



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E
MELHORAMENTO DE PLANTAS**

SELEÇÃO RECORRENTE PARA ALTAS CONCENTRAÇÕES DE FERRO E ZINCO EM FEIJÃO-COMUM DO GRUPO PRETO

MARCOS LOPES RODOVALHO

Orientador:
Prof. Dr. Helton Santos Pereira



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS
ESCOLA DE AGRONOMIA

TERMO DE CIÊNCIA E DE AUTORIZAÇÃO (TECA) PARA DISPONIBILIZAR VERSÕES ELETRÔNICAS DE TESES

E DISSERTAÇÕES NA BIBLIOTECA DIGITAL DA UFG

Na qualidade de titular dos direitos de autor, autorizo a Universidade Federal de Goiás (UFG) a disponibilizar, gratuitamente, por meio da Biblioteca Digital de Teses e Dissertações (BDTD/UFG), regulamentada pela Resolução CEPEC nº 832/2007, sem ressarcimento dos direitos autorais, de acordo com a [Lei 9.610/98](#), o documento conforme permissões assinaladas abaixo, para fins de leitura, impressão e/ou download, a título de divulgação da produção científica brasileira, a partir desta data.

O conteúdo das Teses e Dissertações disponibilizado na BDTD/UFG é de responsabilidade exclusiva do autor. Ao encaminhar o produto final, o autor(a) e o(a) orientador(a) firmam o compromisso de que o trabalho não contém nenhuma violação de quaisquer direitos autorais ou outro direito de terceiros.

1. Identificação do material bibliográfico

☒ Dissertação ☐ Tese ☐ Outro*: _____

*No caso de mestrado/doutorado profissional, indique o formato do Trabalho de Conclusão de Curso, permitido no documento de área, correspondente ao programa de pós-graduação, orientado pela legislação vigente da CAPES.

Exemplos: Estudo de caso ou Revisão sistemática ou outros formatos.

2. Nome completo do autor

Marcos Lopes Rodovalho

3. Título do trabalho

SELEÇÃO RECORRENTE PARA ALTAS CONCENTRAÇÕES DE FERRO E ZINCO EM FEIJÃO-COMUM DO GRUPO PRETO

4. Informações de acesso ao documento (este campo deve ser preenchido pelo orientador)

Concorda com a liberação total do documento ☒ SIM ☐ NÃO¹

[1] Neste caso o documento será embargado por até um ano a partir da data de defesa. Após esse período, a possível disponibilização ocorrerá apenas mediante:

a) consulta ao(à) autor(a) e ao(à) orientador(a);

b) novo Termo de Ciência e de Autorização (TECA) assinado e inserido no arquivo da tese ou dissertação. O documento não será disponibilizado durante o período de embargo.

Casos de embargo:

- Solicitação de registro de patente;
- Submissão de artigo em revista científica;
- Publicação como capítulo de livro;
- Publicação da dissertação/tese em livro.

Obs. Este termo deverá ser assinado no SEI pelo orientador e pelo autor.



Documento assinado eletronicamente por **Marcos Lopes Rodovalho, Discente**, em 16/07/2026, às 13:54, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 16/07/2026, às 18:30, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **6338509** e o código CRC **937D5726**.

Referência: Processo nº 23070.029564/2026-43

SEI nº 6338509

MARCOS LOPES RODOVALHO

Seleção recorrente para altas concentrações de ferro e zinco em feijão-comum do grupo preto

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, da Escola de Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas.

Área de concentração: Genética e melhoramento de plantas.

Orientador:

Prof. Dr. Helton Santos Pereira

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

Rodvalho, Marcos Lopes

Seleção recorrente para altas concentrações de ferro e zinco em feijão-comum do grupo preto [manuscrito] / Marcos Lopes Rodvalho. - 2026.

LXIX, 69 f.:

Orientador: Prof. Dr. Helton Santos Pereira

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Escola de Agronomia (EA), Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Goiânia, 2026.

Apêndice.

Bibliografia.

1. Phaseolus Vulgaris L.. 2. Biofortificação. 3. Diversidade Genética. 4. Marcadores SSR.

I. Pereira, Helton Santos, orient. II. Título.

CDU 633



UNIVERSIDADE FEDERAL DE GOIÁS

ESCOLA DE AGRONOMIA

ATA DE DEFESA DE DISSERTAÇÃO

Ata nº 46/2026 da sessão de Defesa de Dissertação de **Marcos Lopes Rodovalho**, que confere o título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, na área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas.

Ao segundo dia do mês de julho de dois mil e vinte e seis, a partir das oito horas e trinta minutos, no Auditório Professor Farnese Dias, realizou-se a sessão pública de Defesa de Dissertação intitulada “SELEÇÃO RECORRENTE PARA ALTAS CONCENTRAÇÕES DE FERRO E ZINCO EM FEIJÃO-COMUM DO GRUPO PRETO”. Os trabalhos foram instalados pelo Orientador, Doutor Helton Santos Pereira (Embrapa Arroz e Feijão), com a participação dos demais membros da Banca Examinadora: Doutora Nayana Valéria Costa (Embrapa Arroz e Feijão), membro titular externo e Professora Doutora Patrícia Guimarães Santos Melo (EA/UFG), membro titular interno. Durante a arguição os membros da banca **não fizeram** sugestão de alteração do título do trabalho. A Banca Examinadora reuniu-se em sessão secreta a fim de concluir o julgamento da Dissertação, tendo sido o candidato **aprovado** pelos seus membros. Proclamados os resultados pelo Doutor Helton Santos Pereira, Presidente da Banca Examinadora, foram encerrados os trabalhos e, para constar, lavrou-se a presente ata que é assinada pelos Membros da Banca Examinadora, ao segundo dia do mês de julho de dois mil e vinte e seis.

TÍTULO SUGERIDO PELA BANCA



Documento assinado eletronicamente por **Patricia Guimaraes Santos Melo, Professora do Magistério Superior**, em 02/07/2026, às 11:27, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Nayana Valéria Costa, Usuário Externo**, em 02/07/2026, às 11:31, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



Documento assinado eletronicamente por **Helton Santos Pereira, Usuário Externo**, em 13/07/2026, às 13:59, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no § 3º do art. 4º do [Decreto nº 10.543, de 13 de novembro de 2020](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://sei.ufg.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **6265090** e o código CRC **1D77D917**.

Referência: Processo nº 23070.029564/2026-43

SEI nº 6265090

“Notei, então, que a verdade ‘penso, logo existo’ era tão sólida e tão certa que nem mesmo as mais extravagantes suposições dos cétricos poderiam abalá-la”.

René Descartes

*A toda minha família,
em especial aos meus pais, Edivan e Valdirene.*

*Ao contribuinte brasileiro,
que por meio de impostos, subsidiou minha formação.*

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por tudo.

Ao meu pai, Edivan Xavier Rodovalho e minha mãe, Valdirene Lopes de Paiva, pelo amor incondicional, pela paciência, por todo apoio e incentivos depositados aos meus sonhos. Obrigado pelas palavras de motivação, combustível em todos os momentos.

Agradeço ao meu orientador, Dr. Helton Santos Pereira, a quem devo o conhecimento que obtive durante o mestrado. Sou grato pela confiança depositada em minhas mãos para a concretude desta dissertação e por se mostrar disposto e solícito sempre que o procurava. Obrigado pela paciência, por todos os conselhos e direcionamentos que foram essenciais para minha formação. O senhor é um exemplo de profissional que levarei durante a minha trajetória.

À Universidade Federal de Goiás (UFG), pelo seu empenho na formação de profissionais capacitados e por garantir um ensino público, gratuito e de qualidade aos seus estudantes. Agradeço também a todos os docentes do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UFG (PPGGMP-UFG), pelos ensinamentos transmitidos, essenciais na minha formação acadêmica e que, de forma muito significativa, ajudaram a construir o meu perfil de melhorista e geneticista de plantas. Em particular, agradeço à professora Dra. Patrícia Guimarães Santos Melo, que além de participar da banca examinadora da defesa, muito contribuiu com minha formação. Obrigado pela disposição e sugestões apresentadas neste trabalho.

À Embrapa Arroz e Feijão, essencial na minha formação profissional. Agradeço especialmente ao Dr. Leonardo Cunha Melo, pela minha acolhida no Centro Nacional de Pesquisa em Arroz e Feijão (CNPAP) e por todos os conhecimentos e incentivos transmitidos; à Dra. Paula Torga, pela cordialidade e acolhida. Quero agradecer também as equipes do laboratório de biotecnologia (Dra. Luana Rodrigues, Sylvana Costa e José Simião) e do setor de melhoramento do feijoeiro (Agnaldo Monteiro, Amarildo Martins, Antonino Moreira, Carlos Antônio, Celso Mendonça, Divino de Melo, Fernando Siqueira, Hamilton Vital, João Donizete, Juraci Augusto, Lázaro Cunha, Luci Teodoro, Mariana Cruzick, Sebastião Honorato), pelo apoio dedicado a este trabalho e pela convivência muito amistosa.

Agradeço à Dra. Nayana Costa, a quem tanto recorri quando tinha dúvidas. Obrigado por todo o conhecimento transmitido e pelo auxílio na execução deste trabalho. Seu profissionalismo e dedicação para com a pesquisa são inspiradores. Agradeço também ao Dr.

Vilmar de Araújo Pontes Júnior, pela convivência e por me acolher desde o início de minha passagem pela Embrapa Arroz e Feijão.

Aos amigos e companheiros que fiz na Embrapa: Adryelle, Amanda, Antonia, Wellinton, Ewellyn, Wendel Gabriel e João Pedro, pelos momentos de leveza. Agradeço também aos amigos de longa data: Lucas Guimarães, Jorge Mateus, Paulo Henrique, Eloysa Malaguti e Jéssika Regina, com os quais compartilhamos alegrias e dificuldades. Levarei para toda a vida nossa amizade.

Aos amigos que fiz no setor de melhoramento de plantas, em especial: Helena Mota, Moisés Rodrigues, Ana Cecília, Marcos Bruno, Michel Rodrigues, Felipe Pedroso, Eduardo Almeida, Ikio Aline, Kálita Cristina, Núbia Cassiana, Cristian Cordeiro, Frederico Madabula, Millene Gomes, Luciana Lopes, Emily Vasconez, Laryssa Reis, Demila Duarte, Lucas Peixoto, Camila Barros, Renato Gomide, Bruna Florêncio, Pedro Henrique, Bruce Kpade, Letícia Ribeiro e Vitória Lobianco.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Goiás (FAPEG) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Muito obrigado!

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	13
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	15
2.1	ASPECTOS GERAIS DA CULTURA	15
2.2	DEFICIÊNCIAS DE FERRO E ZINCO NA ALIMENTAÇÃO HUMANA ...	17
2.3	BIOFORTIFICAÇÃO	19
2.4	MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO-COMUM PARA FERRO E ZINCO	21
2.5	SELEÇÃO RECORRENTE	24
2.5.1	Parâmetros genéticos	27
2.5.2	Avaliação da variabilidade genética utilizando marcadores moleculares	30
3	MATERIAL E MÉTODOS	33
3.1	MATERIAL GENÉTICO	33
3.2	ANÁLISES ESTATÍSTICAS	35
3.2.1	Análise de variância individual	35
3.2.2	Análise de variância conjunta	36
3.3	AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES	38
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
5	CONCLUSÕES	53
6	REFERÊNCIAS	54
	APÊNDICES	64

RESUMO

RODOVALHO, M. L. **Seleção recorrente para altas concentrações de ferro e zinco em feijão-comum do grupo preto**. 2026. 66 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, 2023.¹

A deficiência de ferro e zinco na dieta humana é uma questão de saúde pública, pois atinge milhões de pessoas em todo o mundo. Para minimizar este problema, uma das alternativas viáveis é o desenvolvimento de cultivares capazes de acumular altas concentrações destes nutrientes nos grãos. Entretanto, o melhoramento para altas concentrações de ferro e zinco é complexo, em virtude da natureza quantitativa destes caracteres. O presente trabalho teve como objetivo avaliar concentração de ferro e zinco, variabilidade genética e caracteres agrônômicos desejáveis de progênies do ciclo I de seleção recorrente para altas concentrações de ferro e zinco em feijão-comum do grupo preto e selecionar genótipos superiores para a recombinação do próximo ciclo de seleção. A população avaliada neste estudo foi obtida por meio do inter cruzamento de 10 genitores, sendo 8 progênies selecionadas no primeiro ciclo de seleção recorrente para altas concentrações de ferro e zinco em feijão-comum do grupo preto, e duas linhagens. Foram avaliadas 30 progênies e quatro testemunhas (BRS Esteio, BRS FP417, CNFP 18133 e BRS Supremo) em Santo Antônio de Goiás - GO (inverno/2023) e Ponta Grossa - PR (águas/2023 e seca/2024). Os experimentos foram conduzidos em blocos completos casualizados com três repetições e parcelas de três linhas de três metros. Os caracteres avaliados foram: produtividade (kg ha^{-1}), massa de 100 grãos (M100 - g), concentração de ferro (CFe - mg kg^{-1}) e concentração de zinco (CZn - mg kg^{-1}). Os dados fenotípicos foram submetidos a análises de variância e parâmetros genéticos foram obtidos. As estimativas de divergência genética foram obtidas pela distância de Rogers modificada por Wright. Aplicou-se a análise de agrupamento pelo método UPGMA. Houve efeito significativo entre as progênies para os quatro caracteres avaliados. Os coeficientes de variação variaram de 4% a 14% e a estimativa de acurácia seletiva variou de 0,59 a 0,96, indicando boa precisão experimental. A estimativa de herdabilidade foi alta para produtividade (82%), M100 (96%) e CFe (79%), porém, baixa para CZn (43%). Os ganhos com a seleção direta foram de 9,5% para produtividade, 7,6% para M100, 4,6 para CFe e 2,4% para CZn. A seleção simultânea proporcionou ganhos de 2,9%, 3,6%, 2,3% e 1,3% para produtividade, M100, CFe e CZn, respectivamente. A análise de agrupamento discriminou as progênies em quatro grupos distintos. Foram selecionadas 10 progênies que serão utilizadas para recombinação e formação do novo ciclo. As progênies selecionadas apresentaram médias de 2.273 kg ha^{-1} (produtividade), 24,7 g (M100), 72,8 mg kg^{-1} (CFe) e 31,2 mg kg^{-1} (CZn), superando as médias da cultivar de referência BRS Supremo em todas as características avaliadas.

Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L., biofortificação, diversidade genética, marcadores SSR.

¹ Orientador: Prof. Dr. Helton Santos Pereira, Embrapa Arroz e Feijão.

ABSTRACT

RODOVALHO, M. L. **Recurrent selection for high iron and zinc concentrations in black common bean**. 2026. 69 p. Dissertation (Master's in Genetics and Plant Breeding) - School of Agronomy, Federal University of Goiás, Goiânia, Brazil, 2026.¹

Iron and zinc deficiency in the human diet is a public health issue, affecting millions of people worldwide. To minimize this problem, one viable alternative is the development of cultivars capable of accumulating high concentrations of these nutrients in the grains. However, breeding for high iron and zinc concentrations is complex due to the quantitative nature of these traits. This study aimed to conduct a recurrent selection program, obtaining common bean progenies of the black group with high iron and zinc concentrations, while maintaining genetic variability and desirable agronomic characteristics. The population evaluated in this study was obtained through the intercrossing of eight parents selected in the first cycle of recurrent selection for high iron and zinc concentrations in common bean of the black group, with two elite lines added to the crossing scheme. Thirty progenies were evaluated along with four controls (BRS Esteio, BRS FP417, CNFP 18133, and BRS Supremo) in Santo Antônio de Goiás - GO (winter/2023) and Ponta Grossa - PR (rainy season/2023 and dry season/2024). The experiments were conducted in a randomized complete block design with three replications and plots provided by three three-meter rows. The evaluated traits were: productivity (kg ha^{-1}), 100-grain weight (M100 - g), iron concentration (CFe - mg kg^{-1}), and zinc concentration (CZn - mg kg^{-1}). Phenotypic data were subjected to analysis of variance, and genetic parameters were obtained. Estimates of genetic divergence were obtained using the Rogers distance modified by Wright. Cluster analysis was applied using the UPGMA method. Through cluster analysis, the progenies were grouped into four groups. A significant effect was observed in the analysis of variance, highlighting the existence of genetic variability among the progenies for the four evaluated traits. The coefficients of variation ranged from 4% to 14%, and the selected accuracy estimate ranged from 0.59 to 0.96, decreasing good experimental precision. The heritability estimate was high for productivity (82%), M100 (96%), and CFe (79%), but low for CZn (43%). The gains from direct selection were 9.5% for productivity, 7.6% for M100, 4.6% for CFe, and 2.4% for CZn. Simultaneous selection provided gains of 2.9%, 3.6%, 2.3%, and 1.3% for productivity, M100, CFe, and CZn, respectively. Considering the molecular groups and phenotypic traits, 10 progenies were selected to be used for recombination and the formation of the new cycle. The selected progenies obtained averages of 2273 kg ha^{-1} (productivity), 24.7 g (M100), 72.8 mg kg^{-1} (CFe) and 31.2 mg kg^{-1} (CZn), exceeding the averages of the reference cultivar BRS Supremo in all evaluated classifications.

Keywords: *Phaseolus vulgaris* L., biofortification, genetic diversity, SSR markers.

¹ Advisor: Dr. Helton Santos Pereira - Embrapa Arroz e Feijão.

1 INTRODUÇÃO

A deficiência nutricional na dieta da população mundial é um fator preocupante. Ferro e zinco são micronutrientes essenciais para a manutenção adequada do organismo humano e das plantas. As deficiências de micronutrientes afetam aproximadamente 673,2 milhões de pessoas e constituem um sério problema de saúde humana (FAO, 2025). O ferro é o principal micronutriente em humanos e sua deficiência leva à anemia. A deficiência de zinco provoca retardo no desenvolvimento de crianças (Prasad, 2020). Diante disto, por ser uma leguminosa presente na dieta da maioria da população, o feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é essencial para o combate à subnutrição, tendo em vista que representa importante fonte de proteína e minerais.

O feijão-comum do tipo preto é amplamente consumido na China, Índia e Estados Unidos devido ao seu sabor único e aos seus potentes benefícios para a saúde, atribuídos ao seu alto teor de fitoquímicos, os quais são responsáveis pela sua elevada atividade antioxidante (Meenu et al., 2023). Além disso, o consumo de feijão-comum preto promove melhor controle glicêmico e diminuiu o risco de doenças cardiovasculares, devido alta presença de antocianinas, principalmente delfinidina, petunidina e malvidina (Mullins & Arjmandi, 2021).

No Brasil, o consumo médio per capita de feijão-comum em 2023 foi 12,8 kg hab⁻¹, ou 35 g dia⁻¹ (Embrapa, 2025). A cultivar BRS Supremo é o genótipo comercial do grupo preto com maiores CFe e CZn (Pereira et al., 2018). Com base em dados nutricionais, uma pessoa adulta necessita de 14 mg de ferro e 7 mg de zinco diariamente (Pereira et al., 2014). O consumo da cultivar BRS Supremo é capaz de fornecer cerca de 2,3 mg de ferro e 1,0 mg de zinco por dia para um adulto. Essa quantidade, teoricamente, seria capaz de suprir 16,7% e 14,4% das demandas diárias por ferro e zinco, respectivamente, desconsiderando-se informações sobre biodisponibilidade. A oferta desses minerais pode ser ampliada por meio do desenvolvimento de novas cultivares.

Estudos indicam que a concentração destes minerais em grãos é de herança quantitativa (Ribeiro & Maziero, 2024). O desafio de melhorar populações para esses caracteres é grande e exige uso de estratégias de seleção que permitam o progresso contínuo dos ganhos genéticos. A seleção recorrente é um processo no qual é possível de se obter progênies superi-

ores, que são selecionadas e recombinadas para o aumento da frequência alélica, mantendo uma parcela da variabilidade genética da população (Ramalho et al., 2024). Com efeito, um programa de seleção recorrente deve permitir o deslocamento da média do caráter sob seleção.

Para caracteres quantitativos e influenciados por muitos genes, concentração de ferro (CFe) e zinco (CZn) nos grãos, a seleção recorrente pode apresentar melhor resultado a longo prazo, por acumular progressivamente os alelos favoráveis (Vello & Nazato, 2017). Vários estudos foram realizados utilizando a seleção recorrente no melhoramento genético de feijão-comum (Pádua et al., 2021; Queiroz et al., 2021; Vieira Júnior et al., 2024; Lima et al., 2026). Apesar de ser uma abordagem muito difundida no melhoramento de plantas, os estudos que utilizaram a seleção recorrente para caracteres nutricionais ainda são incipientes

É necessário estimar continuamente os parâmetros genéticos das populações envolvidas no programa de melhoramento, uma vez que, a redução da variabilidade genética compromete os ganhos com a seleção. Diversas pesquisas têm reportado ganhos genéticos significativos no melhoramento de várias espécies por meio da seleção recorrente (Moraes Júnior et al., 2015; Silva et al., 2023; Sousa et al., 2025). Isto se dá principalmente devido à presença de variabilidade genética e pela eficiência na condução do programa de seleção de progênies superiores.

Para monitorar e quantificar a variabilidade genética, o uso de marcadores moleculares tem sido uma alternativa vantajosa, por revelarem diferenças a nível genético e sem levar em consideração as interferências causadas pelo efeito ambiental (Salgotra et al., 2023). Dados moleculares são comumente utilizados para a construção de uma matriz de dissimilaridade genética, que pode ser analisada para direcionar a seleção de progênies mais distantes geneticamente. No entanto, as progênies devem possuir altas médias associadas aos caracteres em seleção (Pereira et al., 2019). Diante disso, o processo deve ser criterioso no sentido de direcionar novos cruzamentos, o que subsidia um novo ciclo de seleção recorrente. O cruzamento de genótipos elite é uma estratégia fundamental para melhorar características quantitativas em um curto espaço de tempo, mas novas fontes de alelos precisam ser introduzidas regularmente no programa de melhoramento para a manutenção da diversidade a longo prazo (Amongi et al., 2023).

Posto isto, o objetivo deste trabalho foi avaliar concentração de ferro e zinco, variabilidade genética e caracteres agrônômicos desejáveis de progênies do ciclo I de seleção recorrente para altas concentrações de ferro e zinco em feijão-comum do grupo preto e selecionar genótipos superiores para a recombinação do próximo ciclo de seleção.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 ASPECTOS GERAIS DA CULTURA

O feijão-comum é uma leguminosa de grande importância, pois é um alimento básico em muitas regiões do mundo (Costa, et al., 2025). Essa cultura possui significativo valor nutricional na América Latina, África Ocidental e Austral, onde seu uso é principalmente como fonte de proteína (Altaf et al., 2025). No Brasil, é cultivado em todas as regiões e possui grande importância econômica e social, sendo a principal fonte de proteína vegetal na alimentação humana e rico em minerais como ferro e zinco, tornando uma cultura com alto potencial para biofortificação (Carloni et al., 2023).

Registros históricos indicam que o feijão-comum foi domesticado inicialmente na Mesoamérica e divergiu em dois *pools* genéticos distintos, sendo América Central, no México, e Andina, na América do Sul, no qual o processo de domesticação ocorreu de modo independente (Sadohara et al., 2023). Posteriormente, foi disseminado para a Europa através do Intercâmbio Colombiano (Altaf et al., 2025). As cultivares do grupo andino apresentam grãos com tamanho maior, como os do tipo branco, *cranberry*, *dark red kidney*, *jalo*, *light red kidney*, *rajado* e *sugar bean*. As cultivares do grupo América Central, por outro lado, apresentam grãos menores como os do tipo preto, carioca, mulatinho, *pinto*, rosinha, roxinho e vermelho (Rodrigues, 2018). Os processos de domesticação independentes desses dois conjuntos gênicos são caracterizados por barreiras reprodutivas parciais e geográficas, que refletem a forte diferenciação entre os acessos andinos e mesoamericanos em termos de suas características morfológicas, bioquímicas e moleculares (Almeida et al., 2020).

Em termos de concentrações de ferro e zinco, o germoplasma de feijão-comum dos *pools* genéticos andinos e centro-americanos apresentam maior variabilidade (Blair et al., 2010). A variabilidade observada é impulsionada por fatores genéticos e ambientais, como fertilidade do solo, absorção de nutrientes, armazenamento, temperatura e métodos de preparo dos alimentos (Nduwarugira et al., 2026). Blair et al. (2010) relataram que, os cruzamentos entre genótipos do *pool* gênico andino tendem a ter concentrações mais altas de microelementos do que os da Mesoamérica.

A produção mundial de feijão-comum está acima de 30 milhões de toneladas em aproximadamente 29 milhões de hectares (FAO, 2025). No Brasil, a cultura apresenta produção de 2,6 milhões de toneladas em 1,7 milhões de hectares, com produtividade média de 1,6 t ha⁻¹ (Embrapa Arroz e Feijão, 2024), em contraste com o potencial de produção de cultivares melhoradas de mais de 5.000 kg ha⁻¹ (Costa et al., 2025). A baixa produtividade se deve, em parte, a ampla gama de condições edafoclimáticas existente no país e a diversidade de tecnologias de cultivo adotadas pelos produtores (Martiniano Souza et al., 2021). A produção brasileira de feijão-comum está concentrada nas regiões Centro-Oeste, Sul e Sudeste, sendo responsáveis por mais de 90% da produção nacional (Embrapa Arroz e Feijão, 2024). Alguns estados da região Nordeste produzem feijão-comum, porém, parte da produção é realizada por agricultores familiares (Vale et al., 2024).

O Brasil possui três épocas distintas de plantio de feijão-comum, favorecendo assim uma oferta constante do produto ao longo do ano (CONAB, 2025). Desta forma, a primeira safra (águas) é semeada entre agosto e novembro, a segunda safra (seca) é semeada entre dezembro e março, e o feijão-comum de terceira safra (inverno) é semeado de abril a julho. Essa flexibilidade no calendário agrícola ajuda a mitigar os impactos de variações climáticas regionais e a manter a estabilidade no abastecimento.

No ano de 1985, a produção de feijão-comum foi de 2,5 milhões de toneladas. A safra das águas apresentou produção de 1,4 milhão de toneladas, representando 53% do total produzido. A safra da seca apresentou produção de 998 mil toneladas, com 40%. A safra do inverno, por outro lado, apresentou 80 mil toneladas, representando 3%. Em contrapartida, em 2024, a produção nacional de feijão-comum foi de 2,6 milhões de toneladas. A safra da seca apresentou maior produção, com 1,2 milhão de toneladas (46%), seguido da safra do inverno, com 809 mil toneladas (31%). A safra das águas ocupa a terceira colocação, com 611 mil toneladas (23%) (Embrapa Arroz e Feijão, 2024). Estes resultados demonstram que ocorreu maior disponibilização das produções de feijão ao longo do ano, diminuindo a dependência a apenas uma única safra (Alves, 2024). Esses efeitos também podem estar associados a maior diversificação de áreas ao longo do tempo.

Segundo Queiroz et al. (2021), o feijão-comum do grupo preto é o segundo mais consumido no Brasil, correspondendo a aproximadamente 20% do total de feijão-comum produzido anualmente. O consumo de feijão-comum de grão preto é maior nos estados Paraná, Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Rio de Janeiro e Espírito Santo (Aguilar et al., 2025). No ano de 2025, foram produzidas cerca de 811 mil toneladas deste grão, em 470 mil hectares

(CONAB, 2026), representando 30% da produção total de feijão, o que mostra aumento da importância do feijão preto nos últimos anos. Sua relevância no país é significativa tanto no aspecto econômico quanto no social. Segundo Aguiar et al. (2024), o Brasil comumente importa feijão-comum preto de outros países, como Argentina e China, em anos nos quais a produção não é capaz de suprir a demanda de consumo interno.

Quanto ao consumo de feijão-comum no Brasil, a preferência é pelos tipos de grãos carioca (cor creme com listras marrons), que representa em torno de 70% da produção brasileira (Pereira et al., 2019), enquanto os tipos especiais, como: jalo, rajado, roxo, rosinha e mulatinho, são direcionados a consumos específicos, atendendo principalmente nichos de mercados regionais e somam aproximadamente 10% da produção. Pereira et al. (2019) afirmam que, os programas de melhoramento genético brasileiros têm concentrado seus esforços principalmente no feijão-comum carioca e preto.

2.2 DEFICIÊNCIAS DE FERRO E ZINCO NA ALIMENTAÇÃO HUMANA

A deficiência de ferro e zinco é reconhecida como um problema de saúde em todo o mundo e pode ser fortemente influenciada pelas circunstâncias econômicas e pelos padrões alimentares (Huertas et al., 2023). Cerca de 841 milhões de pessoas ainda passam por grave insegurança alimentar e, somente no Brasil, aproximadamente 14 milhões de pessoas passam por este problema, o que significa que têm acesso insuficiente ou irregular a alimentos de qualidade, comprometendo sua saúde e nutrição (FAO, 2024).

Huertas et al. (2023) afirmam que, o acesso limitado de minerais como o ferro e zinco na alimentação humana está associado ao comprometimento de processos metabólicos e patologias como anemia, diversas doenças crônicas, imunidade enfraquecida e desenvolvimento retardado. Deficiências significativas desses minerais são comuns em países em desenvolvimento uma vez que, mais de 98% das pessoas desnutridas no mundo vivem nestas regiões (Ohanenye et al., 2021).

O feijão-comum é essencialmente um alimento rico em proteínas e com consideráveis CFe e CZn, o que tornou esse grão alvo de programas de melhoramento de plantas para combater a desnutrição (Izquierdo et al., 2024). Deste modo, uma premissa adotada por diversos programas de melhoramento genético para maiores concentrações de minerais é que, genótipos que contemplem altas CFe e CZn proporcionarão benefícios à saúde da população consumidora.

A deficiência de ferro e zinco afeta pessoas de todas as idades, no entanto, seus efeitos são maiores em gestantes e crianças. A baixa CFe no organismo é causada principalmente por necessidades fisiológicas aumentadas deste mineral, mas também é ocasionada por ingestão desbalanceada de ferro, ou por absorção patológica defeituosa, ou pela perda crônica de sangue (Camaschella, 2019). A necessidade de zinco para adultos varia de 8 mg dia⁻¹ a 11 mg dia⁻¹, mas gestantes e lactantes necessitam de 11 mg dia⁻¹ a 13 mg dia⁻¹. A necessidade de ferro é maior, variando de 12 mg dia⁻¹ a 28 mg dia⁻¹ para a maioria dos adultos, aumentando de 30 mg dia⁻¹ a 38 mg dia⁻¹ para gestantes e lactantes (Huertas et al., 2023). Esses dados evidenciam a vulnerabilidade de grupos em fases críticas do desenvolvimento, que possuem demandas nutricionais que muitas vezes não são supridas pela dieta convencional.

Um levantamento elaborado pela FAO (2024) mostrou que, 30% das mulheres com idades entre 15 e 49 anos apresentam anemia em decorrência da deficiência de ferro. Gattermann et al. (2021) avaliam que, no mundo ocidental, 10% a 15% das mulheres com a mesma idade apresentam este desbalanço nutricional. No Brasil, 16% do grupo apresenta esta condição (FAO, 2024). A deficiência de ferro no período pré-natal é algo que acomete cerca de três milhões de crianças (Governo do Brasil, 2023).

O ferro tem participação fundamental na síntese de hemoglobina. A maior quantidade de ferro é consumida para formação de 200 bilhões de eritrócitos diariamente (Camaschella, 2019). Além disso, o ferro é essencial para a manutenção de funções corporais como a regulação da temperatura corporal, dos sistemas gastrointestinal e imunológico. Alguns sintomas são característicos da deficiência deste micronutriente e são normalmente negligenciados, como: palidez, fadiga, perda de apetite e cansaço generalizado.

O zinco é um micronutriente associado à síntese de material genético (Huertas et al., 2023). Além disso, o mineral é um componente de mais de 300 enzimas e inúmeras outras proteínas, e desempenha múltiplos papéis no metabolismo ideal de ácidos nucleicos e proteínas, crescimento e diferenciação celular (Gupta et al., 2020). Os autores destacam que, a suplementação com zinco em populações com risco de deficiência do mineral, mostrou uma redução na incidência de parto prematuro, diminuição de infecção aguda do trato respiratório inferior, melhora do crescimento linear e ganho de peso em crianças menores de cinco anos de idade.

O fator econômico, em muitos casos, impede o acesso a essas estratégias, enquanto em países desenvolvidos a alimentação desequilibrada contribui para as deficiências nutricionais (Paixão et al., 2022). Muitas estratégias têm sido utilizadas para reduzir

deficiências nutricionais na população, como suplementação, fortificação e, mais recentemente, biofortificação genética de produtos alimentícios (Coelho et al., 2021), no qual, é foco deste trabalho.

2.3 BIOFORTIFICAÇÃO

A biofortificação se caracteriza pelo desenvolvimento de novas cultivares capazes de acumular altas concentrações de micronutrientes nas partes comestíveis (Huertas et al., 2023). A disponibilização de novas cultivares com altas concentrações de ferro (CFe) e zinco (CZn), agregadas aos adequados caracteres agronômicos contribui para o desenvolvimento do setor produtivo (Martins et al., 2023). A biofortificação genética está se tornando um caminho cada vez mais promissor, com avanços na biotecnologia genômica e recursos que permitem o uso de plantas editadas por genoma, bem como práticas de melhoramento tradicionais modernizadas e eficientes (Azeem et al., 2025), no entanto, para aumentar as chances de sucesso do programa de melhoramento, é necessário identificar e validar novos marcadores moleculares associados às CFe e CZn para sua incorporação em rotinas de seleção assistida por marcadores Carloni et al. (2023).

Nas últimas duas décadas, muitos esforços foram feitos para promover a biofortificação no feijão-comum, para aumentar a ingestão alimentar de ferro e zinco sem exigir nenhuma mudança de comportamento alimentar das pessoas que o consomem como parte de sua dieta diária. Entretanto, um aumento em CFe e CZn nos grãos não garante um efeito significativo para a saúde humana (Glahn & Noh, 2021), pois, micronutrientes podem ser perdidos durante o processamento e cozimento de alimentos devido a modificações químicas ou físicas, como lixiviação na água de cozimento (Cárdenas-Castro et al., 2020). Os autores destacam que, vários compostos antinutricionais, como ácido fítico (AP), polifenóis (PP), lectinas e taninos, foram descritos em feijões como os principais fatores que dificultam a bioacessibilidade e biodisponibilidade de ferro e zinco para o corpo humano.

As projeções futuras para a população e os impactos das mudanças climáticas são preocupantes em termos de aumento da insegurança alimentar (Huertas et al., 2023). Embora o crescimento populacional seja mais lento do que em qualquer outro momento desde a década de 1950, a previsão é que a população global será de cerca de dez bilhões de pessoas em 2050 (Huertas et al., 2023). As mudanças associadas a população e aos padrões climáticos terão impactos na qualidade nutricional de grãos de feijão-comum, fazendo-se necessário que o melhorista lance mão de estratégias eficientes de biofortificação (Duarte et al., 2025).

Um dos objetivos dos programas da revolução verde no Sul global após 1945 era aumentar a produção de alimentos na tentativa de aliviar a fome, por meio da introdução de variedades de culturas de alto rendimento, sistemas de irrigação amplamente disseminados e o uso extensivo de fertilizantes e pesticidas sintéticos (Harwood, 2020). O evento trouxe consequências, como aumento substancial dos rendimentos das colheitas e redução considerável dos níveis de fome. Por outro lado, ficou gradualmente evidente que a revolução promovia aumento da desigualdade social entre e dentro das regiões. Embora tenha disponibilizado alimentos a muitas pessoas, a revolução verde não conseguiu fornecer uma dieta diversificada, entretanto, proporcionou um maior consumo de calorias (John et al., 2021). Com efeito, a insuficiência de ferro e zinco na dieta humana deve ser mitigada por meio de alternativas viáveis à população.

Um dos fatores que podem causar baixa acumulação de nutrientes nos grãos, é condição inadequada de manejo do solo e choques climáticos, (Szerement et al., 2022). Além disso, ao aumentar o rendimento da produção dos grãos, sua concentração de nutrientes, especialmente proteínas e micronutrientes diminuem significativamente (Majzoob et al., 2023). O melhoramento de plantas concentra-se fortemente na maximização do rendimento das culturas. No entanto, essa ênfase abrangente na produtividade ocorreu, em grande parte, em detrimento da qualidade nutricional, particularmente no que diz respeito à concentração de mineirais essenciais para a saúde humana e do ecossistema (Wang et al., 2024).

A correlação genética entre CFe e CZn é positiva e de alta magnitude. Martins et al. (2016) relataram estimativa de 0,85 e Carloni et al. (2023), de 0,89. Por outro lado, a correlação genética entre CFe ou CZn e o rendimento foi negativa e de magnitude moderada. Essas associações podem ser explicadas pelo fato dos genitores possuírem altas CFe e CZn, porém, menor produtividade de grãos. Em termos práticos, essas associações negativas indicam que a produtividade deve ser avaliada durante o processo de desenvolvimento de linhagens com altas CFe e CZn, visando a seleção com fenótipos desejáveis para as características avaliadas (Carloni et al., 2023).

De acordo com Huertas et al. (2023), muitas estratégias têm sido usadas para superar deficiências de micronutrientes e melhorar o perfil nutricional de produtos alimentícios. Isso inclui diversificação alimentar, fortificação industrial de alimentos (suplementos alimentares), abordagens agronômicas (melhorias no solo), biofortificação implementando biotecnologia (engenharia genética) e melhoramento de plantas (melhoramento convencional).

Neste sentido, a seleção recorrente é uma estratégia adotada por diversos programas de melhoramento genético de várias culturas.

2.4 MELHORAMENTO GENÉTICO DO FEIJÃO-COMUM PARA FERRO E ZINCO

O desempenho de qualquer programa de melhoramento genético deve ser periodicamente submetido a análises críticas para desenvolver melhores métodos que otimizam a seleção. As estimativas de progresso genético são uma das variáveis utilizadas com esta finalidade. Neste sentido, Faria et al. (2013) avaliaram o progresso genético que o programa de melhoramento do feijão-comum da Embrapa obteve ao longo de 22 anos (1985 a 2006) e destacaram que os ganhos genéticos para produtividade do feijão-comum do grupo preto são de 1,1% (25,5 kg ha⁻¹) nas principais áreas produtoras de feijão-preto do Brasil.

Um dos objetivos do melhoramento genético de plantas é o contínuo aumento da produtividade através da obtenção de novas cultivares que atendam as demandas do mercado interno e externo (Ramalho et al., 2024). Contudo, o mercado consumidor tem apresentado novas exigências que têm direcionado os programas por outras linhas como a qualidade nutricional. Neste contexto, para o sucesso na seleção de genótipos superiores de feijão-comum para altas CFe e CZn, é necessário realizar a seleção simultânea de outros caracteres de importância econômica, como produtividade e massa de cem grãos (M100), com a finalidade de aumentar as chances de lançamento, aceitação e uso de uma nova cultivar (Carloni et al., 2023).

Neste contexto, a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) Arroz e Feijão coordena um programa nacional de melhoramento genético do feijão comum que abrange todas as áreas produtoras do país (Faria et al., 2013). A instituição trabalha no desenvolvimento de programas específicos para a biofortificação de vários tipos de feijão-comum, dentre eles, o de grão preto. O programa de melhoramento para altas CFe e CZn na Embrapa começou em 2003, com a introdução de linhagens e populações providas do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Como essa instituição possui parcerias com várias organizações de pesquisa globais, essa linha de pesquisa iniciou-se com a avaliação de linhagens introduzidas do CIAT e de acessos pertencentes ao banco de germoplasma da Embrapa Arroz e Feijão.

Na fase inicial de implantação do programa no Brasil, Pereira et al. (2014) avaliaram 53 linhagens, nos anos de 2007 e 2008, em diferentes locais e sob dois sistemas de irrigação. Os autores identificaram uma correlação genética moderada entre CFe e CZn nos

genótipos. Além disso, relataram um efeito significativo do ambiente na expressão fenotípica desses caracteres, tanto na condição de irrigação quanto em déficit hídrico. O estudo identificou as linhagens G 6492 e G 6490, ambas de grão preto, com potencial para serem utilizadas como genitores em programas de melhoramento genético que visam obter linhagens com altas CFe e CZn. A linhagem G 6490 superou a cultivar Pérola em 23% para CFe e 8% para CZn. Por outro lado, a linhagem G 6490 apresentou médias 10% e 12% acima para CFe e CZn, respectivamente, em relação a mesma testemunha. A cultivar Pérola, de grão carioca, possui alto padrão de qualidade de grãos comerciais no mercado brasileiro (Barros et al., 2023). Além destes genótipos, outros como: Xamego (grão preto), Iapar 65 (grão preto) e Bambuí (grão mulatinho) não apenas apresentaram características agronômicas desejáveis, mas também demonstraram altos valores médios, adaptabilidade e estabilidade para CFe (Xamego) e CZn (Iapar 65 e Bambuí).

Em 2011, foram realizados os primeiros cruzamentos na Embrapa, a partir das linhagens identificadas na etapa anterior. Quinze populações segregantes foram obtidas a partir de cruzamentos entre seis genitores de feijão-comum, sendo quatro muito adaptados as condições brasileiras (BRS Cometa, BRS Requite, BRSMG Majestoso e Porto Real), com grão tipo carioca, altas produtividade, CFe e CZn. Os outros dois genitores são linhagens introduzidas de outros países, G 2358 e G 14378, ambas com grãos brancos, com baixa adaptação às condições de cultivo no Brasil, mas com altas CFe e CZn. O esquema de cruzamentos foi em dialelo completo (Di Prado et al., 2019). As populações foram avaliadas considerando produtividade, M100, CFe e CZn. Foram selecionadas as populações BRS Requite x BRSMG Majestoso, Porto Real x BRS Requite e Porto Real x BRSMG Majestoso, pois apresentaram potencial para obtenção de linhagens.

Durante a safra das águas de 2014, Carloni et al. (2023) avaliaram linhagens obtidas das populações segregantes selecionadas por Di Prado et al. (2019), com o objetivo de estimar os parâmetros genéticos e validar os marcadores moleculares microssatélites associados a locus de características quantitativas (QTLs) para concentrações de Fe e Zn em grãos de feijão comum, visando a seleção de linhagens elite. Dentre os 20 marcadores utilizados, o marcador BM 154 apresentou maior eficiência de seleção (69,9%) (Carloni et al., 2023). Entretanto, para que este marcador seja utilizado em seleção assistida por marcadores (MAS), avaliações em outros ambientes são necessárias para confirmar a associação QTLs de concentração de ferro, visto que ele se mostrou útil em apenas um ambiente.

A partir de 2012, foram avaliadas as cultivares disponíveis no mercado, para CFe e CZn. Carloni et al. (2022) avaliaram 34 genótipos de diferentes tipos de grãos de feijão-comum, que incluíram linhagens do programa de melhoramento da Embrapa Arroz e Feijão, cultivares de diferentes instituições e cinco testemunhas, analisados em 19 ambientes. Os resultados mostraram que, BRS Sublime e BRS Cometa eram as cultivares com maiores CFe ($63,4 \text{ mg kg}^{-1}$ e $64,2 \text{ mg kg}^{-1}$) e CZn ($30,7 \text{ mg kg}^{-1}$ e $30,9 \text{ mg kg}^{-1}$), respectivamente. Os autores constataram que a cultivar BRS Supremo (grão preto), além de altas CFe e CZn, apresentou elevada M100 e alta produtividade de grãos. Além disso, destacou-se quanto à sua média de CFe ($64,4 \text{ mg kg}^{-1}$) e CZn ($31,7 \text{ mg kg}^{-1}$), sendo superior as médias da cultivar Pérola em 9% e 10%, respectivamente. A cultivar também apresentou elevada adaptabilidade e estabilidade para os caracteres avaliados.

Com o objetivo de determinar parâmetros genéticos para CFe e CZn em genótipos de feijão-comum, Muniz et al. (2016) avaliaram 140 linhagens elites com diferentes tipos de grãos, derivadas de diferentes cruzamentos. Os ensaios foram conduzidos em 2011 em cinco ambientes, utilizando um delineamento experimental em blocos completos casualizados com três repetições e parcelas de 4,0 m de comprimento com duas linhas. Com base nos resultados 17 genótipos com altas CFe e CZn foram selecionados, e testes de validação foram conduzidos para verificar a CFe e CZn nos grãos e os efeitos da interação de genótipos por ambientes. A linhagem CNFP 15701 (grão preto) apresentou superioridade em relação à testemunha Pérola para CFe e CZn em 14% e 25%, respectivamente. Outra linhagem que se destacou foi a CNFC 15865 (grão carioca), que apresentou médias 13% e 25% superiores, respectivamente, em relação à testemunha. Ambas as linhagens destacaram-se também por apresentarem alta adaptabilidade boa estabilidade fenotípica para ambos os caracteres.

Com o objetivo de agregar ganhos genéticos contínuos para CFe e CZn, a Embrapa Arroz e Feijão iniciou dois programas de seleção recorrente, sendo um para o grupo carioca e outro para o grupo preto. O ciclo inicial para o grupo preto (C_0) foi conduzido por Queiroz et al. (2021), no qual selecionaram oito progênies que foram recombinadas para a formação do primeiro ciclo de seleção. O presente trabalho insere-se fundamentalmente como a continuidade desta linha de pesquisa, com a condução do segundo ciclo de seleção (C_1), buscando avançar os ganhos genéticos para CFe e CZn e assegurar o potencial produtivo exigido pelo mercado de feijão-comum do grupo preto.

Beebe et al. (2000) afirmam que no banco de germoplasma do CIAT, há variabilidade o suficiente para aumentar CFe nos grãos em cerca de 80% e CZn, em cerca de

50%. Com relação ao germoplasma brasileiro, vários autores também identificaram variabilidade genética para CFe e CZn em grãos em populações de feijão-comum (Pereira et al. 2019; Melo et al., 2019; Carloni et al., 2023; Ribeiro & Maziero, 2024).

A possibilidade de aumentar CFe e CZn no feijão-comum por meio do melhoramento de plantas foi demonstrada pela existência de variabilidade genética e correlação entre essas duas características. Isso permite ganhos com a seleção e um aumento simultâneo na concentração de minerais no grão (Dias et al., 2020). Pereira et al. (2014) verificaram correlação de 0,62 entre CFe e CZn, avaliando linhagens de feijão-comum para ferro e zinco. A correlação positiva entre estes caracteres é importante para a seleção simultânea, o que possibilita a otimização em programas de melhoramento genético do feijão-comum. Embora a variabilidade fenotípica para CFe e CZn no feijão-comum tenha sido encontrada em programas de melhoramento com algum sucesso, o desenvolvimento de ferramentas genômicas é um caminho que provavelmente será útil para atingir os objetivos da biofortificação (Dias et al., 2020).

2.5 SELEÇÃO RECORRENTE

Ao longo do processo de melhoramento o genótipo é fixado, levando à perda substancial da variabilidade à medida que ocorre a seleção. Para atenuar este problema, foi proposta por F. H. Hull, na década de 1940, a seleção recorrente, no qual, trata-se de qualquer processo cíclico de melhoramento que envolve a obtenção de progênies, avaliação e recombinação das melhores. É necessária, sobretudo, uma população com diversidade genética e uma estratégia de seleção e recombinação que permitam o progresso com a seleção, sem exaurir a variabilidade (Ramalho et al., 2024).

De acordo com Ramalho et al. (2024), a seleção recorrente foi inicialmente proposta para plantas alógamas, mas seu emprego tem intensificado em culturas autógamas, como soja (Werner & Wilcox., 1990), arroz (Morais Júnior et al., 2017), trigo (Wang & Wilcox., 2009), feijão-comum (Beaver & Kelly, 1994), entre outras. O uso da seleção recorrente no melhoramento de plantas autógamas ocorre em virtude de o sistema de reprodução passar por sucessivas autofecundações. Isso provoca um isolamento das progênies selecionadas, não sendo possível aproveitar alelos favoráveis que estão em indivíduos diferentes, a não ser com novas hibridações.

O princípio da seleção recorrente é aumentar a frequência de alelos favoráveis e genótipos superiores, sem que haja perdas da variabilidade genética. Outro fator que implica a introdução da seleção recorrente no melhoramento de plantas autógamas, é que a maioria dos caracteres de interesse é controlada por vários genes e praticamente não existe linhagem que reúna todos os alelos favoráveis. Deste modo, segundo Ramalho et al. (2001), o modo mais eficiente de concentrar o maior número de alelos é por meio de ciclos sucessivos de seleção e recombinação das melhores progênies.

A etapa inicial da seleção recorrente é a obtenção das progênies, que começa na escolha dos genitores para a formação de uma população base (C_0), que é oriunda do intercruzamento entre genitores contrastantes. Estes parentais podem ser cultivares elite, materiais exóticos, cultivares obsoletas, entre outros. Neste sentido, para a formação da população base é necessário que os genitores possuam média alta associada à grande variabilidade genética para o caráter sob seleção (Vello & Nazato, 2017).

Na etapa de obtenção das progênies, procura-se obter uma ampla variabilidade genética inicial com a possibilidade de combinações alélicas favoráveis que serão a base para o início da seleção recorrente. A quantidade de genótipos pode variar de acordo com os objetivos do programa. Queiroz et al. (2021) utilizaram dez genitores para formação de uma população base em um programa de seleção recorrente para altas concentrações de ferro e zinco em feijão-comum com grãos pretos.

Quando se utiliza uma quantidade grande de genitores, o procedimento requer um número grande de cruzamentos e grandes tamanhos de população F_1 para evitar a perda dos alelos favoráveis dos genitores (Ramalho et al., 1993). Em geral, dez a vinte genitores é uma quantidade que atende grande parte dos programas de melhoramento. Uma quantidade além de vinte, é praticamente inviável, tendo em vista a quantidade exorbitante de combinações possíveis de cruzamentos a serem feitos. Menos que dez, a variabilidade entre os genitores é pouco explorada.

Escolhidos os genitores, a próxima etapa é definir como serão cruzados. Para os esquemas de recombinação, podem ser utilizados os dialelos completos, os parciais, e os esquemas circulantes, os quais permitem uma boa recombinação de alelos na população (Ramalho et al., 1993). A segunda etapa da seleção recorrente é a avaliação e seleção das progênies obtidas da população inicial. Esta etapa deve ser realizada, se possível, utilizando mais de um ambiente, a fim de identificar com maior rigor as progênies com maiores combinações alélicas. Além disso, avalia-se o efeito da interação de genótipos com ambientes.

Normalmente, a avaliação das progênes neste método de melhoramento consiste em um número grande de tratamentos, sendo fundamental para a estimativa da variabilidade genética, o número adequado de progênes avaliadas.

A fase de recombinação resulta na formação de um novo ciclo de seleção. Esta etapa proporciona o incremento de alelos favoráveis e novas combinações de genes presentes na população (Ramalho et al., 2024). Esta possibilidade não ocorre em outro método de melhoramento, pois, segundo Ramalho et al. (1993), se uma dada combinação genotípica não foi selecionada, não é possível sua recuperação, tendo em vista que o sistema de reprodução de plantas autógamas não permite o intercruzamento natural. Uma vantagem de se utilizar a seleção recorrente se dá pelo fato de possuir a fase de recombinação, tendo em vista que, plantas autógamas possuem base genética constituída por praticamente todos os locos em homozigose. Isso implica em pouca variabilidade durante o processo de melhoramento, pois, a fase de cruzamento entre os genitores é o único momento em que se obtém variabilidade.

Pires et al. (2014) desenvolveram um programa de seleção recorrente para arquitetura de plantas no feijão-comum, destacando a manutenção da variabilidade genética durante os ciclos cinco e oito de seleção. Observaram progresso genético tanto para características de arquitetura de plantas (1,62% por ciclo) quanto para produtividade de grãos (6,81% por ciclo) e que mesmo após oito ciclos, a população ainda apresentava variabilidade genética suficiente para favorecer o progresso genético.

A seleção recorrente também pode ser aplicada no melhoramento genético para resistência a doenças. Pádua et al. (2021) avaliaram a eficiência de um programa de seleção recorrente para o desenvolvimento de linhagens de feijão-comum resistentes à *Pseudocercospora griseola* (Mancha-angular). Os autores observaram redução de até 14,8% na severidade da doença por ciclo em condições controladas. Em campo, a redução da severidade foi de 5,3% por ciclo. A herdabilidade foi considerada alta em condições controladas (94,4%) e moderada em campo (66,4%).

Lima et al. (2026) avaliaram a eficiência de um programa de seleção recorrente para resistência à *Sclerotinia sclerotiorum* (Mofo-branco) em progênes de feijão-comum. Observou-se ganho com a seleção para produtividade, considerando a média dos isolados de 4,27%, reduzindo a média dos escores de severidade do mofo branco das progênes em 0,22 em cada ciclo de seleção recorrente realizado. A seleção recorrente mostrou-se eficaz na acumulação de alelos favoráveis à resistência ao mofo-branco. Ao longo de 13 ciclos de seleção, a variabilidade genética manteve-se alta entre as linhagens e as progênes.

No que tange o melhoramento para CFe e CZn em feijão-comum do grupo preto, utilizando a seleção recorrente, Queiroz et al. (2021) formaram uma população base utilizando os genitores Brasil 0001, BRS Esplendor, BRS Grafite, BRS Supremo, G6492, G6495, IAPAR 65, Milionário, Piratã 1 e Xamego. Inicialmente, os autores avaliaram 101 progênies obtidas na geração $C_0S_{0:1}$ e obtiveram médias de 71,4 mg kg⁻¹ para CFe e 39,4 mg kg⁻¹ para CZn, sendo inferiores aos valores médios da cultivar testemunha BRS Supremo (72,7 mg kg⁻¹ para CFe e 40,6 mg kg⁻¹ para CZn). A partir dos resultados obtidos, foram selecionadas 64 progênies com médias de 75,5 mg kg⁻¹ para CFe e 40,1 mg kg⁻¹ para CZn foram selecionadas para a formação da geração $C_0S_{0:2}$.

Considerando as médias de CFe e CZn obtidas nas duas gerações conjuntamente, foram selecionadas 27 progênies com maiores CFe e CZn, as quais, na geração $C_0S_{0:3}$, compuseram dois experimentos, incluindo três cultivares testemunhas: BRS Esteio, BRS Supremo e Xamego. As 27 progênies selecionadas apresentaram CFe variando de 75,4 mg kg⁻¹ a 91,4 mg kg⁻¹ e CZn variando de 37,3 mg kg⁻¹ a 45,6 mg kg⁻¹. Essas progênies apresentaram médias ainda maiores (81,6 mg kg⁻¹ para CFe e 42,4 mg kg⁻¹ para CZn), em relação à testemunha BRS Supremo (64,3 mg kg⁻¹ para CFe e 42,1 mg kg⁻¹ para CZn), que é a cultivar padrão para CFe e CZn disponível no mercado brasileiro (Pereira et al., 2018). Também foram avaliados outros caracteres, com importância comercial. Oito progênies foram selecionadas e apresentaram médias superiores aos da BRS Supremo (3,8% para produtividade, 5% para M100, 10% para CFe e 8% para CZn).

O estudo de Queiroz et al. (2021) concluiu que a população apresenta alta variabilidade genética e potencial para geração de linhagens superiores. A seleção possibilitou a obtenção de linhagens a partir das oito progênies selecionadas no primeiro ciclo, que foram avaliadas quanto CFe e CZn e outros caracteres de importância agrônômica e comercial e posteriormente, avaliadas em ensaios multilocais.

2.5.1 Parâmetros genéticos

As estimativas de parâmetros genéticos são informações necessárias para programas de melhoramento do feijão-comum, incluindo programas de biofortificação, pois subsidiam a seleção (Muniz et al., 2023). Neste sentido, para um programa de melhoramento bem-sucedido, parâmetros genéticos relacionados aos caracteres de interesse devem ser investigados para permitir a identificação de linhagens superiores (Ramalho et al., 2012).

É evidente que a análise de características quantitativas é um desafio para o melhoramento de plantas em geral, devido à complexidade genética envolvida no controle destes caracteres. A concentração de minerais em grãos, sendo um caráter quantitativo (Ribeiro et al., 2024), é muito influenciada pelas variações ambientais e suas interações com o genótipo. Alguns estudos, no entanto, detectaram esse efeito da interação de genótipos por ambientes apenas para CZn ou CFe; alguns não detectaram evidências significativas de interação, seja para CFe ou para ambos os minerais (Ribeiro et al., 2025; Blair et al., 2011), o que sugere um possível padrão de herança monogênico para o zinco (Cichy et al., 2005; Pereira et al., 2014).

A herdabilidade, que mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (Carloni et al., 2023), é um dos parâmetros genéticos mais importantes uma vez que, possibilita a estimativa da variação fenotípica que pode ser herdada. Martins et al. (2023), avaliando parâmetros genéticos relacionados à qualidade nutricional e agrônômica de linhagens de feijão-comum, detectaram estimativas de herdabilidade em 77% para CFe e 79% para CZn, 74% para produtividade, 73,5% para massa de 100 grãos e 67% para acamamento de plantas. Buratto et al. (2017), ao estimarem as variâncias genéticas e herdabilidade para predição dos ganhos genéticos de um programa de melhoramento para enriquecimento nutricional do feijão-comum, obtiveram herdabilidade variando de 29% a 62%. Um estudo feito por Lamptey et al. (2023) no qual, se determinou o modo de ação genética e o avanço genético das concentrações de ferro e zinco, obtiveram herdabilidade variando de 53% a 75% para CFe e 21% a 46% para CZn.

Carloni et al. (2023) detectaram estimativa de herdabilidade para CFe em linhagens de feijão-comum do tipo carioca de 70% e variou de 59% (BRS Requite x G 2358) a 69% (BRS Requite x Porto Real), o que indica maior possibilidade de sucesso com a seleção de linhagens da população BRS Requite x Porto Real. Este parâmetro varia em função das condições ambientais em que foram obtidas. O ambiente desuniforme pode contribuir para a redução da herdabilidade ao passo que, quanto mais uniforme o ambiente, maior será o valor desta estimativa. Queiroz et al. (2021) obtiveram, com base nas análises conjuntas, estimativa de herdabilidade de 59% para CFe e 67% para CZn e 94% para massa de cem grãos. Esses resultados evidenciam o elevado potencial do programa de seleção recorrente para altas CFe e CZn em feijão-comum do grupo preto.

A estimativa do ganho esperado com a seleção é muito importante nos programas de melhoramento de diversas espécie e depende diretamente da intensidade de seleção, pois, se o valor da intensidade for elevado, a recombinação das progênes pode ser prejudicada para

futuros ciclos de seleção, mesmo diante alta variabilidade genética. Queiroz et al. (2021) adotaram intensidade de seleção em 30% das melhores progênies. Os ganhos com a seleção direta levam em consideração cada caráter isoladamente, o que limita o sucesso com a seleção, tendo em vista que os programas de melhoramento lançam mão de diversas características durante a seleção de genótipos superiores. A seleção simultânea para múltiplos caracteres pode maximizar os ganhos genéticos, pois avalia todas as variáveis conjuntamente (Queiroz et al., 2021).

Carlioni et al. (2023) obtiveram ganho esperado com a seleção de 14,7% para produtividade, 4,9% para M100 e 7,1% para CFe e de 5,2% para CZn na população BRS Requite x G 2358. Ao estudar a população BRS Requite x Porto Real, os autores constataram ganhos de 5,5% para CFe e 3,6% para CZn. Além disso, os ganhos para produtividade e M100 foram de 14,2% para ambos os caracteres. Queiroz et al. (2021) obtiveram ganho esperado com a seleção em 3,5% para CFe e 3,0 para CZn, o que evidencia o potencial de seleção de progênies com maiores concentrações destes minerais e com características agrônômicas fenotipicamente favoráveis. O ganho esperado com a seleção destacou-se também em outras características para M100 (7,4%) e rendimento de grãos (21,4%).

Queiroz et al. (2021) relataram ganhos com a seleção simultânea de progênies em 2,7% para CFe; 2,3% para CZn; 3,8% para produtividade e 1,0% para M100. Estes valores implicam à importância de se realizar a seleção simultânea para outros caracteres, quando se trata de alta CFe e CZn. Considerando cada caráter isoladamente, os ganhos com a seleção das oito progênies selecionadas em C₀ foram de: 10% superiores em CFe, 8% em CZn, 5% em massa de cem grãos e 11% em rendimento grãos em relação à BRS Supremo.

Quando modelos estatísticos que consideram a variância genética são utilizados na seleção de genótipos de feijão-comum para altas concentrações de minerais, não se espera que ocorram erros na diferenciação dos genótipos (Ribeiro et al., 2020). Queiroz et al. (2021) detectaram variabilidade genética entre 27 progênies selecionadas, com CFe variando de 75,4 mg kg⁻¹ a 91,4 mg kg⁻¹ e CZn variando de 37,3 mg kg⁻¹ a 45,6 mg kg⁻¹, as quais, na geração C₀S_{0.3}, compuseram dois experimentos, incluindo três cultivares testemunhas: BRS Esteio, BRS Supremo e Xamego. O resultado mostra que ainda existe a possibilidade de selecionar progênies com maiores concentrações desses minerais para recombinação e formação de um novo ciclo de seleção recorrente.

2.5.2 Avaliação da variabilidade genética utilizando marcadores moleculares

Estudos de diversidade genética são importantes para programas de melhoramento, pois fornecem informações valiosas para a conservação e aplicação eficazes de germoplasmas existentes (Özkan et al., 2022). Nos últimos anos, marcadores moleculares têm sido utilizados para avaliar a variabilidade genética em plantas. Marcadores são traços variáveis hereditários que indicam as diferenças genéticas subjacentes entre genótipos, populações, táxons superiores ou espécies. O desenvolvimento de marcadores moleculares se baseia no polimorfismo encontrado no DNA ou em proteínas. Polimorfismos de DNA surgem como resultado de uma mutação e são geralmente referidos pelo tipo de mutação que os criou (Turchetto-Zolet et al., 2017). Os autores destacam que, os marcadores de DNA são divididos em três categorias principais: os baseados em hibridização, os baseados em PCR (*Polymerase Chain Reaction*) e marcadores baseados em sequenciamento.

A principal vantagem dos marcadores moleculares é que qualquer pequena amostra de material vegetal pode ser utilizada para análise da diversidade genética. Muitos tipos de marcadores, como DNA polimórfico amplificado aleatoriamente (RAPD), sequência de repetições inter-simples (ISSR), polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado (AFLP), repetições de sequência simples (SSR), polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs), podem ser utilizados para a detecção da diversidade genética em feijão-comum (Özkan et al., 2022). Marcadores de microssatélites (SSR) são ideais para a análise, por serem abundantes e amplamente distribuídos no genoma, herdados de forma codominantes, altamente polimórficos e repetíveis.

Em virtude dos marcadores não serem afetados por fatores ambientais, eles são caracterizados como uma importante ferramenta para a análise da diversidade genética em muitas culturas, como o feijão-comum (Özkan et al., 2022). Com efeito, os dados gerados por marcadores moleculares em conjunto com a avaliação fenotípica, pode contribuir como uma estratégia para maximizar a variabilidade presente nas populações a serem geradas e assim, maximizar a chance de obter ganhos genéticos para os diversos caracteres visados para seleção durante as etapas seguintes do programa de melhoramento (Pereira et al., 2019).

Dentre as principais técnicas de análise genética por marcadores moleculares, tem-se marcadores do tipo SSR, que são baseados na amplificação por PCR de regiões específicas do genoma utilizando um par de *primers* específicos. Trata-se de um marcador abundante no genoma, fácil de automatizar, codominante, multialélico, robusto e reproduzível (Turchetto-

Zolet et al., 2017). Foram rapidamente adotados por serem capazes de detectar vários alelos por loco, apresentarem um alto nível de polimorfismo decorrente das elevadas e heterogêneas taxas de mutação e um padrão de segregação codominante, ou seja, capaz de diferenciar indivíduo homozigoto do heterozigoto para determinado loco com elevada precisão.

Na seleção recorrente, os marcadores microssatélites podem auxiliar na seleção de genitores e na definição do número de cruzamentos para manter um bom nível de recombinação (Melo et al., 2019). Conforme o critério de avaliação do progresso com a seleção recorrente, a análise de diversidade genética pode delinear a escolha de novos genitores nos ciclos de recombinação, promovendo melhor progresso genético. Neste contexto, as informações moleculares obtidas neste estudo serão utilizadas como critério complementar para direcionar a seleção e a recombinação das progênies nos ciclos subsequentes do programa de melhoramento. Segundo Melo et al. (2019), o uso de informações sobre diversidade genética nas populações submetidas à seleção recorrente possibilita o monitoramento da variabilidade genética e das eventuais mudanças na base genética ao longo dos ciclos seletivos, o que resulta em ganhos consistentes ao longo do programa de melhoramento.

Alves et al. (2026) analisaram a diversidade genética de 35 progênies C₃S_{0.4} do programa de seleção recorrente para produtividade e qualidade de grãos de feijão-comum do grupo preto da Embrapa. Para a análise, foram empregados quatro painéis multiplex contendo seis marcadores SSR cada, totalizando 24 marcadores moleculares. Dez progênies com produtividade de 3097 kg ha⁻¹, M100 22,2 g e rendimento de peneira de 89,9% foram selecionadas. Esses valores são superiores à média geral da população em 8,8% para produtividade, 3,7% para M100 e rendimento de peneira, respectivamente. Os autores concluíram os marcadores moleculares utilizados podem ser utilizados como ferramentas auxiliares na avaliação de variabilidade genética. Este fato foi verificado pela presença de diversidade genética observada entre as progênies para as características avaliadas, garantindo potencial para ganhos por meio da seleção recorrente para produtividade e qualidade de grãos.

Pereira et al. (2019) avaliaram a diversidade genética de 17 cultivares de feijão-comum carioca com o uso de 33 marcadores SSR e os resultados indicaram ampla variação nas estimativas de distâncias genéticas entre os genótipos. Avican & Bilgen (2022) utilizaram dez marcadores SSR e 128 marcadores SNPs para avaliar a diversidade e estrutura genética de 94 genótipos de feijão-comum. Os autores concluíram que os marcadores utilizados foram eficientes para avaliar a diversidade genética, embora os marcadores SSR não possibilitaram distinguir claramente os genótipos entre as origens dos diferentes genótipos avaliados. Özkan

et al. (2022) utilizaram 27 marcadores SSR para determinar a variabilidade genética de quarenta variedades de feijão-comum e concluíram que existe ampla diversidade entre as populações analisadas. Savić et al. (2021) também usaram 27 marcadores SSR, mas para avaliar a diversidade entre treze acessos de feijão-comum e os resultados mostraram alta diversidade alélica no germoplasma estudado.

Melo et al. (2019) avaliaram 11 progênies do programa de seleção recorrente para o desenvolvimento de linhagens de feijão-comum carioca resistentes ao crestamento bacteriano comum. Marcadores microssatélites foram utilizados para monitorar a diversidade genética e a representatividade de genitores da população. O estudo identificou onze progênies resistentes ao crestamento bacteriano comum, com produtividade média de 144 kg ha⁻¹. Os autores enfatizam a eficiência de marcadores SSR para a análise de representatividade dos genitores nas progênies selecionadas, o que possibilitou a seleção de genótipos divergentes, favorecendo a variabilidade genética para os ciclos consecutivos de seleção.

Para análise da diversidade genética em progênies, é necessário o uso de técnicas de agrupamento, pois proporcionam melhor visualização da divergência entre genótipos a partir da construção de dendrogramas, projeções de distância em gráficos bi ou tridimensionais (Cruz et al., 2011). A distância Euclidiana é uma das medidas de dissimilaridade aplicadas para estimar distâncias entre genótipos e que permitem a formação de grupos não conhecidos previamente (Silva et al., 2017). Essa distância quantifica a diversidade por meio de medidas de dissimilaridade podendo ser estimada por base de dados sem repetições. (Resende et al., 2014). Existem diversos métodos de agrupamento que são utilizados para representar as matrizes de distância genética, os mais utilizados são os hierárquicos.

Entre os métodos hierárquicos, o UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) combina passo a passo os dois *clusters* ou elementos mais próximos em um *cluster* de nível superior, e a distância entre o novo cluster e qualquer outro *cluster* é calculada como a distância média aritmética entre os elementos em *clusters* diferentes (Segura-Alabart et al., 2024). Todos os métodos de agrupamento hierárquico aglomerativo partem de uma matriz de dissimilaridade entre os elementos. No caso de marcadores microssatélites, a similaridade entre quaisquer dois genótipos é medida como a proporção de alelos compartilhados. Ao comparar diferentes métodos de agrupamento, Oliveira et al. (2021) constataram que o coeficiente de correlação cofenética obtido pelo método UPGMA apresenta maior consistência, reproduzindo um padrão de agrupamento obtido a partir da matriz de dissimilaridade.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 MATERIAL GENÉTICO

O material genético utilizado no trabalho foi originado de uma população de seleção recorrente, obtida por Queiroz et al. (2021). A partir dessa população os autores obtiveram, avaliaram e selecionaram as melhores progênies, conforme descrito abaixo, para recombinação e formação do ciclo I, conforme descrito abaixo. Os genitores dessa população foram as linhagens e cultivares Xamego, Iapar 5, G 6495, BRS Grafite, G 6492, BRS Supremo, Milionário e BRS Esplendor, com grãos pretos, e Piratã 1 (grupo mulatinho) e Brasil 0001 (grão marrom) (Pereira et al., 2018).

Cerca de 500 sementes constituíram a geração C_0S_0 , semeadas na safra de inverno/2014. Nesta geração, 351 plantas foram colhidas individualmente, as quais originaram 351 progênies $C_0S_{0:1}$. As progênies foram semeadas em campo em 2015, em parcelas constituídas por uma linha de 3 m, inserindo-se como testemunha, a cultivar BRS Supremo, a cada nove progênies. Considerando aspectos relacionados às plantas, à qualidade comercial dos grãos e as concentrações de ferro e zinco, 64 progênies foram selecionadas, para nova avaliação, na geração $C_0S_{0:2}$, na safra de inverno de 2016. Considerando os resultados obtidos nas duas gerações, foram selecionadas 27 progênies.

Em 2017, as 27 progênies foram avaliadas em experimentos de delineamento em blocos completos casualizados com três repetições e parcelas constituídas por três fileiras de 3 m em dois ambientes (Brasília e Santo Antônio de Goiás), ambos na safra de inverno, na geração $C_0S_{0:3}$. Os experimentos contaram ainda com a inclusão de três cultivares testemunhas: BRS Esteio, BRS Supremo e Xamego. BRS Supremo e Xamego são cultivares de feijão-comum de grão preto que apresentam maiores CFe e CZn em comparação com as cultivares disponíveis no mercado (Pereira et al. 2014); a BRS Esteio é amplamente difundida no Brasil devido ao seu excelente desempenho agrônomo e qualidade comercial dos grãos (Pereira et al. 2013). Essa avaliação resultou na seleção de oito progênies para obtenção de linhagens e recombinação para formação do ciclo 1. As progênies selecionadas se destacaram pela alta CFe e CZn, suas características agrônomicas, produtividade e M100.

O presente trabalho teve início em 2019, no qual, para a formação da população do novo ciclo de seleção, foram realizados cruzamentos em esquema de dialelo completo, entre as oito progênies selecionadas por Queiroz et al. (2021), adicionando-se duas linhagens. Uma das linhagens é a CNFP 18131, desenvolvida para altas CFe e CZn, a partir da população MIB154/SER14//SEN22/SER7, recebida do CIAT. Este genótipo apresenta elevadas CFe e CZn, além de alta produtividade e M100. A segunda linhagem incluída na etapa de recombinação foi a CNFP 15701. Embora não tenha sido originalmente desenvolvida com foco na biofortificação, essa linhagem foi selecionada nos ensaios preliminares de feijão-comum do grupo preto conduzidos pela Embrapa Arroz e Feijão em 2013, em virtude de apresentar elevadas CFe e CZn, além de produtividade superior, destacando-se também por sua excelente adaptabilidade e boa estabilidade fenotípica (Martins et al., 2016).

Durante a safra de inverno de 2020 a população C_1S_0 foi semeada em campo, em parcela de 24 linhas de 3 m, para seleção de plantas, visando a obtenção de progênies. Foram obtidas 500 progênies, que foram avaliadas pelo tipo de grãos, resultando em 382 progênies selecionadas. Em 2021, durante a safra de inverno, as 382 progênies $C_1S_{0:1}$ foram semeadas em campo, com a cultivar BRS Supremo a cada nove progênies, em parcelas constituídas por uma linha de 3 m. Foi realizada seleção visual para aspectos relativos às plantas. Após a colheita, progênies que apresentaram aspecto visual de grãos indesejável foram descartadas, totalizando 324 progênies selecionadas. Amostras de cada progênie selecionada e das testemunhas foram enviadas para análise de CFe e CZn. Entre as 324 progênies, 154 foram selecionadas por apresentarem altas CFe e CZn. Essas 154 progênies, na geração $C_1S_{0:2}$, foram semeadas e avaliadas na safra de inverno de 2022, de modo semelhante ao descrito anteriormente. Considerando os resultados obtidos nas duas gerações, foram selecionadas 30 progênies superiores.

As 30 progênies $C_1S_{0:3}$ foram avaliadas com as testemunhas BRS Esteio, BRS FP417, CNFP 18133 e a BRS Supremo em delineamento experimental de blocos completos casualizados, com três repetições e parcelas constituídas por três linhas de 3 m, com 12 plantas por metro linear, espaçadas em 0,5 metros entre linhas. A linhagem CNFP 18133 foi desenvolvida pela Embrapa a partir do cruzamento MIB154 / SER14 // SEN22 / SER7. A linhagem mostrou bom desempenho para CFe e CZn em ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), porém apresentou plantas muito prostadas e grãos de coloração fora do padrão comercial. A cultivar BRS FP417 apresenta alta resistência a doenças, além de alta produtividade e qualidade de grãos (Aguiar et al., 2023). Os experimentos foram conduzidos

em Santo Antônio de Goiás-GO, na safra de inverno de 2022 e em Ponta Grossa-PR, nas safras das águas de 2023 e seca de 2024.

Os caracteres avaliados foram: produtividade, M100, CFe e CZn nos grãos. Em relação a avaliação de produtividade de grãos, as plantas de cada parcela experimental foram colhidas e trilhadas de forma mecânica. Os grãos foram pesados com correção para 13% de umidade. A produtividade (g parcela^{-1}) foi convertida para kg ha^{-1} . De cada parcela, foram retirados aleatoriamente 100 grãos para determinação de M100 ($\text{g 100 sementes}^{-1}$). Em seguida, esses grãos foram utilizados para determinação de CFe e CZn.

As análises de CFe e CZn foram realizadas em simplicata, por digestão ácida da matéria orgânica (com mistura de ácido nítrico-perclórico 2:1) segundo a técnica de espectrofotometria de absorção atômica, adaptada da *Association of Official Analytical Chemists* (AOAC, 1995). Os grãos foram lavados com água deionizada e posteriormente, secos em estufa de laboratório a 60°C por 12 horas (até 6% de umidade). Em seguida, houve a moagem dos grãos (≤ 200 mesh) em moinho de bolas de óxido de zircônio (Retsch MM200). A amostra foi pré-digerida com mistura ácida (HNO_3 e HClO_4 a 50°C 30 min^{-1}), seguida de digestão adequada (100°C 30 min^{-1} ; 170°C 3 h^{-1}); resfriamento em temperatura ambiente e nova adição de 2 mL de mistura ácida e digestão a 170°C 3 h^{-1}). O extrato obtido foi diluído e mensurado em espectrofotômetro de absorção atômica (AGILENT/VARIAN modelo SpectrAA 50 B) calibrado com curva padrão para CFe e CZn. Para verificar a precisão das análises, para cada 40 amostras foi realizada uma triplicata e duas eram amostras de controle com concentrações conhecidas de laboratório.

3.2 ANÁLISES ESTATÍSTICAS

3.2.1 Análise de variância individual

Foram realizadas análises de variância individuais para cada caráter (Tabela 1), seguindo o modelo proposto por Pimentel-Gomes (1990) para experimentos em blocos completos casualizados:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : valor observado à parcela que recebeu o tratamento i no bloco j ;

μ : média geral do ensaio;

g_i : efeito do genótipo, sendo $i = 1, 2, 3, \dots, I$;
 b_j : efeito do bloco, sendo $j = 1, 2, 3, \dots, J$;
 ε_{ij} : erro experimental associado ao genótipo i no bloco j .

Tabela 1. Esquema geral da análise de variância individual com as respectivas esperanças matemáticas do quadrado médio para as progênes.

Fonte de variação	GL ¹	QM ²	E(QM) ³	F ⁴
Repetições	r - 1	QM_B	$\sigma^2 + J\phi_R^2$	-
Genótipos	g - 1	QM_G	$\sigma^2 + I\phi_G^2$	-
Cultivares	c - 1	QM_C	$\sigma^2 + I\phi_C^2$	QM _C / QM _E
Progênes	p - 1	QM_P	$\sigma^2 + I\phi_P^2$	QM _P / QM _E
P vs. C	(g - 1) - (p + c - 2)	$QM_{P \times C}$	-	-
Erro	(r-1) (t-1)	QM_E	σ_e^2	-

¹ GL = graus de liberdade; ² QM = quadrado médio; ³ E(QM) = esperança associada ao quadrado médio; ⁴ F = estatística F (probabilidade Pr > F).

Cabe ressaltar que neste caso, a herdabilidade calculada refere-se ao coeficiente de determinação genotípico $\left[R^2 = \left(\frac{\hat{\phi}_P^2}{\hat{\phi}_F^2} \right) 100 \right]$, em que: $\hat{\phi}_P^2$ é a soma de quadrados da fonte de variação de progênes, e $\hat{\phi}_F^2$ é a soma de quadrados total.

3.2.2 Análise de variância conjunta

Foi verificada a homogeneidade das variâncias por meio da relação 7:1 dos quadrados residuais, conforme descrito por Pimentel-Gomes (2009). Os efeitos de ambientes e genótipos foram considerados fixos, porque as progênes foram previamente selecionadas com base nos caracteres avaliados. A análise de variância conjunta (Tabela 2) foi feita de acordo com o modelo estatístico proposto por Ramalho et al. (1993) para experimentos em blocos completos casualizados:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + a_j + (ga)_{ij} + b_{k(j)} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : valor observado do tratamento (progênes ou linhagens) i , no bloco j dentro do ambiente k ;

μ : média global do experimento;

g_i : efeito do tratamento i ($i = 1, 2, 3, \dots, I$);

a_j : efeito do ambiente k ($k = 1, 2, 3, \dots, K$);

$(ga)_{ij}$: efeito do bloco j, dentro de ambiente k (j=1, 2, 3, ..., J);

$b_{k(j)}$: efeito da interação entre os tratamentos i e o ambiente k;

e_{ijk} : efeito do erro associado as observações, com $e_{ijk} \sim N(0, \sigma^2)$.

Tabela 2. Representação esquemática da análise de variância conjunta, com suas respectivas esperanças matemáticas do quadrado médio.

Fonte de variação	GL	QM	E(QM)
Blocos/Amb	(R - 1) A	$QM_{B/A}$	$\sigma_e^2 + gn\sigma_B^2$
Genótipos (G)	G-1	QM_G	$\sigma_e^2 + ar\phi_G^2$
Progenies (P)	P-1	QM_P	$\sigma_e^2 + ar\phi_P^2$
Testemunhas (T)	A-1	QM_T	$\sigma_e^2 + ar\phi_T^2$
P vs. T	(G - 1) - (P + T - 2)	QM_{PxT}	$\sigma_e^2 + ar\phi_{PxT}^2$
Ambiente (A)	A-1	QM_A	$\sigma_e^2 + ar\phi_A^2$
Interação GxA	(A - 1) (G - 1)	QM_{GxA}	$\sigma_e^2 + r\phi_{PxA}^2$
P x A	(P - 1) (A - 1)	QM_{GxA}	$\sigma_e^2 + r\phi_{PxA}^2$
T x A	(T - 1) (A - 1)	QM_{TxA}	$\sigma_e^2 + r\phi_{TxA}^2$
(P vs. T) x A	(A T - 2) - (A - 1)	QM_{PxTxA}	$\sigma_e^2 + r\phi_{PxTxA}^2$
Resíduo	A (R - 1) (G - 1)	QM_E	σ_e^2

¹ GL = graus de liberdade; ² QM = quadrado médio; ³ E(QM) = esperança associada ao quadrado médio.

Além destes estimadores, outros também foram obtidos, como o ganho esperado com a seleção $\left[GS = \left(\frac{ds\hat{h}^2}{\bar{x}}\right) 100\right]$, em que: $ds\hat{h}^2$ é o diferencial de seleção. Foi mensurada a acurácia seletiva ($\hat{r}_{\hat{g}g}$), para a avaliação da qualidade e precisão experimental, proposta por Resende & Duarte (2007), em que utiliza-se o seguinte estimador matemático:

$$\hat{r}_{\hat{g}g} = \left[1 - \frac{1}{F_C}\right]^{\frac{1}{2}}$$

Em que:

F_C : condiciona o valor de F calculado para os genótipos.

Foi adotado o índice multiplicativo “livre de pesos” e “livre de parâmetros”, proposto por Elston (1963) para a seleção simultânea. O método se caracteriza por não exigir estabelecimento de pesos econômicos às estimativas dos parâmetros genéticos. Este procedimento requer valores mínimos ou máximos preestabelecidos. Para CFe e CZn, o valor mínimo foi obtido pela média geral dos experimentos; para produtividade e M100, os valores mínimos foram estabelecidos com base nos resultados obtidos pela cultivar testemunha BRS Supremo. As análises estatísticas foram realizadas por meio dos *softwares* R Studio (R Core Team, 2024) e Genes (Cruz, 2016).

3.3 AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES

As trinta progênies passaram por análise de diversidade genética molecular. A amostragem do material foi feita tomando como base o tecido foliar de 10 plantas coletadas em massa de cada uma das 30 progênies do ensaio conduzido em Santo Antônio de Goiás. A classe de marcadores utilizados foi microssatélites, também denominados *Simple Sequence Repeats* (SSR) (Turchetto-Zolet et al., 2017). Para a análise, 24 marcadores moleculares foram utilizados, organizados em quatro painéis multiplex, contendo seis marcadores cada. Outros trabalhos também utilizaram estes painéis (Valdisser et al., 2013; Morais et al., 2016; Melo et al., 2019; Pereira et al., 2019; Alves et al., 2026) (Apêndice D). A análise foi feita a partir da amostragem de tecidos foliares no estágio fenológico V3, com a coleta de três discos foliares de cada tratamento. A extração de DNA foi feita seguindo o protocolo CTAB, descrito por Ferreira & Grattapaglia (1998). Para a amplificação dos marcadores, foi utilizado o produto comercial *Master Mix* (QIAGEN Multiplex PCR Kit), conforme o método proposto por Cieslak (2014), modificado. As reações foram conduzidas em termociclador programado para uma desnaturação inicial a 92°C (5 minutos), seguido de 30 ciclos de desnaturação a 92°C (1 minuto), anelamento a 55°C (1 minuto), extensão a 72°C (2 minutos) e extensão final 72°C (5 minutos), conforme feito no trabalho conduzido por Carloni et al. (2023).

Os produtos de amplificação de PCR foram submetidos à eletroforese vertical em gel de poliacrilamida (6%), por cerca de duas horas, corados com nitrato de prata 1%, conforme Carloni et al. (2023). A solução de acrilamida foi preparada a 30% com 29 g de acrilamida e 1 g de N, N'-metileno bisacrilamida em 100 mL de água ultrapura. Os primers selecionados foram marcados com fluorescências (6-FAM™) e analisados via eletroforese capilar e conduzidos na plataforma ABI3500 *Genetic Analyzer* (Applied Biosystems), no qual foi utilizado filtro “D” para detecção das fluorescências. Os dados foram processados com o programa *Foundation Data Collection* v.2.0 (Applied Biosystems) e genotipados com o programa GeneMapper 4.1 (Applied Biosystems).

A partir dos dados de marcadores moleculares, foi realizada a análise de diversidade genética entre as progênies por meio da matriz de distâncias genéticas obtida por Rogers, modificada por Wright (1978). Além disso, foram estimados os parâmetros de diversidade para os locos: número de alelos por loco (A_n); heterozigosidade esperada (H_E); heterozigosidade

observada (H_0); e índice de fixação intrapopulacional (f). O estimador da distância genética é dado pela seguinte equação:

$$d_w = \frac{1}{\sqrt{2m}} \sqrt{\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{n_i} (p_{ij} - q_{ij})^2}$$

Em que:

p_{ij} e q_{ij} : frequências alélicas dos indivíduos relativas ao alelo j do loco i .

n_i : número de alelos no loco i .

m : número de locos na comparação entre os pares de indivíduos.

d_w : estimador da distância euclidiana.

A matriz de dissimilaridade e o dendrograma das distâncias genéticas foram elaborados por meio do critério de ligação UPGMA. Para determinar o ponto de corte do dendrograma, foi utilizado o critério de Mojena (1977). Este método baseia-se no tamanho relativo dos níveis de distâncias no dendrograma, em que é levado em consideração o número de grupos no passo j que atende a seguinte equação:

$$\alpha_j > \theta k$$

Em que:

α_j : valor de distância do nível de fusão no passo j (1, 2, 3, ..., $g-1$).

θk : valor referencial de corte, representado por $\bar{\alpha} + k\tilde{\sigma}_\alpha$.

$\bar{\alpha}$: média dos valores de α .

$\tilde{\sigma}_\alpha$: desvio padrão dos valores de α .

k : constante a ser adotada conforme Milligan e Cooper (1985), é de $k=1,25$ como regra de parada na definição do número de grupos.

O estimador é representado por:

$$\bar{\alpha} = \frac{1}{g-1} \sum_{j=1}^{g-1} \alpha_j \text{ e } \tilde{\sigma}_\alpha = \sqrt{\frac{\sum_{j=1}^{g-1} \alpha_j^2 - \frac{1}{g-1} \left(\sum_{j=1}^{g-1} \alpha_j \right)^2}{g-2}}$$

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na geração C₁S_{0:1}, as médias das 324 progênies foram 53,4 mg kg⁻¹ para CFe e 48,7 mg kg⁻¹ para CZn (Tabela 3). As médias das 154 progênies selecionadas (59,8 mg kg⁻¹ para CFe, e 53,9 mg kg⁻¹ para CZn) foram superiores, mostrando a possibilidade de sucesso com a seleção. As médias das 154 progênies na geração C₁S_{0:2} foram 57,4 mg kg⁻¹ para CFe e 40,1 mg kg⁻¹ para CZn. Embora tenha sido observada uma redução na CZn de uma geração para a outra, essa diferença seguiu o mesmo comportamento registrado na testemunha BRS Supremo, principalmente devido à forte influência ambiental na manifestação fenotípica dos caracteres.

Tabela 3. Resumo dos resultados da avaliação e seleção das progênies do ciclo 1 do programa de seleção recorrente para altas concentrações de ferro (CFe - mg kg⁻¹) e zinco (CZn - mg kg⁻¹) no feijão-comum do grupo preto em diferentes gerações, avaliadas em Santo Antônio de Goiás, sendo C₁S_{0:1} na safra de inverno/2021 e C₁S_{0:2} na safra de inverno/2022.

Características	Parâmetros	Geração		
		C ₁ S _{0:1}	C ₁ S _{0:2}	Média
	Número de progênies	324	154	154
	Intensidade de seleção	47%	19%	19%
CFe	Média das progênies	53,4	57,4	58,5
	Variância	72,2	45,6	58,9
	Média de BRS Supremo	46,8	51,9	51,5
	Média das progênies selecionadas	59,8	64,1	62,0
CZn	Média das progênies	48,7	40,1	46,9
	Variância	54,5	18,4	14,0
	Média de BRS Supremo	44,3	39,1	39,9
	Média das progênies selecionadas	53,9	43,4	48,7

Considerando as médias das duas gerações, obtidas a partir das 154 progênies comuns, as médias das progênies foram 58,5 mg kg⁻¹ para CFe e 46,9 mg kg⁻¹ para CZn (Tabela 3). A seleção das 30 progênies (62 mg kg⁻¹ para CFe, e 48,7 mg kg⁻¹ para CZn) foi realizada com base nas médias obtidas nos dois experimentos em conjunto. As médias das progênies selecionadas foram superiores às da cultivar referência BRS Supremo (51,5 mg kg⁻¹ para CFe e 39,9 mg kg⁻¹ para CZn), o que indica a possibilidade de desenvolver linhagens com maiores concentrações desses minerais. Diante disso, essas 30 progênies, com CFe variando entre 58,4

mg kg⁻¹ e 82,0 mg kg⁻¹ e CZn variando entre 47,0 mg kg⁻¹ e 56,1 mg kg⁻¹, foram avaliadas em ensaios em repetições em diferentes ambientes.

Observa-se redução da variância fenotípica entre as duas gerações (72,2 para 45,3 em CFe e 54,5 para 18,4 em CZn). Este resultado também foi observado por Queiroz et al. (2021) entre as gerações C₀S_{0:2} e C₀S_{0:3}. Este fato pode ser explicado porquê ao longo do processo de seleção, ocorre o aumento de alelos favoráveis da população, o que provoca a fixação de genes geneticamente correlacionados com a seleção visual. Além disso, a intensidade de seleção deve ser levada em consideração (Cargnin, 2007). O uso de intensidades elevadas pode provocar ligeira redução da variância.

Com base nas avaliações das 30 progênies selecionadas, as estimativas de coeficientes de variação para as análises de variância individuais variaram entre 13% e 15% para produtividade, entre 3,2% e 4,8% para M100, entre 6,1% e 7,5% para CFe, e entre 6,4% e 13,4% para CZn, o que indica adequada precisão experimental (Apêndices A e B). Os resultados reportados por Queiroz et al. (2021) são semelhantes aos aqui obtidos.

As estimativas de acurácia seletiva, conforme as classes propostas por Resende & Duarte (2007), foram considerados de magnitude alta ou muito alta, variando de 0,75 a 0,89 para produtividade, 0,92 a 0,96 para M100 (Apêndice A), o que indica alta informatividade quanto a discriminação dos efeitos dos tratamentos. Para CFe e CZn, as estimativas apresentaram magnitudes moderada e alta, variando entre 0,70 e 0,88 e entre 0,53 e 0,71, respectivamente (Apêndice B). Esses resultados aproximam-se aos de estudos prévios com os mesmos caracteres aqui avaliados (Pereira et al. 2014; Dias et al., 2020; Queiroz et al., 2021 e Carloni et al., 2023; Ribeiro et al., 2025).

Considerando as análises conjuntas, os coeficientes de variação (CV) apresentaram-se baixos (Tabela 5), sendo 14,2% para produtividade, 3,9% para M100, 6,9% para CFe e 10,8% para CZn. Menores valores de CV indicam maior precisão experimental. Resultados semelhantes foram reportados por Pereira et al. (2014), Muniz et al. (2016), Di Prado et al. (2019), Ribeiro et al. (2020).

Tabela 5. Resumo das análises de variância conjuntas para produtividade (kg ha^{-1}) (PROD), massa de 100 grãos (g) (M100), CFe (mg kg^{-1}) e CZn (mg kg^{-1}) de 30 progênes C₁S_{0:3} de feijão-comum do grupo preto do programa de seleção recorrente para aumento da CFe e CZn, avaliadas em três ambientes.

Fonte de Variação	GL ¹	PROD	M100	CFe	CZn
		QM			
Genótipos (G)	33	558183**	22,1**	138,7**	25,3**
Progênes (P)	29	537697**	22,9**	107,7**	19,6**
Testemunhas (T)	3	835334**	19,3**	197,6**	66,7**
P vs. T	1	320830 ^{ns}	8,4**	860,2**	65,6*
Ambientes (A)	2	38298624**	212,8**	8397,5**	11928,3**
G x A	66	285557**	1,4**	40,7**	11,8 ^{ns}
P x A	58	273200**	1,5**	36,4*	12,6 ^{ns}
T x A	6	328585**	0,4 ^{ns}	69,0**	7,1 ^{ns}
(P vs. T) x A	2	514825**	1,9 ^{ns}	80,1*	0,8 ^{ns}
Resíduo	198	97968	0,8	23,6	10,5
Média Geral		2205	23,8	70,1	30,1
Média progênes (P)		2194	23,7	70,7	30,2
Média Testemunhas (T)		2294	24,3	65,5	28,8
CV (%) ²		14,2	3,9	6,9	10,8
r _{gg} ³		0,70	0,96	0,81	0,59

¹ Graus de liberdade; ² Coeficiente de variação; ³ Acurácia seletiva.

**, * significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns} não significativo.

Foram observadas diferenças significativas entre os genótipos nas análises conjuntas, para todos os caracteres, indicando variabilidade genética. A presença de variabilidade é a condição fundamental do melhoramento, pois propicia a seleção de progênes superiores para os caracteres avaliados e promove incrementos a cada ciclo de seleção. É importante ressaltar que, mesmo após a seleção que resultou no agrupamento de 30 progênes, ainda existe a possibilidade de seleção de progênes com altas concentrações dos minerais avaliados para a recombinação e formação de um novo ciclo de seleção recorrente.

O efeito de ambientes foi significativo para todos os caracteres (Tabela 5), o que reforça a influência de diversos fatores ambientais na expressão fenotípica dos caracteres, conforme observado em Di Prado et al. (2019) e Carloni et al. (2023). As médias das progênes nos diferentes ambientes variaram de 2.544 kg ha^{-1} a 2.558 kg ha^{-1} para produtividade, de 22,7 g a 25,2 g para M100, de 59,9 mg kg^{-1} a 76,9 mg kg^{-1} para CFe e de 20,1 mg kg^{-1} a 41,6 mg kg^{-1} para CZn, confirmando o efeito direto dos ambientes sobre as características avaliadas. Essa variação pode ser explicada analisando informações geográficas dos ambientes, que tem implicações diretas na diferença de clima entre os locais (Santo Antônio de Goiás - altitude 823 m - latitude 16° 28' - longitude 49° 17'; Ponta Grossa - altitude 969 m - latitude 25° 05' -

longitude 50° 09'). Este contraste geográfico provoca diferenças no comportamento médio dos genótipos, pois há diferenças entre latitudes, longitudes, regimes de temperatura e umidade relativa do ar, entre o Centro-Oeste e o Sul do país (Justino et al., 2025).

Ao avaliar genótipos de feijão-comum em diferentes pH de solo, Magomere et al. (2024) verificaram que o pH baixo implica na redução de CFe e CZn nos grãos e folhas de feijão-comum. Martins et al. (2016) verificaram que solos mais ácidos propiciam a absorção de ferro e ambientes com regime hídrico mais acentuado, propiciam a absorção de zinco. Como se trata de uma avaliação feita individualmente em cada local, é esperado que determinados ambientes provoquem efeitos distintos em cada caráter.

A interação de genótipos por ambientes (G x A) foi significativa para produtividade, M100 e CFe, o que evidencia o comportamento diferente dos genótipos frente à heterogeneidade ambiental, assim como observado em Martins et al. (2023). Para CZn, não foi observada significância, o que evidencia preservação da classificação das progênies nos ambientes. Esses resultados aproximam-se aos obtidos por outros autores (Queiroz et al., 2021 e Carloni et al., 2023) e são favoráveis, embora CZn seja um caráter muito influenciado pelas condições ambientais, principalmente de solo (Philipo et al., 2020). Martins et al. (2023) não detectaram significância para a interação G x A da CZn nos ensaios preliminares, com três ambientes. Os autores observaram diferenças significativas para o caráter somente nos ensaios intermediários, quando o número de ambientes aumentou para oito.

Embora as variações na produtividade, na concentração nutricional dos grãos e nas qualidades culinárias do feijão comum sejam influenciadas tanto pelo genótipo quanto por fatores ambientais, especialmente pelas propriedades do solo (Nduwarugira et al., 2026), a interação G x A pode dificultar o progresso do melhoramento, pois fatores ambientais relacionados ao clima, (temperatura e precipitação), fatores bióticos (pragas e doenças) e composição físico-química do solo são determinantes para as concentrações de minerais em grãos de feijão-comum (Ribeiro & Maziero, 2024). Compreender os fatores genéticos e ambientais que afetam a CFe e CZn no feijão-comum é fundamental para o desenvolvimento de cultivares biofortificadas. Além disso, Pereira et al. (2014) enfatizam que a natureza da interação G x A para CFe e CZn pode ser predominantemente simples (não altera o ranqueamento das linhagens) ou complexa (o que leva a mudanças no ranqueamento das linhagens) conforme o ambiente de cultivo.

A possibilidade de sucesso com a seleção foi confirmada pelas estimativas de variância genotípica (σ^2_g) e herdabilidade (h^2), visto que para todos os caracteres avaliados, os

resultados evidenciam existência de variabilidade genética (Tabela 6). Um dos maiores desafios dos melhoristas é quantificar a proporção da variância fenotípica entre progênes que é devida a variância genética (Ramalho et al., 2024).

Tabela 6. Estimativas de parâmetros genéticos e componentes de variância para produtividade (PROD) (kg ha⁻¹), massa de 100 grãos (M100) (g), CFe (mg kg⁻¹) e CZn (mg kg⁻¹) de 30 progênes do programa de seleção recorrente para aumento da CFe e CZn, na geração C₁S_{0,3} de feijão-comum do grupo preto.

Caracteres	Ambientes	Safras	ϕ^2_f ⁴	ϕ^2_g ⁵	CVg ⁶	h ² ⁷	GSD ⁸	GSS ⁹
PROD	STG ¹	Inverno/2022	238271	190796	17,2	80	18,1	-
	PG ²	Águas/2023	80268	23567	6,0	40	13,3	-
	PG ³	Seca/2024	64391	49034	15,0	76	16,2	-
	Conjunta	-	186061	29388	7,8	82	9,5	2,9
M100	STG	Inverno/2022	1,9	1,7	5,7	90	6,4	-
	PG	Águas/2023	3,9	3,6	7,5	93	8,8	-
	PG	Seca/2024	2,8	2,4	6,8	86	7,2	-
	Conjunta	-	7,4	2,4	6,5	96	7,6	3,6
CFe	STG	Inverno/2022	10,1	3,7	3,2	51	2,8	-
	PG	Águas/2023	28,3	21,2	6,0	75	6,1	-
	PG	Seca/2024	21,2	10,9	4,4	52	4,1	-
	Conjunta	-	46,2	7,9	4,0	79	4,6	2,3
CZn	STG	Inverno/2022	9,2	2,3	3,6	25	2,5	-
	PG	Águas/2023	2,6	1,5	4,2	56	3,8	-
	PG	Seca/2024	3,1	0,7	4,1	23	2,7	-
	Conjunta	-	8,4	0,8	2,9	43	2,4	1,3

¹ Avaliação em Santo Antônio de Goiás no inverno de 2022; ²avaliação em Ponta Grossa nas águas de 2023; ³avaliação geração em Ponta Grossa na seca de 2024. ⁴ Variância fenotípica; ⁵ Variância genotípica; ⁶ Coeficiente de variação genético; ⁷ Coeficiente de determinação (%); ⁸ Ganho com a seleção direta das progênes (%); ⁹ Ganho com a seleção simultânea das progênes (%).

Para produtividade, a herdabilidade foi de 82%, sendo considerada de alta magnitude, uma vez que se trata de uma característica que normalmente apresenta herdabilidade menor (Queiroz et al., 2021). Houve variação de 40% a 80% nas análises individuais. Em relação a M100, a herdabilidade foi muito alta na análise conjunta (96%), variando entre 86% e 96% nos ambientes. Esses resultados são semelhantes aos obtidos por outros trabalhos que avaliaram esse caráter (Queiroz et al., 2021 e Martins et al., 2022).

Para CFe, a estimativa de herdabilidade na análise conjunta foi de 76% e variou de 51% a 75% nas análises individuais. Alguns autores encontraram estimativas de herdabilidade para CFe abaixo dos resultados obtidos neste trabalho: 54% (Dias et al., 2020), 59% (Queiroz

et al., 2021) e 70% (Carloni et al., 2023). Por outro lado, Martins et al. (2016) obtiveram resultado superior (84%). Em relação a herdabilidade para CZn, a estimativa foi de 43% na análise conjunta, com variação de 23% a 56%. Queiroz et al. (2021) e Carloni et al. (2023) obtiveram resultado superior para este caráter (67% e 51%, respectivamente). Isso pode ser explicado pelo fato de a herdabilidade consistir em uma estimativa intrínseca à população em estudo e que sua magnitude depende da variabilidade genética dos genótipos, do número de ambientes e do número de repetições em avaliação.

Os ganhos esperados com a seleção direta, com base na análise conjunta para produtividade, M100, CFe e CZn foram estimados em 9,5%, 7,6%, 4,6% e 2,4%, respectivamente (Tabela 6). Os resultados obtidos para cada caráter individualmente evidenciam o potencial máximo de ganho com a seleção em virtude da seleção restrita das progênes (Alves, 2024). As estimativas de ganhos com a seleção direta obtidas no presente trabalho foram inferiores aos 21% e 3% reportados por Queiroz et al. (2021) para produtividade e CZn, respectivamente. Por outro lado, para CFe e M100, as estimativas obtidas neste trabalho foram superiores, sendo para CFe 4,6% (frente a 3,5% obtidos no ciclo anterior), para M100, 7,6% (frente a 7,4%). Como mencionado anteriormente, Queiroz et al. (2021) avaliaram o ciclo 0 dessa população de seleção recorrente. Os resultados obtidos neste trabalho sugerem que o sucesso da seleção depende, em regra, da existência de variabilidade genética e da magnitude da herdabilidade.

Com relação ao estudo da diversidade genética, o painel de marcadores utilizado é amplamente difundido nas análises de diversidade genética de diversos programas de melhoramento genético da Embrapa (Rodrigues et al., 2019; Pereira et al., 2019), para caracterização e discriminação de acessos de feijão-comum (Valdisser et al., 2013), representação dos genitores em cruzamentos e avaliação da pureza genética de sementes (Moraes et al., 2016). Com o objetivo de otimizar a seleção de progênes de um programa de seleção recorrente, Melo et al. (2019) utilizaram o mesmo painel de marcadores para avaliar a diversidade genética de progênes de feijão-comum.

Alves et al. (2026) utilizaram um painel de marcadores SSR para avaliar a diversidade genética em progênes de feijão-comum de grupo preto do ciclo 4 de um programa de seleção recorrente para produtividade de grãos. Neste trabalho os 24 locos foram encontrados 82 alelos distintos, com média de 3,6 alelos por loco (Apêndice E). O resultado se aproxima ao obtido por Alves (2025), no qual 83 alelos foram encontrados, com média de 3,5 alelos por loco polimórfico. Do total de marcadores analisados, 22 foram polimórficos (92%), sendo o loco

BM187 o mais representativo da diversidade em relação aos demais marcadores, uma vez que apresentou oito alelos. Pereira et al. (2019), utilizando 33 marcadores microssatélites para avaliar diversidade genética entre cultivares e linhagens elites de feijão-comum, obtiveram valores médios do número de alelos em 4,2. Por outro lado, Savić et al., (2021) reportaram número médio de alelos em 16,5, ao avaliar a diversidade genética entre diferentes acessos de feijão-comum. Considerando que a população avaliada é composta por progênies que passaram por intensa seleção entre as gerações $S_{0:1}$ e $S_{0:3}$, a média de alelos por loco encontrada e o alto índice de polimorfismo apontam que a variabilidade genética foi mantida mesmo após sucessivas seleções (Alves et al., 2026).

A heterozigosidade esperada (h) representa a diversidade genética em loci específicos ao longo dos genótipos devido ao grau de seu potencial de cruzamento, enquanto heterozigosidade observada (H) representa o nível de indivíduos heterozigotos numa determinada população (Savić et al., 2021). A média de heterozigosidade esperada, que não depende do tamanho da amostra, foi de 0,51, com variação de 0,10 a 0,84 para os locos BM181 e BM187, respectivamente. Os valores médios de heterozigosidade esperada e observada em 17 genótipos de feijão-comum avaliados por Pereira et al., (2019) são semelhantes aos aqui obtidos, sendo $h = 0,55$ e $H = 0,05$, entretanto, os autores analisaram a diversidade entre cultivares melhoradas, que são o produto dos programas de melhoramento. A heterozigosidade observada em cada loco apresentou média de 0,36 e variou de 0,10 para o loco BM181 e 0,74 para o loco BM201. Esses resultados indicam que as progênies da geração $C_1S_{0:3}$ possuem diversidade genética suficiente para ser explorada.

Muitos pesquisadores tomam a diversidade genética como critério básico para seleção de genótipos superiores. Pereira et al. (2019) estimaram a diversidade genética e recomendaram combinações ideais de cruzamentos entre 17 genótipos, para o desenvolvimento de novas cultivares de feijão-comum. Ferreira et al. (2025) utilizaram marcadores SSR para detectar variabilidade genética na cultura da soja e selecionar genitores promissores. Isso é muito importante, pois os programas de melhoramento de plantas autógamas geralmente exploram apenas uma pequena proporção da diversidade genética disponível. Como há um número limitado de genitores, a base genética da cultura tende a ser estreita, para aumentar as chances de sucesso em caracteres quantitativos (Pereira et al., 2019). Por essa razão, é importante conhecer o grau de dissimilaridade genética entre as progênies selecionadas para direcionar cruzamentos futuros.

As medidas de dissimilaridade possuem alta relevância em estudos de diversidade genética, principalmente quando se busca identificar genitores contrastantes para serem usados em programas de seleção recorrente. Essa estimativa permite obter *clusters* homogêneos, mediante esquema que permite agrupar os genótipos em um determinado número de grupos. Isso permite que haja alta homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre eles (Dantas et al., 2023). Embora seja uma abordagem eficiente, a visualização das informações de dissimilaridade entre os grupos a partir das matrizes não é um processo direto. Assim, as análises de agrupamento, que podem ou não incluir a construção de dendrogramas, são ferramentas multivariadas úteis para a interpretação das medidas de dissimilaridade (Alves et al., 2026).

A matriz de distância genéticas entre as 30 progênies C₁S_{0,3} está representada no apêndice C. A maior distância genética média foi obtida entre as progênies FX10874-250-B-B, FX10874-250-B-B e FX10874-395-B-B (0,78), o que indica alta divergência genética entre essas progênies. Por outro lado, as progênies FX10874-224-B-B e FX10874-338-B-B (0,18) mostraram menor divergência, sendo consideradas as mais similares. Considerando cada progênie, a diversidade média indicou que a progênie FX10874-5-B-B (0,64) é a mais divergente em relação as demais e que a progênie FX10874-437-B-B é a mais similar em relação as outras (0,54).

Uma dificuldade encontrada em estudos que utilizam algoritmos hierárquicos para o agrupamento, é a determinação da quantidade total de grupos, visto que, na prática, esse número é observado através de uma inspeção gráfica (Faria et al., 2012). O estudo feito por Jaeger & Banks (2023) verificaram que, o critério de corte pode determinar números diferentes de grupos. Um dos métodos mais objetivos é o de Mojena (1977). Este método propõe um procedimento estatístico baseado nos níveis de distâncias em um dendrograma. Desta forma, não é necessário o conhecimento prévio da quantidade de grupos. Entretanto, este método depende da escolha de um valor arbitrário de K, que pode ser determinado com base no conhecimento prévio do pesquisador sobre seus dados, pela conveniência ou pelo objetivo do estudo.

A análise dos 24 marcadores e o dendrograma obtido pelo método UPGMA identificaram quatro grupos distintos, com ponto de corte definido pelo critério de Mojena (1977) (Figura 1). O grupo I conteve a menor quantidade de progênies, com apenas uma (3,0%). Os grupos II e III incluíram três progênies cada (10%). O grupo IV apresentou o maior número de progênies, compreendendo 23 (77%), o que indica alta semelhança entre elas. As progênies

pertencentes à um mesmo grupo possivelmente compartilham o maior número de alelos para os locos avaliados.

O índice de correlação cofenética (CCC), ou correlação linear de Pearson foi 0,57, indicando uma moderada correlação entre a matriz de dissimilaridade e a matriz de distância observada no dendrograma, o que sugere que as distâncias genéticas observadas no dendrograma e as distâncias originais fornecem informações complementares. Isso pode ser explicado pelo fato de os loci microssatélites serem regiões conservadas e não regiões aleatórias no genoma (Pereira et al., 2019). Oliveira et al. (2021) reportam que valores de CCC acima de 0,80 são considerados ideais, pois indicam boa representatividade entre as distâncias, no entanto, Vaz Patto et al. (2004) postularam que valores de CCC superiores a 0,56 podem ser considerados adequados, uma vez que, reproduzem satisfatoriamente a informação contida na matriz de distâncias.

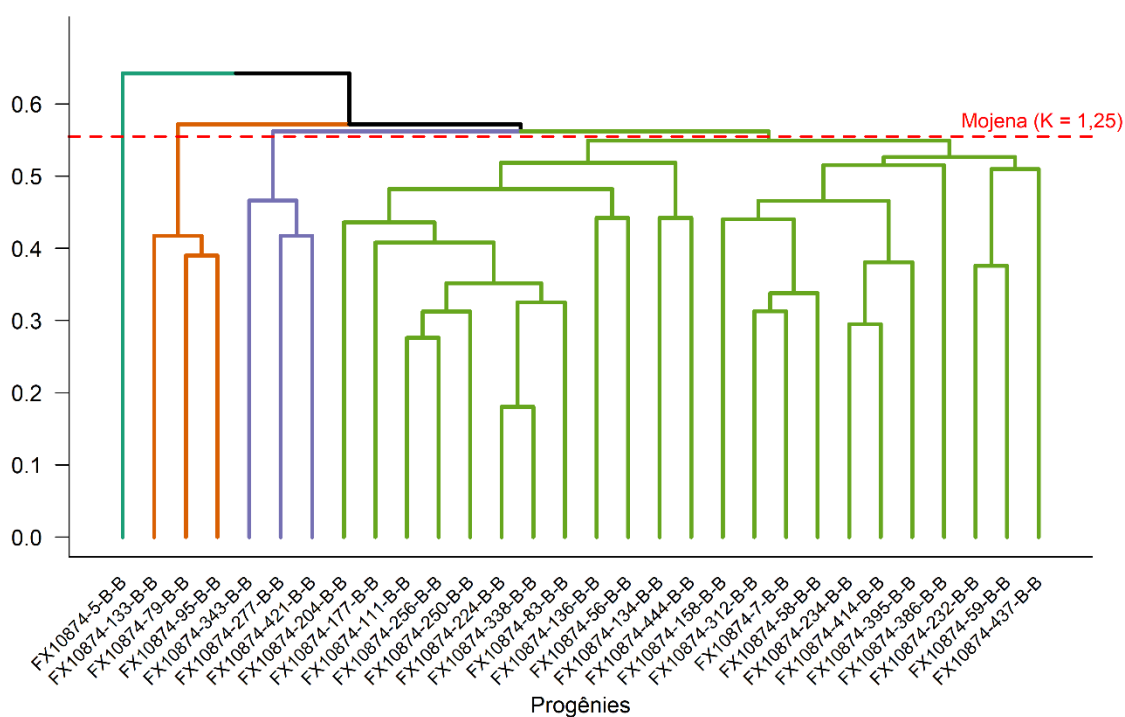


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método UPGMA. Agrupamento de 30 progênies $S_{0:3}$ do programa de seleção recorrente para aumento da CFe e zinco de feijão-comum do grupo preto pelo método de Mojena (1977).

O grupo I foi formado somente pela progênie FX10874-5-B-B, o que indica maior divergência genética em relação às demais. Embora apresente maior dissimilaridade, este genótipo mostrou-se com baixa média para todos os caracteres avaliados e por este motivo, não foi selecionado para a recombinação (Tabela 7). Para o melhoramento de uma característica,

especialmente associada aos caracteres quantitativas, é necessário cruzar genótipos que possuam bons fenótipos (Pereira et al., 2019).

Tabela 7. Médias fenotípicas e grupo molecular das 30 progênies e testemunhas do programa de seleção recorrente para altas concentrações de ferro e zinco em grão preto para produtividade (PROD) (kg ha⁻¹), massa de 100 grãos (M100) (g), concentração de ferro (CFe) (mg kg⁻¹) e concentração de zinco (CZn) (mg kg⁻¹).

Genótipo	PROD	P100	CFe	CZn	Grupo molecular
FX10874-111-B-B*	2068	22,6	76,6	32,5	4
FX10874-256-B-B*	2633	23,7	76,4	30,1	4
FX10874-414-B-B*	2235	25,7	75,1	32,3	4
FX10874-56-B-B	1925	25,7	74,8	30,7	4
FX10874-343-B-B	1873	21,8	74,7	29,3	3
FX10874-277-B-B*	1964	24,4	74,3	31,6	3
FX10874-134-B-B	2380	22,3	74,2	29,9	4
FX10874-133-B-B	2075	23,2	73,7	30,3	2
FX10874-338-B-B*	2375	24,3	73,0	29,8	4
FX10874-250-B-B*	2376	22,7	72,8	29,8	4
FX10874-437-B-B	2057	22,9	72,3	29,1	4
FX10874-204-B-B	2254	22,1	72,1	30,7	4
FX10874-232-B-B	2185	24,9	71,2	29,1	4
FX10874-7-B-B*	2234	24,9	70,8	31,5	4
CNFP18133	1921	26,2	70,8	32,6	-
FX10874-79-B-B*	2343	26,3	70,6	30,4	2
FX10874-312-B-B*	2180	26,0	70,4	31,2	4
FX10874-421-B-B	2059	23,1	69,9	29,3	3
FX10874-158-B-B	1923	23,2	69,4	31,7	4
FX10874-395-B-B	2245	25,7	69,2	31,8	4
FX10874-177-B-B	2732	23,8	69,1	28,2	4
FX10874-386-B-B	1890	23,5	69,0	30,1	4
FX10874-5-B-B	1724	21,4	68,5	29,6	1
FX10874-59-B-B	2144	23,2	68,5	27,8	4
FX10874-95-B-B	2211	21,3	68,2	26,9	2
FX10874-83-B-B*	2318	26,1	67,6	32,3	4
FX10874-224-B-B	1795	23,5	67,5	31,7	4
FX10874-444-B-B	2374	20,7	66,0	28,4	4
FX10874-136-B-B	2294	22,6	65,8	32,4	4
FX10874-234-B-B	2293	25,9	65,3	28,8	4

BRS FP417	2528	24,0	64,9	27,3	-
FX10874-58-B-B	2649	25,0	63,2	29,4	4
BRS ESTEIO	2557	24,1	59,5	26,5	-
BRS SUPREMO	2171	22,7	51,5	39,9	-
Média geral	2205	23,8	70,1	30,1	-
Média progênes	2194	23,7	70,7	30,2	-
Média das selecionadas	2273	24,7	72,8	31,2	-

* Progênes selecionadas para a formação do ciclo C₂S₀.

O grupo II compreendeu as progênes FX10874-79-B-B, FX10874-95-B-B e FX10874-133-B-B. A progênie FX10874-79-B-B foi selecionada por apresentar médias mais altas para CFe e CZn. O grupo III, por sua vez, foi formado pelas progênes FX10874-277-B-B, FX10874-421-B-B e FX10874-343-B-B. A progênie FX10874-277-B-B foi selecionada, também por apresentar altas médias para CFe e CZn.

O grupo IV contemplou as progênes com maiores CFe e CZn FX10874-111-B-B e FX10874-414-B-B, respectivamente (Tabela 7). Embora a progênie FX10874-111-B-B não tenha altas médias para produtividade e M100, destacou-se por seu alto desempenho para CFe e CZn, sendo a progênie com maior valor médio (76,6 mg kg⁻¹ e 32,5 mg kg⁻¹, respectivamente) para estes caracteres (Tabela 7). A progênie FX10874-414-B-B destacou-se quanto sua M100, sendo a progênie que apresentou maior média para este caráter. Por apresentarem altas médias para CFe e CZn, principalmente, ambas as progênes foram selecionadas para a recombinação e formação de um novo ciclo de seleção recorrente. A progênie FX10874-256-B-B foi selecionada por apresentar médias satisfatórias para produtividade e CFe. As progênes FX10874-7-B-B e FX10874-312-B-B foram selecionadas, pois, apresentaram altas CZn concomitantemente. Além de alta CZn, esta última progênie destacou-se também quanto a sua M100. As progênes FX10874-83-B-B, FX10874-338-B-B e FX10874-250-B-B foram selecionadas por apresentarem altas CFe e CZn, além de boa produtividade.

Considerando os agrupamentos formados com base nos dados moleculares e nos resultados fenotípicos, é possível fazer afirmações sobre a diversidade genética entre as progênes de uma forma mais ampla e complementar, tornando-se uma estratégia eficaz para a seleção de genótipos geneticamente divergentes. Com relação à média das 30 progênes, nota-se superioridade em relação à BRS Supremo em 1,1% para produtividade, 4% para M100 e 37,3% para CFe. Para CZn, houve redução em 24% em relação à média da testemunha. Foi possível selecionar as dez progênes para a recombinação e formação da população base de um novo ciclo de seleção recorrente. As progênes selecionadas foram superiores em relação à BRS

Supremo (5% para produtividade, 9% para M100, 41% para CFe). Em relação à CZn, houve redução de 22% em relação à testemunha, tendo em vista que a BRS Supremo apresenta alta CZn nos grãos. Contudo, os resultados apresentados reportam alta qualidade nutricional.

Oito das progênies selecionadas pertencem ao grupo IV. Essa maior representatividade decorre do fato que 24 progênies dentre as 30 avaliadas pertencem a este grupo, que contempla maior prevalência de alelos favoráveis, o que justifica-se pela sua superioridade fenotípica. Melo et al. (2019) também observaram maior agrupamento por similaridade genética, confirmando que o uso de informações sobre a frequência dos alelos de cada genitor nas progênies fornece informações importantes a respeito da composição genética das progênies analisadas. Para o sucesso de programas de seleção recorrente, é necessária a seleção de progênies com altas médias para os caracteres avaliados, porém, deve-se direcionar os cruzamentos entre os genótipos de maiores médias que não façam parte do mesmo grupo molecular (Pereira et al., 2019).

As 10 progênies selecionadas apresentaram média de 2.273 kg.ha⁻¹ para produtividade, 24,7 g para M100, 72,8 mg kg⁻¹ para CFe e 31,2 mg kg⁻¹ para CZn (Tabela 7). As médias da cultivar referência BRS Supremo para produtividade, M100, CFe e CZn foram 2.171 kg ha⁻¹, 22,7 g, 66,7 mg kg⁻¹, 28,7 mg kg⁻¹ respectivamente. Esses resultados apontam que a média das progênies selecionadas superou a testemunha em 5% para produtividade, 9% para M100, 10% para CFe e 9% para CZn, confirmando a eficiência da seleção recorrente no progresso do programa de melhoramento de CFe e CZn em feijão-comum do grupo preto. Esse resultado indica alta frequência de alelos favoráveis nesta população de seleção recorrente e confirma a possibilidade de obtenção de linhagens superiores para os caracteres avaliados. Para o desenvolvimento de uma cultivar biofortificada, é necessário combinar caracteres agronômicos e nutricionais (Muniz et al., 2016), pois viabiliza a sustentabilidade da produção de feijão-comum, além de ser garantia de aceitabilidade por parte do produtor.

Com base na seleção simultânea para os quatro caracteres, houve ganho para todas as características: 2,9% para produtividade, 3,6% para M100, 2,3% para CFe e 1,3% para CZn (Tabela 6). Embora seja inferior aos ganhos observados em cada caráter isoladamente, a seleção simultânea favorece a frequência de alelos favoráveis em mais de um caráter na mesma seleção. Os resultados obtidos são semelhantes aos de Queiroz et al., (2021), que reportaram ganhos para produtividade, M100, CFe e CZn de 3,8%, 1,0%, 2,7% e 2,3%, respectivamente.

Com o intuito de incrementar a variabilidade genética da população de seleção recorrente, a linhagem CNFP 20086 será incluída na recombinação, para formação da

população base no ciclo 2. A linhagem CNFP 20086 foi desenvolvida pelo CIAT a partir do cruzamento SMN57 // SEN116 / SMC101 e introduzida no Brasil, posteriormente. Essa linhagem apresentou altas médias para CFe (80 mg kg^{-1}) e CZn (35 mg kg^{-1}), além de bom desempenho agrônômico, com base em resultados de ensaios avançados conduzidos nos anos de 2024 e 2025 (Santos et al., 2024).

Um programa de seleção recorrente, em plantas autógamas, não se resume a melhoria da população com o avanço dos ciclos. Comercialmente, há interesse na obtenção de linhagens que possam se tornar novas cultivares, ou, no mínimo, que sejam genitores para novos blocos de cruzamentos. Em paralelo ao que foi relatado, com relação às progênies, foram obtidas linhagens a partir das dez progênies selecionadas no ciclo 0, as quais estão sendo submetidas à avaliação quanto a suas CFe e CZn e outras características de importância agrônômica e comercial e, posteriormente, após algumas etapas de seleção, serão avaliadas em ensaios multilocais, a fim de validar o potencial de se tornarem cultivares biofortificadas.

Durante a safra de inverno de 2019, em Santo Antônio de Goiás, 400 linhagens foram avaliadas na geração $S_{0:4:5}$, de modos semelhante ao descrito para as progênies, sendo selecionadas 93, por apresentarem altas CFe e CZn, além de boa qualidade agrônômica. Essas 93 linhagens, na geração $S_{0:4:6}$, conduzida em Santo Antônio de Goiás (inverno/2021), foram novamente avaliadas e 24 foram selecionadas. As 24 linhagens selecionadas foram avaliadas com a inclusão das testemunhas BRS Esteio e BRS Supremo em experimento preliminar, em dois ambientes, sendo Ponta Grossa (Águas/2022) e Santo Antônio de Goiás (inverno/2022). Os resultados permitiram a seleção de seis linhagens que foram avaliadas em experimento intermediário, em cinco ambientes: Santo Antônio de Goiás (águas/2024 e inverno/2024) e em Ponta Grossa (águas/2023, seca/2024 e águas/2024). Este processo resultou na seleção de uma linhagem (CNFP 22358) que será avaliada em experimentos de valor de cultivo e uso para feijão-comum do grupo preto em 2028 e 2029.

Em 2024, durante a safra de inverno, 360 linhagens obtidas a partir das melhores progênies do ciclo I, na geração $C_1S_{0:3:4}$, foram avaliadas em campo, resultando na seleção de 75 linhagens. Essas 75 linhagens compuseram a geração $C_1S_{0:3:5}$, avaliada no inverno/2025, em Santo Antônio de Goiás. A seleção resultou em 28 linhagens, que serão avaliadas com a inclusão de três testemunhas (BRS Supremo, BRS FP403 e a linhagem CNFP18133) em experimentos com repetição, em três ambientes: Santo Antônio de Goiás (inverno/2026); e Ponta Grossa (águas/2026 e seca/2027).

5 CONCLUSÕES

- i) Existe variabilidade genética entre as progênies do ciclo I de seleção recorrente para altas CFe e CZn em grão preto.
- ii) Foram selecionadas 10 progênies com altas médias para CFe, CZn, produtividade e M100, para recombinação e formação do ciclo II de seleção recorrente.
- iii) Foram obtidas linhagens a partir das 10 progênies.

6 REFERÊNCIAS

AGUIAR, M. S.; PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C. de; TORGA, P. P.; MAGALDI, M. C. de S.; SOUZA, N. P. de; KNUPP, A. M.; LUZ, T. C. de L. A.; PONTES JÚNIOR, V. de A.; MELO, L. C. BRS FP426: A black common bean cultivar with excellent yield and commercial quality and high resistance to Fusarium wilt. **Funcional Plant Breeding Journal**, v. 7, n. 7, 7 p., 2025.

AGUIAR, M. S.; PEREIRA, H. S.; SOUZA, T. L. P. O. de; FARIA, L. C. de; COSTA, J. G. C. da; TORGA, P. P.; GUIMARÃES, C. M.; SOUZA FILHO, B. F. de; ALMEIDA, V. M. de; MELO, L. C. BRS FP417: black common bean cultivar with high yield, high commercial-quality grain, and disease resistance. **Funcional Plant Breeding Journal**, Campos dos Goytacazes, v. 5, 2023.

ALMEIDA, C. P. de; PAULINO, J. F. de C.; CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; QIJIAN, C.; DI VITTORI, V.; RODRIGUEZ, M.; PAPA, R.; BENCHIMOL-REIS, L. L. Genetic Diversity, Population Structure, and Andean Introgression in Brazilian Common Bean Cultivars after Half a Century of Genetic Breeding. **Genes**, Basel, v. 11, 2020.

ALVES, E. A. **Variabilidade genética de progênes de feijão-comum do grupo preto do quarto ciclo de seleção recorrente para produtividade**. 2025. 126 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2025.

ALVES, E. A.; MELO, P. G. S.; COELHO, A. S. G.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic diversity for yield and grain quality of fourth-cycle recurrent-selection progenies of black common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 26, n. 3, e55472634, 2026.

ALTAF, M. T.; NADEEM, M. A.; AYTEN, S.; AKSOY, E.; MANSOOR, S.; KARUNATHILAKE, E. M. B. M.; CHUNG, Y. S.; BALOCH, F. S. Genome-wide association study of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) unveils novel loci governing root-to-seed zinc allocation. **Scientific Reports**, v. 15, 21503, 2025.

AMONGI, W.; KATO, F.; MALE, A.; NAKYANZI, B.; SEBULIBA, S.; KABWAMA, A.; MBIU, J.; WILLIAMS, M.; BAGUMA, G.; MUKANKUSI, C. Gain and performance in yield and micronutrient concentration in common bean improvement. **African Crop Science Journal**, v. 31, n. 1, pp. 85-111, 2023.

AOAC, ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS: Metals in plants and pet foods-atomic absorption spectrophotometric method. First action 1975. Final action 1988, AOAC-Official Methods of Analysis, 16th Edition, v. 1, Chapter 03, p. 03, **AOAC International**, Arlington, 1995.

AVICAN, O.; BILGEN, B. B. Investigation of the genetic structure of some common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) commercial varieties and genotypes used as a genitor with SSR and SNP markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**. Berlim, v. 69, p. 2755-2768, 2022.

AZEEM, A.; KHAN, S.; HAQ, M. Z. U.; SHAFIQ, S.; ASLAM, M. T.; MUNIR, S.; ZAMAN, M. S. Biofortification strategies for enhancing crop nutritional value: a review of methods, challenges, and future directions. **Discover Plants**. Berlim, v. 2, n. 85, 2025.

BEAVER, J. S.; KELLY, J. D. Comparison of selection methods for dry bean populations derived from crosses between gene pools. **Crop Science**. Madison, v. 34, 1. ed., p. 34-37, 1994.

BEEBE, S.; GONZALEZ, A. V.; RENGIFO, J. Research on Trace Minerals in the Common Bean. **Food and Nutrition Bulletin**, Thousand Oaks, v. 21, 4. ed., p. 387-391, 2000. BLAIR, M. W.; ASTUDILLO, C.; RENGIFO, J.; BEEBE, S. E.; GRAHAM, R. QTL analyses for seed iron and zinc concentrations in an intra-genepool population of Andean common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) **Theoretical and Applied Genetics**, Berlim, v.122, p. 511-521, 2011.

BLAIR, M.W.; MEDINA, J.I.; ASTUDILLO, C.; RENGIFO, J.; BEEBE, S.E.; MACHADO, G.; GRAHAN, R. QTL for seed iron and zinc concentration and content in a Mesoamerican common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) population. **Theoretical and Applied Genetics**, v.121, p.1059-1070, 2010.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa: UFV, 2017.

BURATTO, J. S.; MODA-CIRINO, V. Estimativas de parâmetros genéticos para ferro, zinco, magnésio e fósforo em grãos de feijão. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 8, n. 1, p. 24, 2017.

CAMASCHELLA, C. Iron deficiency. **Blood**: American Society of Hematology, Washington, D.C., v. 133, n. 1, p. 30-39, 2019.

CÁRDENAS-CASTRO, A. P.; PÉREZ-JIMÉNEZ, J.; BELLO-PÉREZ, L. A.; TOVAR, J.; SÁYAGO-AYERDI, S. G. Bioaccessibility of phenolic compounds in common beans (*phaseolus vulgaris* l.) after in vitro gastrointestinal digestion: a comparison of two cooking procedures. **Cereal Chemistry**. Montreal, v. 97, n. 3, e 662703, p. 670-680 2020.

CARGNIN, A. **Seleção Recorrente no Melhoramento Genético de Plantas Autógamas**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 2007.

CARLONI, P. R.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C. de; SOUZA, T. L. P. O. de; ALMEIDA, V. M. de; CARVALHO, H. W. L. de; PEREIRA FILHO, I. A.; AGUIAR, M. S. de; PEREIRA, H. S. Genotype by environment interaction in common bean cultivars for iron and zinc concentration in grains. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 43, n. 4, p. 1787-1804, 2022.

CARLONI, P. R.; SOUZA, T. L. P. O. de; AGUIAR, M. S. de; MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and validation of microsatellite markers associated

with iron and zinc in common bean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 58, e03267, 2023.

CICHY, K. A.; FORSTER, S.; GRAFTON, K. F.; HOSFIELD, G. L. Inheritance of Seed Zinc Accumulation in Navy Bean. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 3, p. 864-870, 2005.

CIESLAK, J. F. **Caracterização de regiões genômicas que flanqueiam os locos de resistência à antracnose do feijoeiro-comum Co-4 e Co-5**. 2014. 73f. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular), Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2014.

COELHO, R. C.; BARSOTTI, R. C. F.; MALTEZ, H. F.; LOPES JÚNIOR, C. A.; BARBOSA, H. de S. Expanding information on the bioaccessibility and bioavailability of iron and zinc in biofortified cowpea seeds. **Food Chemistry**. Amsterdã, v. 347, n. 15, 9 p., 2021.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, Brasília. v. 13, n. 3, p. 41-56, 2026.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, Brasília. v. 13, n. 6, p. 45-66, 2026.

COSTA, N. V.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; SOUSA, R. G. de; FERREIRA, E. P. de B.; KNUPP, A. M.; MELO, L. C. Genetic parameters and indirect selection of elite lines for efficiency in symbiotic nitrogen fixation in black common bean. **Crop Science**, v. 65, n. 4, 14 p., 2025.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**. v.38, n.4, p.547-552, 2016.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Viçosa: Suprema, 2011. 620 p.

DANTAS, S. de J.; TORRES, M. F. O.; SILVA-MANN, R.; VARGAS, P. F. *Phaseolus lunatus* L.: pulse seeds phenotype image analysis. **Genetic resources and crop evolution**, Berlin, v. 70, n. 8, p. 2555-2565, 2023.

DI PRADO, P. R. C.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. ; MELO, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S. Genetic control and selection of common bean parents and superior segregant populations based on high iron and zinc contents, seed yield and 100- seed weight. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 18, 18146, 12 p., 2019.

DIAS, P. A. S.; ALMEIDA, D. V.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Effectiveness of breeding selection for grain quality in common bean. **Crop Science**, Madison, v. 61, n. 2, p. 1127-1140, 2020.

DUARTE, R. D. C.; SILVA, M. N. da; FORTUNATO, G.; QUIRÓS-VARGAS, J.; MULLER, O.; MANAIA, C. M.; VASCONCELOS, M. W. Effects of short-term exposure to elevated atmospheric CO₂ on yield, nutritional profile, genetic regulatory pathways, and rhizosphere microbial community of common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Plant and Soil**. Berlin, v. 512, ed. 1-2, p. 297-311, 2025.

ELSTON, R. C. A weight free index for the purpose of ranking of selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, Alexandria, v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963.

EMBRAPA ARROZ E FEIJÃO. **Dados de conjuntura da produção de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) no Brasil (1985 - 2022)**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão. 2023. Disponível em: <<https://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>>. Acesso em: 09 abr. 2026.

FARIA, L. C.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; DEL PELOSO, M. J.; BRÁS, A. J. B. P.; MOREIRA, J. A. A.; CARVALHO, H. W. L. de; MELO, L. C. Genetic progress during 22 years of improvement of carioca-type common bean in Brazil. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 142, p. 68-74, 2013.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; DA SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; E SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, Viçosa, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012.

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

FERREIRA, S. B.; DIAS, P. A. S.; REZENDE, A. F.; GOMES, B. H.; BONETTI, A. M.; NOGUEIRA, A. P. O. Analysis of genetic diversity in soybean based on agronomic traits and microsatellite markers. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 49, 2025.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS (FAO). **Suite of Food Security Indicators**: Levantamento do ano de 2024, julho 2025. Roma: FAOSTAT. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/FS>. Acesso em: 08 jul. 2026.

GATTERMANN, N.; MUCKENTHALER, M. U.; KULOZIK, A. E.; METZGEROTH, G.; HASTKA, J. Evaluation of Iron Deficiency and Iron Overload. **Folha Médica Alemã Internacional**. Berlin, v. 118, n. 56, p. 847-858, 2021.

GLAHN, R. P.; NOH, H. Redefining bean iron biofortification: a review of the evidence for moving to a high fe bioavailability approach. **Frontiers in Sustainable Food Systems**. Lausanne, v. 5, e682130, 9 p., 2021.

Governo do Brasil. Relatório de recomendação. **Protocolo clínico e diretrizes terapêuticas: anemia por deficiência de ferro**. Brasília: Ministério da Saúde. 2023. 44 p. Disponível em: <https://www.gov.br/conitec/pt-br/midias/consultas/relatorios/2023/relatorio-tecnico-pcdt-anemia-por-deficiencia-de-ferro>. Acesso em: 17 mar. 2026.

GUPTA, S.; BRAZIER, A. K. M.; LOWE, N. M. Zinc deficiency in low-and middle-income countries: prevalence and approaches for mitigation. **Journal of Human Nutrition and Dietetics**. Nova Jersey, v. 33, n. 5, p. 624-643, 2020.

HAMZA, F. E. A.; MOHAMED, A. A.; TAMBAL, H. A.; MAHAGOUB, R. M. O.; MOHAMED, O. E.; ADAM, A. H. M. Genotype x environment interaction and yield stability analysis of some chickpea (*cicer arietinum* l.) genotypes across different environments in Sudan. **Journal of Agronomy Research**, Ranchocordova, v. 5, n. 39, 2023.

HARWOOD, J. Could the adverse consequences of the green revolution have been foreseen? How experts responded to unwelcome evidence. **Agroecology and Sustainable Food Systems**. Londres, v. 44, ed. 4, p. 509-535, 2020.

HUERTAS, R.; KARPINSKA, B.; NGALA, S.; MKANDAWIRE, B.; MALING'A, J.; WAJENKECHE, E.; KIMANI, P. M.; BOESCH, C.; STEWART, D.; HANCOCK, R. D.; FOYER, C. H. Biofortification of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with iron and zinc: Achievements and challenges. **Food and Energy Security**, [S.I.] v. 12, n. 2, 27 p., 2023.

IZQUIERDO, P.; SADOHARA, R.; WIESINGER, J.; GLAHN, R.; URREA, C.; CICHY, K. Genome-wide association and genomic prediction for iron and zinc concentration and iron bioavailability in a collection of yellow dry beans. **Frontiers in Genetics: Genomics of Plants and Plant-Associated Organisms**, Lausanne, v. 15, e1330361, 12 p., 2024.

JAEGER, A.; BANKS, D. Cluster analysis: A modern statistical review. **Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics WIREs**, Nova Iorque, v. 15, n. 3, e1597, 2023.

JOHN, D. A.; BABU, G. R. Lessons From the Aftermaths of Green Revolution on Food System and Health. **Frontiers in Sustainable Food Systems**. Lausanne, v. 5, e644559, 2021.

JOSHI, P. YASIN, M.; SUNDARAM, P. Genetic variability, heritability and genetic advance study for seed yield and yield component traits in a chickpea recombinant inbred line (ril) population. **International Journal of Pure & Applied Bioscience**, [S.I.], v. 6, n. 2, p. 136-141, 2018.

JUSTINO, L. F.; HEINEMANN, A. B.; MATTA, D. H. da; STONE, L. F.; GONÇALVES, P. A. de O.; SILVA, S. C. da. Characterization of common bean production regions in Brazil using machine learning techniques. **Agricultural Systems**. Oxford, v. 224, e 104237, 16 p., 2025.

LAMPTEY, M.; ADU-DAPAAH, H.; AMOAKO-ANDOH, F. O.; BUTARE, L.; BEDIAKO, K. A.; AMOAH, R. A.; TAWIAH, I.; YEBOAH, S.; ASIBUO, J. Y. Genetic studies on iron and zinc concentrations in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Ghana. **Heliyon**, Maryland Heights, v. 9, n. 6, e e17303, jun. 2023.

LEMO, R. C.; ABREU, A. F. B.; SOUZA, E. A.; SANTOS, J. B.; RAMALHO, M. A. P. A half century of a bean breeding program in the South and Alto Paranaíba regions of Minas Gerais. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. Viçosa, v. 20, n. 2, e295420211, 2020.

LIMA, G. A. S.; PEREIRA, F. A. C.; FERREIRA, A. N.; CARNEIRO, V. Q.; SOUZA, E. A. de. Accumulating alleles of resistance to white mold in common beans over 13 recurrent selection cycles. **Crop Science**. Madison, v. 66, n. 1, e70240, 2026.

MAGOMERE, K. M.; NCHIMBI-MSOLLA, S.; TRYPHONE, G. M. Genetic parameters estimate of iron and zinc nutrients in common bean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, [S.I.], v. 20, n. 7, p. 504-509, 2024.

MARTINIANO-SOUZA, M. C.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; VALENTINI, G.; ELIAS, J. C. F.; XAVIER, L. F. S.; ARIANI, A. GEPTS, P.; COSTA, A. F. Population

structure and genetic diversity in common bean accessions from Northeast Brazil. **World Journal of Advanced Research and Reviews**, v. 12, n. 1, p. 287-297, 2021.

MARTINS, S. M.; BITTENCOURT, C. D.; MELO, L. C.; AGUIAR, M. S.; ALMEIDA, V. M. de; SOUZA, T. L. P. O.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and selection of common bean lines with high nutritional and agronomic quality. **Crop Science**, Madison, v. 63, n. 1, p. 128-138, 2023.

MARTINS, S. M.; MELO, P. G. S.; FARIA, L. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic parameters and breeding strategies for high levels of iron and zinc in *Phaseolus vulgaris* L.. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, 2. ed., p. 1-11, 2016

MEENU, M.; CHEN, P.; MRADULA, M.; CHANG, S. K. C.; XU, B. New insights into chemical compositions and health-promoting effects of black beans (*Phaseolus vulgaris* L.). **Food Frontiers**, Nova Jersey, v. 4, p. 1019-1038, 2023.

MELO, L. C.; SILVA, A. C. F.; PEREIRA, H. S.; MELO, P. G. S.; SOUZA, T. L. P. O. Genetic diversity as an additional selection criterion in a carioca common bean recurrent selection program for resistance to common bacterial blight. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 18, n. 4, 15 p., 2019.

MILLIGAN, G. W.; COOPER, M. C. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. **Psychometrika**, Berlim, v. 50, n. 2, p. 159-179, 1985.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal**, Oxford, v. 20, n. 4, p. 359-363, 1977.

MORAIS JÚNIOR, O. P.; BRESEGHELLO, F.; DUARTE, J. B.; MORAIS, O. P.; RANGEL, P. H. N.; COELHO, A. S. G. Effectiveness of Recurrent Selection in Irrigated Rice Breeding. **Crop Science**. Madison, v. 57, 6. ed., p. 3043-3058, 2017.

MORAIS JÚNIOR, O. P.; MELO, P. G. S.; MORAIS, O. P.; CASTRO, A. P.; BRESEGHELLO, F.; UTUMI, M. M. et al. Genetic progress after cycles of upland rice recurrent selection. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 72, n. 4, p. 297-305, 2015.

MULLINS, A. P.; ARJMANDI, B. H. Health benefits of plant-based nutrition: focus on beans in cardiometabolic diseases. **Nutrients**, Basel, v. 13, n. 2, 16 p., 2021.

NDUWARUGIRA, E.; NCHIMBI-MSOLLA, S.; KUSOLWA, P. M.; ASSEFA, T.; MUKANKUSI, C. M.; RUBYOGO, J. C. Effect of the genetic and environment interaction on yield, Fe and Zn content among locally cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 16, e1719270, 21 p., 2026.

OHANENYE, I. C.; EMENIKE, C. U.; MENSI, A.; MEDINA-GODOY, S.; JIN, J.; AHMED, T.; SUN, X.; UDENIGWE, C. C. Food fortification technologies: Influence on iron, zinc and vitamin A bioavailability and potential implications on micronutrient deficiency in sub-Saharan Africa. **Scientific African**, Amsterdã, v. 11, e00667, 12 p., 2021.

OLIVEIRA, L. dos S. G.; DALVI, L. P.; SOUZA, L. C. de; SILVA, J. A. da; SOARES, T. C. B. Open-access Genetic diversity of recombinant inbred lines of *Phaseolus vulgaris* L. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 52, n. 3, 2021.

ÖZKAN, G.; HALILOĞLU, K.; TÜRKOĞLU, A.; ÖZTURK, H. I.; ELKOCA, E.; POCZAI, P. Determining genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from türkiye using SSR markers. **Genes**, Basel, v. 13, n. 8, p. 1410, 8 ago. 2022.

PÁDUA, P. F. de; PEREIRA, R.; ABREU, Â. de F. B.; RAMALHO, M. A. P.; SOUZA, E. A. Efficiency of a recurrent selection method to achieve resistance of common beans to *Pseudocercospora griseola* in a short period. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 45, 2021.

PAIXÃO, C. K. F.; GOMES, D. R.; OLIVEIRA, D. S.; MATTOS, M. P. prevalência e fatores associados à anemia ferropriva entre crianças no brasil: revisão sistemática e metanálise. **Revista Baiana de Saúde Pública**. Salvador, v. 45, n. 3, p. 212-235, 2021.

PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; FARIA, L. C. de; WENDLAND, A.; PELOSO, M. J. D.; COSTA, J. G. C. da; NASCENTE, A. S.; DÍAZ, J. L. C.; CARVALHO, H. W. L. de; ALMEIDA, V. M. de; MELO, C. L. P. de; COSTA, A. F. da; POSSE, S. C. P.; MAGALDI, M. C. S.; ABREU, Â. F. B.; GUIMARÃES, C. M.; OLIVEIRA, J. P. de; MOREIRA, J. A. A.; MARTINS, M.; SOUZA FILHO, B. F. de. BRS Esteio: common bean cultivar with black grain, high yield potential and moderate resistance to anthracnose. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 13, n. 4, p. 373-376, 2013.

PEREIRA, H. S.; DEL PELOSO, M. J.; BASSINELLO, P. Z.; GUIMARÃES, C. M.; MELO, L. C.; FARIA, L. C. Genetic variability for iron and zinc content in common bean lines and interaction with water availability. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 3, n. 13, p. 6773-6785, 2014.

PEREIRA, H. S.; MOTA, A. P. S.; RODRIGUES, L. A.; DE SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C. Genetic diversity among common bean cultivars based on agronomic traits and molecular markers and application to recommendation of parent lines. **Euphytica**, Berlim, v. 215, n. 2, p. 38, 2019.

PHILIPO, M.; NDAKIDEMI, P.A.; MBEGA, E.R. Environmental and genotypes influence on seed iron and zinc levels of landraces and improved varieties of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Tanzania. **Ecological Genetics and Genomics**, Amsterdam, v.15, e100056, 2020.

PIMENTEL-GOMES, F. P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. São Paulo: Nobel, 2009, 466 p.

PIMENTEL-GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental**. 14. ed. São Paulo: Nobel, 2000.

PIRES, L. P. M.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. de F. B.; FERREIRA, M. C. Recurrent mass selection for upright plant architecture in common bean. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 71, n. 3, p. 240-243, 2014.

PRASAD, A. S. Lessons learned from experimental human model of zinc deficiency. **Journal of Immunology Research**, Londres, v. 2020, 12 p., 2020.

QUEIROZ, L. R.; RODRIGUES, L. L.; MARTINS, S. M.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Recurrent selection for high iron and zinc concentrations in black bean grain. **Bragantia**, v. 80, e3121, 2021.

R CORE TEAM. **R**: A Language and Environment for Statistical Computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2024.

RAMADAS, S.; VELLAICHAMY, S.; RAMASUNDARAM, P.; KUMAR, A.; SINGH, S. (2020) Biofortification for enhancing nutritional outcomes and policy imperatives. In.: GUPTA, O. P.; PANDEY, V.; NARWAL, S.; SHARMA, P.; RAM, S.; SINGH, G. P. (ed.). **Wheat and Barley Grain Biofortification**. 1 ed. p. 309-327.

RAMALHO, M. A. P., NUNES, J. A. R.; PÁDUA, J. M. V.; TOLEDO, F. H. B. Melhoramento genético: contribuições e desafios. In: RAMALHO, M. A. P., NUNES, J. A. R.; PÁDUA, J. M. V.; TOLEDO, F. H. B. (ed.). **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1. ed. Lavras: Editora UFLA, 2024, cap. 1, p. 11-25.

RAMALHO, M. A. P., NUNES, J. A. R.; PÁDUA, J. M. V.; TOLEDO, F. H. B. Seleção recorrente no melhoramento de plantas autógamas. In: RAMALHO, M. A. P., NUNES, J. A. R.; PÁDUA, J. M. V.; TOLEDO, F. H. B. (ed.). **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. 1. ed. Lavras: Editora UFLA, 2024, cap. 10, p. 253-287.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Fundação MT: Rondonópolis, 2001, p. 201-230.

RAMALHO, M. A. P.; DIAS, L. A. S.; CARVALHO, B. L. Contributions of plant breeding in Brazil: progress and perspectives. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 12, p. 111-120, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, 1993.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 37, n. 13, p. 182-194, 2007.

RESENTE, M. D. V.; SILVA, F. F.; AZEVEDO, C. F. **Estatística matemática, biométrica e computacional: Modelos mistos, multivariados, categóricos e generalizados (REML/BLUP), inferência bayesiana, regressão aleatória, seleção genômica, QTL-GWAS, estatística espacial e temporal, competição, sobrevivência**. Viçosa: Suprema, 2014. 881 p.

RIBEIRO, N. D.; ANDRADE, F. F. DE; MAZIERO, S. M. Grain technological quality traits and relationship to mineral concentration in common bean. *Revista Caatinga*, Mossoró, v. 38, 2025.

RIBEIRO, N. D.; KLÄSENER, G. R.; MORAIS, R. B. Statistical methods for more precise selection of biofortified common bean lines. **Euphytica**, Berlim, v. 216, n. 11, 2020.

RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M. Genetic gain for mineral concentration in common bean cultivars released by the southern brazilian common-bean network. **Euphytica**, Berlim, v. 220, n. 19, 16 p., 2024.

RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M. Genetic gain for mineral concentration in common bean cultivars released by the Southern Brazilian common-bean network. **Euphytica**, Berlim, v. 220, n. 29, 2024.

RODRIGUES, L. L. **Controle genético do escurecimento dos grãos de feijão com diferentes tipos de grão e origens**. 2018. 62 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2018.

RODRIGUES, L. L.; RODRIGUES, L. A.; SOUZA, T. L. P. O. de; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Genetic control of seed coat darkening in common bean cultivars from three market classes. **Crop Science**, Madison, v. 59, n. 5, p. 2046-2054, 2019.

SALGOTRA, R. K.; CHAUHAN, B. S. Genetic Diversity, Conservation, and Utilization of Plant Genetic Resources. **Genes**, Basel, v. 14, n. 1, 20 p., 2023.

SANTOS, A. C. F. dos; SOUZA, T. L. P. O. de; TORGA, P. P.; FARIA, L. C. de; AGUIAR, M. S. de; MELO, L. C.; PEREIRA, H. S. Seleção de linhagens de feijão preto com alto desempenho agrônômico e qualidade nutricional dos grãos. In: SEMINÁRIO JOVENS TALENTOS, 17., 2023, Santo Antônio de Goiás. Seu futuro inspira a nossa ciência: **resumos**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2024.

SAVIĆ, A.; PIPAN, B.; VASIĆ, M.; MEGLIČ, V. Genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm from Serbia, as revealed by single sequence repeats (SSR). **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 288, n. 15, e110405, 2021.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, n. 6, p. 507-512, 1974.

SEGURA-ALABART, N.; SERRATOSA, F.; GÓMEZ, S.; FERNÁNDEZ, A. Nonunique UPGMA clusterings of microsatellite markers. **Briefings in Bioinformatics**, Oxford, v. 23, n. 5, 2022.

SILVA, F. A. da; CORRÊA, A. M.; TEODORO, P. E.; LOPES, K. V.; CORRÊA, C. C. G. Genetic divergence in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in the Cerrado-Pantanal ecotone. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, 11 p., 2017.

SILVA, É. M. da.; GUEDES, M. L.; CRISPIM-FILHO, A. J.; CIAPPINA, A. L. Genetic parameters and selection for multiple traits in recurrent selection populations of maize. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 70, n. 3, p. 81-90, 2023.

SOUSA, A. M. de C. B. de.; RESENDE, M. P. M.; CRISPIM-FILHO, A. J.; MIRANDA, G. Genetic Gains and Field Validation of Synthetic Populations in Tropical Maize Using Selection Indexes and REML/BLUP. **Plants**, Basileia, v. 14, n. 20, 18 p., 2025.

SZEREMENT, J.; SZATANIK-KLOC, A.; MOKRZYCKI, J.; MIERZWA-HERSZTEK, M. Agronomic biofortification with Se, Zn, and Fe: an effective strategy to enhance crop nutritional quality and stress defense - a review. **Soil Science and Plant Nutrition**. Berlim, v. 22, p. 1129-1159, 2022.

TURCHETTO-ZOLET, A. C.; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. **Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética. 2017. 181 p.

VALDISSER, P. A. M. R.; MOTA, A. P. S.; BUENO, L. G.; MENEZES, I. P. P.; COELHO, G. R. C.; MAGALHÃES, F. O. C.; VIANELLO, R. P. **Protocolo de extração de DNA e genotipagem de SSRs em larga escala para uso no melhoramento do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013.

VALE, T. M. C. do; SPYRIDES, M. H. C.; CABRAL JÚNIOR, J. B.; ANDRADE, L. M. B.; BEZERRA, B. G.; RODRIGUES, D. T.; MUTTI, P. R. Climate and water balance influence on agricultural productivity over the Northeast Brazil. **Theoretical and Applied Climatology**, Viena, v. 155, p. 879-900, 2024.

VAZ PATTO, M. C.; SATOVIC, Z.; PÊGO, S.; FEVEREIRO, P. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. **Euphytica**, Berlim, v. 137, p. 63-72, 2004.

VELLO, N. A.; NAZATO, F. M. Recurrent selection. *In.*: SILVA, L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDCKE, W. H. **Soybean breeding**, Berlim, 2017, p. 171-191.

WANG, X. W.; LAP, J. R.; FAN, L.; ZHANG, R. B. Effects of recurrent selection on populations of various generations in wheat by using the Tai Gu single dominant male-sterile gene. **The Journal of Agricultural Science**. Cambridge, v. 126, 4. ed., 2009.

WERNER, B. K.; WILCOX, J. R. Recurrent selection for yield in Glycine max using genetic male-sterility. **Euphytica**, Belim, v. 50, p. 19-26, 1990.

APÊNDICES

Apêndice A. Resumo das análises de variância individuais para produtividade (kg ha⁻¹) e massa de 100 grãos (M100) (g) de 30 progênes do programa de seleção recorrente para aumento da CFe e zinco, na geração S_{0:3} de feijão-comum do grupo preto avaliadas em três ambientes.

Fonte de Variação	GL ¹	Produtividade			M100		
		SAG I22 ^a	PG A23 ^b	PG S24 ^c	STG I22 ^a	PG A23 ^b	PG S24 ^c
		QM					
Blocos	2	808169	195190	61259	1,7	7,8	0,2
Tratamentos	33	684160**	240805**	204333**	5,5**	11,5**	7,9**
Progênes (P)	29	714814**	176112*	193172**	5,7**	11,8**	8,4**
Testemunhas (T)	3	541020*	669797**	281688**	8,3**	9,9**	4,7*
P vs. T	1	224618 ^{ns}	829920**	295942*	0,6 ^{ns}	8,7**	3,5 ^{ns}
Resíduo	66	142425	105408	46070	0,5	0,8	1,2
Média geral		2527	2591	2527	23,2	25,5	22,7
Média (P)		2544	2558	2544	23,2	25,3	22,7
Média (T)		2398	2838	2398	23,3	26,3	23,35
CV (%) ²		15	13	15	3,2	3,6	4,8
r _{gg} ³		0,89	0,99	0,87	0,94	0,96	0,92

^a Avaliação em Santo Antônio de Goiás no inverno de 2022; ^b avaliação em Ponta Grossa nas águas de 2023; ^c avaliação em Ponta Grossa na seca de 2024; ¹ Graus de liberdade;

² Coeficiente de variação; ³ Acurácia seletiva.

**, * significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns} não significativo.

Apêndice B. Resumo das análises de variância individuais para CFe (mg kg⁻¹) e zinco (mg kg⁻¹) de 30 progênes do programa de seleção recorrente para aumento da CFe e zinco, na geração S_{0:3} de feijão-comum do grupo preto avaliadas em três ambientes.

Fonte de Variação	GL ¹	CFe			CZn		
		SAG I22 ^a	PG A23 ^b	PG S24 ^c	STG I22 ^a	PG A23 ^b	PG S24 ^c
		QM					
Blocos	2	55,8	193,4	33,0	38,7	14,3	4,6
Tratamentos	33	38,0 ^{**}	95,3 ^{**}	85,5 ^{**}	28,6 ^{ns}	8,5 ^{**}	11,4 ^{ns}
Progênes (P)	29	30,3 ^{ns}	84,8 ^{**}	63,7 ^{**}	27,5 ^{ns}	7,8 ^{**}	9,3 ^{ns}
Testemunhas (T)	3	110,7 ^{**}	69,9 [*]	155,6 ^{**}	43,6 ^{ns}	12,5 [*]	25,6 [*]
P vs. T	1	38,2 ^{ns}	475,6 ^{**}	507,3 ^{**}	15,1 ^{ns}	16,8 [*]	30,0 [*]
Resíduo	66	19,2	21,5	30,8	20,6	3,4	7,2
Média geral		59,7	76,1	74,4	41,5	28,8	19,9
Média (P)		59,9	76,9	75,2	41,6	29,0	20,1
Média (T)		58,0	70,2	68,4	40,4	27,7	18,4
CV (%) ²		7,3	6,1	7,5	10,9	6,4	13,4
r _{gg} ³		0,70	0,88	0,79	0,53	0,77	0,61

^a Avaliação em Santo Antônio de Goiás no inverno de 2022; ^b avaliação em Ponta Grossa nas águas de 2023; ^c avaliação em Ponta Grossa na seca de 2024; ¹ Graus de liberdade;

² Coeficiente de variação; ³ Acurácia seletiva.

^{**}, ^{*} significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns} não significativo.

Apêndice C. Matriz da distância euclidiana entre 30 progênes do ciclo C₁S_{0:3} do programa de seleção recorrente para aumento da CFe e CZN, na geração S_{0:3} de feijão-comum do grupo preto obtida pelo método proposto por Rogers modificado por Wright (1978).

P	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	Média
1	-	0,61	0,57	0,66	0,57	0,69	0,66	0,64	0,64	0,63	0,74	0,70	0,67	0,61	0,74	0,59	0,69	0,70	0,77	0,74	0,68	0,63	0,44	0,59	0,65	0,63	0,35	0,65	0,66	0,72	0,64
2	-	-	0,49	0,35	0,59	0,51	0,55	0,56	0,63	0,48	0,61	0,63	0,49	0,57	0,66	0,55	0,55	0,51	0,70	0,67	0,53	0,31	0,35	0,52	0,49	0,44	0,38	0,61	0,55	0,63	0,53
3	-	-	-	0,45	0,54	0,51	0,55	0,57	0,47	0,57	0,58	0,44	0,50	0,49	0,50	0,42	0,62	0,55	0,56	0,59	0,47	0,43	0,26	0,54	0,55	0,56	0,39	0,53	0,51	0,53	0,51
4	-	-	-	-	0,56	0,58	0,53	0,63	0,53	0,62	0,54	0,59	0,44	0,51	0,60	0,54	0,52	0,48	0,61	0,56	0,48	0,33	0,26	0,61	0,43	0,54	0,42	0,63	0,44	0,52	0,52
5	-	-	-	-	-	0,60	0,56	0,63	0,53	0,55	0,51	0,66	0,52	0,54	0,57	0,45	0,38	0,48	0,65	0,66	0,58	0,48	0,35	0,63	0,54	0,61	0,35	0,66	0,54	0,62	0,54
6	-	-	-	-	-	-	0,42	0,39	0,53	0,42	0,64	0,59	0,54	0,51	0,52	0,48	0,65	0,56	0,63	0,60	0,57	0,54	0,29	0,59	0,62	0,56	0,35	0,59	0,64	0,63	0,54
7	-	-	-	-	-	-	-	0,45	0,35	0,48	0,62	0,53	0,55	0,45	0,49	0,42	0,63	0,57	0,44	0,35	0,60	0,53	0,23	0,63	0,51	0,59	0,35	0,57	0,63	0,53	0,50
8	-	-	-	-	-	-	-	-	0,61	0,42	0,71	0,61	0,63	0,53	0,63	0,55	0,70	0,63	0,68	0,69	0,65	0,60	0,33	0,63	0,62	0,60	0,35	0,58	0,77	0,72	0,58
9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,57	0,52	0,42	0,57	0,38	0,35	0,40	0,63	0,63	0,29	0,28	0,54	0,56	0,23	0,59	0,52	0,63	0,33	0,50	0,51	0,38	0,48
10	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,63	0,61	0,58	0,57	0,55	0,54	0,60	0,63	0,68	0,67	0,61	0,49	0,33	0,45	0,64	0,56	0,36	0,59	0,66	0,66	0,56
11	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,67	0,51	0,57	0,47	0,57	0,56	0,49	0,63	0,66	0,43	0,50	0,33	0,60	0,58	0,64	0,43	0,60	0,61	0,44	0,54
12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,62	0,53	0,54	0,53	0,74	0,71	0,53	0,54	0,56	0,58	0,26	0,57	0,58	0,65	0,47	0,48	0,61	0,54	0,56
13	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,53	0,53	0,53	0,48	0,43	0,64	0,64	0,48	0,39	0,26	0,53	0,60	0,60	0,40	0,58	0,45	0,48	0,53
14	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,43	0,42	0,62	0,62	0,49	0,45	0,53	0,53	0,26	0,56	0,52	0,65	0,39	0,53	0,51	0,48	0,52
15	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,48	0,67	0,61	0,53	0,52	0,48	0,57	0,26	0,54	0,63	0,68	0,45	0,51	0,59	0,44	0,52
16	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,56	0,55	0,44	0,51	0,53	0,48	0,18	0,60	0,49	0,59	0,35	0,58	0,53	0,56	0,52
17	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,52	0,69	0,71	0,58	0,43	0,33	0,67	0,52	0,70	0,47	0,73	0,48	0,65	0,54
18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,73	0,72	0,51	0,48	0,35	0,68	0,56	0,47	0,29	0,66	0,65	0,64	0,55
19	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,33	0,64	0,64	0,21	0,73	0,56	0,78	0,50	0,70	0,60	0,51	0,56
20	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,66	0,63	0,23	0,70	0,57	0,74	0,45	0,68	0,56	0,47	0,55
21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,45	0,23	0,48	0,54	0,56	0,42	0,42	0,58	0,55	0,52
22	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,28	0,52	0,49	0,52	0,39	0,58	0,43	0,54	0,52
23	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,29	0,35	0,39	0,29	0,33	0,26	0,31	0,48
24	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,68	0,59	0,43	0,45	0,57	0,60	0,53
25	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,61	0,43	0,63	0,59	0,64	0,54

Apêndice C (Cont.). Matriz da distância euclidiana entre 30 progênies do ciclo C₁S_{0:3} do programa de seleção recorrente para aumento da CFe e CZn, na geração S_{0:3} de feijão-comum do grupo preto obtida pelo método proposto por Rogers modificado por Wright (1978).

P	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30	Média
26	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,29	0,61	0,71	0,70	0,54
27	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,44	0,50	0,47	0,51
28	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,70	0,61	0,53
29	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	0,45	0,52
30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

1 FX10874-5-B-B; **2** FX10874-7-B-B; **3** FX10874-56-B-B; **4** FX10874-58-B-B; **5** FX10874-59-B-B; **6** FX10874-79-B-B; **7** FX10874-83-B-B; **8** FX10874-95-B-B; **9** FX10874-111-B-B; **10** FX10874-133-B-B; **11** FX10874-134-B-B; **12** FX10874-136-B-B; **13** FX10874-158-B-B; **14** FX10874-177-B-B; **15** FX10874-204-B-B; **16** FX10874-224-B-B; **17** FX10874-232-B-B; **18** FX10874-234-B-B; **19** FX10874-250-B-B; **20** FX10874-256-B-B; **21** FX10874-277-B-B; **22** FX10874-312-B-B; **23** FX10874-338-B-B; **24** FX10874-343-B-B; **25** FX10874-386-B-B; **26** FX10874-395-B-B; **27** FX10874-414-B-B; **28** FX10874-421-B-B; **29** FX10874-437-B-B; **30** FX10874-444-B-B.

Apêndice D. Painéis de marcadores moleculares microssatélites com as identificações de seus respectivos locus, fluorescência, sequências de nucleotídeos, faixa de amplificação em pares de bases (pb) e localização. Fonte: Valdisser et al. (2013), adaptado por Moraes et al. (2016).

Painel	Marcador	Fluorescência	Sequência de nucleotídeos (direta)	Sequência de nucleotídeos (inversa)	Faixa de amplificação (pb)	Cromossomo
1	BM143	HEX	GGGAAATGAACAGAGGAAA	ATGTTGGGAACTTTGTAGTGTG	100-170	Pv02
	PVBR25	6-FAM	GAGCTTCTCCGTCCTGTGT	CGAACTGAATCAGAAAGGAA	140-180	Pv09
	BM164	NED	CCACCACAAGGAGAAGCAAC	ACCATTGAGGCCGATACTCC	130-190	Pv02
	BM114	6-FAM	AGCCTGGTGAAATGCTCATAG	CATGCTTGTGCTTAACCTCTCT	230-260	Pv09
	BM138	NED	TGTCCCTAAGAACGAATATGGAATC	GAATCAAGCAACCTTGGATCATAAC	190-210	Pv05
	PVBR169	HEX	TGGAAAGTCGGAGGAGAAGA	AAAAGGGTCCCAACCAAAAC	195-220	Pv03
2	PVBR5	HEX	ATTAGACGCTGATGACAGAG	AGCAGAATCCTTTGAGTGTG	160-220	Pv06
	PVBR35	6-FAM	TCTACGCGTTCCCTCTGTCT	AGTGGATGTGTGGGAAAAGC	190-260	Pv04
	BM202	6-FAM	ATGCGAAAGAGGAACAATCG	CCTTTACCCACACGCTTTC	100-173	Pv11
	BM189	NED	CTCCCACTCTCACCTCACT	GCGCCAAGTGAACTAAGTAGA	80-120	Pv03
	BM210	NED	ACCACTGCAATCCTCATCTTTG	CCCTCATCTCCATTCTTATCG	160-220	Pv07
	BM155	HEX	GTTTCATGTTTGTGTTGACAGTTCA	CAGAAGTTAGTGTGTTGTTTGATACA	100-145	Pv05
3	BM187	HEX	TTTCTCCAACCTCACTCCTTCC	TGTGTTTGTGTTCCGAATTATGA	120-220	Pv06
	PVBR113	NED	TGCATTCTTCCTCCCATCTT	TTGATTTGATTTGATCAGTGGTG	60-110	Pv06
	PVBR87	NED	CTCATTGCGTCTACGATGC	CCTAGGTTCCGCAGCATGT	150-201	Pv05
	PVBR272	6-FAM	CAGAACAGAAGAAGAAACAGAAAATG	GCGTGTTCTCTGTGTGGT	70-135	Pv02
	BM154	6-FAM	TCTTGCGACCGAGCTTCTCC	CTGGCATAGGTTGCTCCTTC	205-317	Pv09
	PVBR13	6-FAM	TGAGAAAGTTGATGGGATTG	ACGCTGTTGAAGGCTCTAC	159-200	Pv06
4	PVBR11	HEX	AAACTCAAAGTCGTTGTTC	CCACTGACTCTAGCTCCTCC	175-192	Pv02
	BM181	NED	ATGCTGCGAGTTAATGATCG	TGAGGAGCAAACAGATGAGG	170-250	Pv05
	BM183	6-FAM	CTCAAATCTATTCACTGGTCAGC	TCTTACAGCCTTGCAGACATC	130-170	Pv07
	PVBR163	6-FAM	TGAGAGTGAGAGAAGGAGAGAGA	TGAGAACACTGCAAACACCA	180-350	Pv06
	BM201	NED	TGGTGCTACAGACTTGATGG	TGTCACCTCTCTCTCCAAT	90-120	Pv01
	PVBR251	HEX	TGAAGTTGCAGCTAGGTTGG	GGTTGTGCTTGTGTTGTTGG	193-220	Pv01

Apêndice E. Informações dos 24 marcadores SSR utilizados para genotipar as 30 progênies C₁S_{0:3} do programa de seleção recorrente para aumento da CFe e CZn no feijão-comum do grupo preto.

Locos	n	m	h	H
BM114	27	4	0,57	0,33
BM138	27	4	0,62	0,11
BM143	29	6	0,69	0,62
BM155	29	2	0,24	0,21
BM164	28	1	0,00	0,00
BM181	30	2	0,10	0,10
BM183	29	3	0,48	0,14
BM187	28	8	0,84	0,32
BM189	30	2	0,50	0,37
BM201	27	4	0,55	0,74
BM202	30	2	0,49	0,47
BM210	28	5	0,59	0,25
PV11	28	2	0,51	0,36
PV113	30	2	0,28	0,27
PV13	28	5	0,74	0,64
PV163	29	6	0,81	0,34
PV25	28	5	0,76	0,50
PV251	28	1	0,00	0,00
PV272	29	4	0,67	0,38
PV35	28	4	0,63	0,54
PV5	28	5	0,74	0,64
PV87	28	3	0,53	0,46
PV169	27	2	0,46	0,48
Média	28,4	3,6	0,51	0,36

n: número ponderado de indivíduos; m: número de alelos por loco; h: heterozigosidade esperada em condições de Equilíbrio de Hardy-Weinberg; H: heterozigosidade observada em cada loco.