

UNIVERSIDADE FEDERAL DA GRANDE DOURADOS  
FACULDADE DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS E AMBIENTAIS  
CURSO DE GRADUAÇÃO EM BIOTECNOLOGIA

**DIVERSIDADE GENÉTICA EM FEIJOEIRO BASEADO EM PARÂMETROS  
TECNOLÓGICOS NA COLHEITA E APÓS ARMAZENAMENTO**

GABRIELA PEREIRA DE OLIVEIRA

DOURADOS  
MATO GROSSO DO SUL  
2024

GABRIELA PEREIRA DE OLIVEIRA

**DIVERSIDADE GENÉTICA EM FEIJOEIRO BASEADO EM PARÂMETROS  
TECNOLÓGICOS NA COLHEITA E APÓS ARMAZENAMENTO**

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à  
Universidade Federal da Grande Dourados,  
como parte dos requisitos para obtenção do  
título de bacharel em Biotecnologia.

Orientadora: Prof<sup>ª</sup>. Dr<sup>ª</sup>. Liliam Silvia Candido  
Co-orientadora: Prof<sup>ª</sup> Dr<sup>º</sup> Vanderleia Schoeninger

DOURADOS, MS  
2024

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP).

O48d Oliveira, Gabriela Pereira De  
DIVERSIDADE GENÉTICA EM FEIJOEIRO BASEADO EM PAR METROS  
TECNOLÓGICOS NA COLHEITA E APÓS ARMAZENAMENTO [recurso eletrônico] / Gabriela  
Pereira De Oliveira. -- 2024.  
Arquivo em formato pdf.

Orientadora: Liliam Silvia Candido.  
Coorientadora: Vanderleia Shoeninger.  
TCC (Graduação em Biotecnologia)-Universidade Federal da Grande Dourados, 2024.  
Disponível no Repositório Institucional da UFGD em:  
<https://portal.ufgd.edu.br/setor/biblioteca/repositorio>

1. Phaseolus vulgaris. 2. . 3. Armazenamento. 4. . 5. Qualidade tecnológica. 6. . 7. Divergência  
genética.. I. Candido, Liliam Silvia. II. Shoeninger, Vanderleia. III. Título.

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

©Direitos reservados. Permitido a reprodução parcial desde que citada a fonte.

# GABRIELA PEREIRA DE OLIVEIRA

## DIVERSIDADE GENÉTICA EM FEIJOEIRO BASEADO EM PARÂMETROS TECNOLÓGICOS NA COLHEITA E APÓS ARMAZENAMENTO

Trabalho de Conclusão de Curso aprovado pela Banca Examinadora como requisito parcial para obtenção do título de bacharel em Biotecnologia, da Universidade Federal da Grande Dourados.

Orientador: Liliam Silvia Candido

Aprovado em: 11 de julho de 2024.

### BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente  
 **LILIAM SILVIA CANDIDO**  
Data: 13/07/2024 11:00:19-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Dr<sup>a</sup> Liliam Silvia Candido  
Presidente

Documento assinado digitalmente  
 **VANDERLEIA SCHOENINGER**  
Data: 12/07/2024 19:52:45-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Dr<sup>a</sup> Vanderleia Schoeninger  
Membro

Documento assinado digitalmente  
 **EULALIA SOLER SOBREIRA HOOGERHEIDE**  
Data: 12/07/2024 17:46:41-0300  
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

---

Dr<sup>a</sup> Eulália Soler Sobreira Hoogerheide  
Membro

## AGRADECIMENTOS

Ao meu pai, Wanderson, por ser meu maior fã, apoiando cada passo em minha vida. Ao meu irmão, Eran Otávio, que me traz tanta felicidade e me faz transbordar amor, sendo presente em cada momento, me dando colo e trazendo aconchego nos dias difíceis. Aos meus avós, Carlos e Vanda, pelas orações e carinho de sempre. Aos meus tios, Carlos Eduardo e Márcia, por serem minha maior fonte de incentivo, sempre acreditando em mim.

A minha mãe Andreia (*in memoriam*), que foi minha maior fonte de inspiração ao longo da vida, a mulher mais forte e guerreira que já conheci, sempre buscando fazer o bem e que com muito suor, me trouxe até aqui. A minha avó Nilza (*in memoriam*), minha base durante a vida, meu colo preferido e quem me fez sonhar tão alto.

A Universidade Federal da Grande Dourados, e a Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais - FCBA, por me proporcionar os melhores anos da minha vida. Em especial, a minha orientadora, Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Liliam Silvia Candido, por me acolher e me ensinar tanto, dentro e fora da universidade, com tanta dedicação e paciência. A minha co-orientadora, Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Vanderleia Schoeninger, por abrir as portas do seu laboratório e por me auxiliar em cada etapa das análises tecnológicas.

Ao grupo GMBV-Biotec, pela ajuda e parceria ao longo dos experimentos. Aos técnicos do laboratório Multidisciplinar I - FCBA, pela dedicação e apoio.

A Prof<sup>a</sup> Dr<sup>a</sup> Eulália Soler Sobreira Hoogerheide, por compor a banca, e por ter feito parte do processo, me apoiando e me incentivando na pesquisa.

A minha família do coração, que construí ao longo dos anos, Gabriel, Ianca, Beatriz, Erika, Geovanna, Williams, Camila, Fabrício, Ana Gabriela e Daniela, por me ajudarem durante o processo, compreenderem minha ausência neste período e por serem minha maior torcida, me fazendo rir nos dias de ansiedade, sendo calma e incentivo.

Agradeço também aos meus colegas de pesquisa, Danielly Fernandez e Guilherme Araújo, por toda ajuda na execução das análises e pelo fornecimento de dados estabelecidos em trabalhos anteriores.

Por fim, sou grata a todos que de alguma forma, direta ou indiretamente, participaram da realização deste trabalho.

## SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS.....	
LISTA DE TABELAS.....	
RESUMO.....	
ABSTRACT.....	
<b>1. INTRODUÇÃO.....</b>	<b>1</b>
<b>2.OBJETIVOS.....</b>	<b>3</b>
2.1 Objetivo Geral.....	
2.2 Objetivos específicos.....	
<b>3.REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>4</b>
3.1 Cultura do feijoeiro: Origem, importância e características gerais da cultura.....	
3.2 Qualidade tecnológica e nutricional de sementes de feijoeiro.....	6
3.3 Armazenamento de sementes de feijoeiro.....	8
3.4 Divergência genética .....	10
<b>4.MATERIAIS E METÓDOS.....</b>	<b>13</b>
4.1 Local de estudo.....	
4.2 Genótipos em avaliação e delineamento experimental.....	14
4.3 Caracteres tecnológicos e nutricionais avaliados.....	16
4.4 Análises estatísticas.....	20
<b>5.RESULTADOS E DISCUSSÃO.....</b>	<b>23</b>
5.1 Análise da variância dos dados pós-colheita e pós armazenamento.....	
5.2 Análises multivariadas pós-colheita e pós-armazenamento.....	33
<b>6.CONCLUSÕES.....</b>	<b>47</b>
<b>7.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....</b>	<b>48</b>

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Disposição da área do experimento na Universidade Federal da Grande Dourados.....	13
<b>Figura 2.</b> Climograma durante o período do experimento segundo a estação climatológica da Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO) de Dourados/MS.....	14
<b>Figura 3.</b> Avaliação de luminosidade dos grãos em colorímetro em linhagens de feijão-comum após seis meses de armazenamento. Dezembro, 2023.....	16
<b>Figura 4.</b> Coordenadas colorimétricas no sistema CIELAB. Fonte: (Color, 2010).....	17
<b>Figura 5.</b> Amostras retendo água e sendo secas para a análise de massa úmida, respectivamente.....	
<b>Figura 6.</b> Amostras sendo cozidas em chapa aquecedora para obtenção da massa úmida após o cozimento.....	18
<b>Figura 7.</b> Grãos sendo separados em inteiros e partidos e pesagem dos mesmos, respectivamente.....	
<b>Figura 8.</b> Caldo obtido após o cozimento e avaliação de BRIX em refratômetro, respectivamente.....	19
<b>Figura 9.</b> Moagem dos grãos em moinho de facas para a análise de proteínas e destilador utilizado para a análise, respectivamente.....	
<b>Figura 10.</b> Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, no período de pós-colheita (Jun/2023), em Dourados/MS.....	43
<b>Figura 11.</b> Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, no período de pós-armazenamento (Dez/2023), em Dourados/MS.....	44
<b>Figura 12.</b> Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, no período de pós-armazenamento, incluindo em suas variáveis o teor de proteína (Dez/2023), em Dourados/MS.....	45

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Características químicas do solo da área experimental.....	<b>13</b>
<b>Tabela 2.</b> Genótipos utilizados nos experimentos (nas condições pós-colheita e pós-armazenamento).....	<b>15</b>
<b>Tabela 3.</b> Estimativa dos quadrados médios, médias, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de caracteres tecnológicos avaliados em dezenove linhagens/genótipos de feijão carioca pós colheita. Jun/2023.....	<b>24</b>
<b>Tabela 4.</b> Estimativa dos quadrados médios, médias, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de caracteres tecnológicos avaliados em dezenove linhagens/genótipos de feijão carioca após seis meses de armazenamento. Dez/2023.....	<b>25</b>
<b>Tabela 5.</b> Médias das coordenadas L, A, B, da porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embeбimento pós-cozimento (PEAPC), porcentagem de grãos inteiros (PGI), porcentagem de sólidos totais (SOLT) e sólidos solúveis (BRIX) de 19 linhagens/genótipos de feijão carioca imediatamente após a colheita. Dourados MS, março/2023.....	<b>27</b>
<b>Tabela 6.</b> Médias das coordenadas L, A, B, da porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embeбimento pós-cozimento (PEAPC), porcentagem de grãos inteiros (PGI), porcentagem de sólidos totais (SOLT) e sólidos solúveis (BRIX) de 19 genótipos de feijão carioca após seis meses de armazenamento. Dez/2023.....	<b>28</b>
<b>Tabela 7.</b> Coeficientes de correlação fenotípica (F) e genotípica (G) entre as características coordenadas L, A, B, da porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embeбimento pós-cozimento (PEAPC), porcentagem de grãos inteiros (PGI), porcentagem de sólidos totais (SOLT) e sólidos solúveis (BRIX). Pós colheita. Jun/2023.....	<b>30</b>
<b>Tabela 8.</b> Coeficientes de correlação fenotípica (F) e genotípica (G) entre as características coordenadas L, A, B, da porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embeбimento pós-cozimento (PEAPC), porcentagem de grãos inteiros (PGI), porcentagem de sólidos totais (SOLT) e sólidos solúveis (BRIX). Pós colheita. Jun/2023.....	<b>31</b>
<b>Tabela 9.</b> Coeficientes de correlação fenotípica (F) e genotípica (G) entre as características coordenadas L, A, B, da porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embeбimento pós-cozimento (PEAPC), porcentagem de grãos inteiros (PGI), porcentagem de sólidos totais (SOLT) e sólidos solúveis (BRIX) após armazenamento. Dez/2023.....	<b>32</b>
<b>Tabela 10.</b> Matriz de Divergência Genética entre 19 linhagens de feijão-comum após a colheita, baseado na distância generalizada de Mahalanobis. Jun/2023.....	<b>33</b>

<b>Tabela 11.</b> Matriz de Divergência Genética entre 19 linhagens de feijão-comum após armazenamento, baseado na distância generalizada de Mahalanobis. Dez/2023.....	<b>34</b>
<b>Tabela 12.</b> Matriz de Divergência Genética entre 19 linhagens de feijão-comum após armazenamento com inclusão do teor de proteína, baseado na distância generalizada de Mahalanobis. Dez/2023.....	
<b>Tabela 13.</b> Contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética testados de 19 genótipos de feijão carioca após colheita, após seis meses de armazenamento com e sem teor de proteína. Jun-Dez/2023. Dourados, MS.....	<b>35</b>
<b>Tabela 14.</b> Grupos de genótipos de feijão-comum após armazenamento com inclusão da proteína, formados pelo método de agrupamento de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância de Mahalanobis. Dez/2023.....	<b>36</b>
<b>Tabela 15.</b> Grupos de genótipos de feijão-comum pós colheita formados pelo método de agrupamento de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância de Mahalanobis. Jun/2023.....	<b>38</b>
<b>Tabela 16.</b> Grupos de genótipos de feijão-comum após armazenamento sem inclusão da proteína, formados pelo método de agrupamento de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância de Mahalanobis. Dez/2023.....	<b>40</b>

# OLIVEIRA, G. P. DIVERSIDADE GENÉTICA EM FEIJOEIRO BASEADO EM PARÂMETROS TECNOLÓGICOS NA COLHEITA E APÓS ARMAZENAMENTO.

Trabalho de Conclusão de Curso - Biotecnologia - Universidade Federal da Grande Dourados. Dourados, MS. Julho de 2024.

## RESUMO

Característico do povo brasileiro, o feijão (*Phaseolus vulgaris*), juntamente com o arroz, constitui o prato popular do Brasil, sendo a fonte mais importante de proteínas e a segunda fonte de carboidratos. Problemas relacionados ao armazenamento de produtos agrícolas constituem objeto de estudo permanente, visando a prolongar ao máximo a qualidade dos produtos armazenados, sejam eles sementes ou grãos para consumo. Com isso, quando se perde a qualidade após o armazenamento, o produto perde valor, gerando aos produtores uma queda no ganho econômico e menor comercialização. Os programas de melhoramento genético atuais para a cultura do feijoeiro visam aprimorar além de atributos relacionados à produção, características tecnológicas e nutricionais. A divergência genética possibilita o monitoramento dos bancos de germoplasmas, auxiliando no conhecimento da variabilidade genética instalada na população e na escolha certa de possíveis progenitores. O objetivo deste presente estudo foi caracterizar atributos relacionados à qualidade tecnológica e teor de proteína para aferir a divergência genética entre linhagens de feijão-comum, por métodos estatísticos multivariados, imediatamente após a colheita e depois de seis meses de armazenamento. Avaliou-se 19 linhagens, imediatamente após a colheita e após seis meses de armazenamento, nos laboratórios da Faculdade de Ciências Agrárias (FCA) e Faculdade de Ciências Biológicas e Ambientais (FCBA), na Universidade Federal da Grande Dourados. Foram avaliadas as seguintes características: parâmetros de luminosidade (L, a\*, b\*); Peso dos grãos antes do cozimento (PEANC); Peso dos grãos após o cozimento (PEAPC); Peso dos grãos inteiros após o cozimento (PGI); Sólidos totais no caldo (SOLT); Teor de sólidos solúveis (BRIX) e teor de proteína (PROT). Foram utilizadas análises de variância (ANOVA), seguidos de teste de média (Scott Knott - 5%), análise de correlação genotípica e fenotípica e análises multivariadas. Foram utilizados os métodos de agrupamentos de Tocher, dendrogramas por UPGMA, com base na distância de Mahalanobis. A avaliação da divergência foi realizada, de forma geral, de acordo com os agrupamentos obtidos em cada método e a contribuição de cada caráter para a composição da divergência entre as linhagens. As variáveis que apresentaram maiores mudanças após o período de armazenamento foram as variáveis de luminosidade (L e a\*), seguido do teor de proteína quando testado. Em uma visão geral das três condições avaliadas, as linhagens mais promissoras para a formação de cruzamentos, por serem geneticamente distantes entre si, foram L6 e L16. Os caracteres que apresentaram a maior contribuição relativa para a divergência e diferenciação das linhagens foram para a condição pós-colheita a variável a\* (vermelho-verde) e L, e o mesmo para a condição pós-armazenamento sem a inclusão do teor de proteína. Já com a inclusão do teor de proteína, a mesma foi a que obteve maior contribuição relativa para a divergência genética.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*; armazenamento; qualidade tecnológica; divergência genética.

**OLIVEIRA, G. P. GENETIC DIVERSITY IN BEANS BASED ON PAR METERS TECHNOLOGIES AT HARVEST AND AFTER STORAGE.** Course Completion Work - Biotechnology - Federal University of Grande Dourados. Dourados, MS. July 2024.

**ABSTRACT**

Characteristic of the Brazilian people, beans (*Phaseolus vulgaris*), together with rice, constitute the popular dish in Brazil, being the most important source of proteins and the second source of carbohydrates. Problems related to the storage of agricultural products are the subject of permanent study, with the aim of prolonging the quality of stored products as much as possible, whether they are seeds or grains for consumption. As a result, when quality is lost after storage, the product loses value, generating a drop in economic gain for producers and lower sales. Current genetic improvement programs for bean crops aim to improve, in addition to attributes related to production, technological and nutritional characteristics. Genetic divergence makes it possible to monitor germplasm banks, helping to understand the genetic variability present in the population and help in choosing the right possible progenitors. The objective of this present study was to characterize attributes related to technological quality and protein content to assess genetic divergence between common bean lines, using multivariate statistical methods, immediately after harvest and after six months of storage. 19 strains were evaluated, immediately after harvest and after six months of storage, in the laboratories of the Faculty of Agricultural Sciences (FCA) and Faculty of Biological and Environmental Sciences (FCBA), at the Federal University of Grande Dourados. The following characteristics were evaluated: luminosity parameters (L, a\*, b\*); Grain weight before cooking (PEANC); Grain weight after cooking (PEAPC); Weight of whole grains after cooking (PGI); Total solids in broth (SOLT); Soluble solids content (BRIX) and protein content (PROT). Analysis of variance (ANOVA) was used, followed by mean test (Scott Knott - 5%), genotypic and phenotypic correlation analysis and multivariate analyses. Analysis of variance (ANOVA) was used, followed by mean test (Scott Knott - 5%), genotypic and phenotypic correlation analysis and multivariate analyses. Tocher's clustering methods were used, dendrograms by UPGMA, based on Mahalanobis distance. The divergence assessment was carried out, in general, according to the groupings obtained in each method and the contribution of each character to the composition of the divergence between the lineages. The variables that showed the greatest changes after the storage period were the luminosity variables (L and a\*), followed by the protein content when tested. In an overview of the three conditions evaluated, the most promising lines for the formation of crosses, as they are genetically distant from each other, were L6 and L16. The characters that presented the greatest relative contribution to the divergence and differentiation of the lineages were for the post-harvest condition the variable a\* (red-green) and L, and the same for the post-storage condition without the inclusion of protein content. With the inclusion of protein content, it was the one that had the greatest relative contribution to genetic divergence.

**Keywords:** *Phaseolus vulgaris*; storage; technological quality; genetic divergence.

## 1. INTRODUÇÃO

Característico do povo brasileiro, o feijão, juntamente com o arroz, constitui o prato popular do Brasil, sendo a fonte mais importante de proteínas e a segunda fonte de carboidratos (Antunes, 2008). O Brasil está entre os principais produtores de feijão do mundo, não havendo grandes excedentes exportáveis, como ocorre a outros grãos (Coelho, 2024) por não ser considerado uma commodity.

Problemas relacionados ao armazenamento de produtos agrícolas constituem objeto de estudo permanente, visando a prolongar ao máximo a qualidade dos produtos armazenados, sejam eles sementes ou grãos para consumo. A causa mais frequente de perdas no armazenamento é o ataque de insetos, fungos e roedores. Ocorrem ainda perdas das qualidades intrínsecas, como a aparência e o sabor, no caso do feijão para consumo, e, quando se trata das sementes, a sua capacidade de germinar e produzir uma planta vigorosa e sadia (Bragantini, 2005). Com isso, quando se perde a qualidade após o armazenamento, o produto perde valor, gerando aos produtores uma queda no ganho econômico e menor comercialização. Visando ser um produto de prateleira, sendo considerável não perecível, algumas características visuais como a cor, tendem a influenciar o consumidor na compra, levando os grãos mais escuros e com má aparência o declínio das vendas.

Para o feijão destinado ao consumo, Bassinello (2005) identificou alguns dos principais parâmetros relacionados à qualidade: absorção de água; tempo de cozimento; quantidade de sólidos solúveis no caldo; cor do tegumento e do caldo além do teor de fibras, proteínas, minerais e vitaminas. O feijão armazenado tende a cozinhar mais lentamente, resultando em maior consumo de tempo e energia.

Os programas de melhoramento genético atuais para a cultura do feijoeiro visam aprimorar além de atributos relacionados à produção, características tecnológicas e nutricionais. Daí a importância de não se descartar a qualidade tecnológica no momento de seleção de genitores, visando o desenvolvimento de linhagens promissoras e rentáveis ao consumidor e ao comerciante.

A divergência genética possibilita o monitoramento dos bancos de germoplasmas, auxiliando no conhecimento da variabilidade genética instalada na população e na escolha certa de possíveis progenitores. Genitores estes que, ao serem cruzados, possibilitem maior

restauração de heterose, aumentando assim, as chances de obter genótipos superiores e mais rentáveis para o produtor (Cruz et al., 2014). A divergência genética ligada às características tecnológicas dos grãos é de suma importância, visto que quanto mais a divergência entre as linhagens, maior a variabilidade entre as mesmas, podendo então identificar linhagens com características que se sobressaem e selecionar as melhores para etapas de cruzamento, obtenção de híbridos e seleção.

No estudo da diversidade genética, podem ser utilizadas técnicas de agrupamentos, que verificam o grau de similaridade entre os genótipos, colaborando assim, no direcionamento dos cruzamentos que possam gerar maior variabilidade, podendo ser utilizada para combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, a fim de caracterizar os genótipos com base no conjunto de características, por meio de análises multivariadas (Missio et al., 2007).

Com isso, o presente estudo justifica-se uma vez que o Grupo de Melhoramento e Biotecnologia Vegetal (GMBV) da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD) possui em seu banco de germoplasma linhagens pré-comerciais de feijoeiro-comum que foram caracterizadas quanto a diferentes variáveis tecnológicas e teor de proteína imediatamente após a colheita e depois de seis meses de armazenamento. Espera-se verificar a distância genética entre estes genótipos vislumbrando a possibilidade de selecionar genitores divergentes para formação de população-base.

## **2. OBJETIVOS**

### **2.1 Objetivo Geral**

Caracterizar atributos relacionados à qualidade tecnológica e teor de proteína para aferir a divergência genética entre linhagens de feijão-comum, por métodos estatísticos multivariados, imediatamente após a colheita e depois de seis meses de armazenamento.

### **2.2 Objetivos Específicos**

- 1) Avaliar 19 linhagens de feijão-comum, com base em variáveis tecnológicas imediatamente após colheita e depois de seis meses de armazenamento;
- 2) Estimar e comparar a dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, com base em variáveis tecnológicas imediatamente após colheita e depois de seis meses de armazenamento;
- 3) Relacionar os agrupamentos obtidos pelos métodos multivariados de otimização de Tocher e o hierárquico da ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) nas duas condições de avaliação.;
- 4) Avaliar o teor de proteína em 19 linhagens de feijão-comum após seis meses de armazenamento;
- 4) Identificar entre as variáveis avaliadas as que mais contribuíram para a diferenciação das linhagens e aquelas passíveis de descarte para fins de aferição de divergência genética neste grupo de linhagens;

### 3. REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1 Cultura do feijoeiro: Origem, importância e características gerais da cultura

Vavilov, na década de 1920, trabalhou os conceitos sobre centros de origem e diversidade, observando que esses locais seriam aqueles que deveriam possuir alta diversidade genética da espécie, isso por apresentar os tipos silvestres das culturas domesticadas (Clement, 2015).

Para o feijão comum (*Phaseolus vulgaris L.*), estudos evidenciam sua origem no continente americano, apresentando três pools gênicos de formas silvestres nas Américas. O pool gênico mais acima no continente é o Mesoamericano, com populações do México, América Central e Colômbia; o segundo, Andino-Sul, com populações do sul do Peru, da Bolívia e da Argentina; e o Intermediário, formado por populações do Equador e norte do Peru (Antunes, 2008).

As formas silvestres do feijão-comum encontradas nos pools Mesoamericano e Andes apresentam um paralelo com o feijão doméstico, que é demonstrado através de estudos morfológicos, por proteínas de sementes, aloenzimas, amplificação aleatória de DNA polimórfico (RAPD), AFLP-PCR e microssatélites (SSR) (Bellucci et al., 2014).

A informação tradicional do processo de domesticação se baseia em 3 tipos de dados, sendo eles: idade, descobertas arqueológicas e distribuição geográfica (Burkart & Brucher 1953, Kaplan 1965, 1981). Nos Andes, os acessos selvagens da Argentina-Bolívia revelam uma similaridade genética com as formas domesticadas andinas, indicando que o norte da Argentina e sul da Bolívia seriam a principal região de domesticação do pool gênico Andino-Sul (Rodriguez et al., 2016).

A domesticação é o processo que transforma uma planta selvagem em cultura, e envolve diversas mudanças, tanto morfológicas externas quanto fisiológicas, como por exemplo o hábito de crescimento, dormência da semente, tamanho, coloração além de um mecanismo de disseminação, e ocorreu independentemente na Mesoamérica e nos Andes. Uma consequência dessa domesticação foi a redução da diversidade genética devido ao efeito fundador (Bellucci et al., 2014).

Característico do povo brasileiro, o feijão, juntamente com o arroz, constitui o prato popular do país, principalmente em famílias de baixa renda. Sendo a fonte mais importante de proteínas e a segunda fonte de carboidratos (Antunes, 2008).

De acordo com estatísticas do IBGE (2023), o prognóstico para a produção de feijão em 2024, considerando-se as três safras, é de 3,1 milhões de toneladas, crescimento de 3,8% em relação a 2023. O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de feijão, não havendo grandes excedentes exportáveis, como ocorre a outros grãos (Coelho, 2024) por não ser considerado uma commodity.

No Mato Grosso do Sul, o feijão não é uma cultura prioritária, sendo necessária a importação para suprir a demanda do estado, foi destinado apenas 20 mil hectares para o cultivo em 2021, em comparação, a soja utilizou 3.3 milhões de hectares. O rendimento médio da produção foi de 1.247 kg por hectare (IBGE, 2021). No estado com maior produção de feijão, o Paraná, foi estimado um aumento de 5,5% de produtividade para a segunda safra de 2023, em relação à colheita de 2022, devido ao favorecimento do clima que resultou em 90% das lavouras em boas condições (DERAL, 2023).

O feijão comum é a principal fonte de proteína na América Latina e fornece até 20% dos nutrientes necessários para um adulto. Embora apresente diversos nutrientes importantes, as leguminosas contêm fatores antinutricionais, como inibidores de enzimas proteases, lectinas, saponinas, taninos, fitatos e fatores de flatulência (Bonett et al., 2007).

A cultura do feijoeiro possui grande importância socioeconômica para o Mato Grosso do Sul, uma vez que se trata de cultivo no qual possui predomínio na agricultura familiar, auxiliando famílias do estado a gerar renda e ocupação. Nesse contexto, parte da produção é utilizada para o consumo familiar e o restante destinado à comercialização (Padovan et al., 2007).

Devido à sua importância na alimentação humana, merece destaque no cenário nacional e internacional por suprir as necessidades dos consumidores, pois atua como fonte básica de proteínas e calorias. Este grão possui grande expressão econômica e principalmente social, visto que, juntamente com o arroz, é a base da alimentação nacional, fornecendo proteína vegetal e carboidratos, sendo a principal fonte protéica na alimentação da população menos favorecida, auxiliando no desenvolvimento e saúde. Além da importância do feijão na alimentação da população brasileira e mundial, a cadeia de produção, beneficiamento e comercialização, geram ocupação e renda no país.

Quanto aos compostos nutricionais, a globulina é a principal proteína do feijão, chegando a até 80%. Entre as globulinas encontradas no feijão estão a faseolina e a fitohemaglutinina. O amido é o principal carboidrato das leguminosas, porém não é muito digerido pelo ser humano, visto que os taninos presentes nas sementes podem ter atividade anti-amilásica. O feijão carioca cozido, apresenta grande quantidade de fibras alimentares,

que reduzem risco de doenças degenerativas, esse composto nutricional produz maior saciedade (Bonett et al., 2007).

O Brasil tem três épocas para o plantio durante o ano, e por apresentar ciclo curto, se torna uma vantagem ao produtor que pode produzir outros grãos no mesmo ano-safra. A primeira safra, das "águas", ocorre entre agosto e dezembro e se concentra mais nos estados sulistas; a segunda safra, da "seca", ocorre em todo o Brasil entre janeiro e abril; e a terceira safra, de "inverno", é plantada de maio a agosto (Yokoyama et al., 1996).

O método de plantio das águas é mais comum entre pequenos agricultores que o cultivam em consórcio com milho. Sua principal vantagem é a dispensa da necessidade de irrigação, porém, as desvantagens incluem a colheita de grãos manchados, a possibilidade de queda de flores e vagens devido ao excesso de calor, o risco de encharcamento do solo levando à morte das plantas de feijão, e também uma maior incidência de plantas daninhas. Já o plantio na seca resulta em grãos de qualidade superior, mas a baixa quantidade de chuva acarreta em uma produção reduzida, além de aumentar os problemas com o mosaico-dourado nesse período (Vieira & Vieira, 1995).

O cultivo no outono-inverno atinge altos rendimentos, a cultura é menos dependente de fatores climáticos, obtém grãos de ótima qualidade, e possibilita o uso mais eficiente da terra podendo realizar mais de uma cultura por ano na área. No entanto, não é indicado para áreas de inverno mais rigoroso (Chagas, 1988; Vieira & Vieira, 1995).

A semente do feijão é não-albuminosa e composta por quatro partes externas: testa, rafe, hilo e micrópila. Internamente, é constituída pela plúmula, hipocótilo, radícula e dois cotilédones. O tamanho médio das sementes pode variar devido a fatores ambientais como temperatura, umidade, fertilidade do solo, espaçamento e época de plantio, sendo classificadas desde pequenas (< 20g) até grandes (> 50g). Quanto à forma, as sementes podem ser esféricas, elípticas ou oblongas curtas, médias e longas. A coloração varia significativamente, podendo apresentar um ou dois tons no tegumento, e seu brilho pode ser opaco, intermediário ou brilhante (Vilhordo et al., 1996).

### **3.2 Qualidade tecnológica e nutricional de sementes de feijoeiro**

Quando o consumidor sai a procura da compra de feijão para consumo no Brasil, ele busca grãos com bom aspecto visual e que tenham alto rendimento na hora do preparo. Essas características estão relacionadas à cor, ao tempo de cocção, índice de grãos inteiros e rendimento após cocção; qualidade do caldo e cor do produto após o cozimento. A qualidade

protéica do grão é a única exceção dentro das tecnológicas, por ser uma qualidade nutricional, e é também característica importante tanto para consumidores quanto para os programas de melhoramento, pois um grão com maior porcentagem de proteína agrega positivamente na alimentação e dieta do consumidor. A junção dessas características, formam o que é conhecido como qualidade tecnológica do feijão (Oliveira et al., 2012; Aghkhani et al., 2012).

A qualidade dos grãos deve ser avaliada com base nas características comerciais, culinárias e nutricionais. A qualidade comercial pode ser definida como classe, tipo e grupo do feijão, assim como também são avaliados visualmente, cor, brilho, forma e tamanho dos grãos no momento da classificação comercial (Knabben e Costa, 2012). Cor e tamanho são os primeiros atributos avaliados também pelos consumidores, desempenhando papel decisivo na aceitação do produto nas prateleiras do supermercado (Barros e Prudencio, 2015).

Essas qualidades são determinadas, em parte, pelo genótipo e influenciada pelas condições ambientais durante o desenvolvimento da planta e cultura. A qualidade dos grãos é afetada por fatores climáticos, como temperaturas acima de 35 °C no período de enchimento dos grãos, chuva no período de colheita e, por práticas de cultivo, beneficiamento, condições de armazenamento desses grãos após a colheita e tecnologia de processamento (Dalla Corte et al., 2003).

A absorção da água é importante, em vista que se é preferível cultivares que apresentam maiores valores nessa característica por proporcionar maior rendimento após o cozimento, ou seja, grãos que ficarão maiores volume e com uma boa retenção de água, além disso, tendem a ser de mais fácil e rápida cocção (Perina et al., 2014). Isso porque a água que é absorvida por amido e proteínas vai facilitar sua gelatinização e desnaturação, do mesmo, trazendo maior saciedade para o consumidor (Siddiq & Uebersax, 2013 apud Mabasso et al., 2018).

O fator “hardshell” (casca dura) é uma condição em que os grãos maduros e secos não absorvem água dentro de um período razoavelmente longo quando umedecidas. O fator “hard-to-cook” (difícil de cozinhar), é uma condição em que os grãos requerem tempo de cozimento prolongado para amolecerem, ou não amolecem, mesmo depois de cozimento prolongado em água fervente. Esses fatores levam o feijão a perder seu valor comercial, devido a sua resistência ao cozimento, o que prejudica o consumidor na hora do preparo, além de fazer com que o alimento não seja facilmente aceito na mesa do brasileiro, fazendo-o repensar na hora da compra. Esses grãos apresentam, de forma geral, baixa capacidade de

embebição de água, elevado tempo de cocção e não são macios após a cocção (Oliveira et al., 2011).

A avaliação de sólidos solúveis e sólidos totais também é valiosa visto que determina a qualidade do caldo do feijão cozido, em que os consumidores preferem caldos mais viscosos (Bassinello et al., 2003). A coloração do grão de feijão comum é uma importante característica para sua comercialização, visto que é o primeiro atributo de avaliação do consumidor, que o associa a grãos recém-colhidos (Rader, 2020). A cor é o resultado da interação da luz com a matéria, mas sabe-se que a cor observada pelo olho humano poderá variar de acordo com o observador, portanto se faz necessário padronizações para a colorimetria e o uso de equipamentos para essa análise (Oliveira, 2006).

Apesar do feijão apresentar cerca da metade do teor de proteína se comparado com a soja, a proteína deste grão tem maior digestibilidade proteica (78,70%), característica na qual influencia positivamente na alimentação e consumo humano, uma vez que sua proteína para ser considerada de boa qualidade ou de alto valor biológico, deve fornecer alta digestibilidade e quantidades adequadas de aminoácidos essenciais (Pires et al., 2006). A avaliação do teor de proteína no feijão é crucial para determinar seu valor nutricional e garantir a qualidade do produto, sendo o feijão uma importante fonte de proteína vegetal, especialmente em países em desenvolvimento (Toledo et al., 2008).

### **3.3 Armazenamento de sementes de feijoeiro**

Os problemas de armazenamento de produtos agrícolas constituem objeto de estudo permanente, visando a prolongar ao máximo a qualidade dos produtos armazenados, sejam eles sementes ou grãos para consumo. Evitando-se perdas desnecessárias nos grãos armazenados, é possível minorar, e muito, a fome no mundo. A causa mais frequente de perdas no armazenamento é o ataque de insetos, fungos e roedores. Ocorrem ainda perdas das qualidades intrínsecas, como a aparência e o sabor, no caso do feijão para consumo, e, quando se trata das sementes, a sua capacidade de germinar e produzir uma planta vigorosa e sadia (Bragantini, 2005).

As sementes de feijão armazenadas podem perder alguns atributos de qualidade que chegam a inviabilizar o seu uso como estrutura de reprodução. Para se conservarem as sementes mantendo a sua qualidade. Carvalho (1980), identificou diversos fatores que influem no seu comportamento durante o armazenamento, como a qualidade inicial da semente, as condições climáticas durante a maturação, o grau de maturação e o grau de injúria mecânica no momento da colheita, o tipo de embalagem utilizado, a secagem e as

características do ambiente do armazém. Entre os parâmetros de qualidade da semente de feijoeiro mais importantes estão a qualidade fisiológica, medida através dos testes de germinação e vigor, e a qualidade sanitária, medida através dos testes de sanidade.

Para o feijão destinado ao consumo, Bassinello (2005) identificou os principais parâmetros relacionados à qualidade: absorção de água; tempo de cozimento; quantidade de sólidos solúveis no caldo; cor do tegumento e do caldo; e teor de fibras, proteínas minerais e vitaminas. O feijão armazenado tende a cozinhar mais lentamente, resultando em maior consumo de tempo e energia.

O tegumento do feijão perde a sua permeabilidade durante o armazenamento, contribuindo para o aumento do tempo de cocção. Além de alterações no sabor, o caldo do feijão perde a consistência e tem a sua cor modificada durante o período de armazenamento. Este parâmetro de qualidade é medido pela quantidade de sólidos solúveis no caldo. O escurecimento dos grãos de feijão, principalmente nos tipos de cor clara como o carioca, é um fator irreversível e influi grandemente na sua aceitação comercial, tendo várias causas, como reações químicas, enzimáticas ou não. As qualidades nutricionais do feijão são alteradas quando o produto é armazenado de forma inadequada (Bragantini, 2005).

O oxigênio existente no espaço intergranular é utilizado no processo respiratório das sementes, acompanhado do desgaste das substâncias nutritivas. Os grãos armazenados se deterioram lentamente ou mais depressa, quando a temperatura se eleva. O processo respiratório também é grandemente influenciado pelo teor de umidade dos grãos. Quando a umidade de armazenamento se encontra entre 11 e 13%, o processo respiratório se mantém baixo, prolongando a manutenção da qualidade do produto armazenado. No entanto, ao aumentar o teor de umidade, o processo respiratório acelera, ocorrendo a deterioração dos grãos. Outra característica importante dos grãos armazenados é a sua condutividade térmica. O calor, na massa de grãos, é propagado por condução, de grão para grão que se encontram em contato, e também por convecção, em decorrência do fluxo de ar intergranular que se desloca

A temperatura é talvez o fator físico mais importante na conservação dos grãos armazenados, pois a maioria das reações químicas é acelerada com o aumento da temperatura. Quando a temperatura de armazenamento é mais baixa, pode-se armazenar com segurança, mesmo quando a umidade dos grãos está acima da ideal, pois a baixa temperatura inibe o desenvolvimento de microorganismos e insetos.

Os produtores de feijão têm interesse em novas opções de armazenamento que mantenham melhor a qualidade, não somente da semente que ele irá utilizar para plantio na

safrinha seguinte, mas que também melhorem as suas opções de mercado do feijão para consumo. Para isso, é preciso conhecer as condições mais apropriadas de armazenamento, para manutenção da qualidade do produto .

Testes bioquímicos indicaram que a enzima esterase tem sua atividade incrementada durante o armazenamento, independente da qualidade fisiológica das sementes. A atividade de outras enzimas estudadas, malato e glutamato desidrogenase, manteve-se estável durante o armazenamento (Bragantini, 2005).

O manejo da semente de feijão durante e após a colheita influencia grandemente a manutenção de sua qualidade durante o armazenamento. A secagem é um dos procedimentos pós-colheita que mais afetam o comportamento dos feijões armazenados. Afonso Júnior & Corrêa (2000) estudou os efeitos imediatos e latentes de diferentes combinações de temperatura do ar de secagem e grau de umidade na colheita sobre a qualidade fisiológica da semente de feijão colhida com diferentes níveis de umidade e correlacionou-os com testes de suscetibilidade aos danos mecânicos. Ele concluiu que a qualidade fisiológica e a suscetibilidade a danos mecânicos estão inversamente relacionadas com a temperatura do ar de secagem e com o grau de umidade do produto na colheita. Esses efeitos puderam ser observados imediatamente após a secagem e após o período de seis meses de armazenamento.

A qualidade fisiológica da semente armazenada é muito influenciada pelo tipo de embalagem utilizada durante o período de armazenamento. Monteiro & Silveira (1982) estudaram o comportamento de sementes de feijão armazenadas em nove recipientes diferentes e constataram que a caixa de concreto foi o que pior manteve a qualidade fisiológica da semente, favorecendo também o desenvolvimento de microorganismos. A caixa de isopor foi o recipiente que melhor conservou o poder germinativo e a lata apresentou melhor controle de microorganismos. Resultados similares foram obtidos por Gonçalves et al. (2005), evidenciando que sementes de feijão em embalagens metálicas foram predominantemente superiores às acondicionadas em sacos de algodão.

### **3.4 Divergência genética**

As escolhas dos genitores que serão utilizados para o desenvolvimento de populações ou híbridos, capazes de propiciar os ganhos de seleção desejados, constitui uma das etapas mais críticas e importantes nos programas de melhoramento. Nesta escolha, o melhorista pode utilizar-se de algumas ferramentas que facilitem a escolha desses genitores, podendo destacar entre elas, o estudo da divergência genética (Hallauer et al., 2010).

A divergência genética possibilita o monitoramento dos bancos de germoplasmas, auxiliando no conhecimento da variabilidade genética instalada na população, contribuindo para a identificação de possíveis duplicatas e na escolha certa de possíveis progenitores. Genitores estes que, ao serem cruzados, possibilitem maior restauração de heterose, aumentando assim, as chances de obter genótipos superiores e mais rentáveis para o produtor (Cruz et al., 2014).

Estudos sobre a divergência genética são cruciais no melhoramento do feijoeiro no Brasil, pois esse se baseia, principalmente, na hibridação para gerar populações segregantes, nas quais se procede à seleção de linhagens superiores. Nesse contexto, os estudos de divergência fornecem estimativas para a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes, podendo assim selecionar linhagens que se destacam em variáveis e características desejadas (Santos et al., 2015).

No estudo da diversidade genética, podem ser utilizadas técnicas de agrupamentos, que verificam o grau de similaridade entre os genótipos, colaborando assim, no direcionamento dos cruzamentos que possam gerar maior variabilidade, podendo ser utilizada para combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, a fim de caracterizar os genótipos com base no conjunto de características, por meio de análises multivariadas (Missio et al., 2007).

A utilização de técnicas multivariadas nas análises permite unificar as informações. Desta forma, cada genótipo será representado por um único valor referente às suas características analisadas (Simon, 2012). Análises multivariadas têm por objetivo avaliar um conjunto de variáveis aleatórias relacionadas entre si, que em agrupamento, cada uma possui o mesmo grau de importância, fornecendo coeficientes de distância genética entre os genótipos, proporcionando grande contribuição ao melhoramento genético e flexibilidade ao melhorista. A estatística multivariada permite estimar o grau de similaridade entre os genótipos, indicando para que não ocorra cruzamentos entre os genótipos pertencentes ao mesmo grupo de similaridade, economizando tempo com cruzamento entre genótipos similares (Destro, 1991).

A diversidade genética pode ser quantificada por meio de variáveis quantitativas, utilizando medidas de dissimilaridade, as quais podem ser enfatizadas a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis (Oliveira, 2015).

A distância Euclidiana é uma medida geométrica, sendo função da distância entre os dois pontos representativos da amostra no espaço n-dimensional (Neto e Moita, 1997). A

distância de Mahalanobis é baseada nas correlações, entre os conjuntos de dados dos caracteres analisados por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais. Quanto maior o valor observado, mais similares serão os indivíduos do estudo, possibilitando estimar os genótipos mais próximos e os genótipos mais distantes na população divergente. A distância de Mahalanobis preferencialmente é empregada em experimentos com repetições (Khattree e Naik, 2000; Cruz et al., 2011) Essas medidas são amplamente utilizadas em análise de agrupamento e outras técnicas de classificação (Cruz et al., 2014).

Nos métodos de otimização, o método de Tocher é amplamente adotado. O método de Tocher, segue o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. O método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares. Estes formarão o grupo inicial e a partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério citado (Rao, 1952).

O método hierárquico de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA) utiliza a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo. O algoritmo UPGMA constrói uma árvore com raiz (dendrograma), gerados por coeficientes, em que concede peso igual para grupos considerando seu tamanho, sendo adequado quando grupos de amostras semelhantes estão sendo comparados, que reflete a estrutura presente em uma matriz de similaridade. Em cada etapa, os dois grupos mais próximos são combinados em um grupo de nível mais alto (Legendre e Llegendre, 1998). Esse método tem sido amplamente empregado em estudos de divergência genética, pois ele considera as médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os genótipos (Cruz et al, 2014).

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 Local de estudo

O experimento foi conduzido em campo entre os meses de março e junho de 2023, caracterizado como “época de seca”, em área da Fazendinha localizada na unidade II da Universidade Federal da Grande Dourados, em Dourados - MS, com coordenadas geográficas 22°11'56.3"S 54°56'19.6"O (Figura 2).

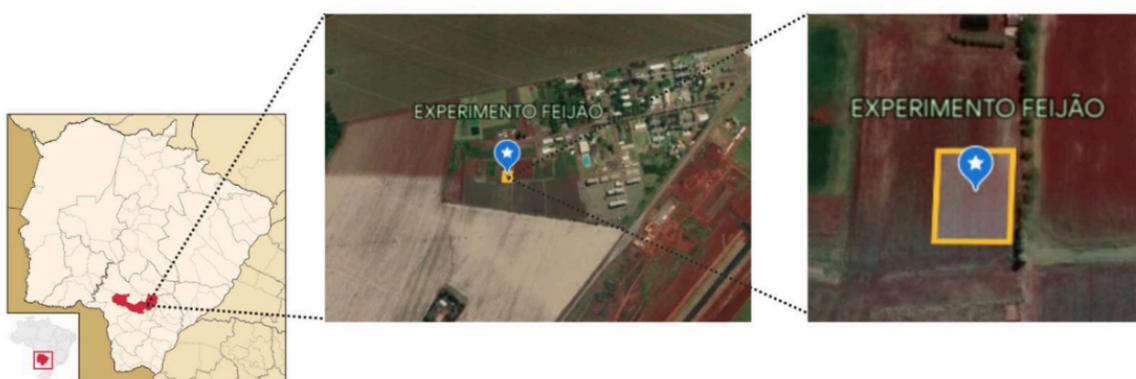


Figura 1 - Disposição da área do experimento na Universidade Federal da Grande Dourados.

O solo é do tipo Latossolo Roxo álico, com textura muito argilosa e relevo plano (IMASUL, 2022). Essa classificação é caracterizada por solos drenados de coloração vermelho- arroxeadada e sua distribuição está associada a rochas efusivas básicas, metabasitos e tufitos (Ker, 1997). As características químicas do solo da área experimental estão apresentadas na Tabela 1.

Tabela 1. Características químicas do solo da área experimental.

pH		(cmolc/dm <sup>-3</sup> )							%	(mg/dm <sup>-3</sup> )				
H <sub>2</sub> O	CaCl	K	Ca	Mg	Al	H+Al	SB	T	V	Cu	Mn	Fe	Zn	P
5,92	5,24	0,5	5,3	3,4	0	3,9	9,3	13,2	70,4	10,5	80,5	41,4	1,3	13,3

O clima da região é, segundo Koppen, do tipo Cwa, caracterizado pelo clima mesotérmico úmido de verões quentes e invernos secos (Fietz & Fisch, 2008). Logo após o plantio, durante a

primeira semana choveu 74,3 mm, com temperatura mínima de 20,7°C e máxima de 30,8°C, as chuvas diminuíram e voltaram após um mês com mesma intensidade (70,4 mm), retornando com menos força no período de colheita (36,9 mm), quando a temperatura máxima atingiu 20,5°C e a mínima 10,5°C (Figura 2). Assim, o total acumulado durante o ciclo da cultura foi de 181,6 mm.

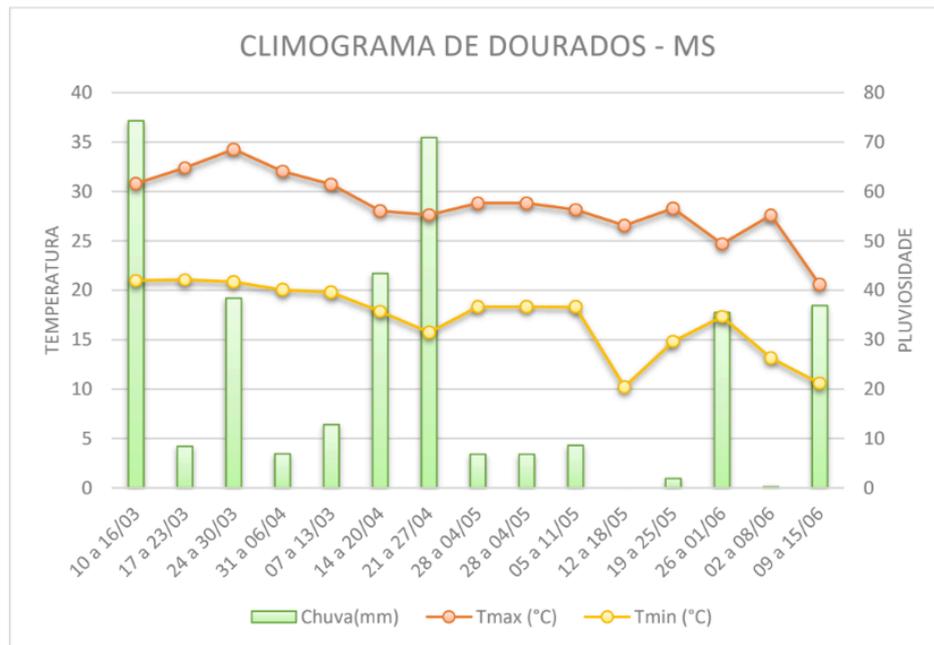


Figura 2 - Climograma durante o período do experimento segundo a estação climatológica da Embrapa Agropecuária Oeste (CPAO) de Dourados/MS.

#### 4.2 Genótipos em avaliação e delineamento experimental

Foram avaliados 19 genótipos de feijão carioca, sendo quinze linhagens pré-comerciais oriundas do cruzamento entre FEIS-L113 e carioca branco, e quatro testemunhas (IAC Imperador, IAC Formos, IAC Milênio e IAC Alvorada), como indicado na Tabela 2.

Os dezenove tratamentos foram repetidos em três blocos completos casualizados, totalizando 57 parcelas. Cada parcela foi constituída por quatro linhas de 4,0 metros de plantas com 40 covas em cada, considerando-se a área útil as duas linhas centrais.

O espaçamento entre linhas da parcela foi de 0,45 m e de 0,10 m entre as covas da linha. O espaçamento entre parcelas foi de 0,90 m e de 1 m entre os sub-blocos, havendo 2 m de distância entre cada bloco (Anexo 1). O total da área experimental foi de 31 x 21,6 m. Foi realizado o preparo mecanizado da área com as linhas de plantio é feita adubação por meio da

fórmula NPK 0-20-10 em dose de  $300 \text{ kg.ha}^{-1}$ . O plantio foi feito entre os dias 10 e 11 de março, e após 35 dias do plantio foram aplicados aproximadamente de 75 a  $100 \text{ kg.ha}^{-1}$  de ureia. No dia 5 de maio foi aplicado o fungicida Score na dose de  $1,5 \text{ mL.L}^{-1}$ .

Tabela 2 - Genótipos utilizados nos experimentos (nas condições após a colheita e pós-armazenamento).

<b>Genótipos</b>	<b>Cultivar</b>
1	Linhagem experimental
2	Linhagem experimental
3	Linhagem experimental
4	Linhagem experimental
5	Linhagem experimental
6	Linhagem experimental
7	Linhagem experimental
8	Linhagem experimental
9	Linhagem experimental
10	Linhagem experimental
11	Linhagem experimental
12	Linhagem experimental
13	Linhagem experimental
14	Linhagem experimental
15	Linhagem experimental
16 (IAC Imperador)	Cultivar
17 (IAC Formoso)	Cultivar
18 (IAC Milênio)	Cultivar
19 (IAC Alvorada)	Cultivar

### 4.3 Caracteres tecnológicos e nutricional avaliados

No Laboratório de Propriedades Físicas de Produtos Agrícolas da Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD) foram realizadas as avaliações tecnológicas com os grãos imediatamente após a colheita e após seis meses de armazenamento.

Os grãos foram mantidos fechados em embalagens tipo kraft e armazenados durante seis meses (junho de 2023 - dezembro 2023) em estufa tipo BOD, com uma temperatura média de 11,1°C. A sala onde a BOD se localiza estava com uma temperatura média de 28°C, no laboratório de melhoramento genético vegetal da faculdade de ciências biológicas e ambientais (FCBA), e antes das avaliações as embalagens foram retiradas da estufa para estabilização da temperatura com a condição ambiente para o início dos testes.

Os parâmetros de cor de luminosidade ( $L^*$ ), vermelho a verde ( $a^*$ ) e amarelo a azul ( $b^*$ ) foram determinados utilizando um colorímetro da Konica Minolta CR-410, com três repetições de cada parcela que foram colocadas em placas de Petri para leitura.



Figura 3 - Avaliação de parâmetros de cor dos grãos em colorímetro em linhagens de feijão-comum após seis meses de armazenamento. Dezembro, 2023.

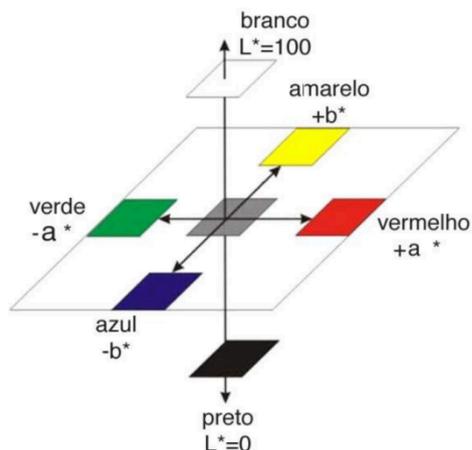


Figura 4 - Coordenadas colorimétricas no sistema CIELAB. Fonte: (Color, 2010).

A porcentagem de embebição de água antes do cozimento (PEANC) foi determinada de acordo com o método de Carbonell et al. (2003). Primeiramente foram pesados aproximadamente 30 g de grãos secos uniformes e inteiros (MS) de cada parcela, e posteriormente colocados em 100 mL de água destilada por 16 horas em temperatura ambiente (Figura 5). Após esse período, o material foi drenado e acomodado em papel toalha, para retirar o excesso de água (Figura 5), e posteriormente pesadas, obtendo-se a massa úmida (MU). A PEANC foi obtida conforme a equação abaixo:

$$PEANC = \frac{MU - MS}{MS} \cdot 100, \text{ em que:}$$

MU = Massa Úmida;

MS = Massa Seca



Figura 5 - Amostras de feijão no processo de hidratação para a análise de massa úmida, respectivamente.

A porcentagem de embebição de água após o cozimento (PEAPC) foi realizada de acordo com o método de Carbonell et al. (2003). O mesmo material utilizado em PEANC foi colocado para cozimento durante uma hora após início da fervura em um béquer com 100 mL de água destilada e a água evaporada foi repostada quando necessário. O aquecimento foi realizado com uma chapa aquecedora elétrica M239 (Figura 6). Após o período de cozimento, os grãos foram secos com papel toalha e pesados, obtendo-se a massa úmida após o cozimento (MUc). A PEAPC foi obtida conforme a equação a seguir:

$$PEANC = \frac{MU - MS}{MS} \cdot 100, \text{ em que:}$$

MU = Massa Úmida;

MS = Massa Seca

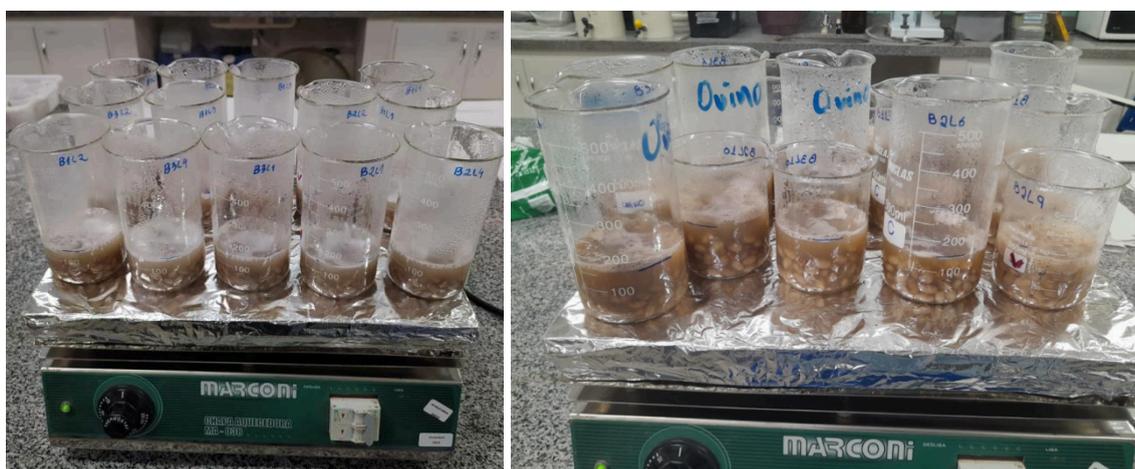


Figura 6 - Amostras sendo cozidas em chapa aquecedora para obtenção da massa úmida após o cozimento.

Os grãos cozidos de cada parcela foram separados em inteiros e partidos, e posteriormente pesados para o cálculo da porcentagem de grãos inteiros após o cozimento (PGI), conforme o método de Carbonell et al. (2003).



Figura 7 - Grãos sendo separados em inteiros e partidos e pesagem dos mesmos, respectivamente.

O teor de sólidos solúveis (BRIX) foi determinado a partir do caldo obtido no cozimento, com o auxílio de um refratômetro digital portátil MOD. RTD-95. Foi separado aproximadamente 10 mL do caldo de cada parcela para secagem em estufa, à 80 °C por 24 horas para obtenção do teor de sólidos totais (SOLT).



Figura 8 - Caldo obtido após o cozimento e avaliação de BRIX em refratômetro, respectivamente.

A análise de proteína foi realizada de acordo com o método Kjeldahl, conforme descrito por Silva e Queiroz (2009), e só foi realizada na análise pós armazenamento. As amostras foram realizadas em duplicata. O valor total de nitrogênio obtido foi multiplicado por 6,25 para a conversão em proteína.



Figura 9 - Moagem dos grãos em moinho de facas para a análise de proteínas e destilador utilizado para a análise, respectivamente.

#### 4.4 Análises estatísticas

Na análise dos resultados, foi realizada a análise de variância de acordo com o modelo estatístico de Cruz et al (2012):  $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \epsilon_{ij}$ , em que:

$Y_{ij}$ : valor da característica do  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo bloco;

$\mu$ : média geral do ensaio;

$g_i$ : efeito do  $i$ -ésimo genótipo ( $i = 1, 2, \dots, g$ );

$b_j$ : efeito do  $j$ -ésimo bloco ( $j = 1, 2, \dots, r$ ); e

$\epsilon_{ij}$ : erro aleatório associado ao genótipo  $i$  e ao bloco  $j$   $\epsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ .

Para os dados obtidos imediatamente após a colheita a variável porcentagem de grãos inteiros (PGI) não apresentou normalidade e homogeneidade das variâncias respectivamente pelos testes de Lilliefors e Bartlett. Assim, os dados desta variável foi transformada por  $\sqrt{x + 0.5}$ , para atingir os pressupostos para a análise de variância. A variável  $L^*$  mesmo após as transformações não apresentou homogeneidade das variâncias. As demais características analisadas apresentaram normalidade e homogeneidade de variâncias, não precisando de transformações.

Já para os dados obtidos após os seis meses de armazenamento, a variável  $L$  não apresentou homogeneidade da variância pelo teste de Bartlett, não sendo possível transformá-la para atingir os pressupostos. Já a variável BRIX e PEANC não apresentaram normalidade e homogeneidade das variâncias respectivamente pelos testes de Lilliefors e Bartlett, e foram transformadas por  $1/(x^2+k)$ .

As médias dos tratamentos de todas as variáveis foram comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% (Scott & Knott, 1974).

Para as análises multivariadas foi realizado as estimativas da distância generalizada de Mahalanobis (D2) por meio da expressão:

$$D_{ii1}^2 = \delta' \varphi^{-1} \delta$$

Em que:

$D_{ii1}^2$  é a distância de Mahalanobis entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$\varphi$  é a matriz da variância e covariâncias residuais;

$\delta$  [ $d_1, d_2, \dots, d_v$ ], sendo  $d_j = Y_{ij} - Y_i'j$ ;

$Y_{ij}$ : é a média do  $i$ -ésimo genótipo em relação a  $j$ -ésima variável.

O método de otimização de Tocher foi realizado a partir da matriz de distâncias de Mahalanobis, sobre a qual é identificado o par de linhagens mais similares. Essas linhagens formaram o grupo inicial (Cruz et al., 2014).

Para estabelecimento dos grupos a distância entre a linhagem  $k$  e o grupo formado pelas linhagens  $ij$  é dada por:

$$d_{(ij)k} = d_{ij} + d_{jk}$$

A inclusão, ou não, da linhagem  $k$  no grupo é, então, feita considerando:

Se  $\frac{d(\text{grupos})k}{n} \leq q$ , inclui-se a linhagem  $k$  no grupo;

Se  $\frac{d(\text{grupos})k}{n} > q$ , a linhagem  $k$  não é incluída no grupo.

Sendo  $n$  o número de linhagens que constitui o grupo original.

Para determinar a distância média intragrupo tem-se:

$$D_{ii1} = \frac{(2\sum_{j=1}^n > \sum_{j=1}^n d_{jj'})}{n(n-1)}$$

E para determinar a distância média intergrupo temos:

$$D_{ii1} = \frac{(2\sum_{j=1}^{n_1} > \sum_{j=1}^{n_2} d_{jj'})}{n_1 n_2}$$

Em que  $n_1$  e  $n_2$  são o número de genótipos dentro dos grupos  $i$  e  $i'$ , respectivamente. A distância média dentro do grupo é a média das distâncias entre cada par de genitores que o

constitui. Pelo critério adotado, esta distância é sempre menor que as distâncias médias intergrupos, que são obtidas pela média das distâncias entre pares de genótipos pertencentes aos diferentes grupos (Cruz et al., 2014).

O método de agrupamento hierárquico UPGMA é um método não ponderado, e, promove o agrupamento das linhagens avaliadas aos pares por média aritmética, que consiste em atribuir pesos iguais a cada indivíduo do grupo, calculando a similaridade média do indivíduo que pretende ser alocado ao grupo já existente (Cruz et al., 2011). O método identifica a distância de um grupo em relação aos demais indivíduos (Cruz et al., 2014), em que, a distância entre uma linhagem k e um grupo formado pelas linhagens i e j é dada por:

$$D_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{jk}}{2}$$

Em que,  $d_{(ij)k}$  é dado pela média das distâncias dos pares de linhagens (i e k) e (j e k), gerando uma nova matriz com esses valores reduzindo a dimensionalidade passo a passo. Com a construção do dendrograma, novas distâncias serão estimadas, de forma que, se uma linhagem k for incorporada a um grupo (ij), a distância deste novo grupo (ij.k) em relação a linhagem (l) ou a outro grupo (lm), é dada por:

$$D_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{jl} + d_{jk}}{3}$$

$$D_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{im} + d_{jl} + d_{jk}}{4}, \text{ e assim, sucessivamente.}$$

Todas as análises estatísticas deste trabalho foram realizadas no programa GENES (Cruz, 2013).

## **5. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **5.1 Análise de variância dos dados pós colheita e após seis meses de armazenamento.**

Para os caracteres tecnológicos das sementes após a colheita (Tabela 3), foi constatado que para a fonte de variação “genótipos” houve efeito significativo a 1% de probabilidade pelo teste F para as características L, A, B, PEAPC, PGI, SOLT e BRIX e significativo a 5% em PEANC o que indica a existência de variabilidade entre as 19 linhagens para estas características. Os coeficientes de variação experimental de L, A, B, PEANC e PEAPC foram baixos (<10%) e para PGI, SOLT e BRIX foram encontrados valores entre 10 e 20%, de precisão experimental mediana, segundo Pimentel Gomes (2000).

Já para os caracteres tecnológicos após armazenamento (Tabela 4), foi constatado que houve efeito significativo na fonte de variação de genótipos, sendo a 1% de probabilidade pelo teste F nas características L, A, B, PEAPC e PGI e significativo a 5% em PEANC, indicando que há variabilidade entre os genótipos. Já os coeficientes de variação experimental de L, A, B, PEANC e PEAPC foram abaixo de 10%, apresentando boa precisão experimental. As características SOLT e BRIX apresentaram coeficientes de variação maiores que 10%, considerados medianos, já PGI obteve maior que 20% .

Tabela 3. Estimativa dos quadrados médios, médias, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de caracteres tecnológicos avaliados em dezenove linhagens/genótipos de feijão carioca após a colheita. Jun/2023.

<b>Quadrados médios</b>									
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>L*</b>	<b>a*</b>	<b>b*</b>	<b>PEANC</b>	<b>PEAPC</b>	<b>PGI</b>	<b>SOLT</b>	<b>BRIX</b>
Genótipos	19	15.673**	1.895**	1.893**	6.032*	47.130**	2.422**	1.437**	0.881**
Blocos	2	1.173	0.588	2.485	7.933	37.887	1.546	0.215	0.134
Resíduo	36	3.498	0.209	0.458	2.692	6.572	0.521	0.375	0.030
Total	56								
CVe(%)	-	3.41	6.05	3.89	1.65	1.92	13.79	12.57	12.48
Média	-	54.81	7.56	17.40	99.64	133.57	23.56	4.87	4.41
<b>Parâmetros genéticos</b>									
$\sigma^2F$		5.224	0.632	0.631	2.011	15.710	0.807	0.479	0.294
$\sigma^2A$		1.166	0,070	0.153	0.897	2.191	0.174	0.125	0.101
$\sigma^2G$		4.058	0.562	0.478	1.114	13.520	0.634	0.354	0.192
$h^2(\%)$		77.68	88.96	75.80	55.37	86.06	78.51	73.91	65.54
CVg(%)		3.675	9.910	3.975	1.059	2.753	15.213	12.219	9.939
CVg/CVe		1.08	1.64	1.02	0.64	1.43	1.10	0.97	0.79

Coordenadas CIELAB (L, A B); porcentagem de embebedimento antes do cozimento (PEANC); porcentagem de embebição após o cozimento (PEAPC); porcentagem de grão inteiros (PGI); porcentagem de sólidos totais (SOLT); índice refratométrico (BRIX); coeficiente de variação experimental (CVe); variância fenotípica ( $\sigma^2F$ ); variância genotípica ( $\sigma^2G$ ); variância ambiental ( $\sigma^2A$ ); coeficiente de variação genética (CVg) e razão CVg/Cve. \*\*, \* e ns, significativo a 1%.

Tabela 4. Estimativa dos quadrados médios, médias, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de caracteres tecnológicos avaliados em dezenove linhagens/genótipos de feijão carioca após seis meses de armazenamento. Dez/2023.

<b>Quadrados médios</b>									
<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>L*</b>	<b>a*</b>	<b>b*</b>	<b>PEANC</b>	<b>PEAPC</b>	<b>PGI</b>	<b>SOLT</b>	<b>BRIX</b>
Genótipos	18	15.867**	0.000047**	2.444**	44.770*	182.511**	289.551**	1.567ns	0.000345ns
Blocos	2	0.713	0.000004	4.550	13.827	48.310	92.439	3.574	0.000918
Resíduo	36	4.236	0.000002	0.655	21.448	71.395	85.124	0.840	0.000187
Total	56								
CVe(%)	-	3.844	5.328	4.534	4.657	7.026	27.346	18.660	19.090
Média	-	53.545	8.561	17.859	99.433	120.257	33.738	4.912	4.821
<b>Parâmetros genéticos</b>									
$\sigma^2F$		5.289	0.855	0.814	14.923	60.837	96.517	0.522	0.418
$\sigma^2A$		1.412	0.069	0.218	7.149	23.798	28.374	0.280	0.282
$\sigma^2G$		3.876	0.785	0.596	7.774	37.038	68.142	0.242	0.136
$h^2(\%)$		73.298	91.886	73.164	52.093	60.881	70.601	46.389	32.557
CVg(%)		3.677	10.352	0.596	2.804	5.060	24.457	10.021	7.658
CVg/CVe		0.956	1.942	0.953	0.602	0.720	0.894	0.537	0.401

Coordenadas CIELAB (L, A B); porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC); porcentagem de embeбição após o cozimento (PEAPC); porcentagem de grão inteiros (PGI); porcentagem de sólidos totais (SOLT); índice refratométrico (BRIX); coeficiente de variação experimental (CVe); variância fenotípica ( $\sigma^2F$ ); variância genotípica ( $\sigma^2G$ ); variância ambiental ( $\sigma^2A$ ); coeficiente de variação genética (CVg) e razão CVg/CVe. \*\*, \* e ns, significativo a 1%, 5% e não significativo pelo teste F, respectivamente.

Na Tabela 5 estão apresentadas as médias das linhagens para as oito características tecnológicas avaliadas imediatamente após a colheita. Para a coordenada L\*, que testa o nível de luminosidade de 0 a 100, 3 linhagens apresentaram as menores médias (1, 8 e 14). De acordo com Ribeiro et al. (2008), cultivares com "L\*" superior a 55 têm maior valor no mercado, por estar associado a grãos recém colhidos e com cozimento mais rápido. Todas as testemunhas apresentaram a claridade superior a 55, assim como seis linhagens (L4, L5, L6, L7, L9 e L12).

A coordenada a\* (verde-vermelho) variou entre 5,78 (L6) e 8,74 (L8). Em Ribeiro et al. (2019) que testaram seis marcas comerciais de feijão carioca, o valor variou entre 4,04 e 7,18. A coordenada b\* variou entre 15,59 (L6) a 18,72 (L16) e de maneira geral foram próximas a média de 16,53 de marcas de feijão Carioca (Ribeiro et al., 2019).

A porcentagem de embebição antes do cozimento (PEANC) variou entre 97,09 e 101,63, com sete genótipos (L2, L3, L12, L13, L16, L17 e L18) apresentando as menores médias, sendo três cultivares. Na porcentagem de embebição após o cozimento (PEAPC), os valores variaram de 97,09 a 101,62, com cinco genótipos apresentando os maiores valores, incluindo as linhagens 5 e 15. Os valores foram inferiores aos encontrados por Perina et al. (2014) em média 103,50 para PEANC e 143,40 para PEAPC. A porcentagem de grãos inteiros variou entre dois grupos, com dez linhagens apresentando as maiores médias.

A porcentagem de sólidos totais (SOLT) presentes no caldo após o cozimento variou de 3,71 (L1) a 6,56 (L11). Já a porcentagem de sólidos solúveis (BRIX) variou de 3,53 (L15) a 5,60 (L11). Com isso, podemos observar a linhagem 11 sendo promissora nos dois respectivos testes de média.

Tabela 5 - Médias das coordenadas L, A, B, da porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embeбição após o cozimento (PEAPC), porcentagem de grãos inteiros (PGI), porcentagem de sólidos totais (SOLT) e sólidos solúveis (BRIX) de 19 linhagens/genótipos de feijão carioca imediatamente após a colheita. Dourados MS, março/2023.

Genótipos	L	A	B	PEANC	PEAPC	PGI*	SOLT	BRIX
1	49,69 b	8,33 a	17,27 b	99,77 a	126,36 d	26,64 a	3,71 b	3,60 b
2	53,69 a	7,94 b	18,61 a	98,33 b	127,70 d	23,25 a	4,31 b	4,17 b
3	54,79 a	7,81 b	17,58 a	97,18 b	129,24 d	39,89 a	4,57 b	4,47 a
4	55,92 a	7,30 b	16,85 b	100,32 a	133,91 b	15,23 b	4,19 b	3,93 b
5	55,42 a	6,92 c	17,03 b	100,51 a	139,91 a	27,66 a	5,08 b	5,10 a
6	55,82 a	5,78 d	15,59 b	101,63 a	133,45 b	30,81 a	4,45 b	4,67 a
7	56,48 a	7,77 b	18,38 a	100,31 a	135,01 b	29,46 a	4,49 b	4,40 a
8	49,95 b	8,74 a	17,35 b	101,02 a	132,29 c	20,61 b	4,84 b	4,67 a
9	55,02 a	7,46 b	17,01 b	100,99 a	132,34 c	9,54 b	5,24 b	4,97 a
10	54,60 a	7,59 b	17,93 a	101,62 a	135,57 b	15,83 b	4,90 b	4,67 a
11	54,88 a	7,24 b	17,45 b	100,61 a	128,63 d	43,24 a	6,56 a	5,60 a
12	55,79 a	7,64 b	17,73 a	98,54 b	134,77 b	17,82 b	5,85 a	4,83 a
13	54,43 a	7,98 b	17,94 a	97,09 b	132,64 c	13,00 b	5,15 b	4,37 a
14	52,31 b	8,36 a	17,04 b	99,97 a	133,57 b	24,00 a	6,03 a	4,73 a
15	53,98 a	8,12 a	18,19 a	99,47 a	137,87 a	20,82 b	4,36 b	3,53 b
16	55,85 a	8,65 a	18,72 a	98,64 b	136,95 a	21,19 b	5,05 b	3,73 b
17	56,08 a	6,02 d	16,35 b	98,86 b	139,27 a	30,68 a	4,82 b	4,30 a
18	59,03 a	6,78 c	16,90 b	97,73 b	129,86 d	23,57 a	4,31 b	3,77 b
19	57,78 a	7,29 b	16,69	100,69 a	138,57 a	14,32 b	4,64 b	4,37 a

Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade. \*Médias transformadas por  $\sqrt{(x + 0.5)}$ .

Na tabela 6, podemos observar as médias dos genótipos para as oito características tecnológicas avaliadas na condição de pós- armazenamento. Para a coordenada

L\*, que testa o nível de claridade de 0 a 100, foi verificado a formação de dois diferentes grupos, sendo as maiores médias as linhagens 18, 19 e 17, respectivamente, e as menores médias as linhagens 8, 1 e 14. Para a variável a\*, criou-se 3 grupos, sendo as linhagens com médias maiores L8, L16 e L1, e menores médias L6, L17 e L11.

Tabela 6 - Médias das coordenadas L, A, B, da porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embeбimento pós-cozimento (PEAPC), porcentagem de grãos inteiros (PGI), porcentagem de sólidos totais (SOLT) e sólidos solúveis (BRIX) de 19 genótipos de feijão carioca após seis meses de armazenamento. Dez/2023.

<b>Genótipos</b>	<b>L</b>	<b>A</b>	<b>B</b>	<b>PEANC</b>	<b>PEAPC</b>	<b>PGI</b>	<b>SOLT</b>	<b>BRIX</b>
1	49,69 b	9,36 a	17,80 b	93,20 a	116,27 b	26,12 b	5,06 a	4,93 a
2	52,59 b	9,25 a	18,99 a	97,56 a	112,78 b	35,73 b	6,57 a	5,93 a
3	53,66 b	9,24 a	18,78 a	95,69 a	115,78 b	50,33 a	5,30 a	5,13 a
4	54,78 a	8,14 b	17,18 b	94,54 a	17,43 b	26,74 b	4,90 a	4,86 a
5	54,79 a	8,04 b	17,60 b	94,90 a	111,50 b	48,04 a	4,64 a	4,46 a
6	55,23 a	6,24 c	15,41 c	97,27 a	114,18 b	42,96 a	4,11 a	4,30 a
7	54,87 a	8,82 a	18,90 a	98,77 a	121,68 a	45,42 a	3,75 a	3,83 a
8	48,91 b	9,49 a	17,69 b	101,29 a	96,61 c	43,84 a	4,01 a	4,20 a
9	52,17 b	8,76 a	17,51 b	99,61 a	124,15 a	16,85 b	5,51 a	5,90 a
10	53,27 b	8,58 b	18,51 a	101,97 a	126,64 a	33,68 b	4,13 a	4,16 a
11	52,81 b	7,89 b	17,37 b	103,28 a	126,13 a	40,53 a	5,74 a	5,66 a
12	55,63 a	8,71 a	18,59 a	99,64 a	123,37 a	26,90 b	4,74 a	4,63 a
13	53,34 b	9,19 a	18,53 a	100,74 a	123,00 a	29,63 b	4,72 a	4,56 a
14	50,64 b	9,27 a	17,93 a	110,59 a	126,82 a	34,04 b	5,73 a	5,56 a
15	51,55 b	9,29 a	18,54 a	101,07 a	124,73 a	32,24 b	4,88 a	4,86 a
16	53,35 b	9,40 a	18,53 a	99,04 a	125,79 a	27,97 b	4,50 a	3,90 a
17	55,85 a	6,53 c	16,49 c	101,05 a	127,10 a	31,17 b	5,00 a	5,10 a
18	57,57 a	8,14 b	17,43 b	97,50 a	122,39 a	34,64 b	4,28 a	4,26 a
19	56,61 a	8,25 b	17,48 b	101,10 a	128,48 a	14,12 b	5,70 a	5,30 a

Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Na Tabela 7 estão apresentadas as médias da variável teor de proteínas (%) para as 19 linhagens. Os valores oscilaram de 22,80 a 24,67, formando 4 diferentes agrupamentos. A linhagens que obtiveram as maiores médias foram a L5 (24,67), L2 (24,42) e L6 (24,37) respectivamente, sendo estatisticamente iguais entre si. Já as linhagens com as menores médias foram a L16 (22,80), L13 (23,17) e L18 (23,37), respectivamente, sendo as linhagens L13 e L16 iguais estatisticamente entre si e diferente estatisticamente da linhagem 18. O coeficiente de variação (CV%) obtido foi de 0,98, indicando alta precisão experimental.

As correlações entre características tecnológicas imediatamente após a colheita apresentaram três correlações genóticas positivas e significativas entre A x B (0,8858\*\*), PEANC x BRIX (0,6059\*\*) e SOLT x BRIX (0,70879\*\*). A maior correlação, entre os parâmetros A e B, indica que as características aumentam ou diminuem conjuntamente. Portanto, quanto mais avermelhado (+a\*) o grão, mais amarelado (+b\*) será. Por outro lado, quanto mais esverdeado (-a\*) o grão, mais azulado (-b\*) será. Foi obtida também uma correlação genotípica negativa e significativa entre L x A (-0,5767\*\*), indicando que quanto maior a luminosidade (L) menos avermelhado (a) (Tabela 8).

Entre as correlações fenotípicas negativas apenas a correlação L x B (-0,6035\*\*) é significativa, indicando que quanto mais claro o grão menor o valor na coordenada azul amarelo, ou vice-versa. As correlações fenotípicas positivas e significativas foram A x B (0,7234\*\*) e SOLT x BRIX (0,7581\*\*).

Tabela 7. Médias do teor de proteína, coeficiente de variação e valor de F testado de 19 genótipos de feijão carioca após seis meses de armazenamento. Dez/2023.

<b>Genótipos</b>	<b>Teor de Proteína (%)</b>
1	23,93 b
2	24,42 a
3	23,85 b
4	24,27 a
5	24,67 a
6	24,37 a
7	24,05 b
8	23,41 c
9	23,57 c
10	23,68 c
11	23,76 c
12	23,56 c
13	23,17 d
14	23,56 c
15	24,01 b
16	22,80 d
17	23,83 b
18	23,37 c
19	24,10 b
Média Geral	23,81
CV (%)	0,98
Valor de F	11,5653**

Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

Tabela 8 - Coeficientes de correlação fenotípica (F) e genotípica (G) entre as características coordenadas L, A, B, da porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embeбimento pós-cozimento (PEAPC), porcentagem de grãos inteiros (PGI), porcentagem de sólidos totais (SOLT) e sólidos solúveis (BRIX). Após colheita. Jun/2023.

		<b>A</b>	<b>B</b>	<b>PEANC</b>	<b>PEAPC</b>	<b>PGI</b>	<b>SOLT</b>	<b>BRIX</b>
L	F	-0,6035**	-0,1675	-0,1586	0,3875	-0,0546	0,0241	0,0050
	G	-0,5767**	-0,3553	0,0338	0,5070*	-0,0458	0,0281	0,0108
A	F		0,7234**	-0,1770	-0,2406	-0,2305	0,0528	-0,2432
	G		0,8858**	-0,3491	-0,2631	-0,2827	0,0170	-0,3673
B	F			-0,3679	-0,1124	-0,0936	0,0450	-0,2313
	G			-0,3888	-0,0619	-0,1624	0,0023	-0,3837
PEANC	F				0,2419	-0,0914	0,0837	0,3949
	G				0,3228	-0,3615	0,0727	0,6059**
PEAPC	F					-0,2611	0,0976	0,0219
	G					-0,2462	0,1234	0,0301
PGI	F						-0,2611	0,2044
	G						-0,2462	0,1824
SOLT	F							0,7581**
	G							0,7079**

\*\* e \* significativo a 1% e 5%, respectivamente, pelo teste T.

As correlações entre características tecnológicas após o armazenamento apresentaram seis correlações genotípicas positivas e significativas (Tabela 9) entre L\* x PEAPC (0,5988\*\*), a\* x b\* (0,9716\*\*), PEANC x PEAPC (0,5986\*\*), PEANC x BRIX (0,5714\*), PEAPC x SOLT (0,4639\*) e PEAPC x BRIX (0,5706\*). A maior correlação, entre os parâmetros a\* e b\*, indica que as características aumentam ou diminuem conjuntamente. Portanto, quanto mais vermelho (a\*) mais amarelado (b\*) o grão pode ficar. Por outro lado, quanto mais verde (-a\*) mais azulado (-b\*) o grão ficará. Foi obtida também cinco correlações genotípicas negativas e significativas entre L\* x a\* (-0,6542\*\*) L\* x b\* (-0,5461\*), PEAPC x PGI (-0,8059\*\*), PGI x SOLT (-0,743\*\*) e PGI x BRIX (-0,8652\*\*).

Entre as correlações fenotípicas negativas apenas as correlações L\* x a\* (-0,6084\*\*) e PEAPC x PGI (-0,5182\*) foram significativas, indicando que quanto menor o peso dos grãos após o cozimento, maior a porcentagem de grãos inteiros, ou vice-versa. As correlações fenotípicas positivas e significativas foram somente a\* x b\* (0,8374\*\*) e SOLT x BRIX (0,9368\*\*).

Tabela 9 - Coeficientes de correlação fenotípica (F) e genotípica (G) entre as características coordenadas L\*, a\*, b\*, da porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC), porcentagem de embeбimento pós-cozimento (PEAPC), porcentagem de grãos inteiros (PGI), porcentagem de sólidos totais (SOLT) e sólidos solúveis (BRIX) após armazenamento. Dez/2023.

		A	B	PEANC	PEAPC	PGI	SOLT	BRIX	PROT
L*	F	-0,6084**	-0,2568	-0,2351	0,3837	-0,0775	-0,1622	-0,2096	0,1793
	G	-0,6542**	-0,5461*	-0,2702	0,5988**	-0,0959	-0,2192	-0,4374	0,1834
a*	F		0,8374**	0,103	-0,1433	-0,0813	0,1519	0,0324	-0,3911
	G		0,9716**	0,1054	-0,2324	-0,1133	0,2998	0,1583	-0,4182
b*	F			0,0661	0,0786	0,0476	0,1222	-0,0408	-0,2627
	G			0,0621	0,0751	0,002	0,3354	0,0423	-0,3243
PEANC	F				0,4094	-0,1157	0,188	0,2272	-0,3995
	G				0,5986**	-0,3349	0,2954	0,5714*	-0,4462
PEAPC	F					-0,5182*	0,218	0,194	-0,2617
	G					-0,8059**	0,4639*	0,5706*	-0,3488
PGI	F						-0,3242	-0,321	-0,2625
	G						-0,743**	-0,8652**	0,3877
SOLT	F							0,9368**	0,2047
	G							1,1437	0,3486
PROT	F								0,2372
	G								0,4497

\*\* e \* significativo a 1% e 5%, respectivamente, pelo teste T.

## **5.2 Análises multivariadas imediatamente após a colheita e após seis meses de armazenamento.**

As medidas de dissimilaridade genética (Tabelas 10, 11 e 12), estimadas a partir da Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), apresentaram a presença de variabilidade genética para as linhagens avaliadas. A partir dessa distância, serão realizados os agrupamentos seguintes, baseado nas estimativas de Mahalanobis.

Tabela 10. Matriz de Divergência Genética entre 19 linhagens de feijão-comum após a colheita, baseado na distância generalizada de Mahalanobis. Jun/2023.

<b>Genótipos</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>10</b>
1	11,128	35,028	55,490	62,187	56,301	81,295	19,642	56,418	55,290
2		28,177	30,932	38,8016	54,586	44,130	10,049	30,969	25,200
3			42,129	38,021	69,062	40,710	31,626	67,030	59,912
4				23,672	53,472	16,026	22,903	11,642	11,603
5					34,821	27,434	29,271	33,556	19,343
6						94,520	60,015	47,048	54,695
7							34,333	40,092	21,609
8								22,869	17,189
9									<u>9,272</u>

Tabela 10. Continuação...

<b>Genótipos</b>	<b>11</b>	<b>12</b>	<b>13</b>	<b>14</b>	<b>15</b>	<b>16</b>	<b>17</b>	<b>18</b>	<b>19</b>
1	42,093	49,628	29,175	43,189	61,485	125,668	64,076	61,735	126,723
2	39,225	27,236	13,499	35,380	38,168	88,488	62,348	41,808	84,407
3	35,228	29,836	24,169	27,701	35,877	65,997	50,617	26,629	77,238
4	62,725	19,588	23,232	37,511	28,081	54,959	70,350	13,725	16,682
5	44,673	22,532	30,972	39,730	31,871	78,195	30,017	39,931	43,878
6	40,201	61,480	65,244	75,005	99,751	178,836	30,392	60,459	106,813
7	83,847	30,930	37,385	51,074	19,228	31,138	93,011	31,050	17,007
8	45,741	21,997	13,227	25,496	29,643	72,908	67,468	44,286	62,756
9	61,184	27,780	29,958	48,935	56,236	95,878	83,835	36,261	39,533
10	63,009	23,163	26,095	45,396	31,552	71,526	72,517	42,552	35,182
11		28,618	33,601	23,551	66,481	116,198	29,700	49,674	116,739
12			5,375	7,578	17,329	42,584	43,085	21,765	45,153
13				10,536	19,132	51,656	49,160	26,769	60,801
14					23,700	48,659	46,304	33,052	71,277
15						18,695	63,726	37,904	44,797
16							130,513	54,856	46,003
17								63,527	118,525
18									33,116

Tabela 11. Matriz de Divergência Genética entre 19 linhagens de feijão-comum após armazenamento, sem incluir o teor de proteína, baseado na distância generalizada de Mahalanobis. Dez/2023.

<b>Genótipos</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>10</b>
1	11,975	17,451	13,923	18,326	96,865	29,381	21,726	9,1629	26,185
2		6,740	27,282	16,775	100,345	11,632	12,939	15,773	12,068
3			22,337	8,276	106,866	8,118	14,893	22,014	17,886
4				8,686	73,314	32,862	43,624	11,948	36,485
5					65,605	15,550	24,628	18,909	23,576
6						93,321	114,815	82,519	76,965
7							21,544	21,328	8,944
8								35,006	23,920
9									22,234

Tabela 11. Continuação...

<b>Genótipos</b>	<b>11</b>	<b>12</b>	<b>13</b>	<b>14</b>	<b>15</b>	<b>16</b>	<b>17</b>	<b>18</b>	<b>19</b>
1	23,500	16,802	13,748	20,160	15,398	12,105	80,576	31,400	22,959
2	15,174	9,520	5,568	7,957	5,383	7,662	76,442	36,217	31,059
3	18,201	9,570	7,631	12,284	11,507	8,104	88,774	21,263	28,440
4	24,072	15,402	21,815	35,619	31,790	18,753	64,938	6,918	5,726
5	13,308	12,061	15,133	23,623	21,764	15,334	59,399	9,957	18,424
6	47,771	87,845	95,968	99,473	95,034	101,507	8,555	89,189	85,527
7	13,087	8,931	7,331	9,361	9,138	9,580	70,026	28,815	32,803
8	29,936	26,483	17,638	16,985	16,009	20,997	101,161	52,355	57,204
9	16,675	11,812	12,701	18,364	16,251	11,459	61,672	24,126	11,872
10	7,278	8,283	5,170	4,859	2,960	8,169	49,019	39,588	33,301
11		11,998	11,530	10,442	10,488	14,287	30,288	29,759	25,720
12			1,924	9,663	7,104	1,837	62,554	15,352	11,412
13				3,843	2,035	0,593	69,129	24,256	19,702
14					1,610	5,948	70,506	39,176	33,265
15						3,857	66,492	37,981	30,822
16							74,440	20,849	16,203
17								78,458	65,690
18									7,587

Tabela 12. Matriz de Divergência Genética entre 19 linhagens de feijão-comum após armazenamento, incluindo teor de proteína, baseado na distância generalizada de Mahalanobis. Dez/2023.

<b>Genótipos</b>	<b>2</b>	<b>3</b>	<b>4</b>	<b>5</b>	<b>6</b>	<b>7</b>	<b>8</b>	<b>9</b>	<b>10</b>
1	16,801	13,198	17,386	40,184	80,035	19,342	18,276	13,379	13,769
2		16,580	20,908	26,121	84,798	21,960	40,087	36,394	29,809
3			15,471	26,154	73,077	7,391	19,272	26,479	16,899
4				15,154	37,437	10,527	34,715	20,386	15,069
5					27,297	14,672	49,270	62,723	35,237
6						47,123	82,745	84,636	52,596
7							24,739	30,499	9,315
8								32,516	23,988
9									13,168

Tabela 12. Continuação...

Genótipos	11	12	13	14	15	16	17	18	19
1	21,640	17,754	19,575	18,071	6,525	39,766	53,486	45,558	35,382
2	30,674	33,875	47,022	25,039	11,104	79,248	68,932	69,491	35,161
3	22,656	15,034	20,493	20,442	10,782	40,451	56,038	29,334	33,458
4	13,675	15,156	30,661	21,679	12,430	56,758	26,601	25,811	12,465
5	28,580	49,855	72,520	48,347	28,634	110,682	43,733	62,001	46,414
6	34,773	77,419	102,264	80,437	68,076	140,325	18,801	74,437	72,474
7	15,581	16,841	28,154	21,342	9,152	53,541	37,378	30,762	30,741
8	34,297	29,491	25,445	26,773	23,304	43,766	67,729	46,244	61,922
9	18,294	7,829	9,438	11,012	14,273	25,379	39,419	28,356	19,430
10	6,380	9,549	15,054	12,449	7,298	35,811	23,288	29,917	28,388
11		18,931	28,527	14,956	13,189	54,873	11,868	36,088	28,221
12			4,269	13,403	14,134	16,674	38,400	11,978	14,415
13				16,902	21,384	5,841	54,412	17,116	30,389
14					7,719	38,902	45,449	36,939	21,131
15						47,202	43,499	42,354	24,396
16							81,240	23,199	50,990
17								44,451	41,348
18									24,898

Na Tabela 10, que retrata as 19 linhagens de feijão imediatamente após a colheita, foi possível observar variabilidade entre as linhagens de acordo com as distâncias obtidas nas combinações. As linhagens 6x16 (178,836), seguida pela combinação entre 16x17 (130,513) apresentaram as estimativas mais elevadas da distância generalizada de Mahalanobis, sendo os pares mais divergentes. A menor divergência foi observada entre os pares 12x13 (5,375), e 9x10 (9,272). A formação destes grupos é de fundamental importância na escolha dos genitores, pois as novas combinações a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades (Cruz et al., 2014).

Já na Tabela 11, após seis meses de armazenamento, as linhagens que apresentaram as estimativas de distância mais elevadas foram as linhagens 6x8 (114,815) e 3x6 (106,866), indicando maior divergência genética entre as 19 linhagens testadas. As menores distâncias entre as combinações foram vistas entre 13x16 (0,593) e 14x15 (1,610), ou seja, são linhagens geneticamente similares. Isto indica, que possíveis cruzamentos entre esses pares, resultarão em progênies com baixa expressão heterótica.

A Tabela 12 traz resultados oriundos da condição de pós- armazenamento, com o diferencial da inclusão da variável teor de proteína. As linhagens que se mostraram mais promissoras para a formação de cruzamentos, por serem geneticamente distantes entre si, foram 6x16 (140,325) e 5x16 (110,682).

Tendo um panorama geral das três condições avaliadas, as distâncias variam de 0,593 (na condição pós-armazenamento sem a inclusão do teor de proteína) até 178,836 (na condição pós-colheita). Isto indica que nas três condições, há uma alta possibilidade de cruzamentos entre pares mais distantes, que poderão gerar progênies com uma alta expressão heterótica, visando a variabilidade entre as 19 linhagens avaliadas.

Segundo a Tabela 13, na condição imediatamente após a colheita, as variáveis que apresentaram maior contribuição relativa foram a\* (vermelho-verde) e L\*, contribuindo com 25,47% e 23,85%, respectivamente. Já as variáveis que apresentaram as menores porcentagem de contribuição para a divergência genética foram b\* (amarelo-azul) e BRIX, com 2,83% e 3,69%, respectivamente. Na condição após o armazenamento, as variáveis com maiores contribuições foram a\* (71,28%) e L\* (9,05%). Como as variáveis b\* e PEANC não apresentaram contribuição nesta análise, foi realizada uma outra análise, retirando as duas variáveis. Na análise sem B e PEANC foi obtido o valor de 56,41% de contribuição para a variável a\*, sendo a que mais contribuiu nesta condição. No pós-armazenamento, incluindo a

variável teor de proteína, a mesma foi a que mais contribuiu relativamente com a divergência genética entre as características, apresentando porcentagem de 30,64%.

Tabela 13. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética testados de 19 genótipos de feijão carioca após colheita, após seis meses de armazenamento com e sem teor de proteína. Jun-Dez/2023. Dourados, MS.

<b>Porcentagem de contribuição relativa dos caracteres (%)</b>				
<b>Variáveis</b>	<b>Imediatamente após a colheita (jun/2023)</b>	<b>Após armazenamento (dez/2023)</b>	<b>Após armazenamento sem b* e PEANC</b>	<b>Após armazenamento com proteína</b>
L*	23,85	9,05	7,25	12,03
a*	<b>25,47</b>	<b>71,28</b>	<b>56,41</b>	28,04
b*	<b>2,83</b>	<b>0,0</b>	-	4,33
PEANC	7,06	0,0	-	2,91
PEAPC	13,63	6,95	9,99	5,59
PGI	10,20	8,11	14,70	9,84
SOLT	13,23	2,30	8,53	4,70
BRIX	3,69	2,28	<b>3,09</b>	<b>1,87</b>
PROT	-	-	-	<b>30,64</b>

Coordenadas CIELAB (L\*, a\*, b\*); porcentagem de embeбimento antes do cozimento (PEANC); porcentagem de embeбição após o cozimento (PEAPC); porcentagem de grão inteiros (PGI); porcentagem de sólidos totais (SOLT); índice refratométrico (BRIX), porcentagem de teor de proteínas (PROT).

Na Tabela 14 está apresentado o agrupamento formado utilizando o método de otimização de Tocher na condição pós-colheita. Formaram-se sete grupos, sendo o grupo I o mais numeroso, contemplando 52% das linhagens de feijão avaliadas. Os grupos V, VI e VII apresentaram as menores porcentagem de linhagens, com 5,26% cada.

Tabela 14. Grupos de genótipos de feijão-comum imediatamente após a colheita formados pelo método de agrupamento de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância de Mahalanobis. Jun/2023

<b>Grupos</b>	<b>Genótipos</b>	<b>% linhagens</b>
I	12 13 14 15 8 2 4 10 5 9	52,60
II	7 19	10,52
III	3 18	10,52
IV	11 17	10,52
V	6	5,26
VI	1	5,26
VII	16	5,26

Tabela 15. Grupos de genótipos de feijão-comum após o armazenamento sem inclusão da proteína, formados pelo método de agrupamento de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância de Mahalanobis. Dez/2023

<b>Grupos</b>	<b>Genótipos</b>	<b>% linhagens</b>
I	13 16 12 15 14 10 2 7 3 11	52,60
II	4 19 18 5	21,04
III	6 17	10,52
IV	1 9	10,52
V	8	5,26

A Tabela 15, referente a condição de após o armazenamento sem a inclusão do teor de proteína, evidencia que formaram-se cinco grupos, sendo os grupos I e II os mais numerosos, com 52,60% e 21,04% das linhagens, respectivamente. O grupo V apresentou somente 5,26% das linhagens no total.

Tabela 16. Grupos de genótipos de feijão-comum após o armazenamento com inclusão da proteína, formados pelo método de agrupamento de Tocher, com base na dissimilaridade expressa pela distância de Mahalanobis. Dez/2023

<b>Grupos</b>	<b>Genótipos</b>	<b>% linhagens</b>
I	12 13 9 10 14 15 1 11 3 7 4	57,86
II	6 17	10,52
III	5	5,26
IV	19	5,26
V	18	5,26
VI	8	5,26
VII	2	5,26
VIII	16	5,26

A Tabela 16 indica a dissimilaridade na condição após o armazenamento com a inclusão da variável teor de proteína, e com isso, formaram-se oito grupos, sendo o grupo I o mais numeroso contendo 57,86% das linhagens.

Essa metodologia utiliza-se do critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo formado deve ser menor que as distâncias médias entre grupos. Assim, ao final do processo obtém-se os agrupamentos e seus acessos contidos (Karasawa et al., 2005).

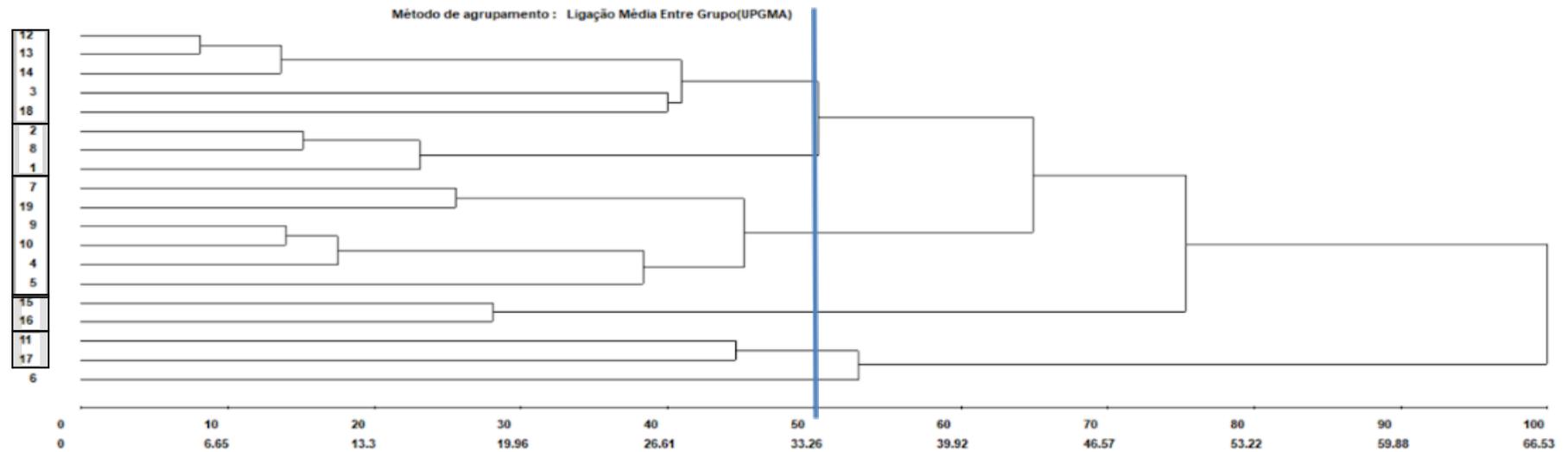


Figura 10. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, no período de recém colhidos (Jun/2023), em Dourados/MS. CCC= 0,578

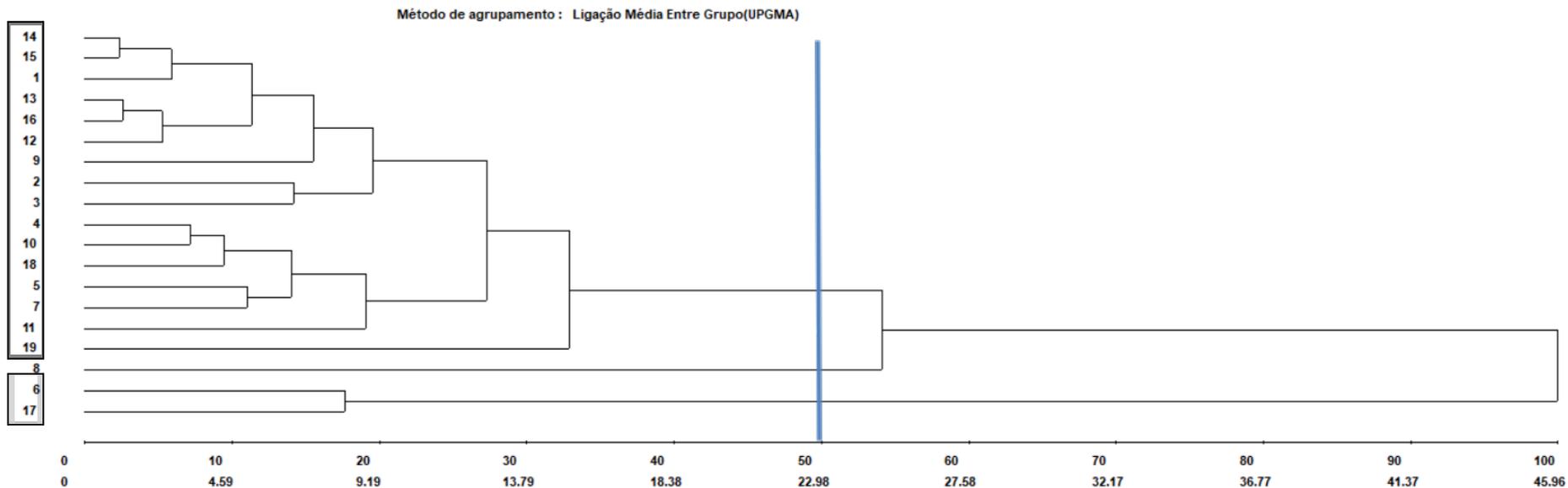


Figura 11. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, no período de após o armazenamento (Dez/2023), em Dourados/MS. CCC= 0,8458. \*Para este dendrograma, não foram utilizadas as características B, PEANC e PROT, devido a sua baixa contribuição relativa.

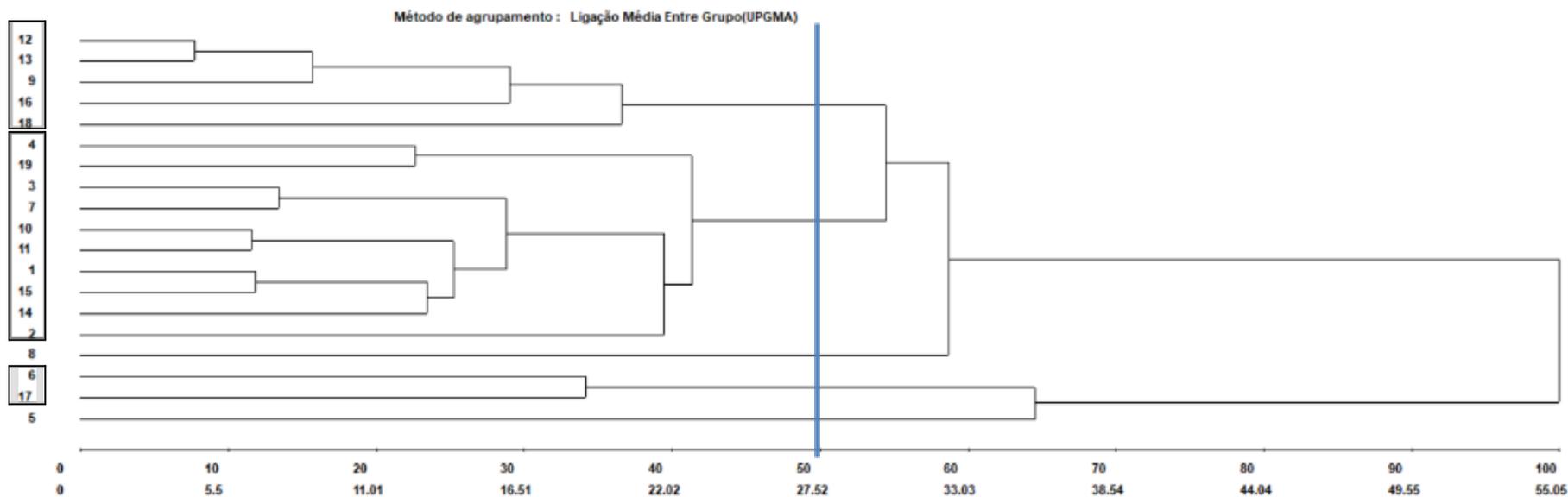


Figura 12. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 19 linhagens de feijão-comum, obtidas pela ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), a partir da medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, no período de após seis meses de armazenamento, incluindo em suas variáveis o teor de proteína (Dez/2023), em Dourados/MS. CCC= 0,6648

Pelo método de agrupamento UPGMA, o corte no dendrograma foi realizado considerando 50% de variabilidade genética, o que possibilitou a divisão das linhagens em grupos distintos (Figuras 10, 11 e 12). Esse critério foi definido considerando o conhecimento que se tem sobre os dados através da observação da mudança de níveis de agrupamento, conforme sugerido por Barroso e Artes (2003).

A Figura 10 refere-se à condição de pós-colheita, onde formaram-se seis grupos distintos. Os grupos que agrupam maiores quantidades de linhagens foram os grupos I e III. O grupo III, com 6 das 19 linhagens, uniu L7, L19, L9, L10, L4 e L5. O grupo I foi formado por 5 das 19 linhagens analisadas reunindo as linhagens L12, L13, L14, L3 e L18.

Na condição após o armazenamento (Figura 11), foi possível observar que formaram-se três grupos, sendo o grupo I o maior entre eles, reunindo 16 das 19 linhagens analisadas, e o grupo II reunindo apenas uma linhagem (8), e o grupo III contendo duas linhagens (6 e 17).

O resultado obtido na condição de pós-armazenamento com a inclusão da variável teor de proteína (Figura 12) resultou em cinco grupos distintos, sendo o grupo II o maior entre eles, contendo 10 das 19 linhagens analisadas, reunindo as linhagens L4, L19, L3, L7, L10, L11, L1, L15, L14 e L2. O segundo maior grupo obtido nesta condição foi o grupo I, reunindo 5 linhagens (L12, L13, L9, L16 e L18).

A correlação cofenética (CCC) indica a qualidade do agrupamento hierárquico representado no dendrograma. Quanto maior o valor da correlação, melhor a representação das relações entre as distâncias obtidas. Visto isso, a condição que melhor representou esses valores foi a condição após seis meses de armazenamento, sem as variáveis B, PEANC e PROT, obtendo uma correlação cofenética (CCC) de 0,8458.

## 6. CONCLUSÕES

As variáveis que apresentaram maiores mudanças após o período de armazenamento foram as variáveis de luminosidade (L e a\*), seguido do teor de proteína quando testado.

As linhagens de feijão mais divergentes e potenciais identificadas foram L6, L16 e L17 para a condição logo após a colheita. Para a condição após seis meses de armazenamento, as linhagens mais divergentes foram L3, L6 e L8. Com a inclusão do teor de proteína, as mais divergentes foram L5, L6 e L16. Concluindo, em uma visão geral das três condições avaliadas, as linhagens mais promissoras para a formação de cruzamentos, por serem geneticamente distantes entre si, foram L6 e L16.

Os caracteres que apresentaram a maior contribuição relativa para a divergência e diferenciação das linhagens foram para a condição inicial a variável a\* (vermelho-verde) e L, e o mesmo para a condição após o armazenamento sem a inclusão do teor de proteína. Já com a inclusão do teor de proteína, a mesma foi a que obteve maior contribuição relativa para a divergência genética.

As menores contribuições relativas no período de pós colheita foram B e BRIX, já no pós-armazenamento foram B e PEANC, sendo estas passíveis de descarte para fins de aferição de divergência genética entre as 19 linhagens.

## 7. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANTUNES, I. F. Feijão. in: BARBIERI, R. L.; STUMPF, E. R. T (Org). Origem e evolução de plantas cultivadas. Embrapa Informação Tecnológica, 2008.

AGHKHANI, M. H.; ASHTIANI, S. H. M.; MOTIE, J. B.; ABBASPOUR-FARD, M. H. Physical properties of Christmas Lima bean at different moisture content. *International Agrophysis*, Mashhad, v. 26, n. 4, p. 341- 346, 2012.

BONETT, L. P., BAUMGARTNER, M. S. T., KLEIN, A. C., SILVA, L. I. Compostos nutricionais e fatores antinutricionais do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Arq. Ciênc. Saúde Unipar*, Umuarama, v. 11, n. 3, p. 235-246, set/dez. 2007.

BELLUCCI, E. BITOCCHI, E.; RAU, D.; RODRIGUEZ, M.; BIAGETTI, E. et al. Genomics of Origin, Domestication and Evolution of *Phaseolus vulgaris*. In: TUBEROSA et al (Org). *Genomics of Plant Genetic Resources*. Springer Netherlands, 2014.

BRAGANTINI, C. Alguns aspectos do armazenamento de sementes e grãos de feijão. Santo Antonio de Goiás. Embrapa Arroz e Feijão. Folheto Infoteca Embrapa. p. 11, 2005.

BASSINELLO, P. Z.; COBUCCI, R. de M. A.; ULHÔA, V. G.; MELO, L. C.; DEL PELOSO, M. J. Aceitabilidade de três cultivares de feijoeiro comum. Santo Antônio de Goiás: EMBRAPA, 2003. 5 p. (Comunicado Técnico EMBRAPA, 66).

BUSSAB, W. D. O., MIAZAKI, É. S., & ANDRADE, D. F. Introdução à Análise de Agrupamentos. Associação Brasileira de Estatística.1990.

CORREA, A. M.; CECCON, G.; CORREA, C.M.A.; DELBEN, D.S. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. *Revista Ceres*, v. 59, n. 1, p. 88–94, jan. 2012.

CARBONELL, S.A.M.; CARVALHO, C.R.L.; PEREIRA, V.R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. *Bragantia*, v.62, p.369-379, 2003.

CRUZ, C. D., CARNEIRO, P. C. S., REGAZZI, A. J. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. Editora UFV, 4 ed, 2012.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *ActaScientiarum Agronomy*, 35 (3), 271-276, 2013.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Perspectivas para a agropecuária. Vol. 5, safra 2017/2018, Produtos de Verão. Brasília: 2017.

CLEMENT, C. R. Os centros de origem e diversidade de Vavilov e os recursos genéticos do Brasil. Revista RG News, Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, vol. 1, 2015.

COELHO, Jackson Dantas. FEIJÃO. Caderno Setorial ETENE, Fortaleza, v. 8, 2024. Disponível em: <https://www.bnb.gov.br/revista/etene/article/view/2622>. Acesso em: 28 de maio. 2024.

CARBONELL, S.A.M.; CARVALHO, C.R.L.; PEREIRA, V.R. Qualidade tecnológica de grãos de genótipos de feijoeiro cultivados em diferentes ambientes. *Bragantia*, v.62, p.369-379, 2003.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *ActaScientiarum Agronomy*, 35 (3), 271-276, 2013.

BARROS, M.; PRUDENCIO, S.H. Características físicas e químicas de diferentes variedades de feijão comum. *Semina: Ciências Agrárias, Londrina*, v. 37, n. 2, p. 751-762, 2015.

DALLA CORTE, A.; MODA-CIRINO, V.; SCHOLZ, M.B.S.; DESTRO, D. Environment effect on grain quality in early common bean cultivars and lines. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Maringá, v.3, n.3, p.193-202, 2003.

DERAL. Departamento de Economia Rural. Boletim Semanal\* – 17/2023 – 04 de maio de 2023. Disponível em: [https://www.agricultura.pr.gov.br/sites/default/arquivos\\_restritos/files/documento/2023-05/boletim\\_semanal\\_17\\_deral\\_04\\_mai\\_2023\\_0.pdf](https://www.agricultura.pr.gov.br/sites/default/arquivos_restritos/files/documento/2023-05/boletim_semanal_17_deral_04_mai_2023_0.pdf). Acesso em: 26 de maio 2024.

DESTRO, D. Capacidade de combinação de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) apropriados para o consumo humano. (Tese de Doutorado) Piracicaba: ESALQ, p.158, 1991.

FIETZ, C. R; FISCH, G. F. O clima da região de Dourados, MS. Embrapa Agropecuária Oeste, 2008.

HALLAUER, A.R.; CARENA, J.M.; FILHO, J.B.M. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa: The Iowa State University Press, p. 663, 2010.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Produção Agrícola Municipal, 2021. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/estatisticas/economicas/agricultura-e-pecuaria/9117-producao-agricola-municipal-culturas-temporarias-e-permanentes.html>. Acesso em: 19 de junho de 2024.

KNABBEN, C.C.; COSTA, J.S. Manual de classificação do feijão- instrução normativa nº 12, 28 de marco de 2008. Embrapa, Brasília, p.25, 2012.

KHATTREE, R.; NAIK, D.N. Multivariate data reduction and discrimination with SAS software. Cary, NC, USA: SAS Institute Inc., v. 1, p. 558, 2000.

KER, J.C. Latossolos do Brasil: uma revisão. Geonomos, vol 5, 1997.

LEGENDRE, P.; LLEGENDRE, L. Numerical Ecology, 2nd English, ed. Elsevier, p.853, 1998.

MISSIO, R.F.; MORAES, M.L.T; DIAS, L.A.S. Efeito do desbaste seletivo sobre a divergência genética em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. Scientia Forestalis, São Paulo, n.73, p.27-36, 2007.

NETO, J.M.M.; MOITA, G.C. Uma introdução à análise exploratória de dados multivariados. Química Nova. Teresina, v. 21, n. 4, 1997.

OLIVEIRA, T. C. Divergência genética e correlação entre caracteres de genótipos de sorgo sacarino na região de Cáceres. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres (MT), Brasil, 90 f., 2015.

OLIVEIRA, D. M.; N. M. B. VIEIRA.; SOUZA, H. C.; MORAIS, A. R.; PEREIRA, J.; Messias ANDRADE, M. J. B. Qualidade tecnológica de grãos de cultivares de feijão-comum na safra das águas. Semina: Ciências Agrárias, Londrina, v. 33, n. 5, p. 1831- 1838, 2012.

PIMENTEL GOMES, F. Curso de estatística experimental. 14. ed. Piracicaba: Degaspari, 2000. 477 p.

PADOVAN, M. P., LEONEL, L. A. K., CESAR, M. N. Z., OTSUBO, A. A., DE OLIVEIRA, F. L., MARIANI, M. A., & CAVICHIONI, I. Potencial da cultura do feijoeiro, submetido a manejo orgânico, na região de Dourados-MS. Revista Brasileira de Agroecologia, v. 2, n. 1, 2007.

PERINA, E.F.; CARVALHO, C.R.L.; CHIORATO, A.F.; LOPES, R.L.T.; GONÇALVES, J.G.R.; CARBONELL, S.A.M. Technological quality of common bean grains obtained in different growing seasons. Bragantia, Campinas, v. 73, n. 1, p.14-22, 2014.

PIRES, C.V.; OLIVEIRA, M.G.A.; ROSA, J.C.; COSTA, N.M.B. Qualidade nutricional e escore químico de aminoácidos de diferentes fontes protéicas. Ciência e Tecnologia dos Alimentos. Corpus et Scientia, v.26, p.179-187, 2006.

PIRES, C.V.; OLIVEIRA, M.G.A.; ROSA, J.C.; COSTA, N.M.B. Qualidade nutricional

e escore químico de aminoácidos de diferentes fontes protéicas. *Ciência e Tecnologia dos Alimentos. Corpus et Scientia*, v.26, p.179-187, 2006.

RADER, EVERSON. Caracteres tecnológicos e de produção na avaliação da diversidade genética de feijoeiros por técnicas multivariadas e redes neurais artificiais. 2018. Dissertação (mestrado) - Universidade Federal da Grande Dourados, 2018.

RIBEIRO, N.D.; MAMBRIN, R.B.; STORCK, L. et al. Combined selection for grain yield, cooking quality and minerals in the common bean. *Revista Ciência Agronômica*, v. 44, 2013.

RODRIGUEZ, M.; RAU, D.; BITOCCHI, E.; BELLUCCI, E. et al. Landscape genetics, adaptive diversity and population structure in *Phaseolus vulgaris*. *The New Phytologist*, vol. 209, 2016.

RIBEIRO, N.D.; CASAGRANDE, C.R. MEZZOMO, H.C.; KLASENER, G.R. & STECKLING. Consumer preference and the technological, cooking and nutritional quality of carioca beans. *Semina: Ciências Agrárias, Londrina*, v. 40, n. 2, p. 651-664, mar./abr. 2019.

RIBEIRO, N. D.; PEREIRA, M. G.; COELHO, K. S. & FREITAS JUNIOR, S. P. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Rev. Ceres, Viçosa*, v. 56, n.5, p. 580-590, set/out, 2009.

SANTOS, V. S., MARTINS FILHO, S., ALVES, R. M., RESENDE, M. D. V. AND SILVA, F. F. Genetic divergence among cupuaçu accessions by multiscale bootstrap resampling. *Bragantia, Campinas*, 74, 169-175, 2015.

SIMON, G.A.; KAMADA, T.; MOITEIRO, M. Divergência genética em milho de primeira e segunda safra. *Semina: Ciências Agrárias, Londrina*, v.33, n.2, p.449-458, 2012.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics, Washington*, v. 30, p. 507-512, 1974.

VIEIRA, C; VIEIRA, R.F. Épocas de plantio do feijão e proposta de nomenclatura para designá-las. *Revista Ceres*, vol. 42, 1995.

VILHORDO, B.W. Morfologia. In: ARAÚJO, R.S et al. (Org). *Cultura do Feijoeiro Comum no Brasil*. PATAFOS, 1996.

YOKOYAMA, L. P.; BANNO, K. KLUTHCOUSKI, J. A cultura do feijoeiro: aspectos conjunturais e socioeconômicos. *Embrapa Arroz e Feijão*, 1996.