

INTERAÇÃO E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-VAGEM  
(*Phaseolus vulgaris* L.) SOB COINOCULAÇÃO DE *Bradyrhizobium*  
*elkanii* E *Azospirillum brasilense*

**ANDERSON CORDEIRO DE OLIVEIRA PERIS**

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE  
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ  
FEVEREIRO – 2026

INTERAÇÃO E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-VAGEM  
(*Phaseolus vulgaris* L.) SOB COINOCULAÇÃO DE *Bradyrhizobium*  
*elkanii* E *Azospirillum brasilense*

**ANDERSON CORDEIRO DE OLIVEIRA PERIS**

Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas

Orientador: Prof. Geraldo de Amaral Gravina

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ  
FEVEREIRO – 2026

### FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

P446

Peris, Anderson Cordeiro de Oliveira.

INTERAÇÃO E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-VAGEM (*Phaseolus vulgaris* L.) SOB COINOCULAÇÃO DE *Bradyrhizobium elkanii* E *Azospirillum brasilense* / Anderson Cordeiro de Oliveira Peris. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

78 f. : il.

Bibliografia: 55 - 61.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2026.  
Orientador: Geraldo de Amaral Gravina.

1. Fixação Biológica de Nitrogênio. 2. Análise GT Biplot. 3. Homeostase Simbiótica. 4. Sustentabilidade Agrícola. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

INTERAÇÃO E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-VAGEM  
(*Phaseolus vulgaris* L.) SOB COINOCULAÇÃO DE *Bradyrhizobium*  
*elkanii* E *Azospirillum brasilense*

ANDERSON CORDEIRO DE OLIVEIRA PERIS

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Aprovada em: 12 de fevereiro de 2026.

Comissão examinadora:



Documento assinado digitalmente

YURE PEQUENO DE SOUZA

Data: 27/02/2026 17:02:18-0300

Verifique em <https://validar.it.gov.br>

---

Prof. Yure Pequeno de Souza (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - IFMT

---

Dr. Derivaldo Pureza da Cruz - (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF

---

Prof. Rogério Figueiredo Daher (D.Sc., Produção Vegetal) - UENF

---

Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) - UENF  
(Orientador)

“E assim o coração há de se partir, mas, partido, ainda viverá”  
Lord Byron - *Childe Harold's Pilgrimage* (1812 a 1818)

## **DEDICATÓRIA**

Dedico esse trabalho a minha mãe Almerilça Cordeiro de Oliveira Peris, que renunciou a muitas coisas para me dar a melhor educação possível.

## **AGRADECIMENTOS**

Ao Professor Geraldo de Amaral Gravina, por me aceitar como seu aluno de Iniciação Científica ainda na graduação, em um momento em que eu estava prestes a desistir. Agradeço por toda a paciência e dedicação em me treinar da melhor forma possível durante o meu mestrado.

Ao Dr. Derivaldo Pureza da Cruz, pela disposição em me coorientar desde a graduação até o fim do mestrado. Seus ensinamentos e sua paciência são lições que levarei para a vida; certamente, sem sua orientação, esta pesquisa sequer teria existido.

À minha querida mãe Almerilça Cordeiro de Oliveira Peris (a nossa "Ilsa"). Nossa relação segue sendo a melhor que eu poderia ter. Hoje, aos 29 anos, compreendo como a senhora abdicou de seus anos e sonhos para que fosse possível eu chegar a esta fase da minha vida acadêmica. Espero que se orgulhe ao me ver iniciar o doutorado. Não há ninguém melhor para receber a dedicatória deste trabalho. Sou imensamente feliz por ser seu filho. Te amo!

Ao meu marido, Paulo Roberto Caldas Siqueira Junior, meu grande amor. Conhecemo-nos na UENF durante a graduação e, desde então, são seis anos caminhando juntos, superando momentos bons e ruins, dentro e fora da universidade. Nunca fui tão feliz como sou ao seu lado e com nossos "filhotes" Mel, Lupin, Jack, Edinho, Milo e a nossa eterna Nenê.

Aos meus queridos amigos, Pedro e Natan, que, mesmo não sendo do meio acadêmico, ajudaram-me a não desistir, sempre me incentivando do jeito único de vocês.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pelo apoio financeiro e por fomentarem a pesquisa em nosso país.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por contar com uma das equipes mais completas e eficientes desta universidade.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), por todo o apoio e pelo compromisso em formar profissionais de excelência.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

Por fim, gostaria de agradecer a mim mesmo. Raramente me dou o devido crédito pelas minhas conquistas, mas, neste momento, gostaria de dizer ao meu "eu" de oito anos, aquele que adorava assistir a documentários na televisão, que ser cientista é um grande desafio, mas que fazer ciência é recompensador.

MUITO OBRIGADO!

## SUMÁRIO

<b>RESUMO</b> .....	xii
<b>ABSTRACT</b> .....	xiv
<b>1. INTRODUÇÃO</b> .....	1
<b>2. OBJETIVOS</b> .....	4
2.1. Objetivo Geral .....	4
2.2. Objetivo Específico .....	4
<b>3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</b> .....	5
3.1. Centro de origem feijoeiro .....	5
3.2. Classificação e morfologia do feijão .....	6
3.3. Importância econômica e social do feijão-vagem .....	7
3.4. Fixação biológica de nitrogênio .....	8
3.5. Bactérias promotoras de crescimento e fixadoras de nitrogênio .....	9
3.6. <i>Bradyrhizobium elkanii</i> e <i>Azospirillum brasilense</i> .....	10
<b>4. MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	13
4.1. Escolha do material no banco do germoplasma .....	13
4.2. Obtenção do material bacteriano .....	13
4.3. Condução do experimento .....	14
4.4. Características avaliadas na condução do experimento .....	15
4.5. Avaliação das linhagens de feijão-vagem em casa de vegetação .....	16
<b>5. RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	19
5.1. Análise de Variância .....	19

5.2.	Análises de Agrupamento de médias .....	26
5.3.	Análise Multivariada via GT Biplot .....	42
5.4.	Correlação entre características .....	50
<b>6.</b>	<b>CONCLUSÕES</b> .....	<b>53</b>
	<b>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</b> .....	<b>55</b>

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1.</b> Classificação Botânica do <i>Phaseolus vulgaris</i> L., o Feijão-Vagem.....	6
<b>Tabela 2</b> - Características avaliativas analisadas no experimento .....	15
<b>Tabela 3</b> - Resumo da análise de variância individual das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2023. ....	21
<b>Tabela 4</b> - Resumo da análise de variância individual das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024. ....	22
<b>Tabela 5</b> - Resumo da análise de variância conjunta das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2023 e 2024. ....	23
<b>Tabela 6</b> - Agrupamento de médias das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV, de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2023. ....	27
<b>Tabela 7</b> - Agrupamento de médias das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV,.....	28
<b>Tabela 8</b> - Agrupamento de médias conjuntas da característica Número de nódulos (NNOD), de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	30

<b>Tabela 9</b> - Agrupamento de médias conjuntas das características peso de grãos por planta (PGP), de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	32
<b>Tabela 10</b> - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de vagens por planta (NVP), de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	33
<b>Tabela 11</b> - Agrupamento de médias conjuntas das características massa seca da raiz (MSRZ) de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	34
<b>Tabela 12</b> - Agrupamento de médias conjuntas das características Comprimento de vagens de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	35
<b>Tabela 13</b> - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de grãos por vagens de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	36
<b>Tabela 14</b> - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de grãos por vagem de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	37
<b>Tabela 15</b> - Agrupamento de médias conjuntas das características Altura de plantas de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	38
<b>Tabela 16</b> - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de dias para florescimento de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	39
<b>Tabela 17</b> - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de dias para emergência de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023. ....	40

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1** - Esquema da distribuição dos vasos no delineamento em delineamento experimental em Blocos Casualizados em esquema fatorial duplo (10 x 2), no momento da semeadura das plantas de feijão-vagem (A). Cerca de uma semana após a emergência das plantas. .... 17
- Figura 2** - Tutoramento nas plantas três semanas após a emergência (A). Semanas após a realização do tutoramento, as plantas se desenvolveram em volta do barbante (B). .... 18
- Figura 3** - “Quem ganhou onde (which-won-where)” da interação linhagem X características de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas sob efeito inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*..... 43
- Figura 4** - “Média vs. Estabilidade (Average tester coordination)” da interação linhagem X características avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*..... 45
- Figura 5** - “Ranqueamento de Genótipos (Ranking Genotypes)” da interação linhagem X características avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*..... 46
- Figura 6** - “Discriminação e Representatividade das Características (Discriminativenss vs representatriveness)” da interação linhagem X características

avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem sob inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*. .....48

**Figura 7** - “Correlação de características (relationship Among Traits)” da interação linhagem X características avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*.....51

## RESUMO

PERIS, Anderson Cordeiro de Oliveira; M.Sc.: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro, 2026; INTERAÇÃO E SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-VAGEM (*Phaseolus vulgaris* L.) SOB COINOCULAÇÃO DE *Bradyrhizobium elkanii* E *Azospirillum brasilense*. Orientador: Geraldo de Amaral Gravina; Conselheiros: Marcelo Vivas e Rogério Figueiredo Daher.

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma variante hortícola de grande relevância socioeconômica, especialmente para a agricultura familiar no Brasil. Diante dos desafios de sustentabilidade e da alta dependência de insumos sintéticos, este trabalho teve como objetivo principal investigar a interação e o desempenho agrônomo de diferentes linhagens de feijão-vagem sob coinoculação das Bactérias Promotoras de Crescimento Vegetal (BPCVs) *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*. O estudo buscou identificar genótipos com maior eficiência simbiótica e adaptabilidade a um sistema de cultivo que prioriza a Fixação Biológica de Nitrogênio (FBN). Para isso, foram avaliadas dez linhagens de feijão-vagem (geração F6) em delineamento experimental em blocos casualizados em esquema fatorial duplo (10x2), com e sem a coinoculação, durante dois anos agrícolas contrastantes (2023 e 2024). Foram mensuradas dez características, incluindo as características de produtividade e FBN, como Peso de Grãos por Planta (PGP) e Número de Nódulos (NNOD). Os dados foram submetidos à Análise de Variância (ANOVA), teste de agrupamento de médias de Scott-Knott e análise multivariada GT Biplot. A ANOVA conjunta revelou a

existência de ampla variabilidade genética entre as linhagens para todas as características avaliadas e confirmou que a resposta à inoculação é governada por uma interação tripla significativa (Ambiente x Linhagem x Bactéria) para os principais componentes de rendimento (PGP, NNOD, NVP, COMPV e MSRZ). O efeito da inoculação variou drasticamente entre os anos, indicando a vulnerabilidade da FBN ao ambiente. No ambiente favorável de 2023, a inoculação atuou como um catalisador de produtividade, gerando incrementos significativos em NNOD e PGP. Contudo, no ambiente adverso de 2024, houve um desacoplamento funcional em que a nodulação não se traduziu em ganho de produtividade na média geral; em genótipos menos resilientes (L1 e L7), a inoculação sob estresse resultou em penalização produtiva (PGP significativamente menor que o controle não inoculado) devido ao custo metabólico de manter nódulos ineficientes. A análise GT Biplot demonstrou forte correlação positiva entre NNOD, NVP (Número de Vagens por Planta) e PGP. Por outro lado, o Peso de Grãos por Vagem (PGV) e o Número de Grãos por Vagem (NGV) mostraram-se independentes da inoculação, confirmando que a FBN atua no aumento do número de vagens. A Linhagem L5 se destacou como o genótipo mais promissor e com alta homeostase simbiótica, sendo a única a manter a liderança em produtividade (PGP) no tratamento inoculado no ambiente de estresse (2024). A análise multivariada elegeu a combinação L5B1 (Linhagem 5 inoculada) como a "vencedora" (maior média) e a mais estável no ranqueamento, projetando-se positivamente para PGP e NNOD. Em conclusão, a eficiência da inoculação em feijão-vagem é genótipo-dependente e altamente modulada pelo ambiente, exigindo a seleção de genótipos resilientes. A Linhagem L5, por sustentar o benefício da coinoculação em ambas as condições, é recomendada para programas de melhoramento e para sistemas de produção sustentáveis na região Norte Fluminense, visando a maximizar o rendimento e a segurança da colheita.

**Palavras-Chave:** Fixação Biológica de Nitrogênio; Análise GT Biplot; Homeostase Simbiótica; Sustentabilidade Agrícola.

## ABSTRACT

PERIS, Anderson Cordeiro de Oliveira; M.Sc.: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; february, 2026; INTERACTION AND SELECTION OF SNAP BEAN (*Phaseolus vulgaris* L.) LINES UNDER CO-INOCULATION WITH *Bradyrhizobium elkanii* AND *Azospirillum brasilense*. Advisor: Geraldo de Amaral Gravina; Committee Members: Marcelo Vivas and Rogerio Figueiredo Daher.

The snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a horticultural variant of great socioeconomic relevance, especially for family farming in Brazil. In light of sustainability challenges and the high dependence on synthetic inputs, this study aimed to investigate the interaction and agronomic performance of different snap bean lines under co-inoculation with the Plant Growth-Promoting Bacteria (PGPB) *Bradyrhizobium elkanii* and *Azospirillum brasilense*. The study sought to identify genotypes with greater symbiotic efficiency and adaptability to a cultivation system that prioritizes Biological Nitrogen Fixation (BNF). To this end, ten snap bean lines (F6 generation) were evaluated in a randomized block design with a double factorial arrangement (10 × 2), with and without co-inoculation, across two contrasting agricultural years (2023 and 2024). Ten traits were measured, including productivity- and BNF-related variables such as Grain Weight per Plant (GWP) and Number of Nodules (NNOD). Data were subjected to Analysis of Variance (ANOVA), the Scott–Knott mean grouping test, and GT Biplot multivariate analysis. The combined ANOVA revealed broad genetic variability among the lines for all evaluated traits and confirmed that the response to inoculation is governed by a significant triple

interaction (Environment × Line × Bacterium) for the key yield components (GWP, NNOD, NPP, PODL, and RSDW). The effect of inoculation varied dramatically between years, indicating the vulnerability of BNF to environmental conditions. In the favorable 2023 environment, inoculation acted as a productivity catalyst, generating significant increases in NNOD and GWP. However, in the adverse conditions of 2024, there was a functional decoupling in which nodulation did not translate into productivity gains on average; in less resilient genotypes (e.g., L1 and L7), inoculation under stress resulted in yield penalties (GWP significantly lower than the uninoculated control) due to the metabolic cost of maintaining inefficient nodules. The GT Biplot analysis demonstrated a strong positive correlation between NNOD, NPP (Number of Pods per Plant), and GWP. In contrast, Grain Weight per Pod (GWPOD) and Number of Grains per Pod (NGP) were independent of inoculation, confirming that BNF mainly increases pod number. Line L5 stood out as the most promising genotype with high symbiotic homeostasis, being the only one to maintain top productivity (GWP) under inoculated conditions in the stressful 2024 environment. Multivariate analysis identified the L5B1 combination (Line 5 inoculated) as the “winner” (highest mean) and the most stable in ranking, projecting positively for GWP and NNOD. In conclusion, the efficiency of inoculation in snap beans is genotype-dependent and highly modulated by the environment, requiring the selection of resilient genotypes. Line L5, by sustaining the benefits of co-inoculation under both conditions, is recommended for breeding programs and sustainable production systems in the Northern Fluminense region, aiming to maximize yield and harvest security.

**Keywords:** Biological Nitrogen Fixation; GT Biplot Analysis; Symbiotic Homeostasis; Agricultural Sustainability

## 1. INTRODUÇÃO

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris L.*) é uma variante hortícola do feijão-comum, ambos pertencentes à família Fabaceae, diferenciando-se por mutações específicas que afetam principalmente a morfologia. Trata-se de uma espécie anual, herbácea e autógama, amplamente cultivada em diferentes regiões do mundo. Evidências arqueobotânicas indicam que a domesticação de *Phaseolus vulgaris L* ocorreu há mais de sete mil anos, com dois centros primários de origem amplamente reconhecidos: a Mesoamérica (México e América Central) e a região dos Andes (Antunes., 2024).

A distinção fundamental entre o feijão-comum e o feijão-vagem reside no uso hortícola da cultura. O feijão-vagem é colhido em estágio imaturo, quando apresenta vagens longas, tenras e com baixo teor de fibras, características que favorecem o consumo enquanto as sementes ainda estão em desenvolvimento (Silva., 2025). As cultivares são geralmente classificadas segundo o tipo de vagem 'manteiga', de coloração amarela e textura macia, ou 'macarrão', de coloração verde e maior firmeza. E quanto ao hábito de crescimento, são classificadas em determinado ou indeterminado (Maciel., 2021., Pereira., 2023).

O crescimento determinado facilita a mecanização da colheita e resulta em plantas de porte reduzido (cerca de 50 cm), além de ser feita uma única colheita. Em contraste, plantas de crescimento indeterminado podem atingir até 2,5 m de altura e apresentam maior potencial produtivo, embora requeiram o uso de tutoramento. Esse hábito, contudo, proporciona ciclo produtivo mais longo e maior

rendimento de vagens (Sant'Ana et al., 2020). Além disso, práticas agronômicas adequadas, como o uso de solos bem drenados e temperaturas ideais entre 18 e 30 °C são determinantes para o desempenho da cultura, cujo valor comercial está associado a atributos como coloração, formato, comprimento das vagens, resistência a fitopatógenos e a capacidade de chegar até 10 colheitas (Goulart et al., 2022).

Do ponto de vista socioeconômico, o feijão-vagem apresenta grande relevância, especialmente para agricultores familiares. Além de ser uma importante fonte de renda, constitui alimento nutritivo, rico em fibras, vitaminas (B1, B2, C e K) e minerais (Carvalho et al. 2025) A produção mundial é estimada em cerca de 1,4 milhão de toneladas, sendo o Brasil um dos principais produtores, com média anual aproximada de 60 mil toneladas. Embora a concentração produtiva esteja nas regiões Sul e Sudeste, o cultivo também se destaca em áreas como o Norte e Noroeste Fluminense do estado do Rio de Janeiro, onde predomina a agricultura (IBGE, 2019).

Apesar da relevância econômica da cultura, a sustentabilidade do cultivo enfrenta importantes desafios. Em regiões como o Norte Fluminense, a alta dependência de insumos sintéticos para maximizar a produtividade aumenta os custos de produção e pode comprometer a qualidade e a conservação do solo a longo prazo. Nesse cenário, torna-se essencial a busca por alternativas sustentáveis, entre as quais se destacam o melhoramento genético e o uso de Bactérias Promotoras de Crescimento Vegetal (BPCVs) (Costa et al., 2024).

As BPCVs estabelecem interações benéficas com leguminosas, como o feijão-vagem, promovendo maior vigor e produtividade. O principal mecanismo envolvido é a Fixação Biológica de Nitrogênio (FBN), pela qual microrganismos convertem o nitrogênio atmosférico ( $N_2$ ) em formas assimiláveis, como amônia ( $NH_3$ ) e nitrito ( $NO_2^-$ ) (Duarte et al., 2022). Na FBN simbiótica, bactérias formam nódulos radiculares especializados e, em troca de carboidratos fornecidos pela planta, disponibilizam compostos nitrogenados, reduzindo a necessidade de fertilizantes sintéticos, assim contribuindo para a melhoria da fertilidade do solo (Duarte et al., 2020)

Entre as BPCVs mais estudadas destacam-se *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*. *Bradyrhizobium elkanii* estabelece simbiose efetiva com leguminosas, constituindo nódulos onde ocorre a FBN (Suss., 2020). Já

*Azospirillum brasilense* atua predominantemente de forma associativa, promovendo o crescimento vegetal por meio de mecanismos indiretos, como a síntese de fitormônios especialmente auxinas que favorecem o desenvolvimento radicular, a absorção de nutrientes e a tolerância a estresses bióticos e abióticos (Moreno et al., 2019). A coinoculação dessas duas estirpes tem se mostrado uma estratégia promissora, uma vez que combina a eficiência da FBN proporcionada por *Bradyrhizobium* com a melhoria da arquitetura radicular promovida por *Azospirillum*, ampliando a capacidade de a planta absorver nitrogênio e outros nutrientes (Rigolin et al., 2019).

Além disso, diferentes linhagens de feijão-vagem podem apresentar respostas distintas à coinoculação, tendo em vista que características fisiológicas, morfológicas e bioquímicas influenciam diretamente a formação dos nódulos, a eficiência simbiótica e o aproveitamento dos hormônios ou metabólitos produzidos pelas bactérias. Assim, investigar a interação entre linhagens e estirpes microbianas é fundamental para identificar combinações mais eficientes e adaptadas às condições edafoclimáticas regionais, contribuindo para sistemas de cultivo mais sustentáveis e produtivos (Cruz., 2021).

Diante desse contexto, o presente estudo tem como objetivo avaliar a interação e o desempenho agrônomo de diferentes linhagens de feijão-vagem submetidas à coinoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*. Busca-se identificar genótipos com maior eficiência simbiótica e melhor adaptabilidade a um sistema de cultivo que prioriza a FBN, contribuindo para a redução da dependência de fertilizantes nitrogenados e para o fortalecimento de práticas agrícolas sustentáveis. Nas seções seguintes, são apresentados os fundamentos teóricos que sustentam a condução deste trabalho, abrangendo aspectos agrônômicos, microbiológicos e ecofisiológicos da cultura e das bactérias envolvidas.

## 2. OBJETIVOS

### 2.1. Objetivo Geral

Investigar se a coinoculação de bactérias promotoras de crescimento resulta em efeitos diferenciados no desempenho de características de diversas linhagens de feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris*), com o objetivo de identificar genótipos que melhor se comportam na presença bacteriana.

### 2.2. Objetivos Específicos

- Avaliar a interação da coinoculação das bactérias promotoras de crescimento *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense* em diferentes linhagens de feijão-vagem;
- Identificar genótipos de feijão-vagem responsivos à coinoculação;
- Verificar os efeitos da coinoculação sobre a nodulação no sistema radicular das plantas de feijão-vagem e seu desempenho nos caracteres agronômicos;

### 3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

#### 3.1. Centro de origem feijoeiro

Nascido em 1931, em Moscou, na Rússia, o botânico Nikolai Ivanovich Vavilov deu contribuições fundamentais para a compreensão da ancestralidade das plantas ao propor que cada espécie vegetal apresenta uma região geográfica de alta diversidade genética. Essa teoria é exemplificada pelo gênero *Phaseolus*, ao qual pertence o feijoeiro. Entre 1926 e 1934, Vavilov aprofundou suas pesquisas e identificou, para diversas culturas, uma ou mais regiões geográficas de origem, áreas onde determinada espécie teria se desenvolvido ou sido domesticada pela primeira vez, a que ele denominou centros de origem. Além disso, o autor propôs a existência dos centros de diversidade, regiões que abrigam espécies silvestres aparentadas, caracterizadas por apresentarem traços morfológicos primitivos e elevada frequência de genes dominantes (Smith., 2022).

O estudo da ancestralidade das espécies, aliado à identificação de regiões geográficas sujeitas a estresses bióticos e abióticos específicos, tornou-se essencial para o avanço do melhoramento genético vegetal. Os melhoristas de plantas têm buscado atender às necessidades do cultivo por meio da seleção de genótipos com maior adaptabilidade, produtividade e valor nutricional, bem como tolerância a fatores ambientais adversos, características fortemente influenciadas pelo processo de domesticação (Costa et al, 2024).

Embora Vavilov (1931) tenha identificado centros de origem para diversas espécies, ainda existem controvérsias acerca da origem e domesticação do

feijoeiro. Inicialmente, essa espécie foi descrita como nativa das Américas (Oliveira et al, 2023). Estudos posteriores indicaram que o *Phaseolus vulgaris* foi domesticado há mais de sete mil anos em dois centros principais: a Mesoamérica (México e América Central) e a Região Andina (Zambom, 2024).

A compreensão dos centros de origem e da ancestralidade genética do gênero *Phaseolus* é essencial para subsidiar programas de melhoramento e estratégias de conservação da variabilidade genética. Esses conhecimentos permitem identificar genótipos com potencial adaptativo e produtivo em diferentes condições ambientais. Assim, compreender a origem e a diversidade do feijão-vagem contribui diretamente para o desenvolvimento de cultivares mais eficientes e sustentáveis, especialmente quando associadas a práticas biotecnológicas, como a coinoculação com bactérias promotoras de crescimento (Tavares., 2023).

### 3.2. Classificação e morfologia do feijão

O gênero *Phaseolus* apresenta ampla diversidade, compreendendo cerca de 650 gêneros e aproximadamente 18.000 espécies distribuídas entre as subfamílias *Caesalpinioideae*, *Faboideae* e *Mimosoideae* (Braga, 2020). Embora seu número exato de espécies ainda não seja totalmente definido, revisões taxonômicas indicam a existência de cerca de 52 espécies, das quais apenas cinco são cultivadas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray e *P. polyanthus* Greenman (Brito et al, 2022). E entre elas, desponta *Phaseolus vulgaris* L. que inclui o feijão-vagem, uma angiosperma anual e diploide, compartilhando a mesma classificação botânica do feijão-comum. Seus cromossomos são notavelmente curtos quando comparados aos de outras espécies vegetais (Paula et al., 2022).

**Tabela 1.** Classificação Botânica do *Phaseolus vulgaris* L., o Feijão-Vagem.

<i>Phaseolus vulgaris</i> L.	
REINO	Plantae
DIVISÃO	Magnoliophyta
CLASSE	Magnoliopsida
ORDEM	Fabales
FAMÍLIA	Fabaceae
GÊNERO	<i>Phaseolus</i> .
ESPÉCIE	<i>Phaseolus vulgaris</i> L.

O feijão-vagem exhibe grande variabilidade morfológica, especialmente quanto ao hábito de crescimento, que pode ser determinado ou indeterminado (Bortoli., 2020). Plantas de crescimento determinado são de porte reduzido (≈50 cm), florescem e produzem vagens em curto período, encerrando o ciclo após a frutificação além de necessitar de uma única colheita, o que favorece a agricultura mecanizada. Já as plantas de crescimento indeterminado têm hábito trepador, necessitando de tutoramento, apresentam floração e frutificação contínuas até a senescência, podendo apresentar 10 colheitas, sendo mais adequadas a experimentos de longa duração (Oliveira et al, 2024).

As flores, típicas de leguminosas, são compostas por cinco pétalas um estandarte superior, duas asas laterais e duas pétalas inferiores fundidas em quilha e variam em coloração, do branco ao lilás ou roxo, podendo surgir em posição axilar ou terminal. As vagens são longas e cilíndricas, variando em comprimento, espessura e coloração (verde, amarela ou roxa), conforme a variedade (Ganasini., 2024).

As sementes apresentam formato reniforme, podendo ser lisas ou rajadas, e exibem ampla variação de coloração do branco ao preto, incluindo tons de vermelho e roxo. Essa diversidade fenotípica confere ao feijão-vagem elevado potencial genético e agrônômico, tornando-o uma espécie relevante para programas de melhoramento e estudos de variabilidade genética (Neto et al., 2023).

### **3.3. Importância econômica e social do feijão-vagem**

Entre as espécies de maior valor econômico do gênero *Phaseolus*, destaca-se o feijão-comum., contudo, o feijão-vagem também apresenta expressiva importância agrícola, sendo cultivado tanto em monocultivo quanto em sistemas de rotação de culturas (Zimmermann, 1996). Embora ocupe menor espaço no mercado, o feijão-vagem diferencia-se por apresentar vagens maiores que o feijão comum ponto de colheita em estágio de maturação verde, sendo consumido na forma de grãos e vagens ainda imaturos. Essa característica o torna uma importante fonte de renda e alimento para a agricultura familiar, distinguindo-o de outras variedades de feijões (Bortoli et al., 2022).

Os principais países produtores de feijão-vagem são China, Índia, Indonésia e Turquia, com uma produção média anual estimada em 20 milhões de toneladas (FAO, 2019). O Brasil ocupa a sexta posição no ranking mundial, com cerca de 56

mil toneladas produzidas por ano, concentradas nas regiões Sudeste, Sul e Nordeste. Em 2015, a produção da região Sudeste foi de aproximadamente 37 mil toneladas, sendo majoritariamente proveniente dos estados de São Paulo, Minas Gerais e Rio de Janeiro, que juntos responderam por 78% da produção nacional (IBGE, 2016).

Em relatório divulgado em 2021, a CEASA-RJ destacou o crescimento econômico do setor e evidenciou o aumento de 33% no preço da vagem tipo manteiga, reforçando a valorização do produto no mercado fluminense (CEASA, 2021).

A agricultura do estado do Rio de Janeiro tem na olericultura uma atividade promissora, e o feijão-vagem desponta como hortaliça de valor econômico crescente, com grande potencial de expansão. O cultivo da espécie tem se intensificado tanto nas regiões serranas quanto em áreas de baixada, especialmente nas regiões Norte e Noroeste do estado.

Dessa forma, o feijão-vagem consolida-se como uma cultura de relevância econômica e social para o estado do Rio de Janeiro, especialmente para pequenos e médios produtores. A expansão do seu cultivo, aliada ao crescente interesse do mercado consumidor, reforça a necessidade de estudos voltados à otimização do manejo e ao melhoramento genético da espécie, buscando maior produtividade, qualidade e sustentabilidade da produção (Souza et al., 2022).

### **3.4. Fixação biológica de nitrogênio**

A fixação biológica de nitrogênio (FBN) é um processo essencial mediado por microrganismos específicos, principalmente bactérias promotoras de crescimento vegetal, que têm a capacidade natural de converter o nitrogênio atmosférico ( $N_2$ ) em formas assimiláveis pelas plantas, como amônia ( $NH_3$ ) e nitrito ( $NO_2^-$ ), ambos compostos solúveis em água. Esse mecanismo ocorre, de forma geral, por dois caminhos principais: a fixação simbiótica e a fixação de vida livre (Silva et al., 2022).

Na fixação simbiótica, determinadas bactérias estabelecem associação mutualística com as raízes das plantas, formando nódulos onde se desenvolvem e passam a fornecer compostos nitrogenados à planta, recebendo em troca carboidratos e abrigo para seu metabolismo. Já na fixação de vida livre, o processo é realizado por bactérias independentes presentes no solo ou na água, que utilizam

a enzima nitrogenase para romper a ligação tripla do N<sub>2</sub> atmosférico, convertendo-o em formas de nitrogênio assimiláveis por outros organismos vegetais (Branco et al., 2022).

A biotecnologia, por sua vez, representa um dos pilares da biologia moderna aplicada à agroindústria, abrangendo o uso e a manipulação de organismos vivos com o objetivo de desenvolver ou aperfeiçoar produtos e processos. Essa área integra diversas técnicas e especialidades voltadas à obtenção de características desejáveis, como maior eficiência no crescimento vegetal, tolerância a estresses bióticos e abióticos e incremento da produtividade agrícola (Sousa et al., 2025).

Em complemento, o melhoramento genético de plantas constitui uma ciência voltada à identificação e seleção de características de interesse agrônomo, visando ao desenvolvimento de cultivares superiores. Por meio da aplicação de técnicas convencionais e biotecnológicas, é possível obter genótipos aprimorados que apresentem maior rendimento, resistência a doenças e melhor adaptação às condições ambientais. Diante da crescente demanda por cultivares mais produtivas e sustentáveis, o melhoramento genético tem se consolidado como ferramenta indispensável para atender às novas exigências do setor agrícola (Nogueira., 2024).

Nesse contexto, a integração entre fixação biológica de nitrogênio, biotecnologia e melhoramento genético representa uma estratégia promissora para a agricultura moderna. A associação entre microrganismos fixadores de nitrogênio e plantas cultivadas tem contribuído significativamente para o desenvolvimento de sistemas produtivos mais eficientes e sustentáveis, reduzindo a dependência de fertilizantes químicos, promovendo ganhos em produtividade e qualidade das culturas (Naves et al., 2024).

### **3.5. Bactérias promotoras de crescimento e fixadoras de nitrogênio**

Uma das técnicas mais relevantes no campo da biotecnologia aplicada à agricultura é a inoculação de bactérias fixadoras de nitrogênio (N). Em especial, a coinoculação, que consiste na interação simultânea entre diferentes agentes biológicos, como bactérias e células vegetais, com o objetivo de potencializar processos fisiológicos nas plantas. Essa prática tem se destacado como uma estratégia eficiente para otimizar o crescimento, o desenvolvimento radicular e a produtividade das culturas agrícolas, pela da associação entre plantas e microrganismos promotores de crescimento ou fixadores de nitrogênio (Bald., 2023).

As bactérias promotoras de crescimento vegetal têm sido amplamente empregadas em sistemas agrícolas, beneficiando tanto pequenos produtores quanto grandes empreendimentos agrícolas. Entre as espécies vegetais que apresentam elevada eficiência na Fixação Biológica de Nitrogênio (FBN), destacam-se as leguminosas, com ênfase na cultura da soja. Atualmente, o feijoeiro comum tem sido objeto de investigação científica visando avaliar a resposta fisiológica e o comportamento da cultura sob a influência de estirpes bacterianas específicas (Franco et al., 2022). Entre elas, destacam-se as bactérias fixadoras de nitrogênio, que, em razão da sua capacidade simbiótica, exercem papel fundamental em programas de melhoramento genético e manejo biológico do solo (Carnietto., 2022). Essas bactérias estabelecem relações simbióticas com as raízes de diversas leguminosas, como o feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.), formando nódulos radiculares onde ocorre a fixação do nitrogênio atmosférico. Nesses nódulos, as bactérias convertem o N<sub>2</sub> em compostos nitrogenados assimiláveis, fornecendo-os à planta em troca de carboidratos e abrigo, o que resulta em incremento de biomassa e melhoria no desenvolvimento vegetal (Gato., 2023).

Devido à alta eficiência de interação com espécies leguminosas, essas bactérias têm se tornado componentes centrais de práticas agrícolas sustentáveis. A coinoculação favorece o equilíbrio biológico do solo, reduz os custos de produção e minimiza a necessidade de adubação nitrogenada, uma vez que o processo simbiótico ocorre naturalmente no substrato, promovendo a ciclagem de nutrientes e contribuindo para a sustentabilidade dos sistemas agrícolas (Xavier., 2024).

Nesse cenário, a coinoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense* em feijão-vagem desponta como uma alternativa promissora para aumentar a eficiência da fixação biológica de nitrogênio e o desempenho agrônômico das plantas. A análise dessa interação permite compreender como a associação entre diferentes microrganismos pode influenciar o crescimento vegetal e contribuir para o desenvolvimento de sistemas agrícolas mais produtivos e ambientalmente sustentáveis (Dias., 2021).

### **3.6. *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense***

As bactérias *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense* destacam-se entre os principais microrganismos promotores de crescimento vegetal empregados na agricultura moderna. *Bradyrhizobium elkanii*, pertencente ao

gênero *Bradyrhizobium*, é amplamente reconhecida por estabelecer simbioses eficazes com leguminosas, especialmente a soja (*Glycine max*), mas também demonstra potencial de associação benéfica com o feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.). Durante essa interação simbiótica, *B. elkanii* fixa o nitrogênio atmosférico (N<sub>2</sub>), convertendo-o em amônia (NH<sub>3</sub>), uma forma assimilável pelas plantas, o que contribui diretamente para o crescimento e desenvolvimento vegetal. Além disso, essa bactéria favorece a absorção de outros nutrientes, como fósforo e potássio, aprimorando a eficiência nutricional das plantas, promovendo um ambiente propício ao crescimento radicular (Santos et al., 2023).

Por sua vez, *Azospirillum brasilense*, pertencente ao gênero *Azospirillum*, é amplamente utilizada na agricultura por sua capacidade de auxiliar na fixação de nitrogênio e estimular o crescimento vegetal. Naturalmente presente no solo, *A. brasilense* atua não apenas na fixação de N<sub>2</sub>, mas também na produção e secreção de fitormônios como auxinas, que estimulam o desenvolvimento do sistema radicular e aumentam a absorção de água e nutrientes pelas plantas. Essa ação fisiológica confere maior tolerância a estresses abióticos, como a deficiência hídrica, resultando em maior eficiência no uso da água e melhor desempenho agrônômico das culturas (Ibanhes et al., 2021).

O uso combinado de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense* tem se mostrado uma alternativa promissora para a agricultura sustentável, promovendo sinergia entre bactérias fixadoras de nitrogênio e promotoras de crescimento vegetal. Essa coinoculação potencializa o desenvolvimento das plantas, melhora a fertilidade do solo e reduz a necessidade de fertilizantes químicos, tornando o cultivo mais eficiente e ambientalmente equilibrado. Enquanto *B. elkanii* atua principalmente na fixação biológica de nitrogênio e na melhoria da nutrição mineral, *A. brasilense* estimula o crescimento radicular e aumenta a resistência das plantas a condições adversas, complementando os efeitos simbióticos entre si (Brignoli et al., 2023).

Estudos recentes corroboram o potencial dessa associação. Prando (2022), ao avaliar a coinoculação de *B. elkanii* e *A. brasilense* na cultura da soja (*Glycine max*), observou incrementos médios de 29,3% no número de nódulos e de 12,4% no rendimento de grãos, demonstrando o impacto positivo da interação entre essas bactérias no desempenho das plantas. Esses resultados reforçam a aplicabilidade da coinoculação não apenas na soja, mas também em outras leguminosas de

interesse agronômico, como o feijão-vagem, que pode se beneficiar de maneira semelhante.

A adoção dessa prática contribui não apenas para o aumento da produtividade, mas também para a conservação dos recursos naturais e manutenção da biodiversidade microbiana do solo. Dessa forma, a coinoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense* representa uma abordagem que alia benefícios agronômicos e ecológicos, configurando-se como uma estratégia essencial para o fortalecimento da sustentabilidade e da resiliência dos sistemas agrícolas a longo prazo (Silva., 2020).

Considerando os resultados promissores observados na literatura, torna-se fundamental avaliar o comportamento e a eficiência da coinoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense* em linhagens de feijão-vagem, buscando compreender seus efeitos sobre o crescimento, a nodulação e o desempenho agronômico das plantas. Essa análise pode oferecer subsídios importantes para o desenvolvimento de práticas biotecnológicas sustentáveis voltadas à melhoria da produtividade e à redução do impacto ambiental na agricultura.

## 4. MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1. Escolha do material no banco do germoplasma

Para a condução desta pesquisa, foram utilizadas dez linhagens da geração F6 de feijão-vagem, provenientes da coleção de germoplasma de feijões especiais do Programa de Melhoramento Genético de Plantas da UENF. As linhagens foram desenvolvidas pelo do método de seleção "Single Seed Descent" (SSD), com seleção feita na geração F6, momento em que foram estabelecidas as linhagens. O cruzamento inicial envolveu uma linhagem de feijão-vagem com vagens amarelas e a linhagem L7, do mesmo programa de melhoramento, a qual é considerada promissora. A linhagem de vagem amarela traz características fenotípicas relevantes que se procura integrar ao novo material, de forma que o cruzamento entre ambas as linhagens visa a gerar genótipos com atributos agronômicos desejáveis.

### 4.2. Obtenção do material bacteriano

A inoculação foi feita pela coinoculação com as bactérias *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*. Esses microrganismos foram cultivados e disponibilizados pelo Centro de Recursos Biológicos Johanna Döbereiner, unidade da Embrapa Agrobiologia, localizada em Seropédica, RJ.

### 4.3. Condução do experimento

O experimento foi conduzido em casa de vegetação da Unidade de Apoio à Pesquisa (UAP) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), entre abril e julho nos anos de 2023 e 2024, período mais ameno do ano, sendo o melhor período para o cultivo de feijão-vagem. Foram Utilizados vasos de 5 litros, preenchidos com o substrato Basaplant, posicionados com espaçamento de 1 metro entre linhas e 0,5 metros entre plantas. A irrigação foi feita diariamente de forma automática, mas com a equipe indo diariamente conferir se estava ocorrendo como esperado, conforme a demanda hídrica da cultura.

As sementes das linhagens de feijão-vagem foram previamente submetidas a uma inoculação com um consórcio bacteriano composto por *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*. Cada linhagem foi exposta à solução inoculante por um minuto antes da semeadura. A semeadura foi feita utilizando três sementes por vaso, posteriormente, foi feito um desbaste deixando uma planta por vaso.

#### 4.4. Características avaliadas na condução do experimento

**Tabela 2** - Características avaliativas analisadas no experimento

<b>Sigla</b>	<b>Característica Avaliada</b>	<b>Descrição</b>	<b>Unidade / Método de Avaliação</b>
NDE	Número de dias para emergência	Contagem do número de dias desde a semeadura até a emergência das plântulas.	Dia (contagem)
ALTP	Altura de planta	Medição da altura das plantas com auxílio de uma fita métrica. Realizado no momento da colheita.	Metro (m)
NDIF	Número de dias para florescimento	Diferença entre o número de dias da emergência e o aparecimento das primeiras flores.	Dia (cálculo: florescimento – emergência)
NNOD	Número de nódulos	Contagem manual dos nódulos presentes nas raízes de cada planta.	Unidade (contagem)
MSRZ	Massa seca de raiz	Determinada após 72 horas de secagem em estufa a 60 °C e posterior pesagem em balança de precisão.	Gramas (g)
NVP	Número de vagens por planta	Contagem manual do número total de vagens produzidas por planta.	Unidade (contagem)
NGV	Número de grãos por vagem	Contagem manual dos grãos contidos em cada vagem.	Unidade (contagem)
PGV	Peso de grãos por vagem	Pesagem dos grãos por vagem utilizando balança de precisão.	Gramas (g)
PGP	Peso de grãos por planta	Pesagem total dos grãos produzidos por planta utilizando balança de precisão.	Gramas (g)
COMPV	Comprimento de vagem	Medição do comprimento das vagens no momento que elas estavam completamente desenvolvidas, utilizando uma fita métrica.	Centímetro (cm)

#### 4.5. Avaliação das linhagens de feijão-vagem em casa de vegetação

Foi utilizado o delineamento experimental em blocos casualizados em esquema fatorial duplo (10 x 2), com 3 repetições representado por 10 linhagens e presença ou ausência de coinoculação, perfazendo 60 unidades experimentais. Após a verificação dos pré-requisitos de Normalidade e de homogeneidade de variância, os dados foram submetidos à análise de variância individual, conforme o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + bk + Gi + \beta_j + G\beta_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

- $\mu$  é o efeito da média geral;
- $bk$  é o efeito aleatório do bloco  $k$ ;
- $Gi$  é o efeito do  $i$ -ésimo nível do fator  $G$  (linhagem);  $\beta_j$ : é o efeito do  $j$ -ésimo nível do fator  $B$  (bactéria);
- $G\beta_{ij}$  é o efeito da interação entre  $Gi$  (linhagem)  $\times$   $\beta_j$  (bactéria);
- $\varepsilon_{ijk}$  é o componente de efeito aleatório atribuído ao erro.

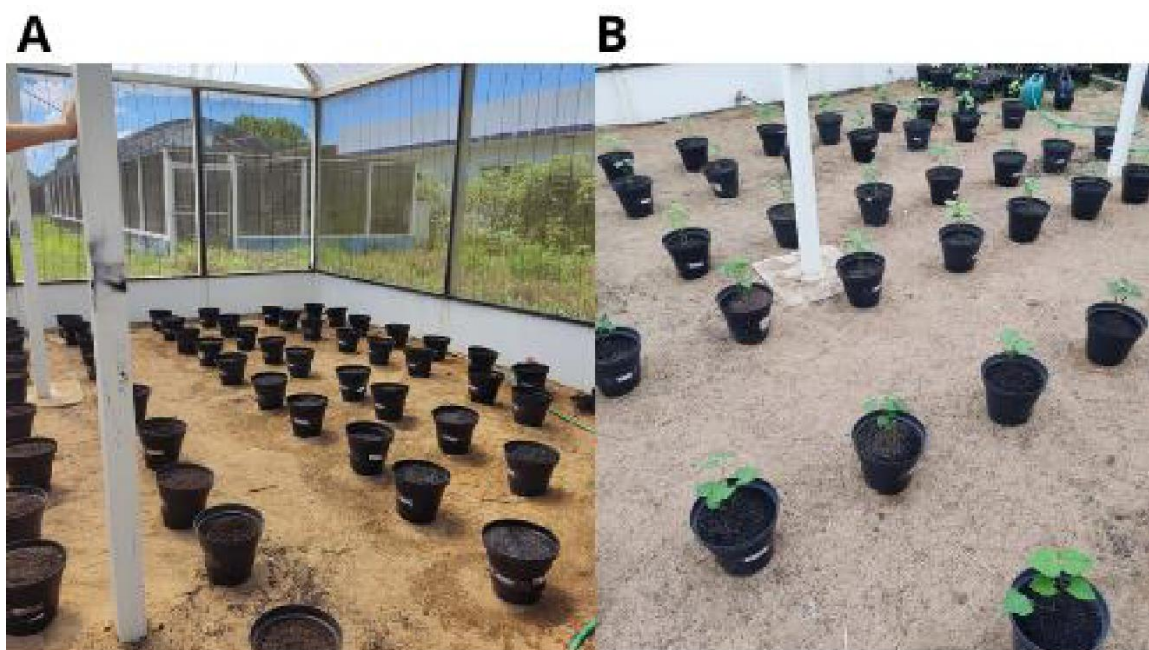
Após a ANOVA individual, foi feito o teste de Hartley, dado pela razão entre o maior e o menor quadrado médio residual (para cada característica avaliada), após verificar razão menor que sete. Os dados foram submetidos à ANOVA conjunta, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijkl} = \mu + G_i + A_j + B_k + (GA)_{ij} + (GB)_{ik} + (AB)_{jk} + (GAB)_{ijk} + (b/A)_{jl} + \varepsilon_{ijkl}$$

Em que:

- $Y_{ijkl}$  valor observado para o  $i$ -ésimo genótipo, no  $j$ -ésimo ambiente, com o  $k$ -ésimo tratamento de bactéria, e no  $l$ -ésimo bloco
- $\mu$  é o efeito da média geral do experimento;
- $G_i$  é o efeito do  $i$ -ésimo genótipo;
- $A_j$  é o efeito do  $j$ -ésimo ambiente;

- $B_k$  é o efeito do k-ésimo tratamento de bactéria;
- $(GA)_{ij}$  é a interação entre o i-ésimo genótipo e o j-ésimo ambiente;
- $(GB)_{ik}$  é a interação entre o i-ésimo genótipo e o k-ésimo tratamento de bactéria;
- $(AB)_{jk}$  é a interação entre o j-ésimo ambiente e o k-ésimo tratamento de bactéria;
- $(GAB)_{ijk}$  é a interação tripla entre genótipo, ambiente e bactéria, que permite observar como cada combinação de genótipo e ambiente responde ao tratamento com bactéria;
- $(b/A)_{jl}$  é a efeito aleatório do l-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente, controlando a variabilidade dentro de cada ambiente;
- $E_{ijkl}$  é o erro experimental associado a cada observação.



**Figura 1** - Esquema da distribuição dos vasos no delineamento em blocos casualizados em esquema fatorial duplo (10 x 2), no momento da semeadura das plantas de feijão-vagem (A). Cerca de uma semana após a emergência das plantas.

O tutoramento foi feito utilizando arame liso e barbante nas plantas a partir da terceira semana após a emergência, para fixação das hastes das plantas para que não tivessem um crescimento tipo pendente, conforme apresentado na Figura 4.



**Figura 2** - Tutoramento nas plantas três semanas após a emergência (A). Semanas após a realização do tutoramento, as plantas se desenvolveram em volta do barbante (B).

Os dados coletados e avaliados foram submetidos à análise de variância, teste de agrupamento de médias, de modo conjunto e individual para cada ano de experimentação, foi feita uma análise de geração de gráficos via GT biplot entre os experimentos de 2023 e 2024 entre as características. As análises foram feitas com o auxílio do software R, pacote “ExpDes.pt”.

## 5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1. Análise de Variância

A Análise de Variância (ANOVA) constitui a ferramenta estatística fundamental na experimentação agrícola e no melhoramento genético, permitindo a observação da variabilidade fenotípica total observada nos dados em componentes atribuíveis a diferentes causas ou fontes de variação. O princípio central deste método reside na partição da soma dos quadrados total em fontes de variação controladas (como Genótipos, Tratamentos de Inoculação e Ambientes) e fontes de variação não controladas (Resíduo ou Erro Experimental). Através do cálculo dos Quadrados Médios e da aplicação do Teste F de Snedecor, a ANOVA permite testar a hipótese nula de igualdade entre as médias, determinando se as diferenças observadas entre as linhagens de feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris L.*) e as respostas à inoculação bacteriana são estatisticamente significativas (Gomes., 1950)

Na presente pesquisa, a aplicação da ANOVA assume um papel crítico em duas etapas. Inicialmente, as análises individuais (por ano agrícola) permitem avaliar a variabilidade genética e o efeito da inoculação dentro de cada condição ambiental específica. Subsequentemente, a análise conjunta dos experimentos possibilita a estimativa da interação entre os fatores especificamente a interação tripla (Ambiente X linhagem X bactéria). A detecção da significância nestas interações é determinante para a condução do melhoramento, pois indica que o comportamento produtivo das linhagens e a eficiência da simbiose com bactérias

fixadoras de nitrogênio não são constantes, mas sim dependentes das condições edafoclimáticas de cada ano (Pimentel., 1950).

As Tabelas 3, 4 e 5 apresentam o resumo da análise de variância dos experimentos conduzidos nos anos de 2023 e 2024, seguidos pela análise de variância conjunta. Os resultados são expressos por meio dos Quadrados Médios para as dez características agronômicas avaliadas, permitindo identificar a significância estatística das fontes de variação consideradas: Linhagem, Bactéria e a interação Linhagem × Bactéria. A magnitude dos quadrados médios e a significância pelo teste F indicam a contribuição de cada fator para a variabilidade total observada em cada ambiente específico (Tabelas 5, 6 e 7).

**Tabela 3** - Resumo da análise de variância individual das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2023.

FV	GL	QM									
		NDE	ALTP	NDIF	NNOD	MSRZ	NVP	NGV	PGV	PGP	COMPV
Linhagem	9	0,6666*	1,1254**	13,3255*	2.273,44**	2,861**	104,9633**	5,3017**	2,1808**	760,98**	20,12**
Bactéria	1	0,0667	0,0844	11,27	24929**	1,710	336,07**	1.350	0,937	5568.1**	19,72**
Linhagem x Bactéria	9	0,2888	0,1225	6,1555	2.779,88**	2,794 *	71,1777	1,06	0,8286	394,9**	6,5**
Resíduo	38	0,2271	0,1261	3,8973	147,6578	0,7329	27,9202	0,8131	0,3319	120,77	1,5581
Total	59										
CV (%)		10,21%	25,09%	6,23%	36,47%	34,33%	29,91%	16,79%	29,78%	32,7%	10,37%
Média geral		4,66	1,4135	32	33	2,4935	18	5,37	1,934	33,60	12,0366

\* e \*\*, significativos a 5% e a 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

**Tabela 4** - Resumo da análise de variância individual das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024.

FV	GL	QM									
		NDE	ALTP	NDIF	NNOD	MSRZ	NVP	NGV	PGV	PGP	COMPV
Linhagem	9	0,6463	2,5493**	22,192*	297,87**	3,6793**	314,96**	3,1611**	24,96**	337,81**	12,076**
Bactéria	1	0,0167	0,0228	11,2700	190,82*	0,0881	21,60	0,0284	1,70	0,9627	0,2940
Linhagem x Bactéria	9	1,3130*	0,1400	8,0078	144,44**	1,0296	136,63**	0,9811	3,2278	148,45**	0,9536
Resíduo	38	0,5289	0,2723	8,8140	46,14	1,0936	18,6781	0,8197	3,1053	35,1360	1,1422
Total	59										
CV (%)		16,10%	26,77%	8,58%	29,99%	43,68%	28,88%	18,03%	24,09%	30,41%	10,39%
Média geral		4,58	1,9488	34,60	20,89	2,394	14,50	5,021	7,3150	19,34	10,2800

\* e \*\*, significativos a 5% e a 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

**Tabela 5** - Resumo da análise de variância conjunta das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2023 e 2024.

FV	GL	QM									
		NDE	ALTP	NDIF	NNOD	MSRZ	NVP	NGV	PGV	PGP	COMPV
Ambiente (A)	9	0,6750	8,5333**	252,300**	3413,333**	0,2970	218,70**	3,6401*	868,332**	5981,23**	92,40**
Linhagem (L)	1	0,7861*	0,8798**	9,4407	1355,459**	4,6696**	214,996**	4,1115**	15,3937**	794,38**	22,42**
Bactéria (B)	9	0,0750	0,0963	0,0000	14740,833**	1,2875	264,033**	0,8841	0,0563	2857,73**	12,42**
A x L	9	0,5268	2,7950**	26,0778**	1215,833**	1,8708*	204,922**	4,3514**	11,7463**	304,42**	9,78**
A x B	1	0,0083	0,0101	22,5333	10378,800**	0,5109	93,6333*	0,4941	2,5813	2711,30**	7,60*
L x B	9	1,0750**	0,0941	7,2593	1563,185**	0,5946	51,7370*	0,5406	1,5565	187,45*	3,02*
A x L x B	9	0,5268	0,1685	6,9037	1361,189**	3,2291**	156,0778**	1,5006	2,5000	355,90**	4,43**
Resíduo	58	0,3882	0,1984	6,9088	94,5222	0,9323	22,8293	0,8591	1,8388	77,3124	1,3308
Total											
CV (%)		13,57%	26,48%	7,93%	34,74%	39,51%	29,28%	17,84%	29,32%	33,12%	10,34%
Média geral		4,5917	1,6822	33,65	27,245	2,4083	16,2817	5,1958	4,6250	26,4767	11,1575

\* e \*\*, significativos a 5% e a 1% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

A avaliação do desempenho agrônômico e da eficiência da fixação biológica de nitrogênio em linhagens de feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris* L.) revelou um cenário em que a variabilidade genética, o manejo da inoculação e as condições ambientais atuaram de forma interdependente. As Tabelas 5, 6 e 7 apresentam, respectivamente, os resumos das análises de variância para os ambientes individuais 2023 (Tabela 5) e 2024 (Tabela 6) e para a análise conjunta (Tabela 7). A análise transversal destes dados permite identificar que o fator Linhagem foi significativo ( $P \leq 0,05$  ou  $P \leq 0,01$ ) para todas as dez características avaliadas, tanto nas análises individuais quanto na análise conjunta.

Tal consistência confirma a existência de ampla variabilidade genética no painel de linhagens da UENF, ratificando que as diferenças no potencial produtivo, fenológico e na arquitetura da planta são inerentes aos genótipos e passíveis de seleção, corroborando o observado por Oliveira (2019), que identificou diversidade genética explorável para caracteres similares em germoplasma avaliado na região Norte Fluminense.

A dinâmica da resposta à inoculação, no entanto, variou drasticamente entre os anos, evidenciada tanto pelos efeitos principais quanto pelas interações. No ambiente de 2023 (Tabela 5), sob condições favoráveis, o tratamento com bactéria teve um efeito marcante e altamente significativo ( $P \leq 0,01$ ) sobre os componentes diretos de produção: Número de Nódulos (NNOD), Peso de Grãos (PGP), Número de Vagens (NVP) e Comprimento da Vagem (COMPV). Contudo, a análise detalhada deste ambiente revela que o ganho produtivo não foi uniforme, pois a interação Linhagem X Bactéria não foi significativa para a maioria das variáveis de rendimento, incluindo PGP, NNOD e MSRZ.

Tal significância demonstra que, mesmo em um ano favorável, a resposta à inoculação é genótipo-dependente. Enquanto a média geral subiu, a interação aponta que certas linhagens funcionaram como "alavancas" para a simbiose, maximizando os ganhos, enquanto outras responderam de forma modesta. Esse padrão se alinha às conclusões de Oliveira (2019), que enfatizou que a eficiência da associação bacteriana é estritamente dependente da compatibilidade com o genótipo hospedeiro, sendo necessário selecionar o par específico para obter o máximo potencial produtivo. No ambiente de 2024 (Tabela 6), o cenário se inverteu, expondo a fragilidade da associação frente ao estresse. Diferentemente de 2023, o efeito principal da Bactéria perdeu significância para PGP, NVP e COMPV, mantendo-se significativo apenas para NNOD

( $P \leq 0,05$ ). Esse fenômeno indica um desacoplamento funcional onde a estrutura física do nódulo foi formada, mas não se traduziu em ganho de produtividade na média geral.

No entanto, é crucial notar que a interação Linhagem X Bactéria manteve-se significativa neste cenário adverso para variáveis chave como NDE, NNOD, NVP e PGP. A manutenção da interação significativa em 2024 é reveladora, pois indica que a falta de ganho na média geral não foi homogênea. Algumas linhagens sofreram penalizações severas na presença do inoculante, enquanto outras se mantiveram estáveis. A explicação biológica para esse fenômeno reside no "custo metabólico" da nodulação sob estresse, considerando que, conforme elucidado por de Silva et al. (2024), o estresse abiótico provoca uma reprogramação transcriptômica nos nódulos, reprimindo genes ligados à nitrogenase. Assim, a interação significativa em 2024 sugere que o custo energético de manter nódulos ineficientes variou entre os genótipos, causando inversões de ranking onde o tratamento controle superou o inoculado em linhagens menos resilientes.

A Análise Conjunta (Tabela 7) consolidou esses achados e permitiu distinguir dois grupos de características com comportamentos opostos. O primeiro grupo, composto por Peso de grãos por vagem (PGV), Número de grãos por Vagem (NGV), altura da Planta (ALTP) e número de dias para Floração (NDIF), mostrou-se "imune" à inoculação, não apresentando significância para o fator Bactéria ou para a interação tripla. Para estas variáveis, a variância foi explicada predominantemente pela interação Ambiente X Linhagem ( $P \leq 0,01$ ), indicando que o enchimento do grão e o crescimento da vagem são atributos rigidamente controlados pela genética da linhagem em resposta direta às oscilações climáticas, independentemente da presença do microrganismo. Já o segundo grupo, composto pelos componentes diretos de rendimento (NNOD, PGP, NVP, COMPV e MSRZ), foi governado pela Interação Tripla (Ambiente X Linhagem X Bactéria) ( $P \leq 0,01$ ).

A significância desta interação de terceira ordem integra os resultados das análises individuais, considerando que ela comprova estatisticamente que a "responsividade específica" observada em 2023 e que a "instabilidade/colapso" observada em 2024 não são eventos isolados, mas, sim, partes de um mesmo fenômeno biológico em que o ambiente modula a intensidade e a direção da interação genótipo-bactéria. A magnitude do Quadrado Médio da interação tripla para PGP e NNOD demonstra que a hierarquia dos genótipos se alterou drasticamente entre os anos e manejos.

Adicionalmente, a inclusão do Comprimento da Vagem (COMPV) na interação tripla sugere que até mesmo a qualidade comercial do fruto é vulnerável a essa complexa interdependência. Em síntese, os resultados comprovam que a inoculação em feijão-vagem atua aumentando o número de estruturas reprodutivas (NVP) e a biomassa radicular, mas apenas quando a tríade Genótipo Responsivo, Estirpe Eficiente e Ambiente Favorável é atendida, exigindo uma seleção focada na homeostase dessas características.

## **5.2. Análises de Agrupamento de Médias**

A constatação de significância estatística pelo teste F na análise de variância indica a existência de diferenças entre os tratamentos, mas não discrimina quais médias diferem entre si. Para elucidar o comportamento específico das linhagens de feijão-vagem e a magnitude de sua resposta à inoculação nos diferentes ambientes, procedeu-se ao agrupamento de médias utilizando o teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade.

A escolha do teste de Scott-Knott justifica-se pela sua robustez e capacidade de separar as médias em grupos homogêneos e mutuamente exclusivos, evitando a ambiguidade comum em testes de comparações múltiplas tradicionais, (como Tukey ou Duncan), em que uma mesma média pode pertencer a grupos distintos simultaneamente. Essa característica de agrupamento não sobreposto é particularmente vantajosa em programas de melhoramento, pois facilita a identificação clara de genótipos superiores e a discriminação precisa de grupos com desempenho agrônômico similar.

A apresentação dos resultados a seguir foi estruturada para permitir uma avaliação progressiva do desempenho das linhagens. Inicialmente, são discutidos os agrupamentos referentes aos ambientes individuais 2023 (Tabela 8) e 2024 (Tabela 9), o que permite caracterizar a resposta específica dos genótipos sob condições favoráveis e sob estresse, respectivamente. Posteriormente, é apresentado o desdobramento da análise conjunta (Tabela 10), integrando esses cenários para identificar padrões de estabilidade e a natureza da interação tripla. Essa abordagem estratificada é fundamental para compreender não apenas o potencial produtivo isolado, mas como a eficiência da simbiose foi modulada pela variação ambiental ao longo dos anos agrícolas.

**Tabela 6** - Agrupamento de médias das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV, de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2023.

Linhagem	NDE		ALTP		NDIF		NNOD		MSRZ	
	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem
1	4,00 Ab	4,00 Ab	1,80 Ab	1,45 Ab	30,00 Ab	30,67 Ab	11,33 Ad	10,67 Ad	3,90 Aa	2,36 Bb
2	4,67 Ab	4,00 Ab	1,49 Ac	0,88 Ac	33,33 Aa	32,67 Aa	118,33Aa	10,67 Ba	2,02 Ab	1,68 Ab
3	4,67 Ab	4,33 Ab	1,89 Aa	2,02 Aa	34,00 Aa	33,67 Aa	20,67 Ad	13,00 Bd	2,67 Ab	1,28 Ab
4	5,00 Aa	5,00 Aa	0,43 Ad	0,61 Ad	34,67 Aa	32,00 Aa	37,33 Ac	16,00 Bc	2,97 Aa	2,73 Ab
5	4,67 Aa	4,67 Aa	2,07 Aa	1,89 Aa	31,33 Ab	31,00 Ab	35,67 Ac	13,33 Bc	1,97 Ab	4,43 Ba
6	5,00 Aa	4,67 Aa	1,41 Ab	1,51 Ab	34,67 Aa	30,67 Aa	51,00 Ac	8,33 Bc	3,60 Aa	3,42 Aa
7	5,00 Aa	5,33 Aa	1,34 Ab	1,30 Ab	32,67 Ab	30,67 Ab	48,00 Ac	5,00 Bc	2,62 Ab	0,53 Bb
8	4,67 Aa	5,00 Aa	1,87 Ab	1,25 Ab	30,00 Ab	30,33 Ab	67,00 Ab	11,00 Bb	2,24 Ab	2,54 Ab
9	5,00 Aa	4,33 Aa	1,02 Ac	1,31 Ac	30,00 Ab	33,00 Ab	129,00Aa	11,67 Ba	3,45 Aa	2,08 Ab
10	4,33 Aa	5,00 Aa	1,49 Ab	1,55 Ab	30,67 Ab	28,00 Ab	18,67 Ad	29,67 Ad	1,20 Ab	2,20 Ab

Linhagem	NVP		NGV		PGV		PGP		COMPV	
	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem
1	30,67 Aa	10,67 Bb	4,00 Ab	3,93 Ab	1,37 Ab	0,80 Ab	33,07 Ab	12,80 Ba	9,80 Ac	6,17 Bd
2	17,67 Ab	18,67 Aa	6,13 Aa	6,20 Aa	2,70 Aa	3,13 Aa	73,03 Aa	24,13 Ba	11,60 Ab	12,07 Ab
3	24,00 Aa	22,67 Aa	6,53 Aa	6,20 Aa	1,80 Ab	1,73 Ab	58,87 Aa	37,93 Ba	13,83 Aa	13,90 Aa
4	20,33 Ab	20,00 Aa	4,87 Aa	6,67 Aa	1,73 Ab	2,40 Aa	49,50 Aa	35,17 Aa	10,27 Ac	12,00 Ab
5	17,00 Ab	13,00 Ab	6,87 Aa	6,10 Aa	2,77 Aa	2,70 Aa	63,00 Aa	20,30 Ba	15,53 Aa	14,00 Aa
6	8,67 Ab	12,33 Ab	5,93 Aa	5,07 Aa	2,13 Ab	1,57 Ab	20,63 Ab	20,07 Aa	13,80 Aa	11,27 Bb
7	17,33 Ab	11,33 Ab	5,07 Ab	4,20 Ab	3,27 Aa	1,23 Bb	39,17 Ab	21,57 Aa	13,77 Aa	8,67 Bc
8	26,67 Aa	16,67 Ba	5,27 Aa	5,20 Aa	1,77 Ab	1,97 Ab	39,50 Ab	25,00 Aa	12,23 Ab	12,30 Ab
9	17,67 Ab	8,67 Bb	4,33 Ab	3,40 Ab	1,23 Ab	0,90 Ab	26,10 Ab	9,43 Aa	12,20 Ab	11,23 Ab
10	20,33 Ab	19,00 Aa	6,20 Aa	5,23 Aa	1,83 Ab	1,67 Ab	29,57 Ab	33,37 Aa	13,07 Aa	13,90 Aa

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

**Tabela 7** - Agrupamento de médias das características NDE, ALTP, NDIF, NNOD, MSRZ, NVP, NGV, PGV, PGP e COMPV, de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024.

Linhagem	NDE		ALTP		NDIF		NNOD		MSRZ	
	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem
1	5,00 Aa	3,67 Bb	0,93 Cb	0,47 Ca	33,33 Ba	38,00 Aa	15,33 Bb	23,00 Ba	2,40 Aa	2,40 Aa
2	4,67 Aa	4,33 Aa	1,73 Ba	1,90 Ba	32,33 Bb	31,33 Bb	25,67 Bb	19,67 Ba	1,50 Bb	1,50 Bb
3	5,33 Aa	4,33 Aa	2,13 Aa	2,32 Aa	32,67 Bb	32,00 Bb	18,67 Bb	17,33 Ba	2,17 Bb	2,19 Bb
4	4,33 Aa	4,67 Aa	2,83 Aa	2,97 Aa	34,67 Aa	35,67 Aa	27,00 Bb	21,33 Ba	1,56 Bb	1,35 Bb
5	3,67 Aa	4,33 Aa	1,18 Cb	1,18 Cb	32,00 Bb	37,33 Aa	55,00 Aa	26,67 Ab	3,48 Aa	3,48 Aa
6	5,33 Aa	5,00 Aa	2,28 Aa	2,28 Aa	35,33 Aa	35,67 Aa	23,33 Bb	24,67 Ba	2,41 Aa	2,41 Aa
7	4,67 Aa	4,33 Aa	2,38 Aa	2,26 Aa	34,67 Aa	35,33 Aa	16,67 Bb	17,33 Ba	1,90 Bb	1,89 Bb
8	3,67 Ba	5,67 Ab	1,52 Bb	1,52 Bb	34,00 Aa	36,67 Aa	19,67 Bb	22,00 Ba	2,41 Aa	2,41 Aa
9	4,33 Aa	4,00 Aa	2,05 Aa	2,27 Aa	32,67 Bb	32,00 Bb	27,33 Bb	20,00 Ba	3,93 Aa	3,92 Aa
10	4,33 Aa	4,67 Aa	2,33 Aa	2,46 Aa	34,33 Aa	34,67 Aa	15,67 Bb	16,67 Ba	2,30 Aa	2,29 Aa

Linhagem	NVP		NGV		PGV		PGP		COMPV	
	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem	Com	Sem
1	7,67 Cb	17,67 Ca	6,12 Aa	6,12 Aa	6,92 Aa	6,92 Aa	8,83 Cb	23,13 Ca	8,42 Ba	9,03 Ba
2	12,33 Bb	16,00 Ba	4,37 Bb	4,37 Bb	6,58 Aa	6,58 Aa	12,17 Cb	23,00 Ca	10,21 Aa	9,87 Aa
3	12,33 Bb	13,67 Ba	5,07 Aa	5,07 Aa	9,42 Aa	9,42 Aa	21,83 Bb	23,33 Ba	11,57 Aa	11,73 Aa
4	38,00 Aa	18,33 Ab	4,80 Aa	4,80 Aa	5,25 Aa	5,25Aa	35,67 Aa	21,33 Bb	9,50 Ba	8,63 Ba
5	31,00 Ab	25,00 Aa	5,20 Aa	5,20 Aa	7,75 Aa	7,75 Aa	38,33 Aa	30,50 Aa	8,93 Ba	8,93 Ba
6	16,67 Bb	8,00 Bc	5,68 Aa	5,68 Aa	9,33 Aa	9,33 Aa	26,83 Bb	13,67 Ba	12,85 Aa	11,34 Ab
7	7,00 Cb	19,33 Ca	5,67 Aa	5,67 Aa	10,50 Aa	10,50Aa	14,50 Cb	24,17 Ca	11,40 Aa	11,34 Aa
8	11,00 Bb	5,67 Bc	4,97 Aa	4,97 Aa	7,92 Aa	7,92 Aa	15,83 Bb	11,00 Ba	11,07 Aa	11,17 Aa
9	5,00 Cb	9,67 Ca	3,57 Bb	3,57 Bb	4,90 Aa	4,90 Aa	12,17 Cb	15,00 Ca	8,25 Ba	8,99 Ba
10	14,67 Bb	10,33 Ba	4,78 Aa	4,78 Aa	4,58 Aa	4,58 Aa	10,00 Cb	8,50 Ca	11,92 Aa	11,08 Aa

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

A análise detalhada das médias pelo teste de Scott-Knott permitiu observar a natureza da interação genótipo X bactéria dentro de cada ambiente, revelando padrões distintos de resposta que variaram da alta eficiência simbiótica à inibição por estresse.

No ambiente de 2023, sob condições favoráveis, a inoculação atuou como um catalisador da produtividade para genótipos responsivos. A análise da nodulação (NNOD) destacou as linhagens L2 e L9, que apresentaram um incremento explosivo no tratamento inoculado, atingindo as maiores médias absolutas do ensaio (118,33 Aa e 129,00 Aa, respectivamente). Esse comportamento confirma a variabilidade genética para a capacidade de fixação biológica no germoplasma, corroborando Zeffa et al. (2020), que relatam que certos genótipos de feijão têm uma capacidade superior de sinalização química, resultando em nodulação abundante.

Contudo, ao cruzar esses dados com o Peso de Grãos por Planta (PGP), observou-se uma distinção crucial na eficiência dessa simbiose. A linhagem L2 converteu a alta nodulação em recorde de produtividade (73,03 Aa), caracterizando-se como eficiente. Em contrapartida, a linhagem L9, apesar de campeã em nódulos, apresentou produtividade modesta (26,10 Ab), sugerindo uma simbiose ineficiente, cujo alto custo energético para manter os nódulos não foi compensado pela fixação de nitrogênio.

Ainda em 2023, a estabilidade das características vegetativas ALTP, NDE, NDlc entre os tratamentos com e sem inoculação demonstrou que o aporte de nitrogênio foi direcionado especificamente para os drenos reprodutivos NVP e PGP, sem alterar a arquitetura da planta, um traço desejável para a mecanização. Uma exceção fisiológica interessante foi a linhagem L5, que produziu mais biomassa de raiz MSRZ no tratamento sem inoculação. Isso sugere uma plasticidade adaptativa, tendo em vista que na ausência da bactéria, a L5 investiu em raízes para buscar nitrogênio no solo, enquanto na presença do inóculo, redirecionou recursos para a produção de grãos, alcançando a segunda maior produtividade do ano (63,00 Aa) com alta eficiência de uso do N.

O cenário transformou-se drasticamente no ambiente de 2024. O estresse ambiental impôs um teto produtivo e alterou a relação custo-benefício da simbiose. O agrupamento de médias revelou que o benefício da inoculação desapareceu para a maioria das linhagens e, mais criticamente, inverteu-se para genótipos como L1,

L2 e L7. Nestas linhagens, o tratamento Sem Inoculação superou estatisticamente o Com Inoculação em produtividade (PGP). Esse fenômeno é corroborado por Koskey et al. (2021), que avaliaram a inoculação em ambientes contrastantes e observaram que, sob estresse edafoclimático, estirpes comerciais podem perder competitividade ou eficiência. Segundo o estudo, em condições adversas, a manutenção de nódulos torna-se um dreno de carbono severo, pois se a fixação for inibida pelo ambiente, a planta inoculada sofre uma penalização energética comparada à não inoculada, resultando em menor rendimento.

**Tabela 8** - Agrupamento de médias conjuntas da característica Número de nódulos (NNOD), de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	NNOD - 2023 (Ambiente 1)		NNOD - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	11,33 Dd	10,67 Aa	15,33 Bb	23,00 Ba
L2	118,33 Aa	10,67 Ba	25,67 Bb	19,67 Bb
L3	20,67 Dd	13,00 Ba	18,67 Bb	17,33 Ba
L4	37,33 Cc	16,00 Ba	27,00 Bb	21,33 Ba
L5	35,67 Cc	13,33 Ba	55,00 Aa	26,67 Aa
L6	51,00 Cc	8,33 Ba	23,33 Bb	24,67 Aa
L7	48,00 Cc	5,00 Ba	16,67 Bb	17,33 Aa
L8	67,00 Bb	11,00 Ba	19,67 Bb	22,00 Aa
L9	129,00 Aa	11,67 Ba	27,33 Bb	20,00 Ba
L10	18,67 Dd	29,67 Ab	15,67 Bb	16,67 Aa

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

Neste contexto de "teste de estresse" de 2024, a linhagem L5 consolidou-se como o genótipo superior. Enquanto a L2 (destaque de 2023) colapsou, a L5 foi a única a sustentar a maior produtividade no tratamento inoculado (38,33 Aa) e a

liderar a nodulação (55,00 Aa). Essa consistência da L5, contrastada com a instabilidade da L2 e a ineficiência da L9, qualifica a L5 como o material com maior homeostase simbiótica, capaz de manter a funcionalidade da FBN e a produtividade mesmo quando o ambiente impõe restrições severas à cultura.

A análise do Número de Nódulos (Tabela 10) evidenciou uma estratificação clara da compatibilidade simbiótica no germoplasma. No ambiente favorável de 2023, o teste de Scott-Knott discriminou quatro grupos distintos de resposta à inoculação. O grupo superior ("a") foi formado pelas linhagens L2 e L9, que apresentaram uma nodulação massiva (118,33 Aa e 129,00 Aa respectivamente), indicando uma alta afinidade química e receptividade à infecção bacteriana.

Um grupo intermediário superior ("b"), representado isoladamente pela L8 (67,00 Aa), e um grupo intermediário inferior ("c"), composto por L4 (37,33 Cc), L5 (35,67 Cc), L6 (51,00 Cc) e L7 (48,00 Cc), mostraram resposta positiva, porém moderada. Por fim, as linhagens L1, L3 e L10 formaram o grupo inferior ("d"), com médias abaixo de 21 nódulos mesmo quando inoculadas, sugerindo uma barreira genética ou fisiológica a uma nodulação eficiente nestes materiais.

O cenário transformou-se radicalmente em 2024. A restrição ambiental não apenas reduziu a média geral, mas alterou a hierarquia de resposta. As linhagens L2 e L9, líderes em 2023, sofreram reduções drásticas (caindo para 25,67 Bb e 27,33 Bb), tornando-se estatisticamente iguais às linhagens que antes eram intermediárias.

Neste contexto, a L5 emergiu isolada no grupo superior ("A") em 2024, com 55,00 Aa, sendo o único genótipo capaz de sustentar uma estrutura nodular robusta sob estresse. Notavelmente, a linhagem L10 apresentou um comportamento atípico: em 2023, nodulou mais no tratamento *sem* inoculação (29,67 Ab) do que no inoculado (18,67 Dd), sugerindo que a introdução das estirpes exógenas pode ter competido negativamente com a microbiota nativa para este genótipo específico.

**Tabela 9** - Agrupamento de médias conjuntas das características peso de grãos por planta (PGP), de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	PGP - 2023 (Ambiente 1)		PGP - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	33,07 Cb	12,80 Ca	8,83 Cc	23,13 Ca
L2	73,03 Aa	24,13 Cb	12,17 Cc	23,00 Ba
L3	58,87 Bb	37,93 Bb	21,83 Cb	23,33 Ba
L4	49,50 Bb	35,17 Ba	35,67 Aa	21,33 Bb
L5	63,00 Ab	20,30 Cb	38,33 Aa	30,50 Aa
L6	20,63 Cc	20,07 Ba	26,83 Bb	13,67 Ca
L7	39,17 Cb	21,57 Ca	14,50 Cc	24,17 Ba
L8	39,50 Cb	25,00 Ca	15,83 Cc	11,00 Ca
L9	26,10 Cc	9,43 Cb	12,17 Cc	15,00 Ba
L10	29,57 Cb	33,37 Bb	10,00 Cc	8,50 Ca

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

A Tabela 9 expõe a complexa relação entre nodulação e produtividade real. Em 2023, a correlação positiva foi evidente para a L2, que converteu sua alta nodulação no maior PGP do ensaio (73,03 Aa, grupo "a"). No entanto, a análise da linhagem L9 revela um caso clássico de ineficiência simbiótica, considerando que apesar de possuir o maior número de nódulos em 2023 (129,00 Aa), seu rendimento de grãos foi medíocre (26,10 Cc, grupo "c"), estatisticamente inferior a genótipos com muito menos nódulos, como a L7 ou L8. Isso indica que, para a L9, a manutenção dos nódulos consumiu fotoassimilados que não foram compensados pela fixação de nitrogênio, caracterizando um "custo parasitário" da simbiose.

Em 2024, a interação tripla revelou a vulnerabilidade da tecnologia. A maioria das linhagens (L1, L2, L6, L7, L8, L9, L10) agrupou-se nas classes inferiores de produtividade ("c") quando inoculadas. Mais alarmante foi o comportamento das linhagens L1 e L7, tendo em vista que ambas produziram significativamente *menos*

quando inoculadas (8,83 Cc e 14,50 Cc) em comparação aos seus controles não inoculados (23,13 Ca e 24,17 Ba). Esse efeito deletério confirma que, sob estresse severo, a simbiose pode agravar o déficit energético da planta. A L4 destacou-se positivamente neste ano adverso, atingindo 35,67 Aa sob inoculação (grupo "A"), estatisticamente equiparada à L5 (38,33 Aa), mostrando que a L4 também tem mecanismos de tolerância, embora tenha sido menos estável que a L5 no ano anterior.

**Tabela 10** - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de vagens por planta (NVP), de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	NVP - 2023 (Ambiente 1)		NVP - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	30,67 Aa	10,67 Bb	7,67 Cb	17,67 Ca
L2	17,67 Ab	18,67 Aa	12,33 Bb	16,00 Aa
L3	24,00 Aa	22,67 Aa	12,33 Bb	13,67 Aa
L4	20,33 Ab	20,00 Aa	38,00 Aa	18,33 Ab
L5	17,00 Ab	13,00 Ab	31,00 Ab	25,00 Aa
L6	8,67 Cc	12,33 Cc	16,67 Bb	8,00 Bb
L7	17,33 Ab	11,33 Ab	7,00 Cc	19,33 Ca
L8	26,67 Aa	16,67 Ba	11,00 Bb	5,67 Bb
L9	17,67 Ab	8,67 Bb	5,00 Cc	9,67 Ba
L10	20,33 Ab	19,00 Aa	14,67 Bb	10,33 Aa

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

O NVP (Tabela 10) detalha a origem das variações de rendimento. Em 2023, a inoculação promoveu aumentos significativos no vingamento de frutos para a maioria dos genótipos, com destaque para a L1, que saltou de 10,67 Bb (sem inoculação) para 30,67 Aa (com inoculação), triplicando sua carga reprodutiva. A L8 também mostrou alta

responsividade, aumentando de 16,67 Ba para 26,67 Aa vagens. No entanto, a L6 apresentou o menor desempenho absoluto em ambos os tratamentos em 2023, indicando um teto genético baixo para prolificidade neste ambiente.

Em 2024, foi observada uma inversão interessante. A linhagem L4 obteve o maior número absoluto de vagens sob inoculação (38,00 Aa), superando numericamente a L5 (31,00 Ab). Contudo, ao cruzarmos com os dados de peso (PGP – Tabela 11), a L5 obteve um rendimento ligeiramente superior (38,33 Aa vs 35,67 Aa). Isso sugere que, embora a L4 tenha retido mais vagens, a L5 foi mais eficiente no enchimento dessas vagens (grãos mais pesados ou formados), otimizando o rendimento final. As linhagens L7 e L9 apresentaram valores críticos em 2024 sob inoculação (7,00 Cc e 5,00 Cc), confirmando o abortamento massivo de estruturas reprodutivas induzido pela combinação de estresse e dreno metabólico bacteriano.

**Tabela 11** - Agrupamento de médias conjuntas das características massa seca da raiz (MSRZ) de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	MSRZ - 2023 (Ambiente 1)		MSRZ - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	3,90 Aa	2,36 Bb	1,73 Ab	3,07 Ba
L2	2,02 Bb	1,68 Bb	1,43 Ab	1,57 Aa
L3	2,67 Ab	1,28 Ab	2,14 Ab	2,19 Aa
L4	2,97 Aa	2,73 Ab	1,56 Ab	1,35 Ab
L5	1,97 Ab	4,43 Ba	4,29 Aa	2,68 Bb
L6	3,60 Aa	3,42 Aa	2,12 Ab	2,71 Aa
L7	2,62 Ab	0,53 Bb	1,80 Ab	1,99 Aa
L8	2,24 Ab	2,54 Ab	2,39 Ab	2,42 Aa
L9	3,45 Aa	2,08 Ab	3,98 Aa	3,87 Aa
L10	1,20 Ab	2,20 Ab	2,89 Aa	1,70 Bb

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

A análise da massa seca (Tabela 11) desmistifica a ideia de que a inoculação sempre favorece o crescimento radicular. Em 2023, a resposta foi heterogênea: a L1 teve um incremento significativo (2,36 Bb para 3,90 Aa) com a inoculação, sugerindo um efeito estimulante das bactérias (provavelmente *Azospirillum*). Em contrapartida, a L5 reduziu sua massa radicular de 4,43 Ba (sem inoculação) para 1,97 Ab (com inoculação), indicando que, na presença de N fixado, a planta investiu menos em raízes de exploração.

Em 2024, a L5 inverteu esse padrão, apresentando a maior raiz do ensaio sob inoculação (4,29 Aa), o que pode explicar sua tolerância ao estresse hídrico/térmico observado neste ano. A L9, apesar de ineficiente na produção de grãos, manteve um sistema radicular robusto em ambos os anos e tratamentos (grupo "A"), sugerindo que seus assimilados são drenados preferencialmente para a manutenção vegetativa e radicular, em detrimento da reprodução.

**Tabela 12** - Agrupamento de médias conjuntas das características Comprimento de vagens de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	COMPV - 2023 (Ambiente 1)		COMPV - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	9,80 Ab	6,17 Bb	7,82 Ba	9,03 Ab
L2	11,60 Aa	12,07 Aa	10,21 Aa	9,87 Aa
L3	13,83 Aa	13,90 Aa	11,57 Aa	11,73 Aa
L4	10,27 Bc	12,00 Ab	9,50 Ab	8,63 Ab
L5	15,53 Aa	14,00 Aa	8,93 Ab	8,93 Aa
L6	13,80 Aa	11,27 Bb	12,85 Aa	11,34 Ab
L7	13,77 Aa	8,67 Bc	11,40 Aa	11,34 Aa
L8	12,23 Ab	12,30 Ab	11,07 Aa	11,17 Aa
L9	12,20 Ab	11,23 Ab	8,25 Bb	8,99 Ab
L10	13,07 Aa	13,03 Aa	11,92 Aa	11,08 Aa

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

O comprimento das vagens (Tabela 12) variou consideravelmente entre os genótipos. A L5 produziu as maiores vagens em 2023 sob inoculação (15,53 Aa), uma característica desejável comercialmente. Contudo, em 2024, suas vagens encolheram significativamente (8,93 Ab), evidenciando a sensibilidade deste caráter ao ambiente.

Por outro lado, a linhagem L6 demonstrou uma estabilidade notável para esta característica. Mesmo em 2024, suas vagens mantiveram médias elevadas (12,85 Aa sob inoculação), superando a maioria dos outros genótipos. A L1 apresentou as menores vagens do ensaio em 2023 sem inoculação (6,17 Bb), pois embora a inoculação tenha aumentado o tamanho para 9,80 cm, ela permaneceu no grupo de vagens curtas, uma característica que pode limitar sua aceitação em mercados que exigem vagens longas tipo "macarrão".

**Tabela 13** - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de grãos por vagens de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	NGV - 2023 (Ambiente 1)		NGV - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	3,97 Bb	3,97 Bb	6,12 Aa	6,12 Aa
L2	6,17 Aa	6,17 Aa	4,37 Bb	4,37 Bb
L3	6,37 Aa	6,37 Aa	5,07 Aa	5,07 Aa
L4	5,77 Aa	5,77 Aa	4,80 Aa	4,80 Aa
L5	6,48 Aa	6,48 Aa	5,20 Aa	5,20 Aa
L6	5,50 Aa	5,50 Aa	5,68 Aa	5,68 Aa
L7	4,63 Bb	4,63 Bb	5,67 Aa	5,67 Aa
L8	5,23 Aa	5,23 Aa	4,97 Aa	4,97 Aa
L9	3,87 Bb	3,87 Bb	3,57 Bb	3,57 Bb
L10	5,72 Aa	5,72 Aa	4,78 Aa	4,78 Aa

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

A Tabela 13 (NGV) revela que a fertilidade da vagem é uma característica fortemente conservada geneticamente e pouco influenciada pela inoculação. Para a vasta maioria das linhagens (L1, L3, L4, L6, L7, L8, L10), não houve diferença estatística entre os tratamentos "Com" e "Sem" inoculação em nenhum dos anos (letras minúsculas iguais). A L3 destacou-se pela alta fertilidade, mantendo médias superiores a 6,0 grãos/vagem em 2023 e acima de 5,0 em 2024. A L9, consistentemente, apresentou os menores valores (em torno de 3,5 a 4,3), reforçando sua baixa aptidão reprodutiva independentemente do manejo bacteriano.

**Tabela 14** - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de grãos por vagem de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	PGV - 2023 (Ambiente 1)		PGV - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	1,08 Cc	1,08 Cc	6,92 Ba	6,92 Ba
L2	2,92 Aa	2,92 Aa	6,58 Ba	6,58 Ba
L3	1,77 Bb	1,77 Bb	9,42 Aa	9,42 Aa
L4	2,07 Bb	2,07 Bb	5,25 Bc	5,25 Bc
L5	2,73 Aa	2,73 Aa	7,75 Ab	7,75 Ab
L6	1,85 Bb	1,85 Bb	9,33 Aa	9,33 Aa
L7	2,25 Ab	2,25 Ab	10,50 Aa	10,50 Aa
L8	1,87 Bb	1,87 Bb	7,92 Ab	7,92 Ab
L9	1,07 Cc	1,07 Cc	4,90 Bc	4,90 Bc
L10	1,75 Bb	1,75 Bb	4,58 Bc	4,58 Bc

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a de probabilidade.

O PGV (Tabela 14) fornece uma estimativa indireta do tamanho/peso unitário do grão e do enchimento da vagem. Em 2024, foi observado um fenômeno

interessante para as linhagens L3, L6 e L7, que apresentaram valores muito elevados de PGV (9,42 Aa, 9,33 Aa e 10,50 Aa, respectivamente) em ambos os tratamentos.

Esses valores, superiores aos de 2023, sugerem que, em razão do menor número de vagens retidas por planta nestas linhagens em 2024 (efeito de compensação), os fotoassimilados disponíveis foram concentrados nas poucas vagens restantes, resultando em grãos maiores ou vagens mais pesadas. Já a L4 e a L10 apresentaram os menores valores de PGV em 2024, indicando que, mesmo retendo vagens, o enchimento foi prejudicado.

**Tabela 15** - Agrupamento de médias conjuntas das características Altura de plantas de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	ALTP - 2023 (Ambiente 1)		ALTP - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	1,63 Aa	1,63 Aa	0,70 Bb	0,70 Bb
L2	1,05 Bb	1,05 Bb	1,81 Ba	1,81 Ba
L3	1,95 Aa	1,95 Aa	2,23 Aa	2,23 Aa
L4	0,52 Cc	0,52 Cc	2,90 Aa	2,90 Aa
L5	1,98 Aa	1,98 Aa	1,18 Bb	1,18 Bb
L6	1,46 Ba	1,46 Ba	2,28 Aa	2,28 Aa
L7	1,32 Ba	1,32 Ba	2,32 Aa	2,32 Aa
L8	1,56 Ba	1,56 Ba	1,52 Bb	1,52 Bb
L9	1,17 Bb	1,17 Bb	2,16 Aa	2,16 Aa
L10	1,52 Ba	1,52 Ba	2,40 Aa	2,40 Aa

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

A altura da planta (Tabela 15) mostrou variações genéticas extremas. A linhagem L4 comportou-se de maneira atípica: em 2023, apresentou porte anão

(0,43 m e 0,61 m), enquanto em 2024 cresceu significativamente mais (2,83 m e 2,97 m).

Essa variação brusca sugere uma forte interação genótipo x ambiente para o hábito de crescimento desta linhagem específica, possivelmente alternando entre determinado e indeterminado dependendo do fotoperíodo ou da temperatura. As demais linhagens mantiveram-se mais estáveis, com a L10 e a L7 apresentando portes consistentes acima de 1,3 m a 2,4 m. A inoculação, de modo geral, não alterou significativamente a altura, exceto em casos pontuais como a L1 em 2023 (aumento de 1,45 m para 1,80 m).

**Tabela 16** - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de dias para florescimento de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	NDIF - 2023 (Ambiente 1)		NDIF - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	30,33 Bb	30,33 Bb	38,00 Aa	38,00 Aa
L2	33,00 Aa	33,00 Aa	31,83 Bb	31,83 Bb
L3	33,83 Aa	33,83 Aa	32,33 Bb	32,33 Bb
L4	33,33 Aa	33,33 Aa	35,17 Aa	35,17 Aa
L5	31,17 Bb	31,17 Bb	36,00 Aa	36,00 Aa
L6	32,67 Aa	32,67 Aa	35,50 Aa	35,50 Aa
L7	31,67 Bb	31,67 Bb	35,00 Aa	35,00 Aa
L8	30,17 Bb	30,17 Bb	35,33 Aa	35,33 Aa
L9	31,50 Bb	31,50 Bb	32,33 Bb	32,33 Bb
L10	29,33 Bb	29,33 Bb	34,50 Aa	34,50 Aa

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

O ciclo para o florescimento (Tabela 16) foi predominantemente controlado pelo ambiente. Em 2024, houve um atraso geral no florescimento para quase todas

as linhagens (médias subindo de ~31 para ~35 dias), exceto para a L2, que curiosamente floresceu mais cedo em 2024 (31,83 Bb) do que em 2023 (33,00 dias). A linhagem L1 foi a mais tardia em 2024, florescendo aos 38 dias, o que pode ter exposto sua fase reprodutiva crítica a um período de estresse climático mais intenso, contribuindo para sua baixa produtividade. Não houve efeito significativo da inoculação na antecipação ou atraso floral.

**Tabela 17** - - Agrupamento de médias conjuntas das características Número de dias para emergência de dez linhagens de feijão-vagem sob efeito de inoculação, avaliadas em 2024 e 2023.

Linhagem	NDE - 2023 (Ambiente 1)		NDE - 2024 (Ambiente 2)	
	Com	Sem	Com	Sem
L1	4,00 Ba	4,00 Ba	5,00 Aa	3,67 Bb
L2	4,33 Ba	4,33 Ba	4,67 Aa	4,33 Aa
L3	4,50 Ba	4,50 Ba	5,33 Aa	4,33 Aa
L4	5,00 Aa	5,00 Aa	4,33 Aa	4,67 Aa
L5	4,67 Aa	4,67 Aa	3,67 Aa	4,33 Aa
L6	4,83 Aa	4,83 Aa	5,33 Aa	5,00 Aa
L7	5,17 Aa	5,17 Aa	4,67 Aa	4,33 Aa
L8	4,83 Aa	4,83 Aa	3,67 Bb	5,67 Aa
L9	4,67 Aa	4,67 Aa	4,33 Aa	4,00 Aa
L10	4,67 Aa	4,67 Aa	4,33 Aa	4,67 Aa

Médias seguidas pela mesma letra (maiúscula na linha e minúscula na coluna) pertencem a um mesmo grupo, pelo critério de agrupamento de Scott-Knott, a 5% de probabilidade.

A emergência (Tabela 17) apresentou interações sutis, mas significativas em 2024. A L1 teve sua emergência retardada pela inoculação (5,00 Aa) em comparação ao controle (3,67 Bb), enquanto a L8 teve a emergência acelerada (3,67 Bb vs 5,67 Aa). Essas diferenças indicam que o tratamento de sementes não é neutro, pois dependendo do genótipo, a presença massiva de bactérias no tegumento/rizosfera inicial pode atuar

como um bioestimulante (acelerando, como na L8) ou causar um leve estresse/competição inicial (atrasando, como na L1). A L4 e a L6 mostraram-se indiferentes ao tratamento nesta fase.

A análise detalhada das médias obtidas na análise conjunta permitiu observar o comportamento de cada característica avaliada frente à variação ambiental e ao manejo de inoculação.

A integração dos dados dos dois anos agrícolas revela a dualidade da tecnologia de inoculação em feijão-vagem, que tem um alto potencial de alavancagem do PGP, mas é vulnerável à instabilidade ambiental. O desempenho superior observado em 2023 valida os achados de Zeffa et al. (2020), que demonstraram haver variabilidade genética suficiente em feijão para selecionar materiais com alta capacidade de fixação biológica.

Os resultados confirmam que, em ambientes favoráveis, a seleção para maior NNOD, como observado na L2, resulta em correlação direta e positiva com o PGP. A eficiência da simbiose nesse cenário atua complementando a demanda de nitrogênio durante o enchimento de vagens, sem penalizar o crescimento vegetativo (ALTP). Por outro lado, o colapso produtivo e a inversão de resposta observados em 2024 encontram respaldo na fisiologia do estresse descrita por da Silva et al. (2024). Os autores explicam que a seca e o calor induzem uma reprogramação gênica nos nódulos, reduzindo a atividade da nitrogenases. Nesse estado, a manutenção do NNOD torna-se um dreno parasítico de carbono, o que justifica a razão de linhagens como L1 e L7 terem tido menor PGP quando inoculadas em 2024. O custo energético de manter a simbiose ineficiente competiu com a produção de grãos, penalizando a planta em comparação ao controle não inoculado.

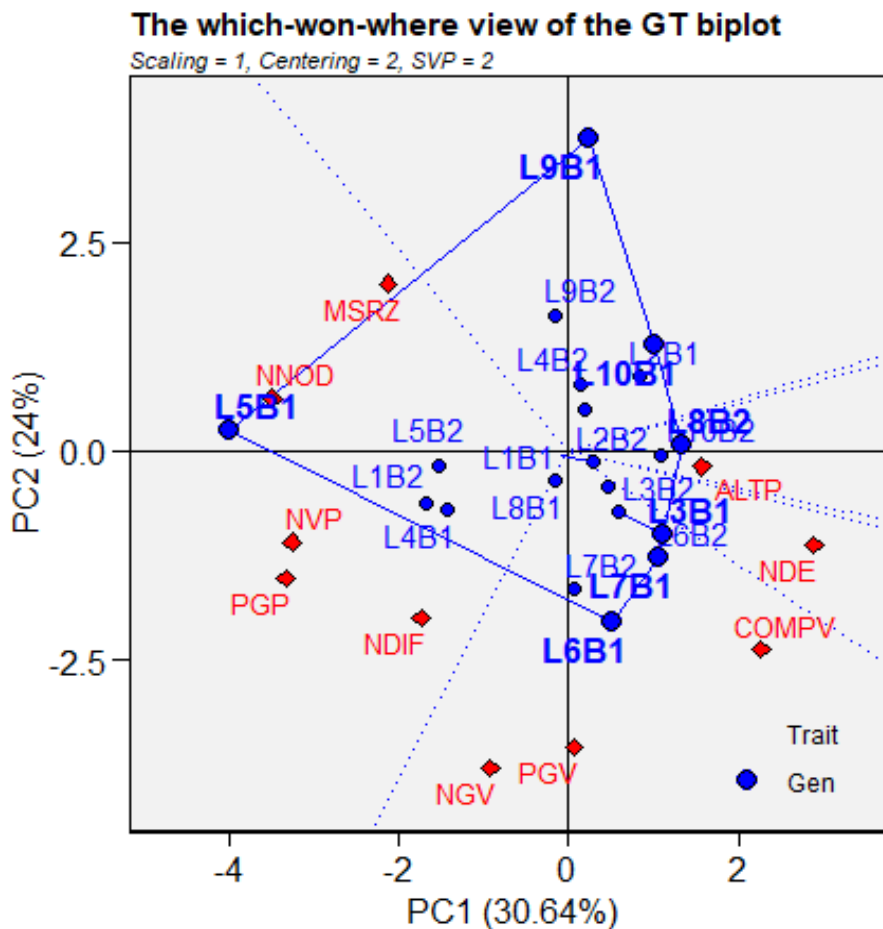
A identificação da linhagem L5 como funcional fundamenta-se no conceito de tolerância e estabilidade discutido por Sousa et al. (2022). Enquanto genótipos de alta resposta falharam sob pressão, a L5 demonstrou homeostase, mantendo o PGP e o NNOD em patamares superiores em ambos os ambientes. Segundo os autores, essa tolerância está associada à capacidade de manter a integridade funcional dos bacteroides e o fluxo de ursideos mesmo sob restrição hídrica. Além disso, a estabilidade de características como PGV e NGV, independentemente da inoculação, direciona o melhoramento para o foco no aumento do NVP via FBN, utilizando genótipos resilientes como a L5 para mitigar os riscos climáticos. Em conclusão, a análise conjunta define um novo critério de seleção para a UENF, que é priorizar genótipos que

sustentam a relação custo-benefício da simbiose positiva, expressa em PGP, independentemente da flutuação ambiental.

### **5.3. Análise Multivariada via GT Biplot**

A avaliação isolada das características agrônômicas, realizada através das análises de variância e testes de médias, fornece informações detalhadas sobre cada variável individualmente, mas oferece uma visão fragmentada do desempenho global dos genótipos. No melhoramento de plantas, especialmente quando se busca maximizar a eficiência da fixação biológica de nitrogênio (FBN) concomitantemente à produção da planta, é fundamental compreender as inter-relações entre os diferentes caracteres e identificar genótipos que reúnam o maior número de atributos favoráveis. Para integrar essas informações, foi utilizada a análise multivariada GT Biplot (*Genotype-by-Trait*).

Esta ferramenta gráfica, fundamentada na Análise de Componentes Principais (PCA), permite a visualização simultânea do perfil dos genótipos e das correlações entre as variáveis avaliadas em um plano bidimensional. O método GT Biplot é particularmente poderoso para: (i) revelar associações positivas ou negativas entre caracteres, indicando se a seleção para nodulação, por exemplo, favorece ou penaliza o rendimento.; (ii) identificar as variáveis mais discriminantes, ou seja, aquelas que melhor diferenciam os genótipos avaliados; e (iii) facilitar a identificação do "genótipo-funcional", aquele que apresenta o melhor equilíbrio entre as características de interesse agrônômico e fisiológico. Dessa forma, a análise a seguir complementa os resultados univariados, permitindo uma seleção mais eficiente e holística das linhagens superiores para o programa de melhoramento.



**Figura 3** - “Quem ganhou onde (which-won-where)” da interação linhagem X características de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas sob efeito inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*.

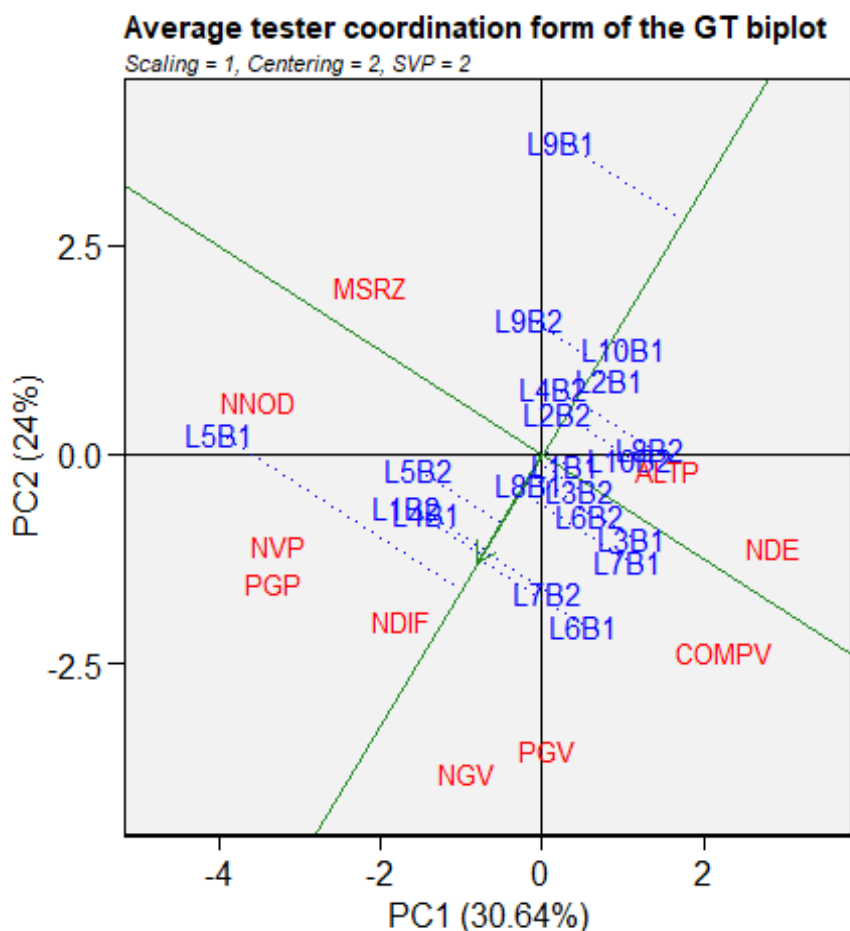
A visualização poligonal “quem ganhou onde” (*which-won-where*), Figura 3, constitui uma ferramenta gráfica robusta para a identificação de genótipos com desempenho superior em grupos específicos de características, definidos pelos vértices do polígono que encapsulam a totalidade dos dados experimentais. A disposição dos vetores e genótipos no biplot revelou uma associação clara entre o manejo de inoculação e o agrupamento de variáveis produtivas, corroborando visualmente a natureza da interação tripla discutida nas análises univariadas. Os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) explicaram, conjuntamente, 54,64% da variação total, o que confere confiabilidade à interpretação gráfica das associações observadas.

O setor mais relevante para os objetivos deste trabalho é aquele que agrupa os vetores de Peso de Grãos por Planta (PGP), Número de Vagens por Planta (NVP), Dias

para Florescimento (NDIF) e Número de Nódulos (NNOD). O genótipo L5B1 (Linhagem 5 sob inoculação) posiciona-se no vértice deste setor, distanciando-se significativamente da origem e das demais combinações. Essa posição estratégica identifica a L5B1 como a combinação "vencedora" para este conjunto de variáveis na análise conjunta, confirmando que a associação da linhagem L5 com a bactéria diazotrófica maximizou simultaneamente a nodulação e o rendimento final. Este resultado alinha-se com a análise de médias, onde a L5 demonstrou homeostase produtiva entre os anos, e valida a premissa de Oliveira (2019) de que a identificação de genótipos superiores em feijão-vagem depende da captura da interação específica positiva com o inoculante, que não é observada em todos os materiais genéticos.

Em um setor adjacente, o genótipo L9B1 aparece como vértice isolado, fortemente associado à variável Massa Seca de Raiz (MSRZ), mas distante dos vetores de produtividade de grãos (PGP). A posição da L9B1 reforça a interpretação fisiológica discutida nas seções anteriores: sob inoculação, esta linhagem direcionou recursos massivos para o crescimento radicular e a manutenção de nódulos, evidenciado pela alta MSRZ e NNOD, mas falhou em converter esse investimento energético em vagens e grãos, caracterizando a ineficiência simbiótica. Outro aspecto crucial revelado pela figura é a correlação entre as características, inferida pelo ângulo entre os vetores. Observa-se um ângulo agudo entre NNOD e PGP, o que confirma visualmente que, na média dos ambientes, o aumento da nodulação esteve associado ao aumento da produtividade, validando a estratégia de seleção indireta.

Em contrapartida, os vetores de características vegetativas, como Altura da Planta (ALTP) e Dias para Emergência (NDE), formam ângulos obtusos em relação ao PGP, indicando uma correlação negativa ou nula com o rendimento. As combinações localizadas neste setor oposto, como L8B2 e L3B1, caracterizaram-se por plantas mais altas ou de emergência diferenciada, mas com menor desempenho produtivo. Essa configuração gráfica valida a conclusão de Zeffa et al. (2020) de que a seleção para alta produtividade em feijão sob inoculação deve focar estritamente nos componentes diretos de rendimento e nodulação, visto que o vigor vegetativo isolado não garante o sucesso da lavoura. Em síntese, a Tabela 1 elege visualmente a L5B1 como o funcional agrônomo, reunindo a máxima expressão das características de interesse econômico e validando a eficácia da inoculação para este genótipo específico.

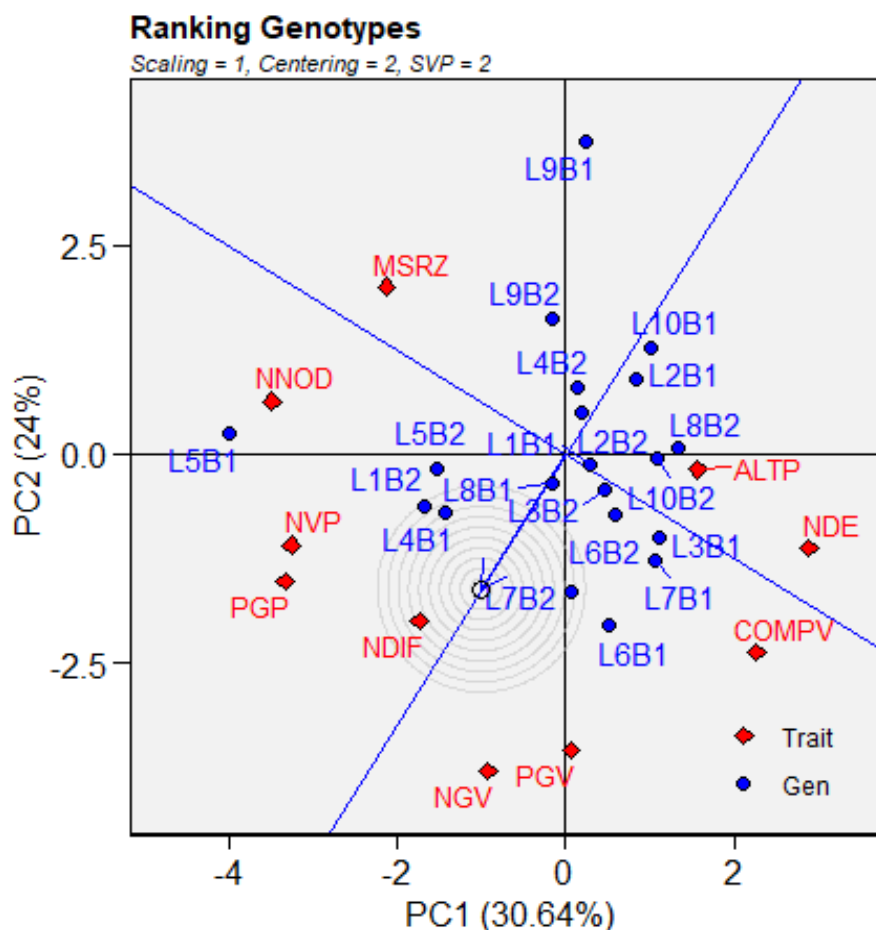


**Figura 4** - “Média vs. Estabilidade (Average tester coordination)” da interação linhagem X características avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*.

A análise de média e estabilidade, ilustrada na Figura 4 (*Average tester coordination*), é fundamental para a identificação do genótipo ideal, permitindo a seleção simultânea para alto desempenho produtivo e consistência entre os ambientes. A média, representada pela linha com uma seta que atravessa a origem, indica a direção do maior desempenho médio geral das linhagens considerando a integração de todas as variáveis. Nesse eixo, o genótipo L5B1 destaca-se na posição mais avançada à esquerda, projetando-se na direção dos vetores de maior produtividade (PGP e NVP) e nodulação (NNOD). Isso confirma visualmente que a combinação da linhagem L5 com o inoculante obteve a maior média global do experimento, superando todas as outras interações testadas.

Perpendicularmente a este eixo, a ordenada representa a instabilidade ou variância do genótipo. O comprimento da linha pontilhada azul que conecta cada ponto à linha média é proporcional à sua instabilidade; quanto mais curta essa linha, mais

estável e equilibrado é o comportamento do genótipo entre as diferentes variáveis. Observa-se que a combinação L5B1, além de possuir a maior média, apresentando um desempenho é consistentemente alto e estável. Em contraste, a combinação L9B1 exibe a maior linha pontilhada vertical de toda figura, denotando altíssima instabilidade. Embora a L9B1 tenha apresentado picos de desempenho em nodulação, sua grande distância da linha média de estabilidade reflete o desequilíbrio observado nas análises anteriores, onde o alto investimento em nódulos não se sustentou em produtividade no ano desfavorável, validando-a como um genótipo ineficiente. Portanto, a Figura 4 ratifica a L5B1 como o genótipo superior, reunindo alta média e estabilidade, características essenciais para a recomendação de um cultivar resiliente a variações ambientais.

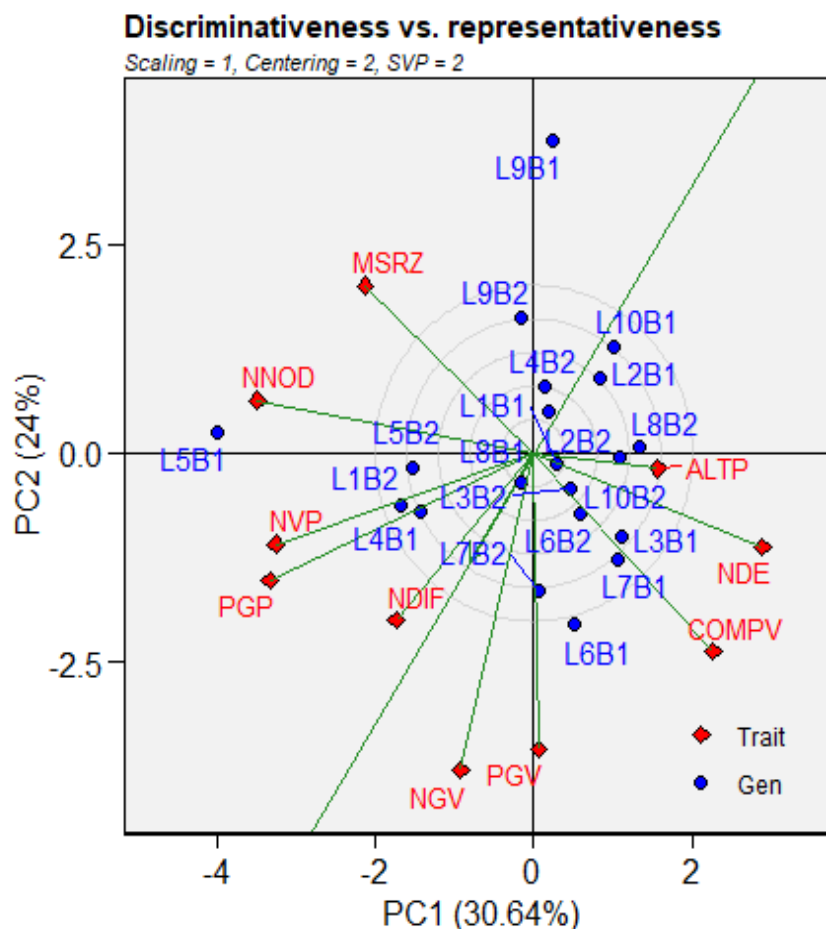


**Figura 5** - “Ranqueamento de Genótipos (Ranking Genotypes)” da interação linhagem X características avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*.

A visualização de ranqueamento de genótipos, apresentada na Figura 5, fundamenta-se na definição estatística de um "Genótipo Virtual", representado pelo centro dos círculos concêntricos. Este ponto teórico é calculado com base no genótipo que possui a maior projeção média na direção do Eixo do Testador Médio (a linha azul com a seta) e a maior estabilidade, ou seja, a menor distância vertical em relação a essa linha. Ele representa, matematicamente, o material que melhor combinaria e equilibraria todas as dez características avaliadas simultaneamente, servindo como referência para comparar o desempenho real das linhagens testadas.

A análise da posição dos genótipos em relação a este centro revela dois perfis distintos de comportamento no germoplasma avaliado. As combinações L4B1, L7B2 e L1B2 posicionam-se nas zonas mais centrais dos círculos concêntricos, o que indica que estes materiais são os mais representativos do comportamento médio do ensaio, apresentando um balanço entre características vegetativas, como altura e dias para emergência, e produtivas, sem exibir extremos positivos ou negativos. Em contraste, a combinação L5B1 (Linhagem 5 com inoculante) aparece deslocada à esquerda, fora dos círculos centrais e projetada fortemente na direção dos vetores de peso de grãos, número de vagens e número de nódulos.

Embora a L5B1 esteja distante do centro ideal matemático, que busca o equilíbrio entre todas as variáveis, sua posição é agronomicamente superior para os objetivos específicos deste trabalho. O deslocamento da L5B1 para o extremo esquerdo confirma que ela atua como um *outlier* positivo, maximizando especificamente as características de interesse econômico, como rendimento e nodulação, em detrimento do equilíbrio com características de menor interesse imediato para a seleção, como altura ou dias para emergência. Essa configuração gráfica válida a escolha da L5B1 como o genótipo a ser recomendado, pois enquanto a L4B1 comporta-se como um generalista, a L5B1 revela-se a especialista que converteu a simbiose em máxima produtividade, confirmando os dados das Tabelas de médias onde liderou isoladamente o rendimento sob estresse. Portanto, sob a ótica do melhoramento para produção e rendimento, a L5B1 aproxima-se mais do objetivo da pesquisa.



**Figura 6** - “Discriminação e Representatividade das Características (Discriminativenss vs representatriveness)” da interação linhagem X características avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem sob inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*.

A análise da capacidade discriminativa e da representatividade das variáveis, apresentada na Figura 6, constitui uma etapa crítica para validar a eficiência dos descritores agrônômicos utilizados na seleção de linhagens superiores. Neste biplot, o poder discriminativo de cada característica é proporcional ao comprimento do seu vetor; variáveis com vetores mais longos apresentam maior variância e, portanto, são mais eficazes em diferenciar o desempenho dos genótipos testados. A observação da figura revela que as variáveis Número de Nódulos (NNOD), Massa Seca de Raiz (MSRZ) e Peso de Grãos por Planta (PGP) exibem os vetores de maior comprimento, distanciando-se significativamente da origem. Este comportamento confirma que estes foram os atributos mais responsivos às variações de ambiente e manejo, validando a ênfase

dada a eles na discussão das análises de variância e médias. A alta discriminação do NNOD, em particular, ratifica que a capacidade de nodulação foi o fator mais variável e determinante para a estratificação das linhagens entre responsivas e não responsivas.

Em contrapartida, características como Altura da Planta (ALTP) e Peso de grãos por vagem (PGV) apresentaram vetores de comprimento intermediário a curto, indicando um menor poder discriminativo no contexto deste estudo. Isso sugere que a variação observada para estes caracteres foi menos influenciada pela interação com a inoculação e mais pela constituição genética *per se* ou pelo ambiente geral, tornando-as menos úteis para selecionar especificamente para a eficiência da simbiose. A posição angular dos vetores também fornece informações sobre a representatividade. A estreita associação angular entre os vetores de PGP, NVP e NNOD indica que estas variáveis compartilham uma forte correlação positiva e contam a mesma "história" biológica: o aumento da nodulação conduziu ao aumento do número de vagens e, conseqüentemente, do rendimento final.

Por outro lado, o ângulo obtuso (quase 180 graus) entre os vetores de MSRZ e COMPV em relação a NGV e PGV sugere uma independência ou leve compensação entre o investimento em biomassa radicular/tamanho de vagem e o enchimento de grãos. A projeção dos genótipos sobre esses vetores reafirma as conclusões anteriores: a combinação L5B1 projeta-se no extremo dos vetores de alta discriminação para rendimento (PGP e NVP), confirmando sua superioridade, enquanto a L9B1 domina exclusivamente o vetor de MSRZ, isolada dos componentes de produção. Esses resultados corroboram a metodologia aplicada por Oliveira (2019), que destaca a importância de utilizar variáveis altamente discriminantes em análises biplot para evitar ruídos na seleção e focar nos caracteres que realmente impulsionam o ganho genético sob inoculação.

A integração das análises gráficas via GT Biplot proporcionou uma compreensão holística da complexa interação tripla, transcendendo a avaliação isolada das médias e permitindo a visualização simultânea do desempenho e da estabilidade. O conjunto de visualizações convergiu de forma robusta para a identificação da combinação L5B1 (Linhagem 5 sob inoculação) como a linhagem mais promissora para as condições avaliadas. Enquanto a análise poligonal (*which-won-where*) definiu a superioridade da L5B1 nos setores de maior interesse econômico, especificamente para peso de grãos e nodulação, as visualizações de

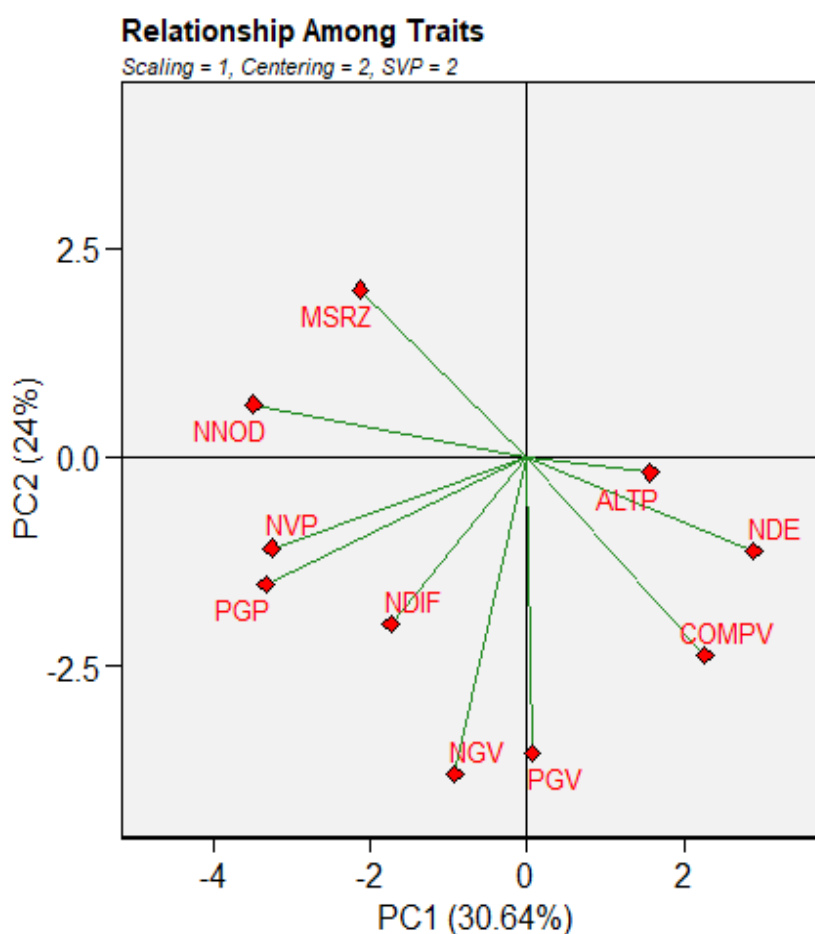
média versus estabilidade e ranqueamento de genótipos validaram sua robustez frente às oscilações ambientais, distinguindo-a de genótipos instáveis, como a L2, ou fisiologicamente ineficientes, como a L9. Ademais, a avaliação da discriminatividade confirmou que a seleção para a eficiência da fixação biológica em feijão-vagem deve priorizar os caracteres de nodulação e rendimento final, que se mostraram os vetores mais longos e responsivos à tecnologia de inoculação. Portanto, a abordagem multivariada ratifica a recomendação da linhagem L5 sob manejo de inoculação como a estratégia mais segura e produtiva, conciliando alto teto produtivo com a estabilidade necessária para mitigar os riscos climáticos evidenciados nos anos de cultivo.

#### **5.4. Correlação entre características**

No melhoramento genético de plantas, a compreensão do grau de associação entre diferentes caracteres é fundamental para a definição de estratégias de seleção eficientes. A correlação entre características permite ao melhorista prever como a seleção praticada sobre um determinado atributo primário pode alterar, simultaneamente, o comportamento de outros caracteres de interesse econômico ou fisiológico. Essas associações podem ser decorrentes de efeitos pleiotrópicos, onde um mesmo gene influencia a expressão de múltiplos fenótipos, ou de ligação gênica. No contexto da fixação biológica de nitrogênio, entender as correlações é ainda mais crítico para determinar se o incremento na nodulação se traduz efetivamente em ganhos de produtividade ou se existe algum custo fisiológico que penalize o desenvolvimento vegetativo da cultura.

A metodologia GT Biplot oferece uma abordagem visual robusta para interpretar essas correlações, superando as limitações das matrizes de correlação linear tradicionais, que muitas vezes são extensas e de difícil visualização global. No gráfico biplot, a relação entre duas variáveis é inferida pelo cosseno do ângulo formado entre os seus respectivos vetores. Ângulos agudos indicam uma associação positiva, sugerindo que o melhoramento de um caráter favorecerá o outro; ângulos obtusos indicam correlação negativa, alertando para possíveis *trade-offs* ou compensações fisiológicas; e ângulos retos (próximos a 90 graus) indicam independência entre as variáveis. Essa ferramenta permite, portanto, identificar

quais componentes de produção e morfologia estão atuando de forma sinérgica na formação do rendimento final do feijão-vagem sob inoculação.



**Figura 7** - “Correlação de características (relationship Among Traits)” da interação linhagem X características avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*.

A análise das relações entre as características avaliadas, apresentada na Figura 7, complementa a interpretação do desempenho dos genótipos ao revelar a estrutura de correlações fenotípicas através do cosseno dos ângulos formados entre os vetores das variáveis. A observação mais relevante para o objetivo deste trabalho é o ângulo agudo, indicando uma forte correlação positiva, entre os vetores de Número de Nódulos (NNOD), Número de Vagens por Planta (NVP) e Peso de Grãos por Planta (PGP). Essa associação vetorial estreita confirma biologicamente que o incremento na nodulação foi o fator determinante para o aumento do número de drenos reprodutivos e, conseqüentemente, para o rendimento final de grãos.

Esse padrão válido a eficiência da fixação biológica de nitrogênio como motor da produtividade neste germoplasma, corroborando os achados de Zeffa et al. (2020), que destacam que a seleção indireta para maior capacidade nodulífera resulta em ganhos genéticos significativos para a produção de grãos em feijão-comum.

Em contraste, a disposição dos vetores relacionados às características vegetativas e de ciclo, como Altura da Planta (ALTP) e Dias para Emergência (NDE), forma ângulos obtusos ou próximos de 180 graus em relação aos vetores de produtividade (PGP e NVP). Isso indica uma correlação negativa ou nula, sugerindo que genótipos com maior porte ou emergência tardia não necessariamente traduzem esse vigor vegetativo em produção de grãos, podendo inclusive haver uma competição por fotoassimilados entre o crescimento da parte aérea e o enchimento das vagens. Essa configuração gráfica reforça a conclusão obtida nas análises de variância de que a inoculação eficiente promoveu uma alocação de recursos direcionada para a reprodução, sem alterar a arquitetura da planta para um tipo agrônômico indesejável de crescimento excessivo.

Adicionalmente, os vetores de características de componentes primários do grão, especificamente o Peso de Grãos por Vagem (PGV) e o Número de Grãos por Vagem (NGV), posicionam-se de forma quase perpendicular (ângulos próximos a 90 graus) em relação ao eixo principal de nodulação (NNOD). Essa ortogonalidade implica uma independência estatística, confirmando que a capacidade de formar grãos mais pesados ou vagens com mais locúlos é um atributo genético intrínseco da linhagem, pouco influenciado pela intensidade da nodulação. Esse resultado alinha-se com a metodologia de análise biplot discutida por Oliveira (2019), permitindo inferir que o melhoramento visando o aumento de produtividade via inoculação atua primordialmente pelo aumento do número de vagens por planta, e não pela alteração das características unitárias do grão. Portanto, a seleção simultânea para NNOD e PGP mostra-se a estratégia mais eficaz, pois capitaliza sobre a forte correlação positiva existente, enquanto características como PGV devem ser monitoradas para manutenção da qualidade comercial, mas não como indicadores diretos de eficiência simbiótica.

## 6. CONCLUSÕES

O estudo da interação entre genótipos de feijão-vagem e a inoculação com bactérias diazotróficas em ambientes contrastantes permitiu constatar que existe ampla variabilidade genética no germoplasma avaliado para todas as características agronômicas e para a capacidade de fixação biológica de nitrogênio, confirmando a possibilidade de seleção de linhagens superiores tanto para componentes de rendimento quanto para eficiência simbiótica. No entanto, a eficiência da inoculação não se mostrou um fator estável, sendo governada por uma significativa interação tripla entre Ambiente, Linhagem e Bactéria. Observou-se que, enquanto o ambiente favorável potencializa os ganhos produtivos da simbiose, condições de estresse abiótico podem anular esses benefícios ou causar penalização produtiva em genótipos sensíveis, fenômeno atribuído ao custo metabólico da manutenção nodular ineficiente sob restrição.

A análise das correlações demonstrou que a seleção indireta via número de nódulos é eficaz para o incremento da produtividade de grãos em condições favoráveis, dada a forte associação positiva entre a nodulação, o número de vagens e o peso de grãos por planta. Por outro lado, características como o peso unitário do grão e a morfologia da planta, incluindo altura e ciclo, mostraram-se independentes da inoculação, sendo regidas predominantemente pelo controle genético e pelas condições ambientais, o que indica que a tecnologia de bioinsumos atua especificamente no aumento do número de drenos reprodutivos.

Com base nos dados, a linhagem L5 foi identificada como a linhagem mais promissora para as condições do Norte Fluminense. Este genótipo demonstrou alta homeostase, combinando elevada capacidade de nodulação e produtividade superior tanto no ambiente favorável quanto no ambiente estressante, superando genótipos de resposta específica, como a L2, que apresentou instabilidade produtiva frente às oscilações climáticas. Portanto, recomenda-se, para programas de melhoramento e sistemas de produção sustentáveis na região, a utilização da linhagem L5 associada à inoculação bacteriana, visando maximizar a produtividade e garantir maior segurança de colheita frente à variabilidade ambiental.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Antunes, C. E. (2024) Eficiência simbiótica de estirpes de *Rhizobium tropici* em variedades de feijão crioulo (*Phaseolus vulgaris* L.). Dissertação (Mestrado em Ciências) – Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC, Programa de Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais, Curitibanos, 74 p.
- Bald, D. R. Q. (2023) Bactérias promotoras de crescimento vegetal isoladas da rizosfera do butiazeiro (*Butia odorata* (Barb.Rodr.) Noblick). Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul – UFRGS, Faculdade de Agronomia, Porto Alegre.
- Bortoli, A. C. (2020) Caracterização morfológica e rendimento de genótipos de feijão para produção de sementes. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia de Sementes) – Universidade Federal de Pelotas – UFPel, Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Pelotas, 48 f.
- Bortoli, A. C., Pedó, T. e Aumonde, T. Z. (2022) Produtividade e crescimento inicial de plantas de feijão em função do potencial fisiológico das sementes. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, 46: e0210082.
- Braga, C. dos S. (2020) Caracterização morfoagronômica, fenológica e viabilidade polínica de genótipos de feijão. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade do Estado de Mato Grosso Carlos

Alberto Reyes Maldonado – UNEMAT, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Alta Floresta, 91 f.

Branco, J. dos S. e Prates Júnior, P. (2022) Fixação biológica de nitrogênio na produção sustentável de forragem. *Revista EDUTECH - Revista de Educação Tecnológica e Científica*, 2447-7680.

Brignoli, L. F. et al. (2023) Effect of different methods of inoculation and co-inoculation of *Bradyrhizobium spp.* and *Azospirillum brasilense* on soybean agronomic performance in fields with a history of inoculation. *Archives of Agronomy and Soil Science*, 69 (14): 2925-2937.

Brito, M. V. et al. (2022) Associação entre resistência de *Phaseolus lunatus* a *Colletotrichum truncatum* e caracteres morfoagronômicos. *Summa Phytopathologica*, 48 (2): 69-77.

Carnietto, M. R. A. (2022). Aumento da tolerância da cana-de-açúcar à deficiência hídrica por meio de bactérias promotoras de crescimento vegetal Universidade Estadual Paulista (Unesp).

Carvalho, L. M. da S. et al. (2025) Caracterização nutricional antes e após cozimento de vagens imaturas de genótipos de feijão-de-metro (*Vigna unguiculata ssp. sesquipedalis*). *Revista Observatorio de la Economía Latinoamericana*, 23 (2): 01-20.

Ceasa (2021). Relatório anual de comercialização: a ceasa-rj em números. Disponível em: [https://www.ceasa.rj.gov.br/sites/default/files/arquivos\\_paginas\\_-](https://www.ceasa.rj.gov.br/sites/default/files/arquivos_paginas_-) acesso em fev. 2024.

Costa, G. A. P. et al. (2024) Melhoramento genético do feijão comum: origem, diversidade e qualidade das sementes. *Caderno Pedagógico*, 21 (10): e8659.

Costa, G. A. P. et al. (2024) Melhoramento genético do feijão comum: origem, diversidade e qualidade das sementes. *Revista Caderno Pedagógico*, 21 (10): 01-17.

Cruz, D. P. da (2021) Adaptabilidade, estabilidade fenotípica e desenvolvimento de linhagens de feijão-caupi sob inoculação de *Bradyrhizobium pachyrhizi*. Tese

(Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes, 94 f.

Dias, B. H. S. (2021) Análise de voláteis bacterianos promotores do crescimento vegetal. Dissertação (Mestrado em Genética e Biologia Molecular) – Universidade Estadual de Campinas – UNICAMP, Instituto de Biologia, Campinas, 151 f.

Duarte, C. F. D. et al. (2020) Inoculação de bactérias promotoras do crescimento vegetal em *Urochloa ruziziensis*. Research, Society and Development, 9 (8): e5978.

Duarte, F. D. et al. (2020) Inoculação de bactérias promotoras do crescimento vegetal em *Urochloa ruziziensis*. Research, Society and Development, 9 (8): e5978.

FAO - Food and Agriculture Organization (2019). Statistical databases – Agriculture. Rome: FAO

Franco, T. C., Oliveira, T. E. e Mantovani, J. R. (2022) Seleção de bactérias promotoras do crescimento vegetal produtoras de enzima: Efeito na decomposição de resíduos orgânicos. Research, Society and Development, 11 (3): e27037.

Ganasini, M. (2024) Desempenho produtivo e tempo de cocção de feijão. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharel em Agronomia) – Universidade Federal de Santa Catarina – UFSC, Campus de Curitibanos.

Gato, m. B. (2023) cultivo de mamona-anã inoculada com bactérias promotoras de crescimento e doses de n após leguminosas e gramíneas em sistema plantio direto. Dissertação (mestrado) – universidade estadual paulista. Faculdade de engenharia de ilha solteira, área de conhecimento: engenharia agrônômica.

Goulart, G. R., Cordeiro, J. e Shimada, B. S. (2022) Influência da densidade de plantas sobre a produção do feijão-vagem em cultivo protegido. Research, Society and Development, 11 (16): e470111637812.

Ibanhes Neto, H. F. et al. (2021) Potencial fisiológico de sementes de feijão-vagem tratadas com *Bacillus subtilis*. Research, Society and Development, 10 (4): e36510414003.

- Ibanhes Neto, H. F. et al. (2023) Snap bean production from seeds treated with *Bacillus subtilis*. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 53: e76324.
- IBGE - instituto brasileiro de geografia e estatística (2016). Censo agropecuário. Sistema Ibge de recuperação automática - sidra: <http://www.sidra.ibge.gov.br>.
- Koskey, G. et al. (2021) Potential of Native Rhizobia in Enhancing Nitrogen Fixation and Yields of Climbing Beans (*Phaseolus vulgaris* L.) in Contrasting Environments of Kenya. *Frontiers in Plant Science*, 12: 663366.
- Maciel, D. M. (2021) Cultivo de feijão-vagem em diferentes espaçamentos na fronteira oeste do Rio Grande do Sul. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal do Pampa – UNIPAMPA, Curso de Graduação em Agronomia, Itaqui, 32 p.
- Moreno, L., Kusdra, F. e Picazevicz, C. (2019) Crescimento do milho em resposta a *Azospirillum brasilense* e nitrogênio. *Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais*, 10 (5): e0025.
- Naves, A. G. de L. et al. (2024) Desafios e oportunidades na incorporação de tecnologias biotecnológicas na agricultura. *Revista DELOS Desarrollo Local Sostenible*, 17 (55): 01-22.
- Nogueira, L. G. (2024) Biotecnologia na agricultura. Trabalho de Conclusão de Curso (Técnico em Biotecnologia) – Etec Prof. Carmelino Corrêa Júnior / Centro Paula Souza, Franca, SP.
- Oliveira, G. M. de e Wander, A. E. (2023) Mapeamento da cadeia produtiva do feijão-comum no Brasil. *Revista Economia Política do Desenvolvimento*, 14 (32): 96-122.
- Oliveira, L. A. A. de et al. (2024) Ensaio de adaptação da cultivar de feijão-de-vagem Alessa sob manejo orgânico no estado do Rio de Janeiro, para o Registro Nacional de Cultivares – Ano 2023. PESAGRO-RIO. Informação Tecnológica On-line, n. 165. Niterói, RJ.
- Oliveira, T. R. A. de. (2019) Análise biplot no desempenho de feijão-vagem e na inoculação de *Gluconacetobacter diazotrophicus* PAL5. Tese (Doutorado em

Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Campos dos Goytacazes, 102 f.

Paula, E. de et al. (2022) Recursos genéticos do feijão (*Phaseolus* spp.). In: Souza, M. N. (Org.) Tópicos em recuperação de áreas degradadas. Volume IV. [S.l.]: Mérida Publishers, p. 217-236.

Pereira, I. M. (2023) Avaliação de linhagens de feijão-vagem em ensaios de VCU e DHE via análise GGE biplot, em Alegre-ES. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes, 67 f.

Pimentel, G. (1950) A Interpolação da Lei de Mitscherlich e a Análise da Variância em Experiências de Adubação. Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" Universidade de S. Paulo — Brasil.

Rigolin, M., Silva, R. e Queiroz, E. E. (2019) Efeito da inoculação de *Bradyrhizobium japonicum* e *Bradyrhizobium elkanii* no crescimento inicial de *Acacia mangium* Willd. Enciclopédia Biosfera, 16 (29). DOI: 10.18677/EnciBio\_2019A59.

Sant'Anna, C. Q. S. S. et al. (2020) Distinctness, uniformity and stability and GT biplot tests for the selection of snap bean lines. *Horticultura Brasileira*, 38: 370-377.

Santos, R. et al. (2023) Avaliação do inoculante BR 29 + BR 10141 + BR 10788 (*Bradyrhizobium elkanii* + *Bacillus subtilis* + *Paraburkholderia nodosa*) na promoção do crescimento na cultura da soja (*Glycine max*). *Brazilian Journal of Development*, 9 (11): 30357-30382.

Silva, H. A. P. et al. (2024) Unraveling the drought-responsive transcriptomes in nodules of two common bean genotypes during biological nitrogen fixation. *Frontiers in Plant Science*, 15: 1345379.

Silva, L. C. L. (2025) Desempenho de genótipos de feijoeiro comum, grupo Jalo, no inverno de 2023, em Uberlândia - MG. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Uberlândia, 23 p.

- Silva, M. L. L. da (2020) Desempenho agrônômico de genótipos de feijão-de-metro (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) em diferentes sistemas de tutoramento e espaçamentos. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFRSA, Mossoró, 66 f.
- Silva, V. B. da, Tavares, A. P. e Melquiades, C. M. (2022) Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de feijão-de-metro (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) em ambientes de cultivo no Ceará. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, 26 (12): 929-935.
- Smith Jr, J. P. (2022) Nikolai Ivanovich Vavilov. *Botanical Studies*, 102. Disponível em:
- Sousa, N. K. R. de et al. (2025) Biotecnologia na agricultura: Uma revisão narrativa. *Research, Society and Development*, 14 (9): e5014949446.
- Sousa, W. S. et al. (2022) Symbiotic Nitrogen Fixation and Yield of Common Bean Cultivars under Water Deficit. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 22: 2468–2480.
- Souza, C. A., Antunes, L. F. de S. e Lopes, H. M. (2022) Principais hortaliças produzidas por sementes no estado do Rio de Janeiro. *Research, Society and Development*, 11 (16): e04111635257.
- Suss, A. D. (2020) Características biométricas, produtivas e fisiológicas da soja submetida a inoculação e co-inoculação com *Bradyrhizobium japonicum* e *Azospirillum brasilense*. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual do Oeste do Paraná – UNIOESTE, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Marechal Cândido Rondon, 78 f.
- Tavares, J. F. (2023) Semeadura de feijão vagem com diferentes discos e velocidades operacionais. Dissertação (Mestrado Profissional em Olericultura) – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – IF Goiano, Campus Morrinhos, 32 p.
- Xavier, P. S. (2024) Bactérias promotoras do crescimento vegetal na germinação e crescimento vegetativo da cultura do milho. Dissertação (Mestrado em Irrigação no Cerrado) – Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – IF Goiano, Campus Ceres.

Zambom, A. F. (2024) Caracterização molecular de acessos tradicionais de feijão-comum coletados no estado do Espírito Santo. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Ciências Biológicas) – Instituto Federal do Espírito Santo – IFES, Campus Alegre.

Zeffa, D. M. et al. (2020) Genetic Variability and Selection of Common Bean Genotypes for High Biological Nitrogen Fixation Capacity. *Agronomy*, 10 (11): 1714.