NVA); comprimento da semente (CS) mm, aferido com paquímetro digital; altura da semente (AS) mm, aferido com paquímetro digital; largura da semente (LS) mm, aferido com paquímetro digital; número de sementes por vagem (NS) e massa de 100 sementes (P100S) g, aferido com balança digital.

Ao término das avaliações, as seguintes análises estatísticas foram utilizadas: teste de agrupamento de média *Scott-Knott* (Scott & Knott, 1974), a 5% de probabilidade, para a comparação entre as médias dos acessos; dendrograma de dissimilaridade genética, feito pela distância generalizada de Mahalanobis e pelo método UPGMA, com base nos resultados das análises foi formado dez grupos, sendo eles: Grupo I (BGI 6); Grupo II (BGI 2 e BGI 45); Grupo III (BGI 26); Grupo IV (BGI 55, BGI 54 e BGI 76); Grupo V (BGI 18, BGI 24, BGI 8, BGI 31 e BGI 64); Grupo VI (BGI 28, BGI 9 e BGI 21); Grupo VII (BGI 66, BGI 40, BGI 73); Grupo VIII (BGI 4, BGI 16, BGI 1, BGI 35, BGI 58, BGI 61, BGI 15, BGI 34, BGI 41, BGI 3, BGI 68, BGI 29, BGI 47, BGI 13, BGI 57, BGI 12, BGI 53, BGI 43, BGI 5, BGI 36, BGI 33, BGI 56, BGI 59, BGI 72, BGI 25, BGI 42, BGI 49, BGI 10, BGI 51, BGI 22, BGI 7, BGI 77, BGI 62, BGI 71, BGI 32, BGI 30, BGI 60, BGI 38, BGI 78, BGI 14, BGI 37, BGI 39, BGI 67, BGI 19, BGI 27, BGI 52 e BGI 75); Grupo IX (BGI 65); Grupo X (BGI 70). Além disto, a identificação da importância das características para com a diversidade genética, foi feita com base no método de Singh (SINGH, 1981). Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o *software R* (CRUZ, 2008).

Resultados

Para a análise multivariada de agrupamento referentes aos dados quantitativos, foram estimadas correlações lineares de Pearson (dados não apresentados) e contribuição relativa dos caracteres para seleção de variáveis de maior interesse no estudo de variabilidade. A partir dos caracteres CF, AP, CVA, LVA, NVA, LS, NS e P100S foi estimada a matriz de distância de Mahalanobis entre os acessos. A partir da matriz de distâncias, os acessos foram agrupados pelo método de ligação média entre grupos (UPGMA) (Figura 1).

Dos 78 acessos avaliados, 11 morreram, podendo ser a causa da morte dos feijões a má qualidade da semente, visto que todos acessos se encontram em mesma condição climática de temperatura, radiação solar, de irrigação e de solo. A tabela 1 apresenta as médias das características avaliadas agrupadas pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

Tabela 1 – Agrupamento de médias entre 67 acessos de feijoeiro comum para 12 diferentes caracteres morfoagronômicos.

Acessos	CF	LF	AP	CVA	LVA	CAP	NVA	CS	AS	LS	NS	P100 S
1	12,75 b	9,81 b	51,25 e	91,82 c	10,93 c	26,41 a	2,96 f	16,15 b	6,21 b	8,13 a	5,17 b	29,56 c
2	11,71 c	7,10 d	47,96 e	74,25 e	13,00 a	10,50 f	8,67 d	8,99 h	5,65 c	7,35 b	4,04 d	19,60 f
3	12,73 b	8,27 c	43,67 f	99,66 b	11,66 b	18,40 b	7,83 d	13,93 c	5,87 c	7,08 c	5,58 b	30,57 c
4	10,54 d	8,44 c	58,96 c	98,21 c	10,72 c	9,79 f	5,92 e	11,21 e	5,95 b	6,54 d	6,83 a	17,74 g
5	14,50 a	11,15 a	41,63 f	99,68 b	10,40 d	12,24 e	7,33 d	10,41 f	5,55 d	7,11 c	4,25 d	24,47 e
6	14,42 a	9,19 b	43,96 f	117,32 a	12,10 b	19,98 b	5,21 e	12,08 e	4,93 e	5,60 f	5,96 b	25,60 d
7	14,08 a	7,40 d	46,38 e	101,10 b	10,24 d	8,26 g	12,38 c	11,13 f	4,69 f	6,16 e	4,42 c	23,99 e
8	10,44 d	6,65 d	51,88 e	97,00 c	12,11 b	9,33 f	16,07 b	11,65 e	5,03 e	6,55 d	6,38 a	20,15 f
9	12,79 b	8,02 c	58,96 c	107,53 a	12,75 a	19,12 b	3,75 f	13,74 c	5,09 e	7,40 b	3,38 d	25,11 d
10	13,58 b	9,21 b	45,54 f	105,32 b	10,87 c	8,05 g	4,50 e	10,70 f	4,43 g	6,24 e	4,42 c	17,44 g
12	13,27 b	8,90 b	57,50 c	96,15 c	12,33 b	9,10 f	9,75 c	11,29 e	4,18 g	5,65 f	5,42 b	19,43 f
13	12,75 b	8,38 c	47,21 e	96,68 c	11,98 b	14,58 d	3,96 f	14,16 c	5,50 d	6,86 c	4,17 d	27,53 d
14	12,54 b	8,48 c	51,38 e	99,50 b	10,73 c	8,55 g	10,42 c	12,56 d	5,35 d	6,92 c	5,42 b	24,40 e
15	10,56 d	8,02 c	37,50 g	93,99 c	10,54 c	13,75 d	10,32 c	9,88 g	4,04 h	5,37 f	5,54 b	13,96 i
16	11,94 c	8,13 c	48,00 e	93,45 c	10,90 c	9,17 f	7,17 d	16,09 b	6,62 a	8,10 a	6,00 b	20,23 f
18	11,04 c	8,04 c	75,21 a	117,15 a	11,41 c	10,57 f	8,17 d	10,68 f	4,34 g	6,20 e	6,04 b	19,55 f
19	12,38 b	7,04 d	50,42 e	112,40 a	11,70 b	8,66 g	9,38 c	11,08 f	5,11 e	6,49 d	5,21 b	20,05 f
21	12,17 c	7,96 c	55,82 d	103,83 b	12,86 a	10,63 f	11,08 c	10,72 f	5,54 d	6,79 c	3,21 d	24,02 e
22	14,63 a	10,44 a	52,08 e	95,75 c	10,60 c	8,88 g	12,21 c	10,12 g	3,94 h	5,53 f	5,25 b	18,14 g
24	11,00 c	7,79 c	70,21 a	104,81 b	13,43 a	7,75 g	8,46 d	10,57 f	4,16 g	5,76 f	6,04 b	16,01 h
25	12,88 b	8,96 b	48,33 e	99,64 b	11,29 c	9,38 f	9,50 c	10,89 f	4,25 g	5,91 e	4,96 c	18,38 g
26	10,56 d	8,46 c	48,75 e	94,04 c	10,93 c	9,00 f	23,54 a	10,78 f	4,26 g	6,34 e	4,83 c	17,72 g
27	13,50 b	8,00 c	42,46 f	105,65 b	10,56 c	8,13 g	10,19 c	11,63 e	5,03 e	6,58 d	4,96 c	22,98 e
28	11,13 c	9,71 b	67,29 b	105,77 b	10,63 c	7,60 g	6,92 d	13,26 c	5,84 c	5,74 f	3,67 d	16,78 h
29	10,54 d	5,90 d	43,63 f	91,61 c	11,64 b	7,56 g	5,63 e	11,24 e	4,81 f	6,60 d	5,04 b	20,65 f
30	12,60 b	7,98 c	53,96 d	93,04 c	9,80 d	6,17 h	8,54 d	9,80 g	4,39 g	6,23 e	4,88 c	18,01 g
31	11,21 c	8,33 c	56,92 d	112,93 a	12,23 b	9,45 f	12,21 c	11,86 e	4,89 e	7,03 c	5,17 b	21,29 f
32	12,35 b	8,79 c	63,96 b	99,56 b	10,92 c	9,23 f	10,63 c	11,58 e	4,84 f	6,71 d	4,83 c	23,07 e
33	11,71 c	9,48 b	60,29 c	96,75 c	11,11 c	10,02 f	4,38 e	10,45 f	4,10 h	5,91 e	4,63 c	18,83 g
34	10,19 d	7,90 c	53,29 d	97,02 c	11,25 c	6,86 h	8,58 d	9,13 h	5,03 e	5,35 f	4,83 c	16,48 h
35	11,83 c	8,13 c	43,96 f	84,71 d	9,49 d	13,10 e	7,42 d	11,96 e	5,36 d	7,13 c	5,54 b	21,28 f
36	13,54 b	9,27 b	44,04 f	100,95 b	11,24 c	16,56 c	6,21 d	12,85 d	6,25 b	7,62 b	4,67 c	26,41 d
37	12,04 c	8,52 c	49,67 e	93,00 c	10,51 c	6,68 h	15,08 b	11,66 e	5,43 d	6,39 e	5,42 b	19,82 f
38	12,04 c	10,90 a	39,17 g	97,48 c	10,15 d	9,38 f	14,75 b	12,85 d	5,60 c	6,84 c	4,79 c	15,21 i
39	13,33 b	7,73 c	46,71 e	98,86 b	11,38 c	5,59 h	11,13 c	10,96 f	4,94 e	6,66 d	5,00 c	19,66 f
40	8,79 d	9,10 b	55,38 d	86,80 d	10,06 d	11,63 e	8,25 d	10,10 g	4,70 f	6,05 e	4,42 c	16,79 h
41	11,90 c	7,60 c	47,71 e	96,27 c	10,47 c	7,49 g	10,50 c	8,98 h	3,53 i	5,10 f	5,67 b	19,27 f
42	13,38 b	9,32 b	54,38 d	100,67 b	11,48 b	8,29 g	7,58 d	9,20 h	3,95 h	5,50 f	5,00 c	14,74 i
43	14,98 a	10,92 a	43,04 f	107,59 a	9,78 d	17,20 c	6,00 e	17,53 a	5,45 d	7,93 a	4,25 d	33,32 b
45	12,50 b	8,48 c	34,38 g	92,30 c	13,59 a	14,92 d	6,33 d	13,31 c	6,47 a	7,91 a	4,00 d	28,58 c
47	9,96 d	7,54 c	44,79 f	89,53 d	10,61 c	8,62 g	5,17 e	9,66 g	4,93 e	6,05 e	5,63 b	17,34 g
49	11,96 c	8,98 b	45,21 f	100,22 b	10,73 c	10,16 f	7,75 d	10,68 f	4,51 g	6,12 e	5,17 b	15,52 h

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

51	13,02 b	8,33 c	47,92 e	103,86 b	10,78 c	9,76 f	4,46 e	10,12 g	4,35 g	5,76 f	4,96 c	13,37 i
52	11,65 c	8,00 c	47,71 e	102,37 b	10,93 c	9,32 f	12,63 c	10,58 f	4,09 h	6,60 d	5,25 b	18,57 g
53	15,13 a	11,21 a	54,00 d	105,60 b	12,62 a	15,57 d	11,07 c	11,32 e	5,37 d	6,98 c	4,42 c	29,98 c
54	12,75 b	9,38 b	46,25 e	112,75 a	10,74 c	16,53 c	11,71 c	13,07 d	5,60 c	6,97 c	4,04 d	30,79 c
55	13,04 b	7,79 c	43,79 f	99,86 b	12,23 b	18,79 b	16,08 b	13,05 d	4,99 e	7,13 c	3,63 d	37,30 a
56	10,38 d	9,52 b	55,32 d	97,25 c	11,30 c	9,93 f	1,92 f	11,13 f	5,04 e	6,66 d	4,46 c	16,90 h
57	11,13 c	7,90 c	44,38 f	96,49 c	12,40 b	9,57 f	10,32 c	11,21 e	5,02 e	6,44 d	4,79 c	19,92 f
58	11,50 c	8,67 c	48,54 e	81,86 d	10,72 c	6,91 h	10,67 c	9,38 h	4,97 e	5,88 e	5,46 b	19,48 f
59	12,08 c	9,00 b	54,38 d	93,35 c	10,67 c	7,81 g	5,46 e	10,10 g	4,69 f	5,74 f	5,75 b	14,87 i
60	12,27 b	9,40 b	53,83 d	94,48 c	10,08 d	9,64 f	9,50 c	12,91 d	4,87 e	6,74 d	3,83 d	25,69 d
61	10,48 d	7,63 c	57,42 c	88,19 d	12,10 b	11,73 e	11,71 c	12,38 d	4,65 f	5,79 f	5,63 b	24,19 e
62	12,77 b	8,02 c	44,83 f	88,13 d	10,15 d	7,23 h	13,88 b	10,31 g	4,35 g	5,94 e	4,92 c	18,93 g
64	11,83 c	8,48 c	61,46 c	109,18 a	12,37 b	9,13 f	13,71 b	10,30 g	4,35 g	6,85 c	5,58 b	24,21 e
65	12,54 b	11,15 a	54,38 d	83,26 d	9,01 d	8,49 g	5,75 e	12,37 d	5,34 d	5,63 f	7,38 a	21,00 f
66	10,10 d	7,69 c	44,17 f	97,88 c	10,08 d	8,35 g	9,25 d	12,98 d	5,55 d	7,62 b	4,25 d	26,27 d
67	13,46 b	9,27 b	49,79 e	100,27 b	11,91 b	9,63 f	10,46 c	10,82 f	4,56 f	6,58 d	5,63 b	17,36 g
68	10,79 d	8,19 c	42,21 f	93,01 c	9,93 d	8,43 g	7,42 d	10,70 f	5,73 c	6,58 d	5,79 b	19,47 f
70	15,71 a	10,66 a	62,19 c	93,90 c	10,71 c	8,64 g	2,96 f	13,55 c	5,31 d	6,92 c	4,21 d	29,51 c
71	12,46 b	8,85 b	48,13 e	93,27 c	10,64 c	8,16 g	11,42 c	10,75 f	4,41 g	5,48 f	4,83 c	19,43 f
72	11,75 c	8,21 c	60,32 c	99,04 b	11,03 c	7,81 g	7,46 d	9,21 h	4,08 h	5,68 f	5,79 b	10,04 j
73	8,94 d	7,50 c	41,67 f	96,55 c	9,88 d	6,89 h	8,21 d	10,50 f	5,05 e	6,42 d	3,42 d	18,65 g
75	11,50 c	8,08 c	46,25 e	100,90 b	9,75 d	8,45 g	11,57 c	13,50 c	4,67 f	6,52 d	5,25 b	17,66 g
76	11,77 c	6,77 d	41,54 f	103,84 b	10,10 d	16,81 c	7,83 d	13,84 c	5,55 d	6,87 c	3,38 d	35,95 a
77	13,42 b	8,44 c	50,21 e	101,17 b	10,39 d	8,37 g	12,75 c	10,71 f	4,30 g	5,89 e	4,79 c	21,03 f
78	13,44 b	7,60 c	44,58 f	99,48 b	11,23 c	9,65 f	14,19 b	12,62 d	5,98 b	7,17 c	5,96 b	25,89 d

Médias seguidas de mesma letra na coluna, indicam grupos de acessos similares.

Fonte: Os autores, 2023.

Ao avaliar os dados do comprimento de folha (CF), sete genótipos apresentaram valores médios maiores, variando de 14 a 16 cm, o que corresponde a apenas 10% dos genótipos estudados; os demais 90% exibiram comprimentos menores que 14 cm. Para a largura de folha (LF), os maiores valores médios obtidos foram nos acessos BGI 5, BGI 22, BGI 38, BGI 43, BGI 53, BGI 65 e BGI 70 (10,44 a 11,21 cm). Cerca de 80% dos acessos tiveram valores médios de largura entre 8 e 10 cm. Em contraste, os acessos BGI 2, BGI 7, BGI 8, BGI 19, BGI 29 e BGI 76 apresentaram as menores medidas de largura de folha nos feijões. Essa variação pode estar relacionada à diversidade genética das plantas, manifestando-se em diferentes comportamentos e características.

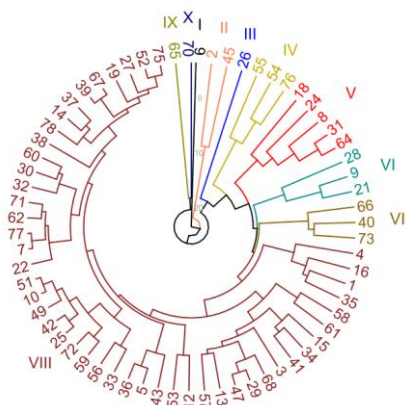
Entre os grupos V, VI, IX e X, houve uma variação significativa na altura das plantas (AP), sendo que os grupos IX e X contêm apenas um indivíduo cada, representados pelos acessos BGI 65 e BGI 70, respectivamente (figura 1). Os acessos BGI 18 e BGI 24 apresentaram as maiores alturas, com 75,2 e 60,2 cm, respectivamente, já as plantas mais baixas variaram entre 34 e 39,2 cm.

No que diz respeito às vagens, os comprimentos mais expressivos (CVA) variaram de 10,75 a 11,76 cm nos acessos BGI 6, BGI 9, BGI 18, BGI 19, BGI 31, BGI 43, BGI 54 e BGI 64. Apenas um dos genótipos obteve um valor de 7,43 cm, representando o menor comprimento de vagem (BGI 2), dos valores encontrados 11,76 cm foi o melhor, os grupos em que mais houve variação entre as repetições foram os grupos I, VI, V e VI. As vagens com maiores larguras (LVA) foram as dos acessos BGI 2, BGI 9, BGI 21, BGI 24 e BGI 53. As menores larguras estão presentes nos acessos BGI 5, BGI 7, BGI 30, BGI 35, BGI 38, BGI 40, BGI 62, BGI 65, BGI 66, BGI 68, BGI 73, BGI 75, BGI 76, BGI 77 (9,0 a 10,4 cm). No qual, a maior variação de valores dentro dos grupos ocorreu no I, II, V e VI, os grupos IV, VIII e IX foram os que obtiveram maiores variações de dissimilaridade de números de sementes em suas vagens. Para a característica de comprimento da semente (CS) o maior valor foi de 23,54 cm, no acesso

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

BGI 26. Os menores variaram 1,92 e 3,75 mm, (BGI 1, BGI 9, BGI 13 e BGI 56). Já para a largura da semente (LS) os maiores valores foram dos acessos BGI 1, BGI 43 e BGI 45. Os acessos BGI 6, BGI 12, BGI 22, BGI 24, BGI 28, BGI 34, BGI 41, BGI 42, BGI 51, BGI 59, BGI 61, BGI 65, BGI 71, BGI 72 foram os que obtiveram menores larguras (entre 5,1 a 5,75 mm) apresentando média geral de 9,17 mm.

Figura 1 – Dendrograma de dissimilaridade entre 67 acessos de feijoeiro comum para oito caracteres quantitativos. Distância de Mahalanobis; agrupamento pelo método UPGMA (correlação cofenética = 0,72).



Fonte: Os autores, 2023.

A maior fonte de variação em relação ao peso de 100 sementes encontra-se dentro do grupo VIII com valores médios de 10,04 g. O grupo III (BGI 26) se destacou por apresentar a maior média em relação ao número de vagens por planta sendo de 23,54 und. (tabela 1), entretanto nota-se que esta característica foi a que menos contribuiu para o agrupamento dos genótipos em estudo.

Discussão

Descrever morfológicamente genótipos presentes em Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) são um dos métodos de menor custo e eficientes para o estudo da diversidade genética vegetal (Sousa *et al.*, 2019). Além disso, a caracterização morfológica permite a redução das duplicatas presentes nos BAGs, distinção de materiais vegetais de maior importância e uso consciente dos recursos genéticos (Musango *et al.*, 2016; Ribeiro *et al.*, 2020).

Desse modo, observando os dados o grupo I, IV, VIII, IX e X apresentaram diferenças em relação ao comprimento de folha (CF), outros cinco grupos apresentaram média abaixo de 14 cm. As folhas maiores podem conferir maior produção de clorofila e assim, indicar melhor o desenvolvimento da planta. Segundo Covone, Gratani e Lacher (2006), a área foliar - relação entre largura e comprimento da folha - influência na fotossíntese, na quantidade de luz que a planta recebe e utiliza, bem como as trocas gasosas. Cerca de 80% dos acessos tiveram valores médios de largura de folha entre 8 e 10 cm, em contraste, os acessos BGI 2, BGI 7, BGI 8, BGI 19, BGI 29 e BGI 76 apresentaram as menores medidas de largura de folha nos feijões, essa variação pode estar relacionada à diversidade genética das plantas, manifestando-se em diferentes comportamentos e características.

Os acessos BGI 18 e BGI 24 (grupo V) apresentaram as maiores alturas, com 75,2 cm e 60,2 cm, respectivamente, já as plantas mais baixas variaram entre 34 e 39,2 cm. Leite *et al.* (2019) destacam que cultivares com maior altura tendem a apresentar um rendimento de grãos superior. Os grupos V, VIII e IX demonstraram maiores variações de dissimilaridade de números de sementes em suas vagens. Considerando a característica de comprimento da semente (CS) o maior valor foi de 23,54 cm, no acesso BGI 26. Os menores variaram 1,92 e 3,75 mm (BGI 1, BGI 9, BGI 13 e BGI 56). Já para a largura de semente, três acessos (BGI 1, BGI 43 e BGI 45) obteve largura de 8,13, 7,93 e 7,91, respectivamente, dados semelhantes foi encontrado por Grigolo *et al.* (2018) onde apresentou acessos com variação com média, 6,0 mm a 7,6 mm.

Os acessos que foram mais significativos para comprimento de vagem foram BGI 6, BGI 9, BGI 18, BGI 19, BGI 31, BGI 43, BGI 54 e BGI 64, que apresentaram variações de comprimentos entre 10,75

A era digital e suas implicações sociais: Desafios e contribuições

a 11,76 cm, Gonçalves *et al.* (2016) avaliando 40 genótipos de feijão no Paraná, apresentou como médias gerais de 10,44 cm. Quanto as larguras das vagens (LVA) os acessos BGI 2, BGI 9, BGI 21, BGI 24 e BGI 53 apresentando larguras de 12,62 a 13,43 cm. As menores larguras estão presentes nos acessos BGI 5, BGI 7, BGI 30, BGI 35, BGI 38, BGI 40, BGI 62, BGI 65, BGI 66, BGI 68, BGI 73, BGI 75, BGI 76, BGI 77 (9,0 a 10,4 cm).

Conclusão

Os acessos de feijão-comum avaliados do Banco Ativo de Germoplasma do Ifes – Campus Alegre apresentaram alta variabilidade genética para as características morfoagronômicas avaliadas, constituindo potenciais fontes de interesse para o uso em hibridação em programa de melhoramento com enfoque regional e/ou nacional.

Referências

- BORBOREMA, L. D. A. *et al.* Diversidade genética entre acessos de feijão-guandu por meio de caracteres morfoagronômicos em região do cariri paraibano. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 15, n. 2, p. 133-138, 2020. Disponível em: [10.18378/rvads.v15i2.8252](https://doi.org/10.18378/rvads.v15i2.8252). Acesso em: 11 jul. 2023.
- CAVALCANTI, M.C.T *et al.* Custodians of common bean diversity in Rio de Janeiro state, Brazil: revealing their socioeconomic and environmental profile. **Agroecology and Sustainable Food Systems**, v. 45, p. 1-24, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1080/21683565.2021.1888186>. Acesso em 05 jul. 2023.
- CRUZ, C. D. Programa genes (versão Windows): aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2008.
- GONÇALVES, D. L. *et al.* Variabilidade genética de germoplasma tradicional de feijoeiro comum na região de Cáceres-MT. **Ciência Rural**, v. 46, n. 1, p. 100–107, 1 jan. 2016. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/0103-8478cr20140812>. Acesso em: 16 jul. 2023.
- ELIAS, J. C. F. *et al.* Genome-Environment Association Analysis for Bio-Climatic Variables in Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Brazil. **Plants**, v. 10, n. 8, p. 1572, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants10081572>. Acesso em: 06 jun. 2023.
- GEPTS, P. Origin and Evolution of Common Bean: Past Events and Recent Trends. **HortScience**, v. 33, n. 7, p. 1124–1130, 1998. Disponível em: <https://doi.org/10.21273/HORTSCI.33.7.1124>. Acesso em: 27 jun. 2023.
- GRATANI, L.; COVONE, F.; LARCHER, W. Leaf plasticity in response to light of three evergreen species of the Mediterranean maquis. **Trees**, v. 20, n. 5, p. 549–558, 7 jun. 2006. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00468-006-0070-6>. Acesso em: 12 jul. 2023.
- GRIGOLO, S. *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, 11 out. 2018. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.5965/223811711732018351>. Acesso em 15 jul. 2023.
- LEITE, P. H. *et al.* Diversidade genética em cultivares e linhagens de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) utilizando análises multivariadas. **Cultura Agrônômica**, v. 28, n. 3, p. 268–279, 14 out. 2019. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.32929/2446-8355.2019v28n3p268-279>. Acesso em: 14 jul. 2023.
- MOULIN, M. M. *et al.* Comparação dos marcadores RAPD e ISSR na estimativa da diversidade genética entre acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). **Acta Scientiarum - Agronomy**, v. 34, n. 2, p. 139–147, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v34i2.12616>. Acesso em: 25 maio 2023.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v.41, p.237-245. 1981.
- IPGRI. Descritores para *Phaseolus vulgaris* L. Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 45p. 2001.
- SCOTT, A.J.; KNOTT, M. Cluster analysis method for grouping means in the analyses of variance. **Biometrics**, v.30, n.1, p.507-512. 1974.