



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO MARANHÃO
CENTRO DE CIÊNCIAS DE CHAPADINHA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS AMBIENTAIS**

ANA PAULA VIANA AMURIM

Cienciometria dos estudos genéticos em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

CHAPADINHA-MA

2024

ANA PAULA VIANA AMURIM

Cienciometria dos estudos genéticos em feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais do Centro de Ciências de Chapadinha da Universidade Federal do Maranhão, como parte dos requisitos necessários para obtenção do título de Mestre em Ciências Ambientais.

Área de concentração: Meio Ambiente e Recursos Naturais

Linha de pesquisa: Biodiversidade e Desenvolvimento Sustentável

Orientador: Prof. Dr. Wellington Ferreira do Nascimento

**Chapadinha-MA
2024**

Ficha gerada por meio do SIGAA/Biblioteca com dados fornecidos pelo(a) autor(a).
Diretoria Integrada de Bibliotecas/UFMA

Viana Amurim, Ana Paula.

Cienciometria dos Estudos Genéticos Em Feijão-comum
phaseolus Vulgaris L / Ana Paula Viana Amurim. - 2024.
66 f.

Orientador(a): Wellington Ferreira do Nascimento.

Dissertação (Mestrado) - Programa de Pós-graduação em
Ciências Ambientais/ccch, Universidade Federal do
Maranhão, Chapadinha, 2024.

1. Genética da Conservação. 2. Genética Molecular. 3.
Leguminosa. 4. Melhoramento. 5. . I. Ferreira do
Nascimento, Wellington. II. Título.

ANA PAULA VIANA AMURIM

Cienciometria dos estudos genéticos em feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais do Centro de Ciências de Chapadinha da Universidade Federal do Maranhão, como parte dos requisitos necessários para obtenção do título de Mestre em Ciências Ambientais.

Área de concentração: Meio Ambiente e Recursos Naturais

Linha de pesquisa: Biodiversidade e Desenvolvimento Sustentável

Orientador: Prof. Dr. Wellington Ferreira do Nascimento

Aprovado em 24/ 05/ 2024.

Banca examinadora:

Prof. Dr. Wellington Ferreira do Nascimento
(Orientador)

Prof^a. Dr^a Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos
(Examinador interno)

Prof. Dr. Marcos Vinícius Bohrer Monteiro Siqueira
(Examinador externo)

DEDICATÓRIA

Dedicado ao grande arquiteto do Universo!

AGRADECIMENTOS

A Deus pela minha existência, saúde, força e fé para superar todas as dificuldades da vida.
GRATIDÃO!

Ao meu querido orientador, Dr. Wellington Ferreira do Nascimento, pelas oportunidades, pela parceria, pelos ensinamentos e prestatividade em todas as etapas de realização desse trabalho. Obrigada sem sua ajuda não teria conseguido nem a aprovação do mestrado.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do estado do Maranhão- FAPEMA.

À equipe do Laboratório de Genética Molecular de Plantas (GEMOP), Marcos, João Victor, Joellysson e José Ribamar Gomes Aguiar Junior pelo acolhimento, amizade, companheirismo, pelos momentos de trocas de conhecimento durante as reuniões científicas e sobretudo pelo incentivo.

Aos meus pais (Maria dos Anjos e Raimundo Nonato) pelo grande apoio e suporte nesta fase da minha vida, pelas palavras de motivação, por todo amor, cuidado e educação dado a mim. Devo tudo a eles, pois, foram e são o meu alicerce, principalmente no início de tudo. GRATIDÃO!

Ao meu esposo José Ribamar da Conceição pelo apoio e compreensão durante essa trajetória, e por fim, a minha Filha Ana Vitória, motivo de toda minha garra e coragem para enfrentar qualquer obstáculo.

EPÍGRAFE

*Filho meu, se aceitares as minhas palavras e
esconderes contigo os meus mandamentos, para
fazeres atento à sabedoria o teu ouvido e para
inclinares o teu coração ao entendimento, e, se
clamares por inteligência, e por entendimento alçares
a voz, se buscares a sabedoria como a prata e como a
tesouros escondidos a procurares, então, entenderás o
temor do Senhor e acharás o conhecimento de Deus.
Porque o Senhor dá a sabedoria e da sua boca vem a
inteligência e o entendimento.*

(Provérbios de Salomão 2:1-6)

RESUMO

Cienciometria dos estudos genéticos em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.)

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância econômica, sendo considerada uma fonte nutricional rica e de baixo custo. Por este motivo é o principal prato da mesa das populações mais carentes, além de se destacar como fonte de emprego e renda, principalmente em pequenas propriedades rurais, que praticam a agricultura familiar. Apesar disto, tem se percebido uma grande redução na produção e consumo do feijão-comum, principalmente devido a problemas ambientais que afetam o rendimento da produção, causando incertezas em relação ao rendimento da colheita. Além disto, há também a diminuição de consumo por conta do aumento de preços relacionados a alta inflação dos últimos anos, que eleva os preços dos principais itens que compõem a cesta básica dos brasileiros, como é o caso do feijão. Estudos de melhoramento genético tem contribuído para o desenvolvimento de cultivares que viabilizam o aumento da produtividade, resistência às pragas e fatores climáticos, visando a minimização de perdas e a produção sustentável do grão, diminuindo os fatores negativos como os impactos causados pela adubação artificial e o manejo incorreto do solo. A cienciometria busca analisar, através de dados quantitativos, a produção científica de um determinado tema de estudo para mapear a evolução ou o declínio de campos da ciência, além de identificar áreas emergentes que necessitem de maiores suportes financeiros ou de recursos humanos para melhor progredirem. O que contribui para o direcionamento de estudos para áreas de real relevância. Com base nisto, este projeto objetivou avaliar a produção científica referente a estudos genéticos em feijão-comum por meio de metodologia de análise cienciométrica com vistas a definir as principais áreas e subáreas de conhecimento abordadas pelos artigos publicados; relacionar as técnicas utilizadas para analisar os aspectos genéticos e propor estratégias de direcionamento para estudos futuros sobre a espécie.

Palavras-chave: Genética da Conservação, Genética molecular, Leguminosa; Melhoramento.

ABSTRACT

Scientometrics of genetic studies on common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a legume of great economic importance, being considered a rich and low-cost nutritional source. For this reason, it is the main dish on the table of the poorest populations, in addition to standing out as a source of employment and income, especially on small rural properties that practice family farming. Despite this, a large reduction in the production and consumption of common beans has been noticed, mainly due to environmental problems that affect production yield, causing uncertainty in relation to harvest yield. In addition, there is also a decrease in consumption due to the increase in prices related to high inflation in recent years, which increases the prices of the main items that make up Brazilians' basic food basket, such as beans. Genetic improvement studies have contributed to the development of cultivars that enable increased productivity, resistance to pests and climatic factors, aiming to minimize losses and sustainable grain production, reducing negative factors such as the impacts caused by artificial fertilization and incorrect soil management. Scientometrics seeks to analyze, through quantitative data, the scientific production of a given topic of study to map the evolution or decline of fields of science, in addition to identifying emerging areas that require greater financial support or human resources to better progress. This contributes to directing studies towards areas of real relevance. Based on this, this project aimed to evaluate the scientific production regarding genetic studies in common beans through a scientometric analysis methodology with a view to defining the main areas and subareas of knowledge covered by the published articles; relate the techniques used to analyze genetic aspects and propose guidance strategies for future studies on the species.

Keywords: Conservation genetics, Molecular genetics, Legumes; Breeding.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

CAPÍTULO I

Figura 1. Aspectos botânicos da espécie *Phaseolus vulgaris*. Fontes: (A) Raiz tipo pivotante JG Davis, Bugwood. org. Disponível em: <https://www.forestryimages.org/browse/detail.cfm?imgnum=5358747>; (B) Folhas peciolada trifolioladas, (C) Flor com uma bráctea e duas bractéolas, (D) inflorescência em ráculos, (E) Fruto tipo vagem, (F) sementes; <http://ernest.orgfree.com/plantes/Papilionaceae/Phaseolus%20vulgaris.htm>.....18

Figura 2. Centros de origem e domesticação das variedades de *Phaseolus vulgaris*.
Fonte: produzido pelo autor.....20

Figura 3. Ranking dos 10 principais países produtores de feijão seco do mundo com base na safra de 2021. (FAOSTAT, 2023).....23

CAPÍTULO II

Figura 1. Variação temporal no número de publicações na área de genética envolvendo o feijão-comum entre os anos de 2012 a 2020.....51

Figura 2. Autores mais citados durante os anos de 2012 a 2020 para estudos genéticos de feijão-comum.....52

Figura 3. Principais países que contribuíram para o desenvolvimento de pesquisas genéticas do feijão comum entre os anos de 2012 a 2020: Brasil (142), Estados Unidos da América (70), Espanha (30), Índia (21), Turquia (21); Itália (20); Canadá (18); China (16); Colômbia (13); México (12); Etiópia (5); Servia (4); Austrália (3); Cuba (3); França (3); Grécia (3); Nicarágua (3); Paquistão (3); Porto Rico (3); Suécia (3); Uganda (3); Zâmbia (3); Argentina (3); África do Sul (2); Argentina (2) Bélgica (2); Eslovênia (2).....53

Figura 4. Autores de maior relevância para a produção científica de estudos genéticos do feijão comum entre os anos de 2012 a 2020.....54

Figura 5. Rede de interação e coautoria entre os autores dos artigos sobre genética do feijão-comum, publicados entre os anos de 2012 a 2020.....57

Figura 6. Instituições de pesquisa que mais participaram das produções sobre genética do feijão comum entre os anos de 2012 a 2020.....55

Figura 7. Periódicos que apresentaram maior número de publicações sobre genética do feijão-comum entre os anos de 2012 a 2020.....56

Figura 8. Periódicos que publicaram estudos sobre genética de feijão-comum entre os anos de 2012 a 2020, e exercem maior impacto na comunidade científica local.....58

Figura 9. Índice de diversidade de Shannon dos periódicos em que os trabalhos foram publicados, no período de 2012 a 2020.....58

Figura 10. Rede de acoplamento que representa a relação entre os termos mais relevantes em publicações sobre genética do feijão-comum, no período de 2012 a 2020.....59

Figura 11. Distribuição das publicações analisadas entre os anos de 2012 a 2020, nas diferentes Subáreas da genética.....60

Figura 12. Ferramentas utilizadas para estudo do feijão-comum nos artigos analisados e publicados de 2012 a 2020. Caracteres agro morfológica; Sequenciamento; SSR (Simple sequence repetida); Isoenzimas; SCAR (Região Amplificada Caracterizada por Sequência); RAPD (DNA polimórfico amplificado aleatoriamente); CpDNA (DNA de cloroplasto); AFLP (Polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado); Indel (Inserção/Deleção); CAPS (Sequências polimórficas amplificadas clivadas); STS (Sítios Marcados por Sequências); ISSR (Repetições inter sequência simples); Outros : POGP (Polimorfismo do gene da peroxidase); CAPS (sequência polimórfica amplificada clivada).....61

Figura 13. Gráfico de ocorrência das ferramentas durante os anos.....62

Figura 14. Métodos estatísticos utilizados como ferramenta de análise nos trabalhos publicados entre os anos de 2012 a 2020. Outros métodos estatísticos; Análise de Variância (ANOVA); Análise de componentes Principais(ACP); Correlação de Pearson; Método de agrupamento por Verossimilhança; Método de Agrupamento por Matriz UPGMA; Conteúdo de informação Polimórfica (PIC); Análise de Variância Molecular (AMOVA); Índice de Similaridade de Jaccard; Outros métodos de agrupamento; Test QI-quadrado; Outros índices de similaridade ; Diversidade de Shannon-Wiener; Correlação de Spearman; Diversidade genética de Nei; Índice de Similaridade de Nei and Li; Método de agrupamento de Neighbor Joining; Outros índices de diversidade; Matriz Chord.....63

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

Tabela 1. Descrição das oito subáreas utilizadas para classificação das produções científicas publicadas sobre o feijão-comum entre os anos de 2012 a 2020.....	49
--	----

LISTA DE SIGLAS

ACP- Análise de Componentes Principais

AFLP - *Amplified Fragment Length Polymorphism*

CAPS - *Cleaved Amplified Polymorphic Sequences*

CIAT- Centro Internacional de Agricultura Tropical

CONAB- Companhia Nacional de Abastecimento

CpDNA - Chloroplast DNA

DArT- *Diversity Arrays Technology Markers* DNA- *Deoxyribonucleic acid*

FAOSTAT- Food and Agriculture Organization Statistics Division

Indel - Inserção/Deleção

ISSR- *Inter Simple Sequence Repeats*

JCR- *Journal Citation Reports*

PIC- *Polymorphic information content*

PIFeijão Comum- Projeto de Produção Integrada de feijão-comum

POGP- *Peroxidase gene polymorphism*

QTL- *Quantitative Trait Loci*

RAPD - *Random Amplified Polymorphic DNA*

RFLP- *Restriction Fragment Length Polymorphism*

RGC - *Relative genetic contribution*

SAM - *Marker Assisted Selection*

SCAR - *Amplified region characterized by sequence*

SNPs - *Single-Nucleotide Polymorphism*

SSR - *Simple Sequence Repeats*

STS - *Sites Marked by Sequences*

SUMÁRIO

1. CAPÍTULO I	15
1.1 Introdução Geral	15
2. FUNDAMENTAÇÃO TEORICA	17
2.1 Taxonomia e aspectos botânicos do feijão-comum.	17
2.2 Origem, evolução e domesticação.	19
2.3 Importância nutricional	21
2.4 Produção e impacto socioeconômico	22
2.5 Base genética e melhoramento do feijão-comum	25
2.6 Uso de marcadores morfológicos, bioquímicos e moleculares em estudos de genética do feijão-comum	28
2.7 Estudos Cienciométricos	32
3. OBJETIVOS	34
3.1 Geral	34
3.2 Específicos	35
4. REFERÊNCIAS DO CAPÍTULO I	35
5. CAPÍTULO II	45
Resumo	46
Abstract	46
5.1 Introdução	47
6. METODOLOGIA	48
6.1 Levantamento de dados e variáveis	48
6.2 Organização da comunidade científica	49
6.3 Áreas de pesquisa e descrição dos principais tópicos dos artigos	49
6.4 Marcadores moleculares utilizados nos trabalhos analisados	50
7. RESULTADOS E DISCUSSÃO	50
8. CONCLUSÃO	63
9. CONSIDERAÇÕES FINAIS E PERSPECTIVAS FUTURAS	63
10. REFERÊNCIAS DO CAPÍTULO II	64

1. CAPÍTULO I

1.1 INTRODUÇÃO GERAL

Feijão é o nome comum dado para várias espécies de plantas do grupo Eudicotyledonea, ordem Fabales e família Fabaceae, que apresenta o fruto tipo legume, conhecido como vagem (Carbonell; Chiorato; Bezerra, 2021). Considerando o conjunto de todas as espécies de feijão, o Brasil é o segundo maior produtor mundial com uma média de 2,9 milhões de toneladas por ano ficando atrás da Índia, com 6,12 milhões de toneladas (Faostat, 2023). Em relação ao feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), o Brasil é o maior produtor global (Guimarães; Souza, 2019), com aproximadamente 3,0 milhões de toneladas, concentrando sua produção nos estados do Paraná, Minas Gerais e Bahia (Coelho, 2021; Conab, 2022).

O feijão-comum é um produto de grande importância econômica e social para agricultores de pequeno e médio porte. A possibilidade de produção de feijão-comum em todos os estados brasileiros e em várias épocas do ano, despertou o interesse de grandes produtores (Dall'Agnol, 2022), entretanto, essa é uma cultura que está sujeita a diversas doenças e pragas, sendo afetada também por fatores abióticos como o clima e o solo.

Um exemplo dos problemas enfrentados pelos produtores para esse tipo de cultura é o escurecimento do grão, que geralmente está associado a fatores genéticos (Siqueira, 2013). Este problema pode também ser ocasionado por fatores ambientais tais como o tipo de armazenagem, a umidade relativa e as temperaturas a que o grão é submetido (Brackmann; Neuwald; Ribeiro; Freitas, 2002; Junk-Knievel; Vandenberg; Bett, 2007).

Estudos relatam a existência de cultivares com características genéticas que contribuem para a conservação e permanência da coloração dos grãos, por períodos mais longos após a colheita. Dessa forma, a preservação destes genótipos é um dos objetivos dos estudos de melhoramento genético visando a seleção de cultivares com boa aceitação pelo mercado (Silva *et al.*, 2008). Para tanto, estudos de conservação *ex situ* e caracterização de germoplasma são necessários para os programas de melhoramento.

Tais estudos têm utilizado diversas técnicas, desde marcadores morfológicos (Cargnelutti Filho *et al.*, 2008; Barelli *et al.*, 2009; Ildefonso *et al.*, 2010), bioquímicos (Santos; Lima; Morgado, 2010) e isoenzimas (Santalla; Rodiño; De Ron, 2002; Sbalcheiro; Denardin; Brammer, 2009) até marcadores moleculares (Asfaw; Blair; Almekinders, 2009; Angioi *et al.*, 2010; Chen *et al.*, 2010; Mensack *et al.*, 2010; Perseguini *et al.*, 2011).

Os marcadores moleculares traduzem as diferenças que ocorrem na sequência de DNA ao longo do genoma de uma determinada espécie e têm sido extensivamente utilizados na caracterização de genótipos de plantas desde 1980, quando Botstein *et al.* (1998) descreveram a técnica de RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*). Nesta técnica se utilizava o método de Southern (1975) para visualizar os fragmentos de DNA e identificar polimorfismos que ocorrem devido as variações na distribuição dos sítios de restrição de uma determinada enzima no DNA de cada genótipo (Nass, 2001).

A partir de então a técnica RFLP, foi aplicada em muitos trabalhos visando à construção de mapas de ligação e a localização de genes de resistência em diferentes espécies (Gusella *et al.*, 1983; Lister; Dean, 1993). Simultaneamente aos estudos de Southern, outro método que revolucionaria os estudos genéticos. A proposição do método de sequenciamento de Sanger abriu portas para o desenvolvimento e evolução de técnicas cada vez mais modernas de sequenciamento de DNA possibilitando assim a decodificação de fragmentos de DNA de diversas espécies, e até o mapeamento de genomas completos (Schmutz *et al.*, 2014). Atualmente, técnicas de sequenciamento como a *illumina*, *Nanopore* e os métodos de segunda, terceira e quarta geração, tem contribuído para acelerar a obtenção de resultados e minimizar custos relacionados a mapeamento genético, o que tem tornado possível a aplicação dos métodos para elaboração de estudos cada vez mais completos da genética dos seres vivos (Silva; Lima; Souza, 2022).

Com essa evolução de técnicas na área da genética e os avanços tecnológicos da bioinformática, uma grande quantidade de trabalhos é publicada a cada ano com base nestas ferramentas. A análise destas produções pode ser realizada e servir de base para a produção de novos conhecimentos, e para a gestão e utilização das informações como ferramenta para a elaboração de estratégias e planos de ação, para o direcionamento de novas pesquisas sobre temas que possivelmente estejam carentes de informações, entre outros. Para tanto, o uso da metodologia cienciométrica pode ser de grande valia.

De acordo com Ensslin *et al.* (2015), a ciencimetria originou-se provavelmente a partir do século XX, por meio do cruzamento da documentação científica da Sociologia da Ciência e da História Social da Ciência, com a finalidade de investigar a atividade científica como fenômeno humano, social e mediante parâmetros e indicadores baseados em modelos matemáticos. Esta ciência caracteriza-se como um novo ramo da pesquisa definida como o estudo da mensuração e quantificação do progresso científico, que se baseia em indicadores bibliométricos (Parra, Coutinho; Pessano, 2019).

Essa quantificação, análise e avaliação da ciência por meio de seus resultados, ou dos pesquisadores e instituições, voltadas ao “Estado da Arte” de um determinado tema, tem mostrado um papel relevante na análise da produção científica de um país, região, estado, etc., revelando o grau de conhecimento de determinada área e contribuindo para o direcionamento de novas investigações (Silva, 2004; Hayashi, 2013). Assim, a análise cienciométrica é fundamental, visto que através dessa técnica é possível avaliar a produção científica por meio de indicadores numéricos (Spinak, 1998) e identificar as principais tendências e deficiências acerca da problemática.

De acordo com Silva *et al.* (2001) a análise das razões entre indicadores bibliométricos e as suas diferentes combinações, representa uma importante ferramenta para a implantação de programas de política científica. Os dados cienciométricos obtidos por meio destas análises são úteis para estudos de avaliação destes programas, mensurando o "poder" e o "prestígio" científico de um país, região, e até mesmo de universidades ou centros de pesquisas. Ainda segundo os autores, a partir da análise cuidadosa destes indicadores, pode-se acompanhar a evolução ou o declínio de campos da ciência e identificar áreas emergentes que necessitam de maiores suportes financeiros ou de recursos humanos para melhor progredirem.

Desta forma, a análise quantitativa da produção científica sobre estudos genéticos de feijão-comum nos permitirá visualizar o mapa da produção científica existente sobre o tema, permitindo identificar quais as técnicas e metodologias aplicadas na caracterização do germoplasma desta leguminosa, revelando assim possíveis déficits de conhecimento na área. Isto tornará possível o direcionamento de estudos para temas relevantes de interesse da linha de pesquisa, que apresentem maior necessidade de elaboração de estudos, além de apontar quais os países que estão contribuindo atualmente com a produção de conhecimento e, evidenciar a evolução dos estudos em escala temporal.

2. FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 Taxonomia e aspectos botânicos do feijão-comum

Pertencente à Ordem Fabales, família Fabaceae, gênero *Phaseolus*, e conhecido popularmente como o feijão-comum (Moreira, 2014), a espécie *Phaseolus vulgaris* L. é uma planta herbácea com as seguintes características: sistema radicular pivotante (Figura 1A), atingindo aproximadamente 20 cm de comprimento, caule do tipo herbáceo e folhas pecioladas, trifolioladas, alternas (Figura B), com exceção das primeiras que são simples

e opostas. Nas folhas trifolioladas o folíolo central ou terminal é simétrico e acuminado e os folíolos laterais são assimétricos e acuminados (Leon, 1968).

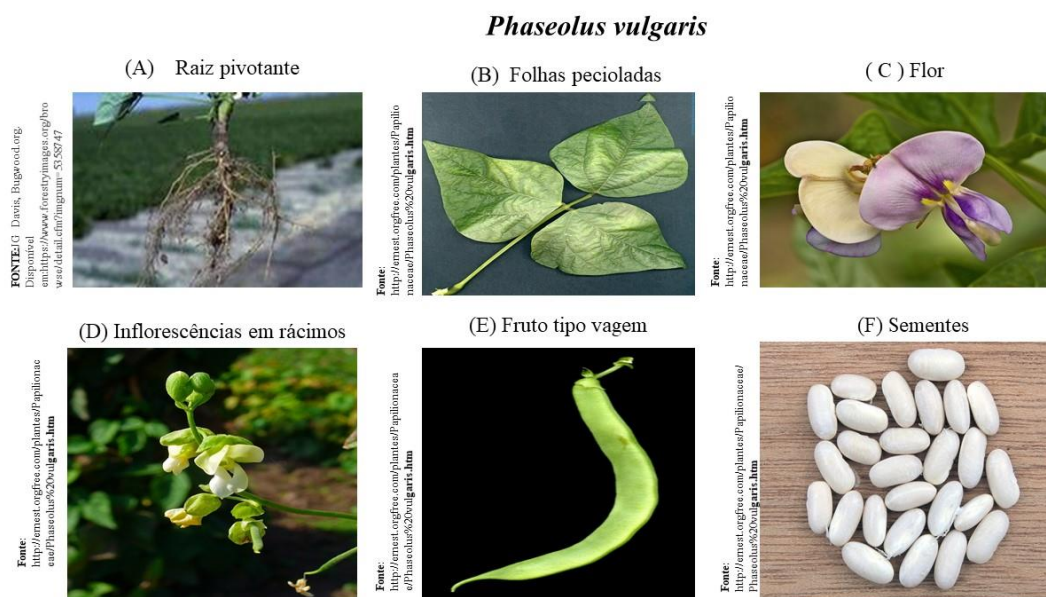


Figura 1. Aspectos botânicos da espécie *Phaseolus vulgaris*. Fontes: (A) Raiz tipo pivotante JG Davis, Bugwood. org. Disponível em: <https://www.forestryimages.org/browse/detail.cfm?imgnum=5358747>; (B) Folhas peciolada trifolioladas, (C) Flor com uma bráctea e duas bractéolas, (D) inflorescência em ráculos, (E) Fruto tipo vagem, (F) sementes; <http://ernest.orgfree.com/plantes/Papilionaceae/Phaseolus%20vulgaris.htm>.

Apresenta flores com uma bráctea e duas bractéolas, corola papilionada com uma quilha originada da fusão de duas pétalas inferiores (Figura 1C), dispostas em inflorescências em racimos axilares (Figura 1 D) (Moreira, 2014). O androceu apresenta anteras com deiscência longitudinal ou rimosa. O gineceu possui ovário súpero, unilocular, pluriovulados, um estilete terminal e um estigma. Seu ciclo vegetativo varia entre 65 a 120 dias de acordo com o genótipo e as condições da época de cultivo (Alves, 2016).

Devido à estrutura de sua flor, tem como modo preferencial de reprodução a autogamia, favorecida pelo mecanismo de cleistogâmica, onde as flores permanecem fechadas mesmo após o amadurecimento dos órgãos reprodutores. Em consequência disso, a deiscência de pólen e a autopolinização ocorrem quando o botão floral está prestes a se abrir (Borém, 2009). Apesar de sua estrutura floral favorecer a autofecundação, uma taxa de fecundação cruzada natural pode ocorrer, sendo variável com o ambiente e com o genótipo (Steinhauser, 2016).

A espécie *Phaseolus vulgaris* é uma espécie diplóide que apresenta seu número básico de 22 cromossomos ($n=x=11$). Seu genoma totaliza 521,1 Megabases e 27.197 locus contendo 31.638 transcritos codificadores de proteínas (Schmutz *et al.*, 2014).

2.2 Origem, evolução e domesticação

Diversos autores defendem que o feijão-comum teve sua origem nas américas (Marquezi, 2013; Moreira, 2014), porém, o local exato onde isto ocorreu ainda é motivo de controvérsias (Carbonell; Chiorato; Bezerra, 2021). Por apresentar ampla área de ocorrência de populações selvagens da espécie, que são encontradas atualmente desde o Norte do México, entre altitudes de 500 a 2000 m, são apontados dois centros primários de origem (Figura 2): um centro na América Central e o outro ao Sul dos Andes (Sul do Peru, Bolívia e Norte da Argentina) (Embrapa, 2006). Este é um dos fatores que permitiram o surgimento de diversas raças locais e uma das causas da dificuldade de localização exata dos locais de domesticação da cultura (Freitas, 2006).

Com base na distribuição geográfica e em características fenotípicas e moleculares (Freitas, 2006), as variedades de feijão-comum são distribuídas e agrupadas em dois grandes grupos gênicos, Andino e Mesoamericano. A principal característica que distingue os dois grupos se refere ao tamanho dos grãos, e ao tipo de proteína faseolina presente em cada genótipo. O grupo andino é caracterizado por possuir grãos maiores em relação ao mesoamericano e por apresentar faseolina do tipo T. Já o grupo gênico mesoamericano é caracterizado por apresentar grãos menores e pela produção de faseolina tipo S.

Recentemente foi ainda sugerido um terceiro centro de origem de menor expressão na Colômbia. Os genótipos deste centro possuem além das faseolinas tipo S e T, as proteínas tipo B, C e H (Carbonell; Chiorato; Bezerra, 2021).



Figura 2. Centros de origem e domesticação das variedades de *Phaseolus vulgaris*.

A transição dos cultivares selvagens para plantas domesticadas teria ocorrido há aproximadamente 10.000 anos (Freitas, 2006; Castro-Guerreiro *et al.*, 2016; Daniel, 2018).

Após sua domesticação o feijoeiro, assim como outras espécies domesticadas e cultivadas na América, teria sido disseminado pela Europa por meio do intercâmbio colombiano em 1492, através da viagem transatlântica de Cristóvão Colombo. Essa introdução de plantas provenientes de dois centros gênicos, permitiu a hibridização e recombinação generalizada de conjuntos genéticos (Bellucci *et al.*, 2023), adicionando uma maior variabilidade genética à espécie.

Como consequências do processo de domesticação foi observado o surgimento das “síndromes de domesticação”, que é considerada como o conjunto de caracteres que distinguem as plantas cultivadas dos seus ancestrais silvestres (Fuller, 2007). A partir da utilização desse procedimento surgiram inúmeras variedades de diferentes espécies de plantas ou mesmo o surgimento de novas espécies, e como resultado de tal ocorrência houve em alguns casos, aumento da variabilidade genética, enquanto em outros, se obteve a diminuição (Henrique *et al.*, 2020).

Em relação à espécie, devido à sua diversidade de genes de resistência e tolerância à estresses abióticos como o calor, a seca e a salinidade, a espécie obteve êxito em adaptar-

se em diferentes regiões do planeta, sendo cultivada hoje em dia, em diversos países da Ásia, África e Europa (Cortinovis *et al.*, 2020). As variedades atuais de feijoeiro são resultado de eventos múltiplos de domesticação induzida principalmente pela ação antrópica por meio da seleção de genótipos com características mais vantajosas.

Apesar das cultivares selvagens serem encontradas em países vizinhos, não são naturalmente encontradas no Brasil. Acredita-se que o feijão-comum foi introduzido no Brasil pelos povos indígenas (Freitas, 2006) e fortemente consumido pelos povos africanos durante a colonização, sendo a principal fonte de alimento dos escravos (Moreira, 2014), que o introduziram em receitas típicas, como por exemplo a feijoada, muito consumida no Brasil (Braga, 2020).

Cada região possui uma ou mais variedades preferidas, ou que seja mais adaptada ao ambiente. No Brasil, o grupo comercial jalo exemplifica a presença de feijões do grupo gênico Andino (Backes; Hemp, 2014). Contudo, pelo volume de produção, o país centra sua preferência nos feijões do grupo gênico Mesoamericano, cujos grãos são menores comparativamente ao grupo Andino (Backes; Hemp, 2014).

De acordo com Ponce (2017), por sua grande variabilidade, é subdividido em três grupos de importância econômica: Carioca, Preto e Cores. A variedade tipo carioca é a mais cultivada no Brasil, representando 70% do consumo nacional e 53% da área cultivada. O feijão preto é o mais consumido nos estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina, no sul e leste do Paraná, Rio de Janeiro, sudeste de Minas Gerais e no sul do Espírito Santo (Del Peloso; Melo, 2005). Já o feijão-comum tipo cores de maneira geral, está presente em diversas regiões, apresentando produtores com perfis distintos, inclusive na adoção de manejos, tendo maior ou menor tecnificação de acordo com a característica de cada localidade e do perfil do produtor. Minas Gerais, Bahia, Goiás, Paraná e São Paulo são os principais estados brasileiros que cultivam esse grupo (Conab, 2023).

2.3 Importância nutricional

Segundo Guimarães e Souza (2019), o feijão é o principal prato da mesa dos brasileiros consistindo em fonte de proteínas e vitaminas (A, K, C, B6 e B9) (Costa, 2017), além de fibras e minerais, como potássio, magnésio, zinco, cálcio, fósforo e ferro (Coelho; Ximenes, 2020). Isto lhe atribui um potencial para suprimir a anemia causada por deficiência de ferro e outras doenças relacionadas com a deficiência dos demais micronutrientes (Pinto, 2016). Por estes motivos é um alimento muito importante em

dietas vegetarianas, o que impulsiona a produção de feijão-comum (Coelho; Ximenes, 2020).

O feijão desempenha também um importante papel em estratégias governamentais de combate à fome, principalmente em países em desenvolvimento. Seus grãos apresentam grande importância na luta contra problemas de desnutrição devido aos seus elevados teores de fibra dietética, amido lentamente digerível, amido resistente, e proteína com baixo custo, quando comparada com as obtidas de fonte animal (Daniel, 2018).

Apesar de tantas vantagens, o feijão pode apresentar algumas características indesejáveis, como a presença de fatores antinutricionais, a presença de inibidores de protease; além de polifenóis (taninos) e inibidores da α -amilase que reduzem a atividade de algumas enzimas, a ação biológica de diversos compostos químicos e a absorção de metabólitos (Pinto, 2016).

2.4 Produção e impacto socioeconômico

Segundo a Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura-Faostat (2021), levando-se em consideração todas as espécies cultivadas de feijão, os dez principais produtores mundiais de feijão ano-base 2021 são a Índia, Brasil, Mianmar, Tanzânia, China, México, Estados Unidos, Uganda, Argentina e Quênia (Figura 3). Os maiores importadores são a Índia, China, Bangladesh, Estados Unidos e Egito (Coelho, 2021). De acordo com Salvador (2018), os principais exportadores são Myanmar (25%), China (17%), Estados Unidos (12%), Canadá e Argentina com (8%) cada e Etiópia (5%). As seis nações respondem por 75% do total exportado incluído todas as espécies

cultivadas.

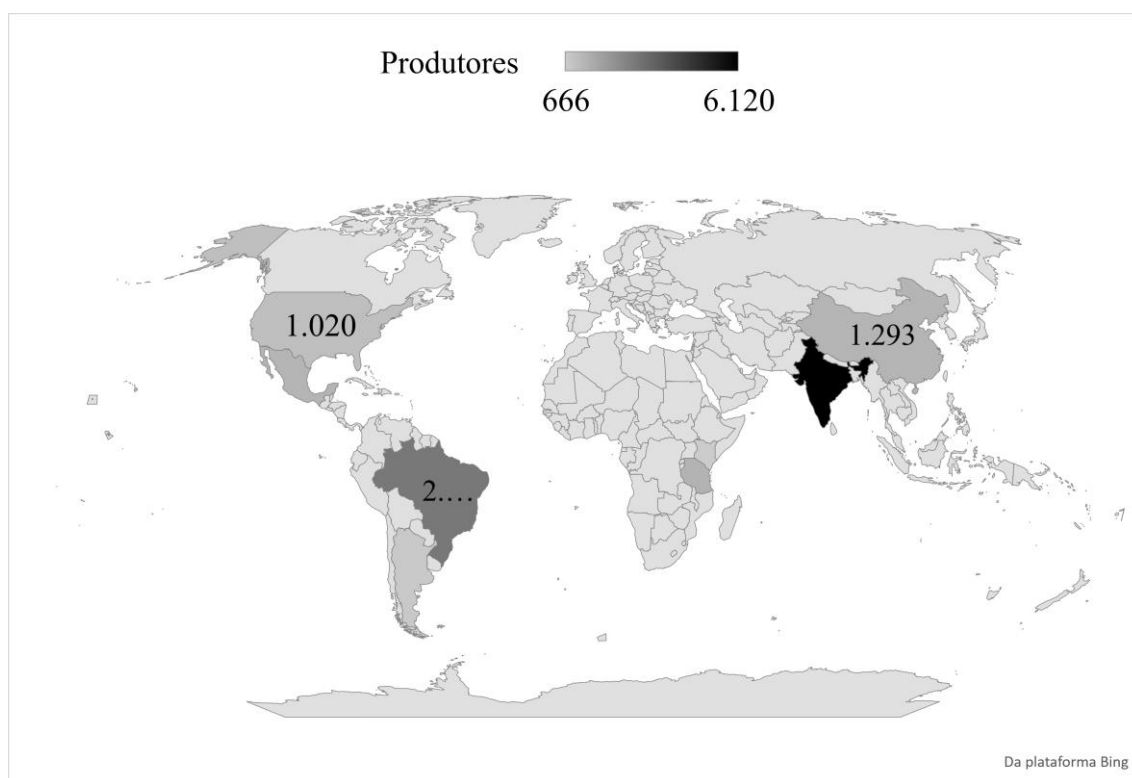


Figura 3. Ranking dos 10 principais países produtores de feijão seco do mundo com base na safra de 2021. (FAOSTAT, 2023).

O Brasil é o segundo maior produtor, porém, essa produção é concentrada principalmente no tipo carioca, que possui grande aceitação no mercado interno, porém, com pouca demanda para o mercado externo (Coêlho, 2021). Devido a isto, o Ibrafe (Instituto Brasileiro de Feijão e Pulses), tem estimulado os produtores a plantar feijão rajado, de ciclo mais curto, ou o vermelho, que são bem aceitos no exterior, recomendando a diversificação de variedades. Empresas exportadoras e tradings também têm incentivado agricultores brasileiros a semear espécies mais apreciadas na Ásia, como o azuki (*Vigna angularis* (Willd.) Ohwi & H. Ohashi.), mungo (*Vigna radiata* L.) e o feijão caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.), a fim de aumentar a participação do país no comércio externo, que movimenta cerca de US\$ 2 bilhões por ano (Coêlho, 2021).

A Embrapa Arroz e Feijão em parceria com universidades, empresas públicas e privadas de assistência técnica e extensão rural e cooperativas de pequenos produtores, através do Projeto de Produção Integrada de feijão-comum (PIFeijão Comum), já vem contribuindo para a implantação de um modelo de produção que visa elevar a qualidade do produto, para o consumidor interno; bem como obtê-lo com potencial para alcançar

mercados internacionais, viabilizando a obtenção do selo de certificação. Para isto tem trabalhado para a elaboração de Normas Técnicas Específicas para a Produção Integrada do Feijoeiro Comum, bem como a sua validação a campo (Embrapa, 2010).

Segundo Ávila *et al.* (2019), o feijão é produzido no Brasil em três safras distintas, sendo uma no período chuvoso durante os meses de outubro a dezembro, conhecida como safra das águas; a segunda, com semeadura de janeiro a março, é conhecida como safra das secas; e a terceira, com semeadura de abril a junho, conhecida como safra de inverno. Dependendo da época de plantio os custos para se manter o cultivo podem ser bem elevados, principalmente devido aos fatores climáticos que afetam o desenvolvimento da planta. Para Backes e Hemp (2014), o feijão é uma cultura sensível e ao mesmo tempo responsiva ao ambiente e ao manejo. Portanto, o agricultor que souber manejá-la corretamente vai obter bons rendimentos com a atividade.

Um atributo muito importante é a capacidade de fixação de nitrogênio que os membros da família Fabaceae possuem, através da associação com bactérias do gênero *Rhizobium*. Desta forma, fixam o nitrogênio atmosférico, que é utilizado pela planta em troca de carboidratos, produzindo grande benefício econômico e ambiental. Parte do nitrogênio fixado pelas leguminosas permanece no solo, diminuindo assim a necessidade de fertilizantes e auxiliando na mitigação das mudanças climáticas, reduzindo indiretamente os gases de efeito estufa e a dependência pelo fertilizante sintético de nitrogênio (Castro-Guerrero *et al.*, 2016; Calles *et al.*, 2019; Braga, 2020).

Além da importância econômica e ambiental, se destaca como fonte de emprego e renda, principalmente em pequenas propriedades rurais, que praticam a agricultura familiar que é responsável por aproximadamente 70% da produção nacional (Alves, 2016).

De acordo com o relatório mensal da Conab de outubro de 2022, apesar de ser uma cultura muito importante no Brasil, o feijão vem perdendo espaço para as culturas de soja e milho, principalmente pelo fato de ser uma cultura bastante sensível aos fatores climáticos e à ocorrência de doenças que podem ser causadas por fungos, bactérias, vírus e nematoides (Steinhauser, 2016). Estes problemas somados aos baixos preços recebidos pelos produtores, custos elevados de produção e insegurança na comercialização, são fatores que contribuíram para uma redução de 4% na área plantada durante a safra 2021/2022 (Conab, 2022).

A série histórica de produção do feijão no país, produzida pela Companhia Nacional de Abastecimento (Conab), revela que no país inteiro ocorreu uma grande

redução de área cultivada, que caiu de 6.155,3 mil hectares entre os anos de 1981 e 1982 para 2.693,6 mil hectares entre 2022/2023 (Conab, 2023). Essa redução afeta diretamente a produção do país, ocasionando perdas na produção do grão. Essa diminuição na produção se dá pelo fato de que, o alimento está mais presente geralmente na feira das famílias de rendas mais baixas. O cenário de alta inflação e de desemprego tornou o feijão inacessível para essa população, que é obrigada a substituí-lo pela lentilha, por exemplo, ou até retirá-lo do cardápio. Outro fator que pode ter contribuído para o encolhimento da área plantada foi a quebra da safra por decorrências climáticas (Ibraf, 2022).

6.5 Base genética e melhoramento do feijão-comum

Os primeiros estudos sobre genética de feijão-comum no Brasil surgiram provavelmente em meados de 1970 (Coelho; Oliveira; Bernardes, 2017), tendo evoluído consideravelmente nas últimas décadas. Estes estudos contribuíram para o desenvolvimento de técnicas que viabilizam o aumento da produção agrícola, sendo estimado que 50% do aumento da produtividade do grão seja atribuído ao melhoramento genético de cultivares (Martins, 2015).

Estudos de base genética caracterizam-se por apresentar como alvo a investigação de parentesco entre cultivares, e o nível de contribuição que cada ancestral teve para a formação da estrutura genética das cultivares descendentes (contribuição genética relativa - RGC), por meio da utilização de genes herdáveis, através do coeficiente de parentesco (Wysmierski, 2010).

A base genética de uma cultura pode ser ampla, quando um número grande de ancestrais é responsável pela construção da estrutura genética dos descendentes, ou estreita, quando um número pequeno de ancestrais está envolvido na formação da base genética das culturas atuais (Hiromoto; Vello, 1986). A estruturação dessa base genética das culturas está intimamente ligada aos processos de domesticação e especiação.

No caso do feijão-comum, sabe-se que sua base genética é estreita. Um dos fatores que contribuíram para a formação desta característica é o tipo de reprodução predominantemente autógama, com uma pequena taxa de alogamia, o que acabou limitando o fluxo gênico entre espécies, fator este, que impõe barreiras para a evolução independente de populações selvagens e domesticadas (Papa *et al.*, 2005). O progenitor selvagem do feijão comum originou-se na Mesoamérica e colonizou a América do Sul ao

longo dos Andes (Bitocchi *et al.*, 2012) por um processo natural de colonização, datado pela análise do genoma completo entre 146.000 e 184.000 anos atrás (Schmutz *et al.*, 2014).

A espécie domesticada teria se diferenciado do seu ancestral selvagem principalmente por um longo e lento processos de seleção através da domesticação, que teria levado a redução na diversidade genética dentro de cada um dos conjuntos genéticos da espécie *P. vulgares*. Esse evento, conhecido como gargalo de domesticação, teria afetado as pequenas amostras de indivíduos que fundaram as populações domesticadas (Papa *et al.*, 2005). Além disso, a seleção de características vantajosas, praticada pela ação do homem também teria contribuído para redução da diversidade genética dos loci alvo e nas regiões circundantes. Outros fatores que influenciaram a divergência em raças locais distintas teriam sido a deriva genética, seleção local e adaptação (Bitocchi *et al.*, 2012).

Estudos recentes como o de Rendón-Anay *et al.* (2017) revelam que apesar da baixa taxa de alogamia o genoma domesticado do feijão comum foi moldado não apenas pela seleção sob domesticação, mas também pelo fluxo gênico de outras populações de feijão-comum e espécies estreitamente relacionadas, como *Phaseolus dumosus* e *Phaseolus coccineus*.

Um dos primeiros trabalhos sobre a base genética do feijão-comum foi o trabalho de Voysest *et al.* (1994) que avaliaram a base genética de 203 cultivares lançadas a partir de estudos de melhoramento até o ano de 1993. Cada uma das cultivares de origem híbrida e seus 194 ancestrais foram classificados em um dos seis grupos raciais: Mesoamérica, Durango, Jalisco, Nueva Granada, Peru ou Chile. O estudo revelou que a diversidade genética com base no pedigree, através do coeficiente de filiação (r) dos grupos de 130 cultivares da Raça Mesoamérica e 46 cultivares da Raça Nova Granada receberam ambos 79 e 76% de seus genes, respectivamente, de ancestrais da mesma raça.

Além disso, uma contribuição genética de 55% no caso das cultivares Raça Nueva Granada e 41% para a Raça Mesoamérica foi atribuída a 12 e 10 ancestrais da mesma raça, respectivamente (Voysest *et al.*, 1994).

As 18 cultivares da Raça Durango receberam 18% de seus genes da Raça Nova Granada; a contribuição genética da mesma raça chegou a 43%. As três cultivares da Raça Chile receberam metade de seus genes da Raça Chile; a outra metade veio das Raças Nueva Granada, Mesoamérica e Durango. As raças Jalisco e Peru receberam pouco ou nenhum melhoramento e foram pouco utilizadas no melhoramento de cultivares de outras

raças. Os autores identificaram que houve uma tendência crescente de utilização de hibridizações inter-raciais para ampliar a base genética das cultivares das Raças Mesoamericana e Nueva Granada (Voysest *et al.*, 1994).

O trabalho de Rosales-Serna *et al.* (2005) também buscou avaliar a base genética do feijoeiro utilizando marcadores de comprimento de fragmento amplificado (AFLP) para examinar as relações genéticas dentro e entre raças, com base na genotipagem de 112 cultivares criadas no México. Os autores relataram que a recombinação entre cultivares nas três raças da América Central (Mesoamérica, Jalisco e Durango) ocorreu para incorporar resistências a estresses bióticos e abióticos e, como consequência, a base genética das cultivares cultivadas foi ampliada.

Diversos estudos genéticos têm sido desenvolvidos com o feijão no intuito de realizar a caracterização molecular (Faria, 2013; Alves, 2016), caracterização agromorfológica (Kappes *et al.*, 2008), estudos de diversidade genética (Lioi *et al.*, 2012) tanto a nível molecular como a partir de descritores morfológicos (Ribeiro *et al.*, 2014), mapeamento genético de genes de interesse para características vantajosas e até mesmo mapeamento de genes que conferem resistência a várias doenças (Casañas, 2013).

Hoje temos uma vasta literatura, englobando até mesmo o mapa genômico de cultivares da espécie (Schmutz *et al.*, 2014; De Souza *et al.*, 2023), permitindo o mapeamento e descrição de diferentes tipos de marcadores e facilitando assim o desenvolvimento de genótipos cada vez mais resistentes. Entretanto, ainda há muito a ser feito, considerando que a espécie possui uma grande diversidade de genótipos.

Atualmente, o principal órgão de apoio as pesquisas de melhoramento genético do grão é a Embrapa Arroz e Feijão, que desenvolve parcerias com Universidades Públicas e investem em pesquisas que visam o desenvolvimento de genótipos superiores que apresentem caracteres agronômicos vinculados a maior resistência e produtividade favorecendo o bom desenvolvimento dos cultivares visando a maximização da produção.

Um dos projetos de grande relevância desenvolvido pelo órgão é o projeto “Melhoramento genético de feijoeiro-comum para a superação dos desafios da cadeia produtiva”. Este projeto tem como objetivo desenvolver ativos de inovação, linhagens e cultivares de feijoeiro-comum adaptadas aos diferentes sistemas de produção, utilizando a diversidade genética para se obter alta produtividade e estabilidade de produção, tipo de grão com qualidade comercial, nutricional e funcional (Embrapa, 2018a).

Além disto, há também estudos de desenvolvimento de cultivares mais resistentes. É o caso da cultivar transgênica resistente ao vírus VMDF (Mosaico dourado

do feijão), transmitido pela mosca branca, desenvolvida por pesquisadores da Embrapa (Embrapa, 2018b). Além de estudos como o de Martins (2015) que visam o desenvolvimento de cultivares com alto teores de ferro, e o estudo de Bertoldo (2011) para o desenvolvimento de variedades adaptativas à diferentes ambientes.

Uma importante fonte de acesso à genótipos para o desenvolvimento de pesquisas genéticas e que tem se revelado muito eficiente para a conservação *ex-situ*, tanto de genótipos domesticados quanto crioulos, são os bancos de germoplasma.

Segundo Steinhauser (2016), a maior coleção mundial de germoplasma do feijão reúne mais de 38 mil acessos e encontra-se no Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) na Itália e no Brasil, a Embrapa Arroz e Feijão, em conjunto com a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia é detentora da maior coleção. A Universidade Federal de Viçosa também conta com um Banco de Germoplasma Ativo, contendo uma média de 600 acessos. Estes bancos são vistos como um importante meio de preservação de genótipos e poderão ser usados para reestabelecimento de populações em casos de destruição em massa de lavouras, e até mesmo como fonte de genótipos de importância para o melhoramento genético.

2.6 Uso de marcadores morfológicos, bioquímicos e moleculares em estudos de genética do feijão-comum

Várias técnicas são aplicadas ao melhoramento genético do feijão, que vão desde a utilização de marcadores morfológicos, bioquímicos e até moleculares. Lioi e colaboradores (2012), utilizaram-se de marcadores morfológicos, bioquímicos e moleculares para caracterizar geneticamente, variedades de feijão que crescem nas montanhas Nebrodi, em Sicília na Itália e se encontram em perigo de extinção. Chegaram à conclusão de que o uso combinado de marcadores morfológicos, moleculares e bioquímicos permite um retrato detalhado da diversidade genética. Além disso detectaram que o feijão-comum de Nebrodi retém um nível apreciável de diversidade genética se comparado a outras raças locais de diferentes áreas italianas, chegando à conclusão de que a sobrevivência dos germoplasmas analisados, deveria ser sustentada através da promoção de venda como produto de nicho, e da candidatura destas raças à obtenção de uma das marcas europeias de qualidade.

Em seu estudo Jannat et al. (2019), também destacam a importância da caracterização morfológica de cultivares de feijão para áreas como o Paquistão, que possuem pouco ou nenhum acesso ao melhoramento genético da cultura. Com base nisto,

procuraram descrever a variabilidade genética dos fenótipos por meios de caracteres morfológicos e impressão digital de proteínas. Através do estudo os autores conseguiram destacar quatro acessos de grande relevância para trabalhos futuros de melhoramento genético.

Oliveira; Lobo e Ortiz (2020) também avaliaram genótipos de feijão e arroz cultivados em uma comunidade tradicional do Pantanal mato-grossense, com base em descritores morfológicos. O objetivo foi testar a originalidade dos cultivares quanto a sua característica de serem acessos tradicionais, ainda não introduzidas no mercado, ou se tratava-se apenas de variedades de cultivares já conhecidas e comercializadas.

Através da avaliação da distribuição da variabilidade genética comparativa com outros materiais da mesma espécie, já catalogados, os autores concluíram que as subamostras são verdadeiramente tradicionais, diferentes das já catalogadas e não encontradas na Coleção Nuclear de Arroz e Feijão da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa). Estas possuem características morfológicas distintas, sendo cultivares potenciais, para utilização no mercado de novas tecnologias o que garantiu aos residentes daquela comunidade, a certeza de que são criadores de cultivares adaptados às condições locais, sendo estes materiais, específicos do património cultural local.

Além dos trabalhos de Lioi *et al.* (2012) e Jannat *et al.* (2019) outros trabalhos relevantes com base na análise de marcadores de isoenzimas foram produzidos, com vista a avaliar a diversidade genética do feijão-comum e mais comumente distinguir a origem referente ao pool gênico (Mesoamericano e Andino) das variedades da espécie. Este é o caso do estudo de Bashir *et al.* (2020), que avaliaram 81 genótipos quanto ao tipo de *phaseolina* (S ou T) e identificaram 40 genótipos possuindo a tipo S e 41 tipo T. Os autores concluíram que a identificação do pool genético de cada raça tradicional ajudará os criadores a compreender sua evolução, o que ajudará na concepção de programas de cruzamento entre genótipos de conjuntos genéticos iguais ou diferentes, para o desenvolvimento de mapeamentos populacionais e identificações de QTL/genes marcadores. Estes, por sua vez, podem levar ao desenvolvimento de variedades melhoradas de feijão-comum.

Vários tipos de marcadores moleculares têm sido desenvolvidos e utilizados em estudos genéticos do feijão-comum, por exemplo, Nogueira *et al.* (2018) investigaram a diversidade genética de 215 acessos de feijão-comum do grupo gênico mesoamericano, utilizando como ferramentas marcadores molecular RFLP (Polimorfismo de comprimento de fragmento de restrição), bioquímicos e morfológicos, chegando à

conclusão de que a utilização das ferramentas em conjunto é necessária para melhor elucidação de diferenças entre acessos, uma vez que não houve correlação entre as topologias avaliadas pelos diferentes métodos.

Blair *et al.* (2012) utilizando marcadores RAPD, AFLP e SSR conseguiram elaborar um mapa genético para a detecção de genes de resistência a seca em genótipos do pool gênico mesoamericano. O uso de diferentes classes de marcadores lhes possibilitou a criação de um mapa do genoma completo com 1.087,5 cM de comprimento. Sandhu e colaboradores (2017), também avaliaram genótipos de feijão-comum tipo preto, oriundos de 20 países diferentes, quanto a resistência a antracnose por meio de diferentes classes de marcadores (RAPD, SSR, SCAR, STS, INDEL e CAPS), chegando assim a identificar diferentes genótipos de resistência a duas raças (73 e 105) de patógenos causadores da doença. Katoch *et al.* (2023) analisaram 167 acessos de feijão-comum de diversas origens, para a características de resistência à antracnose e por meio de marcadores RAPD (Amplificação aleatória de DNA polimórfico) e SCAR (Região amplificada caracterizada por sequência). Os autores conseguiram identificar diferentes genes de interesse relacionados à característica analisada.

Gonzalez *et al.* (2016) também utilizaram diferentes classes de marcadores (86 AFLPs, 98 SSRs, 42 SNPs e 2 SCARs), como ferramenta para o mapeamento de loci de característica quantitativa de resistência a bactéria *Pseudomonas syringae* pv. *Phaseolicola*, espécie causadora da doença mancha do halo no feijoeiro comum.

Segundo Galeno *et al.* (2012) os Polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) são a classe mais abundante de sítios polimórficos em qualquer genoma. Eles se tornaram uma ferramenta poderosa em mapeamento genético, estudos de associação, análise de diversidade e clonagem posicional. Os SNPs são geralmente bialélicos, portanto menos polimórficos que os SSRs. No entanto, esta limitação é compensada pela capacidade de usar mais marcadores e construir haplótipos SNP. A descoberta de SNPs em genes candidatos ou sequências transcritas (ESTs) tem sido uma estratégia recorrente em genética de plantas, principalmente porque os marcadores SNP baseados em genes podem ser eles próprios SNPs causadores de características.

Com o intuito de investigar o controle genético de características importantes para produtores e processadores de feijão-vagem, Hagerty *et al.* (2016), utilizaram marcadores SNPs para construir um mapa de ligação e identificar QTL para características contendo 1.689 SNPs em 1.196cM resultando no mapeamento de

diferentes QTLs de características de processamento importantes, incluindo fibra da parede da vagem, altura da vagem, largura da vagem e espessura da parede da vagem.

Sadohara *et al.* (2022) também utilizaram marcadores SNPs (Polimorfismo de nucleotídeo único), para caracterizar a diversidade genética em relação ao tempo de cozimento, característica de interesse comercial, para 295 acessos de feijão-comum de coloração amarela, oriundos de diversas partes do mundo. Os autores concluíram observaram uma grande diversidade para características como, o hábito de crescimento, dias para floração, peso das sementes, tempo de cozimento e absorção de água. Ainda encontraram uma significativa diversidade de SNPs associados para o tempo de cozimento, o que servirá como um recurso valioso para o melhoramento de feijão para qualidades focadas no consumidor e para estudos genéticos futuros que visem elucidar o mecanismo da característica de cozimento rápido.

Buah *et al.* (2017) utilizaram de marcadores SSR (Simple sequence repeated), para avaliar a influência da seleção de cultivares, realizada por agricultores, para a diversidade genética de 100 acessos de feijão do sudoeste de Uganda.

Para avaliar a diversidade genética, os microsatélites constituem uma ferramenta confiável, por apresentarem alto nível de polimorfismo e por serem amplamente distribuídos por todo o genoma (Bhargava; Fuentes, 2010). Este marcador tem permitido a discriminação de cultivares e linhagens de feijoeiro estreitamente relacionados e consiste em uma ferramenta eficiente para a caracterização, conservação e gestão de germoplasma (Benchimol *et al.*, 2007; Perseguini *et al.*, 2011). Estes marcadores ainda se revelaram eficazes para detecção de genótipos resistentes a pragas (Valentini *et al.*, 2017), para elaboração de estudos de diversidade genética (Santos, 2019) e para a criação de painéis de variabilidade genética (Silva, 2011). Por estas razões os marcadores SSR são atualmente os mais usados em estudos genéticos de feijão-comum (Maras *et al.*, 2008; Silva, 2011; Valentini *et al.*, 2017).

Diversos outros tipos de marcadores têm sido desenvolvidos e aplicados aos estudos genéticos da leguminosa como: CAPS (Sequências polimórficas amplificadas clivadas), DArT (Marcadores de tecnologia de matrizes de diversidade), entre outros (Salgotra; Stewart, 2020). Estudos como o de Valentini (2015) comprovam a eficácia destes marcadores como ferramenta para a seleção assistida de genes de resistentes a doenças como à ferrugem, à antracnose e à mancha angular, demonstrando a viabilidade da aplicação da técnica à programas de melhoramento do feijão-comum.

2.7 Estudos cienciométricos

O termo cienciométrica ou cientometria foi cunhado em 1966, pelo químico soviético Vasily Nalimov. Porém, estudos de caráter cienciométrico, já haviam sido publicados 10 anos antes, pelo físico historiador da ciência e cientista da informação Derek John de Solla Price. Este, publicou em 1956, dois estudos pioneiros do tema: “A curva exponencial da ciência” e “A ciência da ciência”. Estes estudos deram a Price o título de pai da cienciométrica (Prince, 1965; 1976; 1983).

Segundo Schulz (2021), o vertiginoso crescimento da produção científica na década de 1950, acompanhado da nascente necessidade de avaliação dos investimentos em ciência, formam terreno fértil para o surgimento do *Science Citation Index* (índice de citações científicas), lançado, em 1964, pelo *Institute of Scientific Information* – hoje, conhecido no mundo acadêmico como *Web of Science*. Seu criador, o linguista norte-americano Eugene Garfield (1925- 2017), é também considerado um dos pais da cientometria. O índice de citações é um marco importante. Com base nesse novo catálogo e em suas ferramentas de cruzamento de dados entre os milhares de páginas de suas edições anuais, novas medidas passaram a ser possíveis, e o número de interessados nessa atividade de pesquisa foi aumentando.

A partir de então, a área de pesquisa tem recebido cada vez mais adeptos. Este conjunto de métodos é utilizado hoje não apenas para relatar a história da ciência, mas em diversos ramos, como uma ferramenta relevante no mapeamento de áreas de interesse. A técnica utiliza-se de indicadores bibliométricos para determinar ramos emergente e/ou em declínio da ciência moderna.

A exemplo de produções científicas utilizando a cienciométrica estão os trabalhos de Souza *et al.* (2016) que buscou avaliar a produção científica sobre genética de populações de planta do cerrado, incluindo artigos publicados no período de 1999 a 2014. A pesquisa incluiu somente trabalhos que utilizaram técnicas moleculares e que continham medidas de diversidade e divergência genética em populações de espécies de plantas do Cerrado. Os autores observaram um crescimento linear no número de publicações, realizada principalmente por instituições brasileiras. Além de detectarem que há poucas espécies estudadas, se comparado a grande diversidade que ocorre no bioma, destacando esse fato como fonte de oportunidade para pesquisas futuras.

Oliveira et al. (2019) que analisaram 344 artigos recuperados da base de dados *Web of Science*, considerando o recorte temporal de 1974 a 2017. Os autores destacam que seus achados mostraram que marcadores dominantes são mais comumente usados

em relação aos codominantes. Além disso, ressaltam que, apesar do desenvolvimento de tecnologias de sequenciamento de alto rendimento, trabalhos com o uso simultâneos de diferentes marcadores ainda são poucos. Apesar de encontrarem conectividade entre pesquisadores e instituições pelo mundo, apenas alguns autores representaram pontes entre diferentes grupos de pesquisa o que faz com que a parceria internacional seja baixa. Os autores concluem que o domínio na publicação se restringe a seis países (Índia, Brasil, EUA, Austrália, China e França) que foram responsáveis por 80% dos artigos publicados e receberam o maior número de citações. Com base nestes achados sugeriram que um reforço especial seja implantado na construção de parcerias internacionais, uma vez que as colaborações ocorrem principalmente dentro dos países. A colaboração internacional pode melhorar o desempenho da pesquisa e eventualmente levar a uma melhor exploração e a um maior desenvolvimento do conhecimento sobre a cana-de-açúcar.

Pinto *et al.* (2020) analisando a produção científica sobre espécies exóticas invasoras na Caatinga brasileira e utilizando como fonte de dados as plataformas *Web of Science*, *Scielo* e *Google Acadêmico*, os autores encontraram um total de 46 artigos publicados em um intervalo de 14 anos. Com base no estudo, chegaram à conclusão de que embora o número de espécies consideradas invasoras seja elevado, apenas quatro foram frequentemente citadas e/ou estudadas entre as publicações analisadas. Ressaltaram ainda que seus resultados indicaram que o número de artigos publicados sobre invasão na Caatinga é expressivo e se manteve constante ao longo do período avaliado segundo os autores esse cenário pode indicar uma consolidação das pesquisas sobre o tema no bioma.

Todos os trabalhos supracitados valeram-se do método cienciométrico para mapear e avaliar a produção científica existente sobre seus temas e a partir de então diagnosticar lacunas a serem preenchidas em relação aos mesmos.

Na área das ciências ambientais, mais especificamente para a conservação e para a sustentabilidade, esta ferramenta pode ser de grande impacto, se utilizada de maneira a possibilitar o mapeamento de áreas que apresentam lacunas de conhecimento. Uma vez que, esta, pode auxiliar no direcionamento de pesquisas que supram as necessidades de informações, necessárias à elaboração de políticas de manejo e conservação das espécies da fauna e flora.

Poucos trabalhos de caráter cienciométricos foram desenvolvidos para a investigação das produções científicas sobre o feijão-comum. Viçosi *et al.* (2017), analisaram a produção científica sobre as culturas de feijão-comum em consórcio com

outras culturas, durante o período de 2007 a 2016. Os autores utilizaram como fonte de dados, a plataforma de Periódicos Capes. Estes apontaram que a cultura que mais é produzida em consórcio com o feijão é o milho. Relataram também que o estado de Minas Gerais foi o que mais produziu trabalhos sobre a temática e os anos de 2008, 2012 e 2013, os que apresentaram maior número de publicações.

No mesmo ano Miyamoto *et al.* (2017) buscaram identificar parcerias internacionais na produção de conhecimento sobre a doença mosaico-dourado que acomete o feijoeiro. Os autores utilizaram a base de dados Scopus como fonte de pesquisa. Os pesquisadores identificaram os Estados Unidos da América e o Brasil como os países que mais se dedicaram a pesquisa sobre o vírus. Destacaram ainda, que as pesquisas na área são restritas, principalmente pelo fato de o feijão não ser uma *commodity* de interesse mundial. Outro fator que também foi identificado pelos autores é que o patógeno que provoca a doença, varia de um país para outro; desta forma, as soluções encontradas por pesquisadores de um país podem não surtir o mesmo efeito em uma região diferente, fato este que de certa maneira limita as parcerias internacionais em relação às pesquisas sobre a doença.

Mais recentemente os autores Bezerra *et al.* (2021) avaliaram 15.349 produções científicas em estudos gerais sobre a leguminosa, com base em trabalhos indexados na base de dados Scopus no período de 1903, data da primeira publicação, à 2019. Identificaram as áreas de “Ciências Agrárias e Biológicas” e “Bioquímica, Genética e áreas de conhecimento da Biologia, representando 75% de toda a produção científica analisada. Os autores identificaram que o ano em que houve maior número de publicações foi o ano de 2017 com 627 publicações, e quanto aos países, assim como Miyamoto *et al.* (2017), os autores também identificam os Estados Unidos da América e o Brasil com o maior número de contribuições científicas.

3. OBJETIVOS

3.1 Geral

Realizar uma análise cienciométrica da produção científica referente a estudos genéticos em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) publicados entre os anos de 2012 a 2020.

3.2 Específicos

- Avaliar a produção científica referente aos estudos genéticos de feijão-comum, em um intervalo de 10 anos, entre 2012 e 2020;
- Definir as principais áreas e subáreas de conhecimento abordadas pelos artigos publicados;
- Relacionar as técnicas utilizadas para analisar os aspectos genéticos;

Propor estratégias de direcionamento para estudos futuros com feijões-comuns.

4. REFERÊNCIAS

- ALVES, L. P. **Caracterização morfo agrônômica e molecular de feijão-comum**. 2016. 63f. Dissertação. Mestrado em Genética e Melhoramento-Universidade Federal do Espírito Santo. 2016.
- ANGIOI, S. A.; RAU, D.; ATTENE, G.; NANNI, L.; BELLUCCI, E.; LOGOZZO, G.; NEGRI, V.; SPAGNOLETTI ZEULI, P. L.; PAPA, R. Beans in Europe: origin and structure of the european landraces of *Phaseolus vulgaris*. **Theoretical and applied genetics**, v. 121, n. 5, p. 829-843, 2010.
- ASFAW, A.; BLAIR, M. W.; ALMEKINDERS, C. Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Landraces from the east african highlands. **Theoretical and applied genetics**, v. 120, p. 1-12, 2009.
- ÁVILA, T. F. S.; COELHO, A. P.; BETTIOL, R. F.; LEMOS, L. B. Produtividade e qualidade dos grãos de cultivares de feijoeiro cultivado na safra das águas e de inverno. **Revista de la Gacultad de Agronomia**, La Plata, v. 118, n. 2, p. 1-7, 2019.
- BACKES, R. L.; HEMP, S. A soberania do Feijão. **Revista Agropecuária Catarinense**, Florianópolis, v. 27, n. 1, p. 18-20, 2014.
- BARELLI, M. A. A.; GONÇALVES-VIDIGAL, M.C.; VIDIGAL FILHO, P.F.; NEVES, L. G.; SILVA, H. T. Genetic divergence in common bean landrace cultivars from Mato Grosso do Sul State. **Ciências agrárias**, v. 30, n. 1, p. 1061-1072, 2009.
- BASHIR, H.; BASHIR, Z.; MAHAJAN, R.; NAZIR, M.; MIR, R. A.; NEHVI, F. A.; ZARGAR, S. M. Molecular characterization and insights into the origin of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces of north western Himalayas. **The Núcleus**, v. 63, p. 271–279, 2020.
- BELLUCCI, E.; BENAZZO, A.; XU, C.; BITOCCHI, E.; RODRIGUES, M.; ALSEEKH, S.; VITTORI, V. DI.; GIOIA, T.; NEUMANN, K.; CORTINOVIS, G.; FRASCARELLI, G.; MURUBE, E.; TRUCCHI, E.; NANNI, L.; ARIANI, A.; LOGOZZO, G.; SHIN, J. H.; LIU, C.; LIANGJIANG, FERREIRA, J. J.; CAMPA, A.; ATTENE, G.; L.MORRELL, P.; BERTORELLE, G.; GRANER, A.; GEPTS, P.; FERNIE, A. R.; JACKSON, S. A.; PAPA, R. Selection and adaptive introgression

guided the complex evolutionary history of the European common bean. **Nature Communications**, v. 14, n.1908, 2023. <https://doi.org/10.1038/s41467-023-37332-z>

BENCHIMOL, L. L.; CAMPOS, T.; CARBONELL, S. A. M.; COLOMBO, C.A.; CHIORATO, A. F.; FORMIGHIERI, E. F.; SOUZA, A. P. Structure of genetic diversity among common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties of mesoamerican and andean origins using new developed microsatellite markers. **Genetic resources and crop evolution**, v. 54, p. 1747-1762, 2007.

BERTOLDO, J. G. **Melhoramento de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para condições de cultivo da serra catarinense com o uso de germoplasma promissores: ciclo de planta prolongado e elevada estatura**. 2011. 165f. Tese. Pós- Graduação em Recursos Genéticos Vegetais-Universidade Federal de Santa. 2011.

BEZERRA, L. M. C.; SPATTI, A. C.; FREDO, C. E.; BIN, A.; PAULINO, J. F. C.; CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; CORREIA, G. G. A century of common bean: bibliometrics and scientific production, **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, Brasília, v. 39, n. 1, e26949, 2021.

BITOCCHI, E.; NANNI, L.; BELLUCCI, E.; ROSSI, M.; GIARDINI, A.; ZEULI, P. S.; LOGOZZO, G.; STOUGAARD, J.; MCCLEAN, P.; ATTENE, G.; PAPA, R. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. **National Center for Biotechnology Information**, U S A, v.109, n.14, p.96. 2012. doi: 10.1073/pnas.1108973109.

BHARGAVA, A.; FUENTES, F. F. Mutational dynamics of microsatellites. **Molecular Biotechnology**, v. 44, p. 250-266, 2010.

BLAIR, M. W.; GALEANO, C. H.; TOVAR, E.; TORRES M. C. M.; CASTRILLÓN, A. V.; BEEBE, S. E.; RAO, I. M. Development of a Mesoamerican intra-genepool genetic map for quantitative trait loci detection in a drought tolerant × susceptible common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cross. **Molecular Breeding**. v. 29, p. 71–88, 2012.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. **Marcadores moleculares**. 2. Ed. Viçosa: editora da UFV, 2009.

BOTSTEIN, D.; WHITE, R. L.; SKOLNICK, M.; DAVIS, R.W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. **American journal of human genetics**, v. 32, p. 314-331, 1998.

BRACKMANN, A.; NEUWALD, D. A.; RIBEIRO, N. D.; FREITAS, S. T. Conservação de três genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) do grupo carioca em armazenamento refrigerado e em atmosfera controlada. **Ciência rural**, Santa Maria, v. 32, n. 6, p. 911-915, 2002.

BRAGA, C. S. **Caracterização morfoagronômica, fenológica e viabilidade polínica de genótipos de feijão**. 2020. 91f. Dissertação de Mestrado. Pós-graduação em genética e melhoramento de planta- Universidade do Estado do Mato Grosso do Sul. 2020.

CALLES, T.; XIPSITI, M.; DEL CASTELLO, R. Legacy of the International Year of Pulses. **Environmental earth sciences**. v. 78, n. 124, p. 2-8, 2019.

- CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; BEZERRA, L. M. C. A planta e o Grão de Feijão e as formas de apresentação aos consumidores. In: FERREIRA, C. M.; BARRIGOSI, J. A. F. **Arroz e Feijão: tradição e segurança alimentar**. 1ª ed. Brasília: Embrapa, 2021. p. 101-116.
- CARGNELUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N.D.; REIS, R.C.P.; SOUZA, J.R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência rural**, v. 38, n. 8, p. 2138-2145, 2008.
- CASAÑAS, F.; PÉREZ-VEGA, E.; ALMIRAL, A.; MAÇAL, P.; SABATÉ, J.; FERREIRA, J. J. Mapeamento de QTL associados ao conteúdo químico das sementes em uma população RIL de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, v. 192, p. 279–288, 2013.
- CASTRO-GUERRERO, N. A.; ISIDRA-ARELLANO, M. C.; MENDOZA-COZATL, D. G.; VALDÉS-LÓPEZ, O. Common bean: A legume model on the rise for unraveling responses and adaptations to iron, zinc, and phosphate deficiencies. **Frontiers in plant Science**. v. 7, n. 600, p. 1-7, 2016.
- CHEN, J.; ZHANG, X.; JING, R.; BLAIR, M.W.; MAO, X.; WANG, S. Cloning and genetic diversity analysis of a new p5cs gene from common bean (*Phaseolus vulgaris*). **Theoretical and applied genetics**, v. 120, p. 1393-1404, 2010.
- COELHO, C. G.; OLIVEIRA, L. S. G.; BERNARDES, L. **Melhoramento do feijoeiro no brasil: uma revisão de literatura**. In: XXI Encontro Latino-Americano de Iniciação Científica, XVII Encontro Latino-Americano de Pós-Graduação e VII Encontro de Iniciação à Docência – Universidade do Vale do Paraíba. XXI. 2017. Paraíba. Ciência que aproxima, Ciência que liberta. Univap, 27 out. 2017. Disponível em:<https://www.inicepg.univap.br/cd/INIC_2017/anais/trabalhos_engenharia_agronomica.html>. Acesso em: 12 nov. 2022.
- COÊLHO, J. D. Feijão: produção e mercados. **Caderno Setorial ETENE**, Banco do Nordeste do Brasil, Fortaleza, ano 5, n.197, 2021.
- COELHO, J. D.; XIMENES, L. F. Feijão: produção e mercado. **Escritório Técnico de Estudos Econômicos do Nordeste – ETENE**, v. 5, n. 143, p. 01-09, 2020. Disponível em:< <https://www.bnb.gov.br/etene>>, Acesso em: 05.10.2023.
- CONAB. Companhia Nacional De Abastecimento. **Agro Conab**. Brasília, DF, v. 2, n. 2, 2022.
- CORTINOVIS, G.; FRASCARELLI, G.; DI VITTORI, V.; E PAPA, R. Current state and perspectives in population genomics of the Common Bean. **Plants**, v.9, n.3, p. 330, 2020. <https://doi.org/10.3390/plants9030330>
- DA SILVA, R. M. A influência do pensamento econômico na ideia de sustentabilidade e suas implicações para a percepção e conservação do mundo natural, **Desenvolvimento e Meio Ambiente**, v. 46, p. 334-356, 2018.

DALL'AGNOL, A. Feijão brasileiro, a “proteína verde” do mundo, **Canal Rural**, Disponível em: < Feijão brasileiro, a “proteína verde” do mundo (canalrural.com.br)>, Acesso em: 14 Ag. 2022.

DANIEL, T. H. G. **Obtenção, caracterização físico-química, oxidação e aplicação de nanocristais de amidos de *Phaseolus vulgaris* L. (feijão), de *Manihot esculenta* Crantz (mandioca) e de *Zea mays* L. (milho) em emulsões pickering**. 2018. 79f. Dissertação. Ciência e Tecnologia de Alimentos- Universidade Estadual de Ponta Grossa. 2018.

DE SOUZA, I. P.; DE AZEVEDO, B. R.; COELHO, A. S. G.; DE SOUZA, T. L. P. O.; VALDISSER, P. A. M. R.; GOES-MESSIAS, L. M.; FUNICHEL, B. O.; BRONDANI, C.; VIANELLO, R. P. Sequenciamento do genoma completo de linhagens de elite de feijoeiro comum. **Scientific Reports**, v. 13, n. 12721, 2023. Disponível em:<<https://doi.org/10.1038/s41598-023-39399-6>>, Acesso em: 11 abr. 2024.

DEL PELOSO, M. J.; MELO, L. C. **Potencial de rendimento da cultura de feijoeiro-comum**. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2005. 131 p.

EMBRAPA ^A. Projetos. **Estudos de Carlavirus em feijoeiro-comum e desenvolvimento de linhagens elite simultaneamente resistentes ao VMDF e ao Carlavirus**. Disponível em:< <https://www.embrapa.br/busca-de-projetos/-/projeto/208843/estudos-de-carlavirus-em-feijoeiro-comum-e-desenvolvimento-de-linhagens-elite-simultaneamente-resistentes-ao-vmdf-e-ao-carlavirus>>. Acesso em: 12 nov. 2022.

EMBRAPA. **Centro Nacional de Pesquisa de Solos**. Sistema Brasileiro de Classificação de Solos. 2.ed. Rio de Janeiro, Embrapa, 2006. 306 p

EMBRAPA. Validação do Sistema de Produção Integrada do Feijão Comum (*Phaseolus vulgaris* L.) na Região Central Brasileira. **Circular técnica**, Santo Antônio de Goiás, ISSN 1678-9636, 2010.

EMBRAPA^B. Projetos. **Melhoramento genético do feijoeiro-comum para superação dos desafios da cadeia produtiva**. Disponível em:< <https://www.embrapa.br/busca-de-projetos/-/projeto/207713/melhoramento-genetico-do-feijoeiro-comum-para-superacao-dos-desafios-da-cadeia-produtiva>>. Acesso em: 12 nov. 2022.

ENSSLIN, L.; WAICZYK, C.; CHAVES, L. C.; ENSSLIN, E. R. Processo para evidencição do estado da arte aplicado ao tema gestão de produção científica. **TransInformação**, Campinas, v. 27, n. 3, p. 219-228, 2015.

FAOSTAT. **Estatuto da FAO: Países por mercadoria**. Disponível em:< https://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries_by_commodity>. Acesso em: 11 abr. 2024.

FREITAS, O. F. Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil. **Pesquisa agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 41, n. 7, p. 1199-1203, 2006.

GALEANO, C. H.; CORTÉS, A. J.; FERNÁNDEZ, A. C.; SOLER, A.; FRANCO-HERRERA, N.; MAKUNDE, G.; VANDERLEYDEN, J.; BAIR, M. E. Gene-Based Single Nucleotide Polymorphism Markers for Genetic and Association Mapping in Common Bean. **BMC Genetics**, v. 13, n. 48, 2012.

GONZÁLEZ, A. M.; YUSTE-LISBONA, F. J.; GODOY, L.; FERNÁNDEZ-LOZANO, A.; RODINÓ, A. P.; DE RON, A.M.; LOZANO, R.; SANTALLA, M. Exploring the quantitative resistance to *Pseudomonas syringae* pv. *phaseolicola* in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular Breeding**, v. 36, n. 166, p. 1-20, 2016.

GUIMARÃES, P. E.; SOUZA, T. L. P. O. **Feijão Comum: O uso de sementes certificadas na cadeia produtiva.** Disponível em: <<https://seednews.com.br/artigos/2906-feijao-comum-edicao-janeiro-2019>>, Acesso em: 14 Ago. 2022.

GUSELLA, J. F.; WEXLER, N. S.; CONNEALLY, P. M.; NAYLOR, S. L.; ANDERSON, M. A.; TANZI, R. E.; WATKINS, P. C. A polymorphic DNA marker genetically linked to huntington's disease. **Nature**, v. 306, p. 234-238, 1983.

HAGERTY, C. H.; CUESTA-MARCOS, A.; CREGAN, P.; SONG, Q.; MCCLEAN, P.; MYERS, J. R. Mapping Snap Bean Pod and Color Traits, in a Dry Bean × Snap Bean Recombinant Inbred Population. **American Society for Horticultural Science**, v. 141, p. 131-138, 2016.

HAYASHI, C. R. M. Apontamentos sobre a coleta de dados em estudos bibliométricos e cientométricos. **Filosofia e Educação**, Campinas, v. 5, n. 2, p. 89-102, out. 2013.

HENRIQUE, L. A. V.; POLETINE, J. P.; BRONDANI, S. T.; BARELLI, M. A. A.; DA SILVA, V. P. Caracterização Morfo agrônômica E Divergência Genética De Acessos de Feijão Comum, **Journal of Agronomic Sciences**, Umuarama, v.9, n. especial, p.128-148, 2020.

HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. Genetics base of brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 9, n. 2, p. 295-306, 1986.

HUGHES, P. A.; SANDSTED, R. F. Effect of temperature, relative humidity, and light on the color of "california light red kidney" bean seed during storage. **Hortscience**, Alexandria, v. 10, n. 4, p. 423-432, 1983.

IBRAF. Há risco de faltar feijão na mesa com redução das plantações no Brasil e no Ceará?. Disponível em: <<https://diariodonordeste.verdesmares.com.br/negocios/harisco-de-faltar-feijao-na-mesa-com-reducao-das-plantacoes-no-brasil-e-no-ceara-1.3244319>>. Acesso em: 12 nov. 2022.

ILDEFONSO, R. L.; ALCOCER, J. J. L.; GONZÁLES, J. S. S.; SANTA CRUZ R. F.; ROMERO, R. N.; GUZMÁN, E. R. Características morfológicas de formas cultivadas, silvestres e intermedias de frijol común de hábito trepador. **Revista fitotecnia mexicana**, v. 33, n. 1, p. 21-28, 2010.

JANNAT, S.; SHAH, A. H.; SHAH, K. N.; KABIR, S.; GHAFOOR, A. Genetic And Nutritional Profiling Of Common Bean (*Phaseolus Vulgaris* L) Germplasm From Azad

Jammu And Kashmir And Exotic Accessions. **The Journal of Animal & Plant Sciences**, v. 29, n. 1, p. 205-214, 2019.

JUNK-KNIEVEL, D. C.; VANDENBERG, A.; BETT, K. E. An accelerated postharvest seed-coat darkening protocol for pinto beans grown across different environments. **Crop science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 694–702, 2007.

KAPPES, C.; WRUCK, F. J.; CARVALHO, M. A. De.; YAMASHITA, O. M. Feijão Comum: Características Morfo-Agronômicas de Cultivares, **Instituto Agronômico de Campinas**, Campinas, 85, 2008.

LEON, J. **Fundamentos botânicos de los cultivos tropicales**. San José: IICA, p. 487 1968.

LIOI, L.; LUZZI, A.; CAMPION, B.; PIERGIOVANNI, A. R. Assessment of genetic variation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Nebrodi mountains (Sicily, Italy). **Genetic Resources and Crop Evolution**, Itália, v. 59, p. 455-464, 2012.

LISTER, C.; DEAN, C. Recombinant inbred lines for mapping rflp and phenotypic markers in arabidopsis thaliana. **The plant journal**, v. 4, n. 4, p. 745-750, 1993.

MARAS, M.; SUSTAR-VOZLIC, J.; JAVORNIK, B.; MEGLIC, V. The efficiency of AFLP and SSR markers in genetic diversity estimation and gene pool classification of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Acta Agriculturae Slovenica**, v. 91, n. 1, p. 87-96, 2008.

MARQUEZI, M. **Características físico-químicas e avaliação das Propriedades tecnológicas do feijão comum (*Phaseolus Vulgaris* L.)**. 2013. 115p. Dissertação. Programa de Pós-Graduação em Ciência dos Alimentos, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina, 2013.

MARTINS, S. M. **Estratégias de melhoramento do feijoeiro-comum para altos teores de ferro e zinco**. 2015. 92f. Dissertação. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas - Universidade Federal de Goiás. 2015.

MENSACK, M. M.; FITZGERALD, V. K.; RYAN, E.P.; LEWIS, M. R.; THOMPSON, H. J.; BRICK, M. A. Evaluation of diversity among Common Beans (*Phaseolus Vulgaris* L.) From two centers of domestication using „omics“ technologies. **BMC genomics**, v. 11, p. 1-33, 2010.

MOREIRA, S. S. **Aspectos do desenvolvimento em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) inoculados com *Trichoderma* spp.** 2014. 82f. Dissertação de Mestrado. Programa de pós-graduação em Biodiversidade Vegetal- Universidade Federal de Goiás. 2014.

MORRIS, M.; DREHER, K.; RIBAUT, J. M., KHAIRALLAH, M. Money matters (ii): costs of maize inbred line conversion schemes at cimmyt using conventional and marker-assisted selection. **Molecular breeding**, Dordrecht, v. 11, n. 3, p. 235–247, 2003.

NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L. L., VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. DE.; INGLIS, M. C. V. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento**. Fundação MT, Rondonópolis, p. 29-55, 2001.

OLIVEIRA, G. P.; LOBO, F. A.; ORTÍZ, C. E. R. Genetic and morphological characterization of traditional rice and bean varieties from the Pantanal of Mato Grosso, Brazil. **Revista de Biociências**, Uberlândia, v. 36, n. 6, p. 1975-1983, 2020.

OLIVEIRA, I. B.; NUNES, R.; MATTIELLO, L.; BARROS-RIBEIRO, S.; DE SOUZA, I. P.; COELHO, A. S. G.; COLLEVATTI, R. G. Research and partnership in studies of sugarcane using molecular markers: a scientometric approach. **Scientometrics**, Budapest, v. 119, P. 335-355, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s11192-019-03047-6>>, Acesso em: 21 ago. 2023.

OOMAH, B. D.; CORBE, A.; BALASUBRAMANIAN, P. Antioxidant and anti-inflammatory activities of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) hulls. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, Easton, v. 58, n. 14, p. 8225-8230, 2010.

PAPA, R.; ACOSTA, J.; DELGADO-SALINAS, A.; GEPTS, P. A genome-wide analysis of differentiation between wild and domesticated *Phaseolus vulgaris* from Mesoamerica, **Theoretical and Applied Genetics**, v.111, p.1147-1158, 2005. DOI:10.1007/s00122-005-0045-9.

PARRA, M. R.; COUTINHO, R. X.; PESSANO, E. F. C. Um breve olhar sobre a cienciometria: origem, evolução, tendências e sua contribuição para o ensino de ciências, **Revista Contexto & Educação**, Editora Unijuí, v. 34, n. 107, p. 126-141, 2019.

PERSEGUINI, J. M. K. C.; CHIORATO, A. F.; ZUCCHI, M. I.; COLOMBO, C. A.; CARBONELL, S. A. M.; MONDEGO, J. M. C.; GAZAFF, R.; GARCIA, A. A. F.; CAMPOS T, SOUZA, A. P.; RUBIANO, L.; B. Genetic diversity in cultivated carioca Common bean based on molecular marker analysis. **Genetics and molecular biology**, v. 34, p. 88-102, 2011.

PINTO, J. V. **Propriedades físicas, químicas, nutricionais e tecnológicas de feijões (*Phaseolus vulgaris* L.) De diferentes grupos de cor**. 2016. 167f. Dissertação. Pós-graduação em Ciência e Tecnologia de Alimentos-Universidade Federal de Goiás. 2016.

PRINCE, D. J. S. A general theory of bibliometric and Other cumulative advantage processes. **Journal of the american Society for information Science**, New Haven, v. 27, p. 292-306, 1976.

PRINCE, D. J. S. Networks of Scientific Papers: The pattern of bibliographic references indicates the nature oh the scientific research front. **Science**, New York, v. 149, p. 510-515, 1965.

PRINCE, D. J. S. This Week's Citation Classic. **Current contentes**, New York, v. 29, 1983.

RENDÓN-ANAYA, M.; HERRERA-ESTRELLA, A. Requisito de sequenciamento do genoma completo. In: PÉREZ DE LA VEGA, M., SANTALLA, M., MARSOLAIS, F.

(eds) **O Genoma do Feijão Comum**. Compêndio de Genomas Vegetais. Springer, Cham. 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-319-63526-2_5>. Acesso em: 11 abr. 2024.

RIBEIRO, N. D.; DOMINGUES, L. da S.; GRUHN, E. M.; ZEMOLIN, A. E. M.; RODRIGUES, J. de A. Agronomic performance and cooking quality of special-grain beans lines, **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 1, p. 92-100, 2014.

ROSALES-SERNA, R.; HERNA´NDEZ-DELGADO, S.; GONZA´ LEZ-PAZ, M.; ACOSTA-GALLEGOS, J. A.; MAYEK-PE´REZ, N. Genetic Relationships and Diversity Revealed by AFLP Markers in Mexican Common Bean Bred Cultivars. **Crop Science**. v. 45, p. 1951-1957, 2005.

SADOHARA, R.; IZQUIERDO, P.; COUTO ALVES, F.; PORCH, T.; BEAVER, J.; URREA, C. A.; CICHY, K. The *Phaseolus vulgaris* L. Yellow Bean Collection: Genetic diversity and characterization for cooking time. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 69, p. 1627–1648, 2022. Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s10722-021-01323-0>>, Acesso em: 11 abr. 2024

SALGOTRA, R. K.; STEWART JR, C. N. Marcadores Funcionais para Melhoramento de Plantas de Precisão. **International Journal of Molecular Sciences**. v. 21, n. 13, p.47-92, 2020. Disponível em: <<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7370099/>>. Acesso em: 15 nov. 2022.

SANDHU, K.; CONNER, R. L.; BALASUBRAMANIAN, P.; HOU, A. Black dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm accessions with resistance to prevalent races of *Colletotrichum lindemuthianum* in Canada. **Canadian Journal of Plant Science**, Canadá, v. 98, p. 17–27, 2018.

SANTALLA, M.; RODIÑO, A. P.; DE RON, A. M. Allozyme evidence supporting southwestern Europe as a secondary center of genetic diversity for the common bean. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 104, p. 934-944, 2002.

SANTOS, A. C. S. **Caracterização morfoagronômica e molecular de genótipos de feijão**. 2019. 102f. Programa de Pós-Graduação em Agro ecossistemas- Universidade Tecnológica Federal do Paraná. 2019.

SANTOS, C. F.; LIMA, G. P. P.; MORGADO, L. B. tolerância e caracterização bioquímica em feijão caupi submetido a estresse hídrico na pré-floração. **Naturalia**, Araguari, v. 33, p. 34-44, 2010.

SBALCHEIRO, C. C.; DENARDIN, N. D.; BRAMMER, S. P. Alterações de isoenzimas peroxidases em plantas de feijoeiro tratadas com biocontrolador do cretamento bacteriano comum. **Tropical plant pathology**, v. 34, n. 1, p. 29-37, 2009.

SCHULZ, P. Cientometria, a ciência da medida da ciência, **Ciência Hoje**, Campinas. Disponível em: <<https://cienciahoje.org.br/artigo/cientometria-a-ciencia-da-medida-da-ciencia/#>>, Acesso em: 08 abr. 2024.

SILVA, A. C.; VASCOCELOS, P. L. R.; MELO, L. D. F. A; SILVA, V. S. G.; ANDRADE JUNIOR, J. L. M.; SANTANA, M. B. Diagnóstico da produção de feijão-

caupi no nordeste brasileiro. **Revista da Universidade Vale do Rio Verde**, v. 16, n. 2, 2018.

SILVA, G. M. B. **Formação de um painel de diversidade genética em feijão comum**. 2011. 57f. Pós-Graduação Em Agricultura Tropical E Subtropical-Instituto Agrônomo de Campinas. 2011.

SILVA, G. S.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SILVA, F. B. Genetic control of early grain darkening of carioca common bean. **Crop breeding and applied biotechnology**, Viçosa, v. 8, n. 4, p. 299–304, 2008.

SILVA, J. A.; BIANCHI, M. L. P. Ciênciometria: A métrica da ciência. **Paidéia**, São Paulo, v. 11, n. 20, p. 5-10, 2001.

SILVA, M.R. **Análise bibliométrica da produção científica docente do programa de pós-graduação em Educação Especial da UFSCar: 1998-2003**. 168f. Dissertação (Mestrado em Educação Especial), Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 2004.

SILVA, R. C.; LIMA, A.; SOUZA, L. C. S. Main methods of DNA sequencing. **Scientific Electronic Archives**. Cuiabá, v. 15, n. 10, p. 58-64, 2022.

SIQUEIRA, S. B. **Desenvolvimento dos fenômenos de escurecimento e endurecimento em feijão carioca: aspectos bioquímicos e tecnológicos**. 2013. 125f. Dissertação. Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos-Universidade Federal de Goiás. 2013.

SOUTHERN, E. M. Detection of specific sequences among DNA fragments separated by gel electrophoresis. **Journal of Molecular Biology**, v. 98, n. 3, p. 503-517, 1975.

SPINAK, E. Indicadores cienciométricos. *Ciência da Informação*, v. 27, n. 2, 1998. DOI: 10.18225/ci.inf..v27i2.795. Acesso em: 05 out. 2023.

STEINHAUSER, N. S. **Potencial de variedades locais de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) Quanto à resistência à antracnose em condições de campo**. 2016. 34p. Monografia. Graduação em Agronomia-Universidade Federal de Santa Catarina. 2016.

SCHMUTZ, J.; MCCLEAN, P.; MAMIDI, S.; ALBERT WU, G.; CANHÃO, S. B.; GRIMWOOD, J.; JENKINS, J.; SHU, S.; QIJIAN, C.; CHÁVARRO, C.; TORRES-TORRES, M.; GEFFROY, V.; MOGHADDAM, S. M.; GAO, D.; ABERNATHY, B. A.; BARRY, K.; BLAIR, M.; TIJOLO, M.; CHOVATIA, M.; GEPTS, P.; GOODSTEIN, D. M.; GONZALES, M.; HELLSTEN, U.; HYTEN, D. L.; JIA, G.; KELLY, J. D.; KUDRNA, D.; LEE, R.; RICHARD, M. M. S.; MIKLAS, P. N.; OSORNO, J. M.; RODRIGUES, J.; THAREAU, V.; URREA, C. A.; WANG, M.; YU, Y.; ZHANG, M.; UMAASA, H.; CREGAN, P. B.; ROKHSAR, D. S.; JACKSON, S. E. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, v. 46, p. 707–713, 2014.

VALENTINI, G. **Estrutura populacional e diversidade genética em acessos de feijão-comum e co-segregação dos genes *Ur-14* e *Co-34/Phg-3* da cultivar Ouro Negro**. 2015. 130f. Programa De Pós-Graduação Em Genética E Melhoramento-Universidade Estadual de Maringá.2015.

VIÇOSI, K. A.; DA SILVA, E. C.; GALVÃO, C. S.; FREITAS, I. A. S.; TEIXEIRA, I. R. Análise quantitativa da literatura científica nacional sobre o consórcio do feijoeiro comum. In: **IV Congresso de Ensino Pesquisa e Extensão da UEG**, n. 4, 2017, Goiás. Como Você Transforma o Mundo. Pirenópolis, 2017.

VOYSEST, O.; VALÊNCIA, M. C.; AMEZQUITA, M. C. Genetic Diversity among Latin American Andean and Mesoamerican Common Bean Cultivars. **Crop Science**, v. 34, ed. 4, p. 1100-1110, 1994.

WYSMIERSKI, P. T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**, 2010, 99f, Dissertação de Mestrado, Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”. 2010

CAPÍTULO II

CIENCIOMETRIA DOS ESTUDOS GENÉTICOS EM FEIJÃO-COMUM (*PHASEOLUS VULGARIS* L.)

Manuscrito elaborado e formatado (exceto idioma), conforme as normas das publicações científicas do periódico “*Scientometrics*”

Disponível em:< <https://link.springer.com/journal/11192/submission-guidelines>>

Qualis Sucupira A1

CIENCIOMETRIA DOS ESTUDOS GENÉTICOS EM FEIJÃO-COMUM (*PHASEOLUS VULGARIS* L.)

Ana Paula Viana Amurim¹. Welligton Ferreira do Nascimento²

RESUMO

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância econômica que nos últimos anos vem sendo afetada por problemas ambientais, provocando o aumento de incertezas em relação ao rendimento das colheitas. Estudos de melhoramento genético têm contribuído para o desenvolvimento de cultivares mais vantajosas que visam minimizar tais perdas. Por meio deste estudo buscou-se realizar uma análise cienciométrica da produção científica referente a estudos genéticos em feijão-comum. Através da plataforma *Web of Science*, utilizando-se as palavras-chave “*Bean*” and “*Genetic*” buscou-se selecionar os artigos sobre o tema. Realizada a busca, os resumos dos trabalhos foram analisados para filtrar os que melhor se enquadravam no escopo da pesquisa, posteriormente realizou-se a análise completa dos arquivos para o levantamento das variáveis analisadas. A busca remeteu 1.276 artigos científicos referentes aos anos de 2012 a 2020. Destes, 432 foram incluídos no estudo. A análise dos dados revelou um aumento no número de publicações durante o período avaliado, sendo o Brasil e os Estados Unidos os países que mais contribuíram com o desenvolvimento da pesquisa. Em relação ao impacto da pesquisa no meio científico, os artigos produzidos nos Estados Unidos, tiveram maior impacto. O autor que mais produziu e o que teve maior impacto na comunidade científica foi Blair, M. W. De modo geral foi verificado que a produção de conhecimento a respeito da espécie pode estar concentrada em países onde a cultura tem grande valor econômico e é uma das bases da produção agrícola, contribuindo para o desenvolvimento econômico do país.

Palavras-chave: Genética da conservação, Genética molecular, Leguminosa, Melhoramento.

ABSTRACT

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a legume of great economic importance that in recent years has been affected by environmental problems, causing increased uncertainty regarding crop yields. Genetic improvement studies have contributed to the development of more advantageous cultivars that aim to minimize such losses. Through this study, we sought to carry out a scientometric analysis of scientific production regarding genetic studies in common beans. Through the *Web of Science* platform, using the keywords “*Bean*” and “*Genetic*”, we sought to select articles on the topic. After the search was carried out, the abstracts of the works were analyzed to filter those that best fit the scope of the research, subsequently a complete analysis of the files was carried out to collect the analyzed variables. The search returned 1,276 scientific articles covering the years 2012 to 2020. Of these, 432 were included in the study. Data analysis revealed an increase in the number of publications during the period evaluated, with Brazil and the United States being the countries that contributed most to the development of research. Regarding the impact of research on the scientific world, articles produced in the United States had the greatest impact. The author who produced the most and had the greatest impact on the scientific community was Blair, M. W. In general, it was verified that the production of knowledge about the species can be concentrated in countries where culture has great economic value and is one of the bases of agricultural production, contributing to the country's economic development.

Keywords: Conservation genetics, Molecular genetics, Legumes, Breeding.

Wellington Ferreira do Nascimento



wellington.fn@ufma.br

1. Universidade Federal do Maranhão-UFMA, Centro de Ciências de Chapadinha, Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais, Rodovia MA 230, Km 04, S/N, Boa Vista, CEP:65.500-000, Chapadinha-MA, Brazil.
2. Universidade Federal do Maranhão-UFMA, Centro de Ciências de Chapadinha, Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais, Rodovia MA 230, Km 04, S/N, Boa Vista, CEP:65.500-000, Chapadinha-MA, Brazil.

5.1 INTRODUÇÃO

As alterações ambientais inegáveis promovidas pelo homem, e que tem contribuído significativamente para o aumento do aquecimento global, vem sendo motivo de preocupação para diferentes áreas de estudo (Winck *et al.*, 2022). Os efeitos inevitáveis, como a perda de biodiversidade, alterações climáticas e desequilíbrio ecológico são constantes ameaças aos diferentes ecossistemas (Brandon; Da Fonseca; Rylands; Da Silva, 2005). Até mesmo a produção agrícola encontra-se em risco, pois é fato que estas alterações têm contribuído para o aparecimento de pragas resistentes, redução de polinizadores e degradação do solo, tornando por vezes, áreas produtivas em terras desertificadas (Hougue; Breon, 2021).

O melhoramento genético tem sido uma alternativa para a minimização dos impactos sofridos na produção agrícola, pois permite o desenvolvimento de cultivares resistentes (Kumar *et al.*, 2020), que apresentem características que facilitem o seu desenvolvimento em ambientes desfavoráveis. Além de proporcionar o aumento da produtividade das plantas (Hoffmann; Barroso, 2006), sendo estas características de grande interesse agrônomo, por isso o ramo tem sido alvo de investimento cada vez maior por parte de pesquisadores de diferentes partes do mundo.

Nos últimos anos, os rápidos avanços na biologia molecular forneceram as ferramentas necessárias para tornar o melhoramento genético de plantas mais eficiente. Algumas dessas técnicas são úteis para a caracterização do germoplasma e para a identificação e localização física de características importantes nos cromossomos, como é o caso dos marcadores moleculares (Méndez-Aguilar *et al.*, 2013). Os marcadores moleculares podem auxiliar programas de melhoramento por proverem um número quase que ilimitado de possíveis alelos, ampliando possibilidade de investigação genômica nas diversas espécies (Hoffmann; Barroso, 2006).

Diferentes tipos de marcadores veem sendo utilizado como ferramenta para a elaboração de estudos sobre a diversidade genética (Khaidizar *et al.*, 2012; De La Fuente *et al.*, 2013) e melhoramento de plantas mostrando-se relevante para diferentes áreas de pesquisa. Estes também têm sido elementos fundamentais nos estudos de segregação de caracteres hereditários, na análise do comportamento de genes em populações e na reconstrução da história evolutiva de populações (Regitano; Veneroni, 2009).

Somando-se às técnicas moleculares, o advento das tecnologias digitais viabilizou várias revoluções em diversas áreas, proporcionando o surgimento de várias tecnologias que agregaram eficiência e eficácia aos novos métodos de realização dos trabalhos na Ciência (Silva; Lima; Sousa, 2022). Foi a partir da digitalização que a produção científica conseguiu atingir um patamar elevado de produção e organização, em relação aos trabalhos científicos, através das plataformas digitais, além dos trabalhos científicos atingirem com mais facilidade e rapidez as diversas áreas do globo. Ainda, se tornou possível a contribuição e a formação de parcerias entre instituições de pesquisas de diferentes países (Bertin *et al.*, 2007; Pereira, 2018).

As bases de dados acadêmicos como a *Google Scholar*, *Scielo*, *Scoop*, e *Web of Science*, têm se tornado cada vez mais úteis para a produção de pesquisas científicas, pois proporcionam um acesso a um grande acervo de publicações que vão desde capítulos de livros, livros, teses, dissertações até artigos científicos, das mais diversas áreas de conhecimento, permitindo ao autor trabalhar com interdisciplinaridade na elaboração de suas pesquisas (Melo *et al.*, 2020).

A *Web of Science* é uma das mais renomadas e confiáveis base de dados disponível como fonte de pesquisa para pesquisadores de todo o mundo, podendo ser utilizada para a elaboração de trabalhos bibliométricos e cienciométricos, e um recurso de pesquisa essencial para a construção e mensuração de novos trabalhos (Schulz, 2021). Através da utilização de dados existentes na plataforma, buscamos por meio deste trabalho identificar possíveis lacunas de conhecimento e/ou evolução temporal de trabalhos na área de genética da espécie de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) no intuito de buscar embasamento para a elaboração de estratégias de manejo e conservação, tomada de decisões e servir como referência para elaboração de futuros estudos relacionados a espécie.

Desta forma o objetivo principal deste trabalho foi realizar uma análise cienciométrica da produção científica referente a estudos genéticos em feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*). Tendo em vista que ao nosso conhecimento, nenhum trabalho de Cienciométrica se propôs a analisar a produção de trabalhos voltados à área de genética.

6. METODOLOGIA

6.1 Levantamento de dados e variáveis

Os artigos sobre estudos genéticos de feijão-comum foram obtidos através da busca de trabalhos publicados entre 2012 e 2020 no banco de dados *Web of Science* (<https://access.clarivate.com/login>), devido ao fato da mesma ser uma base de dados multidisciplinar e estar entre as mais confiáveis para utilização em estudos sobre averiguação de produções científicas (Soares *et al.*, 2016).

Para a filtragem e seleção prévia dos trabalhos, utilizou-se as seguintes palavras-chave: “*Bean*” and “*Genetic*”. Os artigos foram selecionados com base no título e resumo. Trabalhos de revisões não foram incluídos nas análises, uma vez que estes geralmente não apresentam dados novos, mas sim, um compilado de dados publicados por outros autores, sendo assim dispensáveis à pesquisa.

A busca foi realizada na plataforma usando os seguintes filtros: período de publicação, tipo de documento artigo, e pelas seguintes categorias: Ciências Vegetais; Agronomia; Genética; Horticultura; Bioquímica e Biologia Molecular; Ecologia; Biologia evolutiva; Biologia Celular; e Conservação da Biodiversidade.

Após a leitura do resumo para ter a certeza de que o artigo estava no escopo do trabalho, foram extraídos os seguintes 7 dados: (i) periódico onde o artigo foi publicado, (ii) ano de publicação, (iii) primeiro autor, (iv) instituição de pesquisa do primeiro autor e (v) países envolvidos, (viii) tipo de ferramenta utilizada, (ix) estatística utilizada para análise, (x) número de citações na base de dados.

O *InCites Journal Citation Reports* (JCR), publicado em 2019, foi a ferramenta usada para calcular o Fator de Impacto (FI) das revistas (Figura 5). O Fator de Impacto dos periódicos científicos é um dos instrumentos bibliométricos existentes e tem como objetivo principal aferir a produção científica dos autores, a qualidade das publicações e classificar os periódicos científicos (Ruiz; Greco; Braille, 2009). Segundo Glänzel Moed (2002) essa métrica foi introduzida por Eugene Garfield, publicado anualmente no JCR.

Para realizar o cálculo do FI, o método proposto por Glänzel e Moed (2002) foi o escolhido, onde (FI) é o fator de impacto, (T-1) é o ano anterior, (T-2) é o segundo ano anterior, divididos pela soma do número total de artigos publicados nos dois últimos anos (X), sendo: $FI = (T - 1) (T-2) / X$.

O Índice de Diversidade de *Shannon-Wiener* (H'), também chamado de Índice de *Shannon-Weaver*, criado por Claude Elwood Shannon em 1949, foi utilizado para estimar diversidade de revistas que publicaram trabalhos na área.

As tendências no número de publicações por periódico foram obtidas aplicando a função *biblioshiny* ao ativar o pacote *bibliometrix* R na plataforma R Core Team (2023). Já as tendências temporais no número de artigos publicados entre 2012 e 2020 foram analisadas utilizando a base de dados do Thomson-ISI. Para isso, o número de artigos obtidos em cada ano foi dividido pelo número total de artigos encontrados na base de dados e esse valor foi multiplicado por 1.000, removendo assim o efeito da tendência geral de aumento no número de publicações científicas.

6.2 Organização da comunidade científica

Análise bibliográfica de rede de acoplamento usando o programa VOSviewer® v.1.6.6 (Van Eck; Waltman 2010) foi elaborada para descrever o estado da arte geral de publicações em genética do feijão-comum. As figuras geradas através do software VOSviewer® foram mapas baseados na distância entre pontos, onde a distância entre os pontos reflete na relação entre eles. Os círculos nos mapas representam conexões, sendo que quanto mais conexões um círculo tiver, maior será o seu tamanho.

6.3 Áreas de pesquisa e descrição dos principais tópicos dos artigos

A classificação foi realizada de forma manual, onde os artigos foram agrupados em oito áreas diferentes: caracterização agro morfológica do germoplasma, desenvolvimento de marcadores, caracterização molecular do germoplasma, pré-melhoramento, melhoramento clássico, melhoramento molecular, mapeamento e seleção assistida por marcadores.

Tabela 2. Descrição das oito subáreas utilizadas para classificação das produções científicas publicadas sobre o feijão-comum entre os anos de 2012 a 2020.

Subáreas da genética				Descrição das subáreas
Caracterização	agro	morfológica	do	Incluimos nesta subárea os artigos que buscavam avaliar e descrever a diversidade genética da espécie com base em descritores morfológico.
germoplasma				
Desenvolvimento de marcadores				Incluimos nesta subárea os artigos que buscavam descrever novos marcadores genéticos existentes no genoma da espécie.
Caracterização molecular do germoplasma				Incluimos nesta subárea os artigos que buscavam avaliar e descrever a diversidade genética da espécie com base em descritores moleculares.
Pré-melhoramento				Incluimos nesta subárea os artigos que buscavam identificar e mapear características vantajosas, tanto moleculares quanto morfológicas, e apontar

	genótipos como candidatos ao melhoramento genético da espécie.
Melhoramento clássico	Incluimos nesta subárea os artigos que buscaram realizar o melhoramento genético por meio de cruzamentos entre geração.
Melhoramento molecular	Incluimos nesta subárea os artigos que buscaram aumentar o rendimento e produção da espécie por meio do melhoramento molecular das cultivares.
Mapeamento	Incluimos nesta subárea os artigos que buscaram mapear genes ou QTLs no genoma da espécie.
Seleção assistida por marcadores	Incluimos nesta subárea os artigos que buscaram selecionar genótipos, por meio da identificação e mapeamento de características vantajosas, com o auxílio de marcadores moleculares.

6.4 Marcadores utilizados nos trabalhos analisados

Foi realizada uma busca para obter informações sobre os marcadores agro morfológicos e/ou moleculares empregados nos artigos. A tendência temporal foi empregada para avaliar a distribuição do uso de diferentes classes de marcadores ao longo do tempo. As análises dos dados foram realizadas utilizando-se análises de frequência simples através da produção e tabulação de uma matriz binária de presença (1) e ausência (0) em software Microsoft office Excel.

7. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Realizada a pesquisa em 5 de junho de 2023, a plataforma *Web of Science* remeteu um total de 1.276 artigos para a posterior análise e triagem das informações. Destes, um total de 432 artigos estavam de acordo com escopo da pesquisa e, portanto, foram incluídos para a análise.

Apesar de incluirmos o filtro de intervalo de tempo de 2012 a 2020, a plataforma remeteu cinco artigos referentes ao ano de 2011. Acredita-se que este fato se deu possivelmente por estes terem sido indexados na plataforma somente no ano seguinte ao ano de publicação. No entanto, para mantermos os critérios da pesquisa não os incluimos nas análises, dessa forma mantendo apenas 432 arquivos.

Analisando o gráfico de variação temporal, pode-se observar um aumento moderado de publicações do ano de 2012 a 2015 com uma leve queda nos anos de 2016 e 2017, seguido de um aumento gradual e considerável a partir do ano de 2018 chegando ao número de 65 publicações em 2020 (Figura 1.).



Figura 1. Variação temporal no número de publicações na área de genética envolvendo o feijão-comum entre os anos de 2012 a 2020.

Dos 432 artigos publicados, o artigo que apresentou maior número de citações na plataforma, com (823 citações), foi produzido por pesquisadores dos Estados Unidos da América (Figura 2). Este, de autoria de Schmutz *et al.*, publicado em 2014 e intitulado “*Um genoma de referência para feijão comum e análise genômica de domesticações duplas*”, sendo submetido ao periódico “Nature Genetics” que apresenta também o maior fator de impacto (JCR = 30.8). Essa quantidade de citações e o auto índice JCR, possivelmente deve-se ao fato de que, por ser um mapeamento do genoma da espécie, o estudo serve de base para todos os estudos, relacionados a mesma, na área da genética.

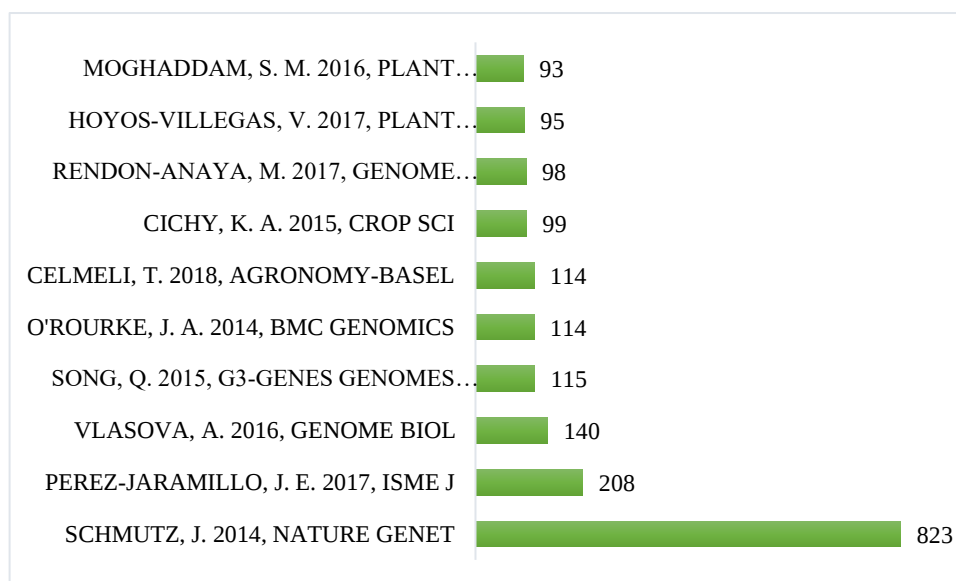


Figura 2. Documentos mais citados globalmente, durante os anos de 2012 a 2020 para estudos genéticos de feijão-comum.

O segundo autor mais citado foi Perez-Jaramillo, J. E., autor colombiano vinculado ao Instituto Holandês de Ecologia (Nioo-Knaw). Com a publicação em 2017 do artigo intitulado “*Linking rhizosphere microbiome composition of wild and domesticated Phaseolus vulgaris to genotypic and root phenotypic traits*”, em português; “Vinculando a composição do microbioma da rizosfera de *Phaseolus vulgaris* selvagem e domesticado a características genotípicas e fenotípicas de raiz”.

Neste trabalho o autor, em parceria com mais 8 autores (4 holandeses, 3 brasileiros e 1 colombiano), faz uma investigação sobre a relação genética, das características fenotípicas das raízes e a composição da comunidade rizo bacteriana de acessos modernos e selvagens de feijão-comum, cultivados em solo agrícola das terras altas da Colômbia, um dos centros de diversificação do feijão-comum. Para tanto utilizaram genotipagem e fenotipagem baseada na tecnologia *Diversity Array* de acessos locais de feijoeiro. A metodologia empregada na análise permitiu-lhes constatar a existência de diferenças genéticas e arquitetônicas radiculares significativas entre acessos selvagens e modernos, com um comprimento de raiz específico maior para os acessos selvagens (Perez-Jaramillo *et al.*, 2017).

Analisando o gráfico de autores mais citados, e com base nos argumentos de Silva e Bianchi (2001), que afirmam que o número de citações recebidas por um artigo é um indicador de influência ou impacto que o seu conteúdo produziu na comunidade científica da área, pode-se constatar que apesar de o Brasil possuir uma literatura vasta de conhecimento publicada sobre o tema, não há grande influência desses estudos sobre a comunidade científica da área, uma vez que o país não ficou entre o ranking dos autores de maior impacto.

Ao analisar o gráfico de citações, constata-se que os autores Schmutz, Song, O’rourke, Cichy, Hoyos e Moghaddam, são todos dos Estados Unidos, o que reforça mais uma vez que as publicações do país possuem maior influência para a comunidade científica da área. Além disso apenas outros quatro países (Holanda, Espanha, Turquia e México) são representados pelos 10 autores mais citados, (Perez-Jaramillo, Vlasova, Celmeli e Rendon-Anaya), respectivamente.

Quanto aos países que mais contribuíram para o desenvolvimento de pesquisas sobre genética do feijão-comum, pode-se destacar: o Brasil, em primeiro lugar, seguido dos Estados Unidos da América e Espanha, com 142, 70 e 30 publicações, respectivamente (Figura 3). Apesar de o Brasil ser um forte gerador de pesquisa na área, os Estados Unidos se destacam com um maior número de interações entre os diferentes países, revelado pela rede de interação entre coautores, formando parcerias com a Argentina, Brasil, diversos países ao leste do continente Africano, Austrália, China, Espanha, Noruega, Suécia e Índia (Figura 3.).

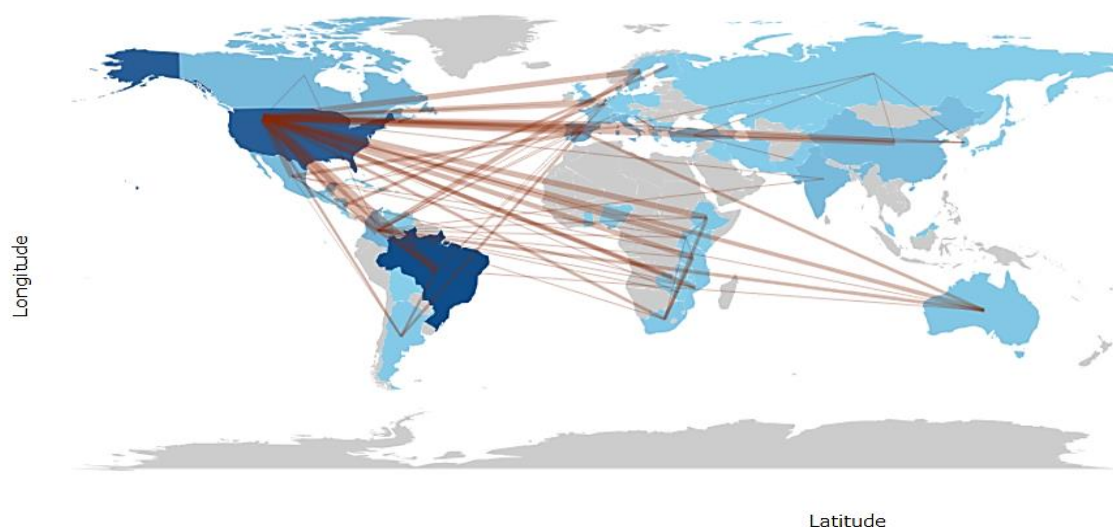


Figura 03. Principais países que contribuíram para o desenvolvimento de pesquisas genéticas do feijão comum entre os anos de 2012 a 2020: Brasil (142), Estados Unidos da América (70), Espanha (30), Índia (21), Turquia (21); Itália (20); Canadá (18); China (16); Colômbia (13); México (12); Etiópia (5); Servia (4); Austrália (3); Cuba (3); França (3); Grécia (3); Nicarágua (3); Paquistão (3); Porto Rico (3); Suécia (3); Uganda (3); Zâmbia (3); Argentina (3);África do Sul (2); Argentina (2) Bélgica (2); Eslovênia (2).

A posição do Brasil deve estar associada ao fato de o país ser o maior produtor da cultura e possuir programas de melhoramento genético patrocinados pelo governo através da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA (Embrapa, 2018a). Esta empresa, criada no início dos anos 70, surgiu como necessidade de superar a crise de abastecimento existente na época. Baseada na união de ciência e tecnologia, esta empresa inovadora tem um modelo de organização de utilidade pública, com escala de operação a nível nacional (Marra, Souza e Alves, 2013).

Sua fundação foi fortemente financiada pelo governo federal, algo em torno de seis bilhões de dólares, foram gastos nos primeiros 12 anos da empresa, tornando viável seu desenvolvimento científico e tecnológico o que lhe permitiu alcançar reconhecimento e respeito junto a população e a mídia (Marra, Souza e Alves, 2013).

De modo geral percebemos que a produção de conhecimento a respeito da espécie pode estar concentrada em países onde a cultura tem grande valor econômico e é uma das bases da produção agrícola, contribuindo para o desenvolvimento econômico do país. Isto corrobora com os resultados de Marks et al.

(2023) em que os autores evidenciam que a vasta maioria dos estudos sobre plantas está voltado às espécies de interesse agrícola economicamente importante.

Porém, levando-se em conta este argumento, seria de se esperar que os países Myanmar e Índia que também são grandes produtores mundiais de feijão-comum (Coelho, 2021) ficassem próximos ao Brasil, em relação a quantidade de publicações sobre a espécie. Uma hipótese para essa explicação seria de que os países em questão ainda possuem poucos recursos para o desenvolvimento de pesquisas genética, visto que possuem baixo índice de desenvolvimento. Como relatam Marks et al. (2023), a pesquisa e publicação de trabalhos científicos está relacionada ao potencial econômico dos países, sendo que os países que mais desenvolvem pesquisa são as nações de renda-média alta.

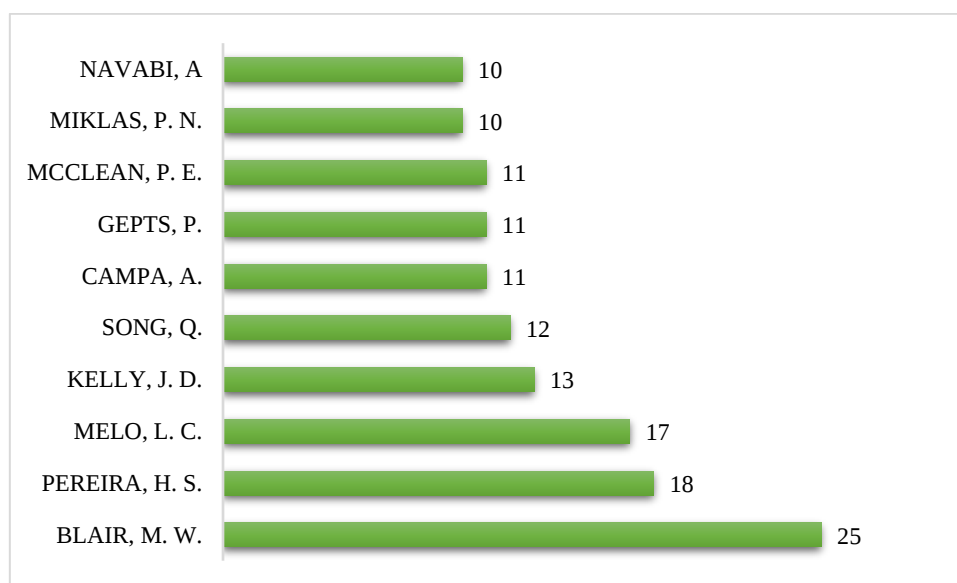


Figura 4. Autores de maior relevância para a produção científica de estudos genéticos do feijão comum entre os anos de 2012 a 2020.

Os autores de maior relevância para a área de pesquisa foram Blair, M. W., que participou como autor em 25 trabalhos, Pereira, H. S. contribui n elaboração de 18 trabalhos; Melo, L. C. participou em 17 produções; Kelly, J. D., com 13 artigos; Song, Q. com 12; Campa, A. e Gepts, P. e Mcclean, P. E. com 11 cada e por fim, Miklas, P. N. e Navabi, A. com 10 publicações (Figura 4.). Estes autores também foram os que mais se destacaram formando parcerias internacionais e elaborando suas produções científicas em parceria com pesquisadores de diferentes países, proporcionando assim a troca de conhecimento entre diferentes países (Figuras 4 e 5).

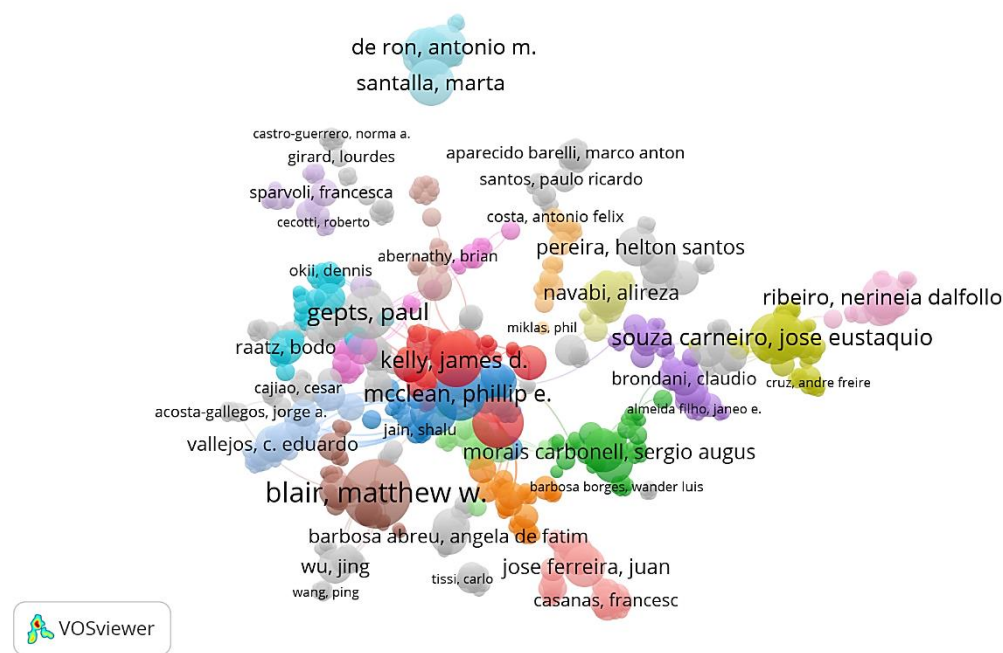


Figura 5. Rede de interação e coautoria entre os autores dos artigos sobre genética do feijão-comum, publicados entre os anos de 2012 a 2020.

Blair Matthew W. é professor associado de pesquisa na Universidade Estadual do Tennessee (TSU) em Nashville, Tennessee, onde conduz projetos de melhoramento e genética em leguminosas e plantas dicotiledôneas C4, como o amaranto cultivado, feijão-comum, feijão-caupi e feijão-mungo. Este pesquisador desenvolve também projetos adicionais em melhoramento de leguminosas com tolerância ao estresse abiótico (seca, salinidade e toxicidade do alumínio).

Analisando seu perfil, pode-se perceber que é um autor de renome em sua área tendo 491 publicações, sendo citado, até a data de elaboração desta dissertação, num total de 18.758 vezes e tendo parceria com autores de diversos países na produção científica, fato também esse evidenciado pela rede de interações gerada por meio do programa VOSviewer®, que também evidenciou o autor com o maior número de correlação (Figura 5.).

As instituições de pesquisa que mais participaram das produções foram a Universidade Federal de Viçosa, Universidade Federal de Lavras, localizadas no estado de Minas Gerais, região Sudeste; a Universidade Federal de Santa Maria localizada no estado do Rio Grande do Sul, região sul; e a Embrapa Arroz e Feijão, que tem sua sede no estado de Goiás. Todas estas são instituições brasileiras (Figura 6.), demonstrando mais uma vez que entre os anos de 2012 a 2020 o Brasil foi o país que mais produziu pesquisas sobre estudos genéticos de feijão-comum.

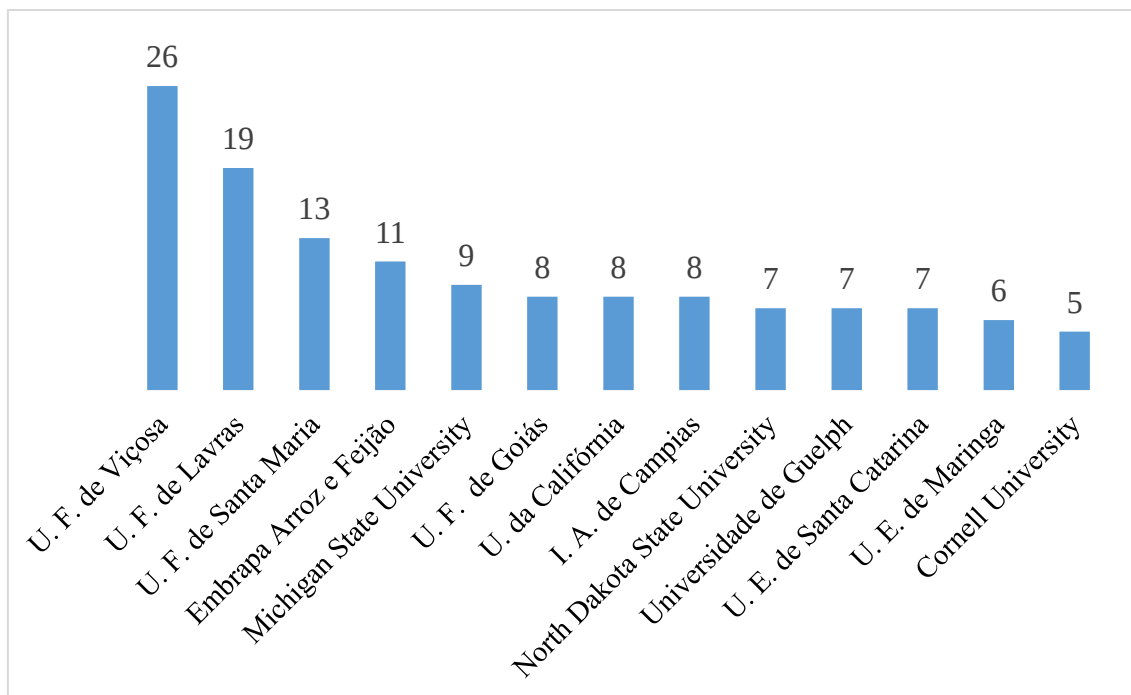


Figura 6. Instituições de pesquisa que mais participaram das produções sobre genética do feijão comum entre os anos de 2012 a 2020.

Estas quatro instituições estão localizadas em três dos cinco principais estados produtores de feijão-comum do país, estando também entre os estados que apresentam maiores níveis de produtividade (Embrapa, 2021). Pode-se perceber que a pesquisa brasileira é em sua grande maioria fomentada e financiada por instituições governamentais pois praticamente toda a produção científica é oriunda de instituições públicas, no caso das universidades, e ou empresa pública, como a EMBRAPA.

Segundo Parra et al. (2019), no Brasil, os programas de Pós-Graduação começaram a ter relevância para as políticas de governo a partir dos anos 60, ganhando um amparo legal na década seguinte, a partir da institucionalização dos cursos de pós-graduação, em 1970, com a Lei 5.540/68. Dessa forma com o passar dos anos, os programas de pós-graduação tornaram-se o maior polo gerador da produção científica brasileira. A partir daí, com a produção científica e a formação de profissionais em nível de Mestrado e Doutorado, a ciência brasileira apresentou um crescimento exponencial ao longo deste período, fazendo com que o Brasil atingisse em 2015 o primeiro lugar na América Latina e 23º no ranking global em produção científica.

Pabon et al. (2020) em seu trabalho de análise cienciométrica sobre café, também destacaram as universidades brasileiras de Lavras e de Viçosa como as principais instituições de pesquisa. Em seu trabalho, o Brasil também foi o país com maior número total de artigos publicados, sendo cinco das dez primeiras instituições pertencentes a este país, seguido pelos Estados Unidos da América e França. Os autores atribuem essa participação ao valor econômico da cultura para o país.

Todas as publicações estão distribuídas entre 116 periódicos sendo que o que apresentou mais publicações foi a revista *Crop Science*, com 33 arquivos que corresponde a 7,6% das publicações, seguida das revistas *Euphytica* e *Frontiers In Plant Science* com 28 publicações cada, correspondente a 6,5% do

total, a *Genetics And Molecular Research* com 24 artigos, 5,6% das publicações e a *Theoretical And Applied Genetics* com 21 publicações 4,9% do total (Figura 7.).

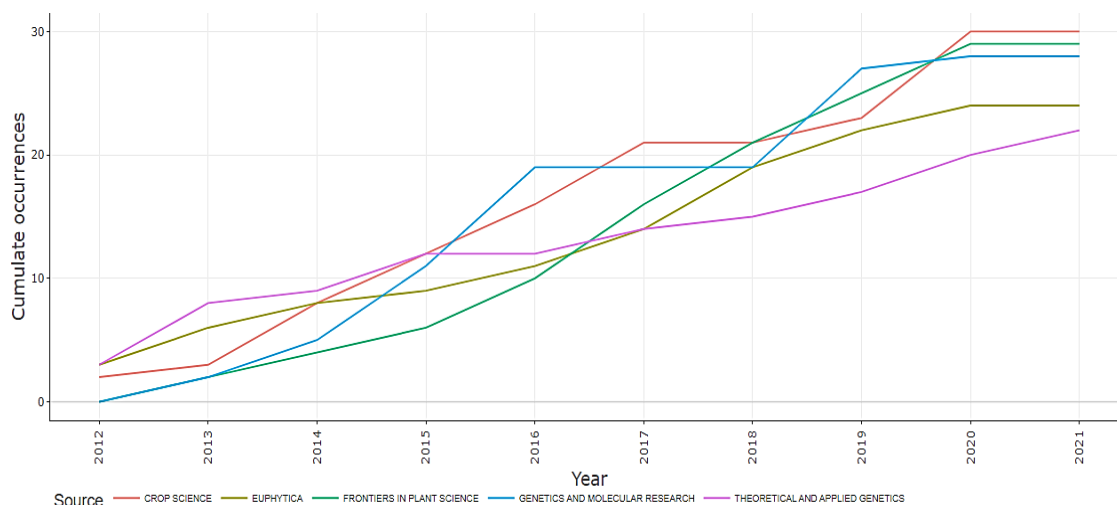


Figura 7. Periódicos que apresentaram maior número de publicações sobre genética do feijão-comum entre os anos de 2012 a 2020.

A *Crop Science* é uma revista internacional publicada bimestralmente desde 1961, é a publicação oficial da *Crop Science Society of America* (CSSA) e publica avanços científicos significativos em ciência agrícola. Os artigos originais publicados na *Crop Science* são agrupados por assunto nas seguintes áreas: melhoramento de culturas e genética; recursos genéticos vegetais; genômica, genética molecular e biotecnologia; culturas para nutrição e saúde; Fisiologia e metabolismo das culturas; fisiologia, produção e tecnologia de sementes; ecologia, manejo e qualidade das culturas; ciência do gramado; forragens e pastagens (Ritchie, 2024).

Os periódicos que exerceram maior impacto na comunidade científica local foram: *Frontiers In Plant Science* com média de impacto 20 em seguida a *Theoretical And Applied Genetics* com média 15, a *Molecular Breeding* com média 14, *Crop Science* com média 12, seguida das revistas *Euphytica* com média 11, *Genetic Resources and crop Evolution* com média 9; *Crop Breeding and Applied biotechnology* e *Genetics and Molecular Research* ambas com média 8 cada e por fim as revistas *Agronomy-Basel* e *BMC Plant Biology* ambas com média 6 (Figura 8.).

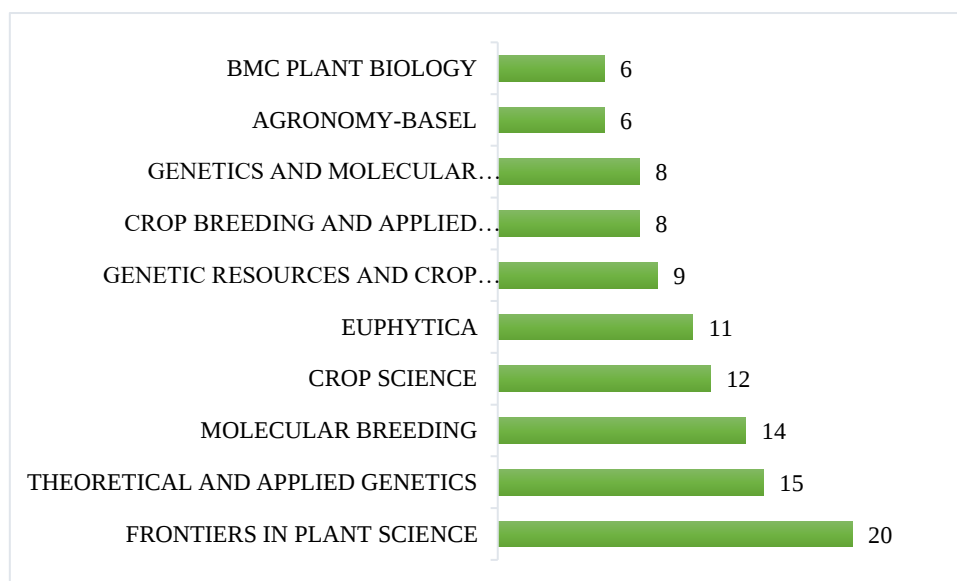


Figura 8. Periódicos que exercem maior impactos sobre as publicações estudos sobre genética de feijão-comum entre os anos de 2012 a 2020, e exercem maior impacto na comunidade científica local.

O índice de diversidade de *Shannon-Wiener* (H') calculado para os periódicos foi maior referente ao ano de 2020 com índice de 0,29 (Figura 9), demonstrando que a diversidade de periódicos foi maior neste ano em comparação aos anos anteriores, revelando que houve maior variabilidade de revistas que publicaram sobre o tema neste ano.

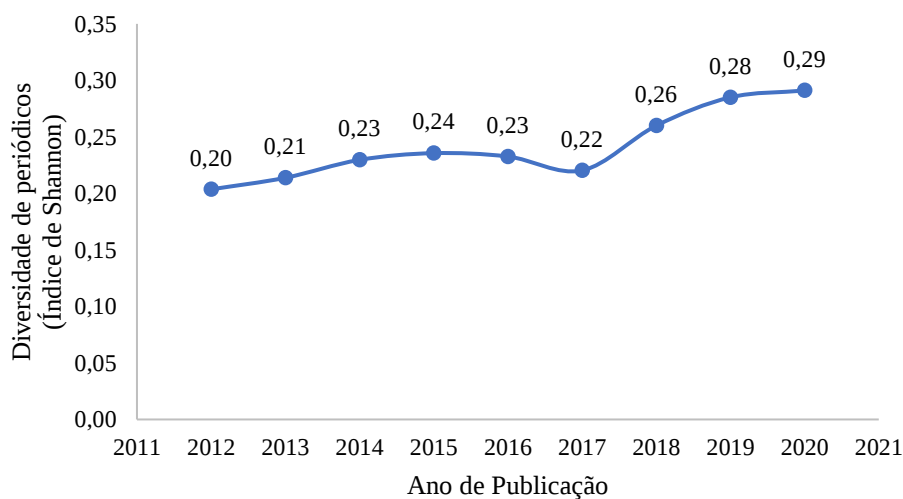


Figura 9. Índice de diversidade de Shannon dos periódicos em que os trabalhos foram publicados, no período de 2012 a 2020.

Em relação aos termos mais relevantes em publicações sobre a genética do feijão-comum, observou-se a tendência das temáticas em publicações (Figura 10.). O resultado mostrou que os termos “*Phaseolus vulgaris*” e “*Phaseolus vulgaris L.*” prevaleceram sobre qualquer outro, pelo fato, principalmente, de se tratar do nome científico da espécie. Foram encontrados 46 termos distribuídos em 9 grupos (Figura 10).

As subáreas mais representadas pelos estudos foram pré-melhoramento, com 195 publicações, e caracterização agromorfológica e molecular do germoplasma, com 95 e 77 publicações respectivamente (Figura 11). Este fato pode estar associado a importância destas subáreas para a produção de conhecimento prévio sobre a diversidade genética dos genótipos de interesse para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético a posteriori.

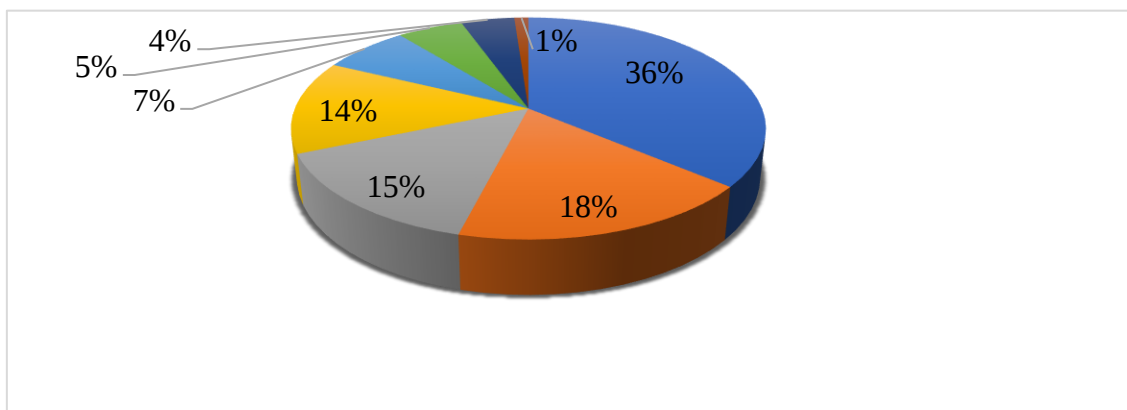


Figura 11. Distribuição das publicações analisadas entre os anos de 2012 a 2020, nas diferentes Subáreas da genética. Pré-Melhoramento 36%, Caracterização agro morfológica 18%, Caracterização molecular 15%, Mapeamento 14%, Melhoramento clássico 7%, Desenvolvimento de marcadores 5%, Seleção assistida por marcadores 4%, Melhoramento molecular 1%.

De acordo com Burle e Oliveira (2010), a caracterização é uma atividade essencial no manejo de coleções de germoplasma *ex situ*. Esta, consiste em obter dados para descrever, identificar e diferenciar acessos de uma mesma espécie. Ela deve permitir a discriminação relativamente fácil entre fenótipos e fornecer as primeiras estimativas de variabilidade dentro da coleção de germoplasma. Devido a isto, a caracterização é a base para identificar e fornecer uma medida de integridade genética dos acessos que estão sendo conservados, fornecendo também informações úteis para o manejo das coleções por meio de descritores.

As subáreas menos representadas foram Seleção assistida por marcadores e Melhoramento molecular com apenas 8 representações (Figura 11). A SAM consiste em integrar a genética molecular com a seleção fenotípica, através da procura de alelos desejáveis indiretamente por meio do uso de marcadores ligados. Quanto mais próximo o marcador encontra-se do gene, mais eficiente é o processo. Já o melhoramento molecular consiste em um conjunto de abordagens que compreende informações genéticas, na escala de moléculas (DNA, RNA e proteínas) e suas interações (Carneiro, 2013).

Quanto às ferramentas de análise, as mais utilizadas pelos autores foram a caracterização agro morfológica, Sequenciamento, marcadores microsatélites - SSR e bioquímico (isoenzimas) sendo utilizadas em 215, 100, 97 e 46 trabalhos respectivamente (Figura 12). Sendo que a primeira categoria é geralmente uma das bases para o melhoramento, pois é através de seleção de características fenotípicas de interesse agrônomo que os genótipos de interesse são selecionados e posteriormente encaminhados a análise molecular para mapeamento e seleção de genes de interesse. Conforme afirmam Vaz; Moraes Junior e Peixoto. (2017), os primeiros passos para programas de melhoramento são a caracterização e avaliação da diversidade genética dos genitores o que permite uma gestão eficiente do germoplasma reprodutor e a

definição do melhor cruzamento. Muitas vezes o melhoramento se dá apenas pela seleção fenotípica, o “chamado melhoramento clássico”, que envolve apenas cruzamentos entre genótipos sem a necessidade de técnicas moleculares.

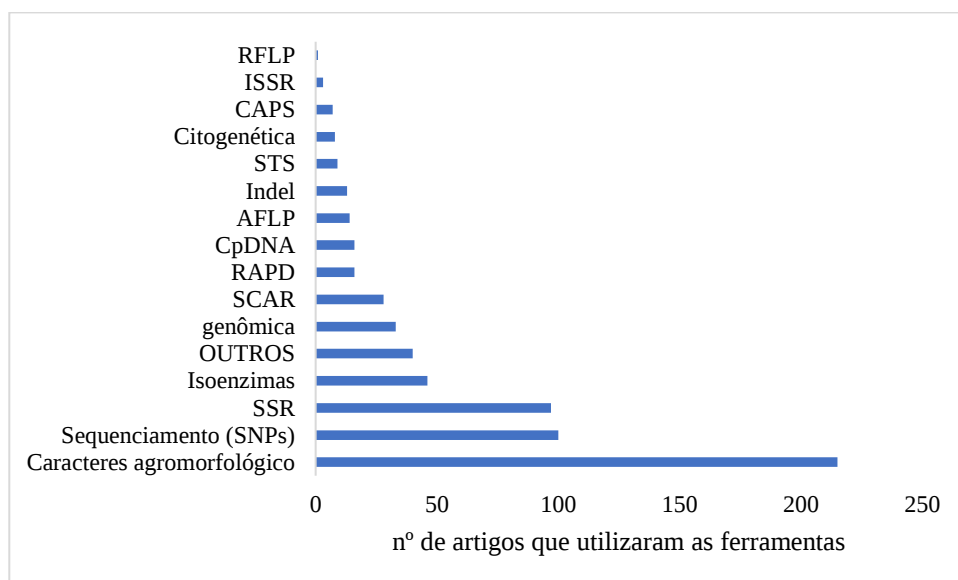


Figura 12. Ferramentas utilizadas para estudo do feijão-comum nos artigos analisados e publicados de 2012 a 2014. Caracteres agro morfológica; Sequenciamento; SSR (Simple sequência repetida); Isoenzimas; SCAR (Região Amplificada Caracterizada por Sequência); RAPD (DNA polimórfico amplificado aleatoriamente); CpDNA (DNA de cloroplasto); AFLP (Polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado); Indel (Inserção/Deleção); CAPS (Sequências polimórficas amplificadas clivadas); STS (Sítios Marcados por Sequências); ISSR (Repetições inter sequência simples); Outros : POGP (Polimorfismo do gene da peroxidase); CAPS (sequência polimórfica amplificada clivada).

O conhecimento sobre o sequenciamento de DNA pode ser útil em praticamente qualquer área da biologia, medicina e biotecnologia. Com ela, é possível descrever estudos evolutivos e filogenéticos, buscar doenças genéticas, realizar clonagem gênica e melhorar a reprodução dos seres vivos (Silva; Lima; Sousa, 2022).

Os marcadores SSR são muito utilizados em estudos genéticos de plantas (Silva Junior et al., 2020). Segundo Schneider et al. (2018) essa classe de marcadores apresenta algumas vantagens em suas análises, como possuir expressão codominante; são hipervariáveis no que diz respeito ao número de alelos por *locus* e, por isso, têm se tornado uma fonte importante de marcadores genéticos polimórficos. São muito frequentes e distribuídos ao acaso ao longo de todo o genoma e a existência de conservação de sítios de microssatélites entre espécies relacionadas torna possível, em alguns casos, a utilização de iniciadores obtidos em uma espécie, para outras espécies afins (iniciadores heterólogos). Por estas razões, geralmente são a classe de marcadores mais utilizadas por geneticistas de diversas áreas.

Já o fato das isoenzimas também serem muito utilizadas nos trabalhos analisados neste estudo, pode ser motivado pelas diferenças significativas existentes em relação aos teores de diversas proteínas, e principalmente, aos tipos de faseolina presentes nos diversos genótipos do feijão-comum. A faseolina é

uma enzima encontrada na espécie, que por apresentar variações de um genótipo para outro, principalmente entre genótipos dos grupos gênicos Andino e Mesoamericano (Freitas, 2006), onde o primeiro é caracterizado por produzir faseolina do tipo T e o segundo tipo S, são muitas vezes utilizadas para a distinção e classificação dos genótipos dentro dos dois grandes pools gênicos de origem.

As ferramentas caracterização agro morfológica, sequenciamento, SSR, genômica, isoenzima e ISCAR, revelaram-se frequentes em todos os anos analisados. Mesmo que em menor quantidade, as demais ferramentas ocorreram esporadicamente durante os anos (Figura 13.).

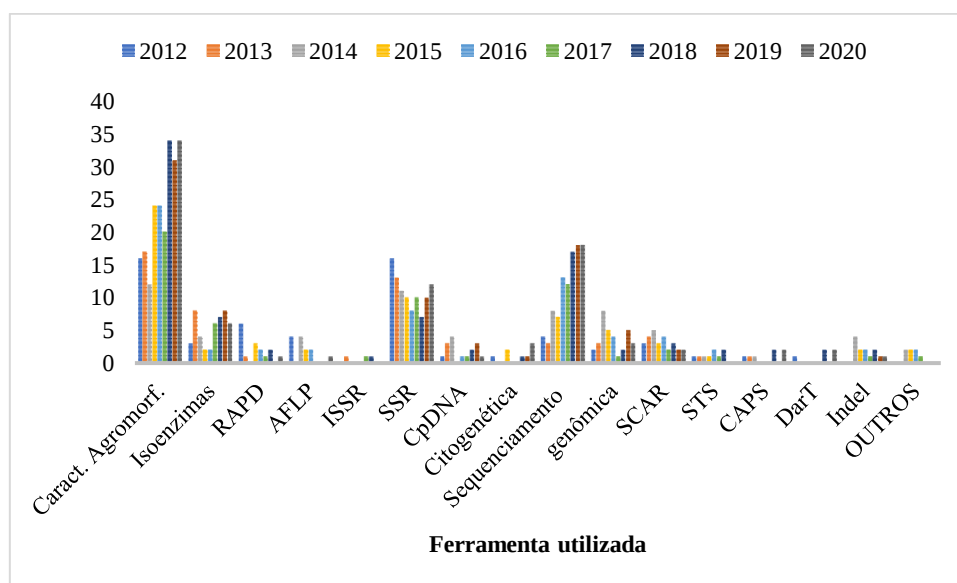


Figura 13. Gráfico de ocorrência das ferramentas durante os anos.

Os métodos estatísticos mais utilizados foram: Análise de variância (ANOVA), em 29 trabalhos; análise de componentes principais (APC), em 18; agrupamento por matriz UPGMA, em 16 trabalhos; e o conteúdo de informação polimórfica (PIC), em 15 trabalhos (Figura 14). Os dois primeiros métodos estatísticos são mais frequentes, pois são utilizados para os mais diversos tipos de análises, principalmente para a caracterização da diversidade genética fenotípica e/ou genotípica e análise de agrupamento por meio de componentes principais. Já as duas últimas são geralmente utilizadas em trabalhos de análise molecular.

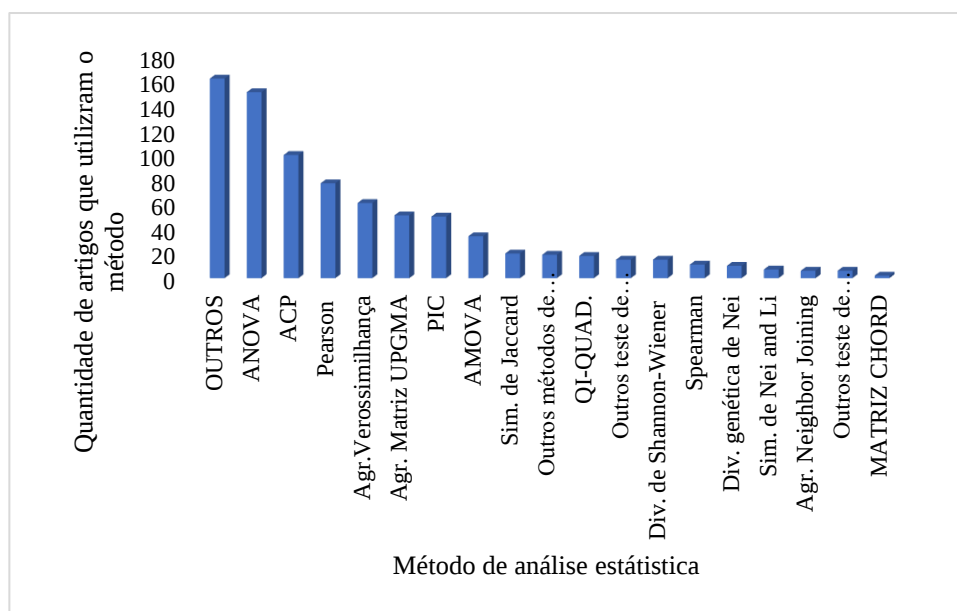


Figura 14. Métodos estatísticos utilizados como ferramenta de análise nos trabalhos publicados entre os anos de 20 a 2020. Outros métodos estatísticos; Análise de Variância (ANOVA); Análise de componentes Principais (ACP); Correlação de Pearson; Método de agrupamento por Verossimilhança; Método de Agrupamento por Matriz UPGMA; Conteúdo de informação Polimórfica (PIC); Análise de Variância Molecular (AMOVA); Índice de Similaridade de Jaccard; Outros métodos de agrupamento; Teste QI-quadrado; Outros índices de similaridade; Diversidade de Shannon-Wiener; Correlação de Spearman; Diversidade genética de Nei; Índice de Similaridade de Nei and Li; Método de agrupamento de Neighbor Joining; Outros índices de diversidade; Matriz Chord.

Segundo Souza et al. (2016) Os valores calculados de distância são empregados na construção de dendrogramas utilizando-se o método UPGMA, permitindo uma melhor visualização de forma hierárquica, pela formação de agrupamentos, da similaridade genética das populações. Devido a isto, esta análise estatística é muito empregada por pesquisadores para estimar grau de parentesco entre espécimes analisados.

8. CONCLUSÃO

Ao avaliarmos a produção científica referente aos estudos genéticos de feijão-comum, publicadas entre os anos de 2012 a 2020, foi possível identificar um contínuo crescimento das publicações. Constatamos que as principais subáreas da genética abordadas pelos artigos foram o pré-melhoramento, a caracterização agro morfológica e a caracterização molecular do germoplasma. A predominância destas subáreas, revela que há acúmulo considerável de conhecimento sobre a diversidade genética da espécie, porém os estudos que buscam apropriar-se deste conhecimento e aplicá-los ao melhoramento, ou até mesmo, estudos que comprovam a eficácia das cultivares melhoradas, ainda estão bem aquém do que se espera, dado o vasto acervo de informações existente sobre a espécie. É necessário maiores investimentos em estudos de melhoramento genético, propriamente dito, principalmente no Brasil que detém de um acervo muito grande de informações sobre a diversidade local, porém ainda necessário explorar melhor esse conhecimento.

9. CONSIDERAÇÕES FINAIS E PERSPECTIVAS FUTURAS

A pesquisa evidenciou que houve crescimento contínuo das publicações relacionadas a genética do feijão-comum, principalmente de estudos que visam a exploração e conhecimento da diversidade fenotípica e genotípica da espécie. Isto se dá principalmente pelo interesse dos pesquisadores, em produzir genótipos resistentes aos diversos desequilíbrios ecológicos atuais e previstos para um futuro próximo.

Constatamos que apesar de o Brasil ser o país que mais publica trabalhos na área, a pesquisa brasileira ainda exerce pouco impacto para a comunidade científica de forma geral. Uma possível resposta seria o fato de que a maioria dos trabalhos publicados ainda é produzido com o auxílio de técnicas basais da genética, como melhoramento clássico e caracterização agro morfológica, com poucos trabalhos que envolvem análise molecular, o que torna a pesquisa de certa forma “limitada”.

Isso ocorre possivelmente devido aos custos elevados de equipamentos e reagentes, necessários à elaboração de qualquer estudo de análise genômica e molecular, que exige um investimento alto de recursos tanto material, quanto de pessoal qualificado para a elaboração de análises e manuseio de equipamentos.

Ainda se observou que a produção de pesquisa, na área de genética do feijão-comum, no Brasil é concentrada em instituições públicas e por consequência financiada fortemente pelo governo federal. Dessa forma destacamos a necessidade de o Brasil investir mais em recursos tanto material, quanto de pessoal qualificado para a elaboração de análises e manuseio de equipamentos. Além de firmar parcerias internacionais com outros países como os Estados Unidos e com outros países que têm interesse econômico e social pela cultura, por exemplo a Índia e Myanmar.

REFERÊNCIAS

- BERTIN, P. R. B.; FORTALEZA, J. M.; SUHET, A. R. Paradigma atual da comunicação científica e introdução da revista Pesquisa Agropecuária Brasileira (PAB) no canal eletrônico. **Perspectivas em Ciência da Informação**. v. 12, n. 3, p. 83-95, 2007. <https://doi.org/10.1590/S1413-99362007000300007>.
- BRANDON, K.; DA FONSECA, G. A. B.; RYLANDS, A. B.; DA SILVA, J. M. C. Conservação brasileira: desafios e oportunidades. **Megadiversidade**, v. 1, n. 01, p. 7-13, 2005.
- BURLE, M. L.; OLIVEIRA, M. S. P. Manual de Curadores de Germoplasma – Vegetal: Caracterização Morfológica. **Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**, Brasília, DF, p. 15, 2010.
- CARNEIRO, M. S. Melhoria molecular. **Revista Opiniões**. Disponível em:<<https://sucroenergetico.revistaopinioes.com.br/en/revista/detalhes/18-melhoramento-molecular/>>. Acesso em: 18 jul. 2024.
- COELHO, J. D. **Feijão: Produção e mercados**. Escritório Técnico de Estudos Econômicos do Nordeste – ETENE, v. 6, n. 197, 2021. Disponível em:<https://www.bnb.gov.br/s482dspace/bitstream/123456789/1031/1/2021_CDS_197.pdf>. Acesso em: 17 out. 2023.
- DE LA FUENTE, M.; GONZÁLEZ, A. M.; DE RON, A. M.; SANTALLA, M. Patterns of genetic diversity in the Andean gene pool of Common Bean reveal a candidate domestication gene. **Molecular Breeding**, v. 31, p. 501-516, 2013. Disponível em:<<https://doi.org/10.1007/s11032-012-9806-8>>.
- DE SOUZA, U. J. B.; TELLES, M. P. C.; DINIZ-FILHO, J. A. F. Tendências da literatura científica sobre genética de populações de plantas do Cerrado. **Hoehnea**. Goiânia. v. 43, n. 3, p. 461-477, 2016. <https://doi.org/10.1590/2236-8906-06/2016>.

EMBRAPA ^A. Projetos. Estudos de *Carlavirus* em feijoeiro-comum e desenvolvimento de linhagens elite simultaneamente resistentes ao VMDF e ao *Carlavirus*. 2018. Disponível em:<<https://www.embrapa.br/busca-de-projetos/-/projeto/208843/estudos-de-carlavirus-em-feijoeiro-comum-e-desenvolvimento-de-linhagens-elite-simultaneamente-resistentes-ao-vmdf-e-ao-carlavirus>>. Acesso em: 12 nov. 2022.

EMBRAPA. **Cultivo de Feijão: Estatística da produção**. 2021. Disponível em:<<https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/pre-producao/socioeconomia/estatistica-da-producao>>. Acesso em: 25 out. 2023.

FREITAS, O. F. Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil. **Pesquisa agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 41, n. 7, p. 1199-1203, 2006. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2006000700018>.

GLÄNZEL, W.; MOED, H. F. Journal impact measures in bibliometric research. **Scientometrics**, Budapeste, v. 2, p. 171-193, 2002. <https://doi.org/10.1023/A:1014848323806>.

HOFFMANN, L. V.; BARROSO, P. A. V. Marcadores Moleculares como Ferramentas para Estudos de Genética de Plantas. Embrapa Algodão. Documentos, v. 147, p. 1–36, 2006.

HOUGUE, A. S.; BREON, K. As maiores ameaças às espécies. **Ciência e Prática da Conservação**. e12670, p. 01-09, 2022. Disponível em:<<https://doi.org/10.1111/csp2.12670>>, Acesso em: 15 nov. 2023.

KHAIDIZAR, M. I.; HALILOGLU, K.; ELKOCA, E.; AYDIN, M.; KANTAR, F. Genetic Diversity Of Common Bean (*Phaseolus Vulgaris* L.) Landraces Grown In Northeast Anatolia Of Turkey Assessed With Simple Sequence Repeat Markers. **Turkish Journal of Field Crops**, v. 17, n. 2, p. 145-150, 2012.

KUMAR, A.; SINGH, S.; GAURAV, A. K.; SRIVASTAVA, S.; VERMA, J. Plant growth-promoting bacteria: biological tools for the mitigation of salinity stress in plants. *Frontiers in Microbiology*, v. 11, p. 1-15, 2020. Disponível em:<<https://doi.org/10.3389/fmicb.2020.01216>>.

MARKS, R. A.; AMÉZQUITAD, E. J.; PERCIVALE, S.; ROUGON-CARDOSO, A.; CHIBICI-REVNEANUH, C.; TEBELEC, S. M.; FARRANTC, J. M.; CHITWOODA, D. H.; VANBURENA, R. A critical analysis of plant science literature reveals ongoing inequities. **Plant Biology**, Gainesville, v. 120, n. 10, 2023. <https://doi.org/10.1073/pnas.2217564120>.

MARRA, R.; SOUZA, G. S.; ALVES, E. R. A. Papel da EMBRAPA no desenvolvimento do agronegócio. **Revista Brasileira de Economia e Agronegócio**, Brasília, v. 11, p. 73-114, 2013. Disponível em:<<https://econpapers.repec.org/RePEc:ags:rdeeag:164094>>. Acesso em: 24 out. 2023.

MELO, P. F. C.; BRAMBILLA, A.; VANZELLA, E. Principais Plataformas De Busca Científica Utilizadas Por Discentes De Turismo E Hotelaria Da UFPB. **Editora do CCTA**, João Pessoa, v. 1, p. 277-301, 2020.

MÉNDEZ-AGUILAR, R.; REYES-VALDÉS, M. H.; MAYEK-PEREZ, N. Advances and perspectives in genetic mapping of resistance to root rot in common bean. **International Journal of Experimental Botany**. v. 82, p. 215-226, 2013. <https://doi.org/10.32604/phyton.2013.82.215>.

PABON, C. D. R.; SÁNCHEZ-BENITEZ, J.; RUIZ-ROSETO, J.; RAMIREZ-GONZALEZ, G. Coffee crop science metric: A review. Disponível em:<<https://doi.org/10.25186/.v15i.1693>>. Acesso em: 14 jul. 2023.

PARRA, M. R.; COUTINHO, R. X.; PESSANO, E. F. C. Um breve olhar sobre a cienciometria: origem, evolução, tendências e sua contribuição para o ensino de ciências. **Revista Contexto & Educação**, Ijuí, v. 107, p. 126- 141, 2019. <https://doi.org/10.21527/2179-1309.2019.107.126-141>.

PEREIRA, H. S.; FARIA, L. C.; WENDLAND, A.; COSTA, J. G. C.; SOUZA, T. L. P. O.; MELO, L. C. Genotype by environment interaction for disease resistance and other important agronomic traits supporting the indication of common bean cultivars. **Euphytica**, v. 214, n. 12, 2018. Disponível em:<<https://doi.org/10.1007/s10681-017-2093-z>>.

PÉREZ-JARAMILLO, J.; CARRIÓN, V.; BOSSE, M.; FERRÃO, L. F. V.; HOLLANDER, M.; GARCIA, A. A. F.; RAMÍREZ, C. A.; MENDES, R.; RAAIJMAKERS, J. M. Linking rhizosphere microbiome composition of wild and domesticated *Phaseolus vulgaris* to genotypic and root phenotypic

traits. **Multidisciplinary Journal of Microbial Ecology**, v. 11, p. 2244–2257, 2017. Disponível em:<<https://doi.org/10.1038/ismej.2017.85>>.

REGITANO, L. C. A.; VENERONI, G. B. Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento animal. In: Anais do II Simpósio de Biologia Molecular Aplicada à Produção Animal, 22 e 23 de junho de 2009, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, Brasil. RITCHIE, G. Crop Science. Disponível em:<<https://access.onlinelibrary.wiley.com/hub/journal/14350653/productinformation>>. Acesso em: 03 abr. 2024.

RUIZ, M. A., GRECO, O. T., & BRAILE, D. M. (2009). Fator de impacto: importância e influência no meio editorial, acadêmico e científico. **Revista brasileira de hematologia e hemoterapia**, São Paulo, n. 31, p. 355-360. Disponível em:<<https://doi.org/10.1590/s1516-84842009005000080>>. Acesso em: 14 maio 2022.

SCHMUTZ, J.; MCCLEAN, P.; MAMIDI, S.; ALBERT WU, G.; CANHÃO, S. B.; GRIMWOOD, J.; JENKINS, J.; SHU, S.; QIJIAN, C.; CHÁVARRO, C.; TORRES-TORRES, M.; GEFFROY, V.; MOGHADDAM, S. M.; GAO, D.; ABERNATHY, B. A.; BARRY, K.; BLAIR, M.; TIJOLO, M.; CHOVIATIA, M.; GEPTS, P.; GOODSTEIN, D. M.; GONZALES, M.; HELLSTEN, U.; HYTEN, D. L.; JIA, G.; KELLY, J. D.; KUDRNA, D.; LEE, R.; RICHARD, M. M. S.; MIKLAS, P. N.; OSORNO, J. M.; RODRIGUES, J.; THAREAU, V.; URREA, C. A.; WANG, M.; YU, Y.; ZHANG, M.; UMAASA, H.; CREGAN, P. B.; ROKHSAR, D. S.; JACKSON, S. E. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics**, v. 46, p. 707–713, 2014. <https://doi.org/10.1038/ng.3008>.

SCHNEIDER, T.; RIZZARDI, M. A.; NUNES, A. L.; BIANCHI, M. A.; BRAMMER, S. P.; ROCKENBACH, A. P. Biologia molecular aplicada à ciência das plantas daninhas. **Revista Brasileira de Herbicidas**, Passo Fundo, v. 17, n. 1, p. 12-24, 2018.

SCHULZ, P. Cientometria, a ciência da medida da ciência, *Ciência Hoje*, Campinas. Disponível em:<<https://cienciahoje.org.br/artigo/cientometria-a-ciencia-da-medida-da-ciencia/#>>, Acesso em: 08 abr. 2024.

SILVA JUNIOR, M. S. F. S.; BORGES, A. A. S.; SANTOS, S. R. N.; DE MOURA, V. G.; SILVANA, G. R.; DIAS, A. C. S.; DE ARAUJO, A. M.; OLIVEIRA FILHO, J. W. G. SSR and ISSR markers in assessing genetic diversity in *Gallus gallus* domesticus: a quantitative analysis of scientific production. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 50, p. 7, 2020. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20190401>.

SILVA, J. A.; BIANCHI, M. L. P. Cientometria: A métrica da Ciência. **Paidéia**. Ribeirão Preto, v. 11, p 5-11, 2001. <https://doi.org/10.1590/S0103-863X2001000200002>.

SILVA, R. C.; LIMA, A.; SOUZA, L. C. S. Main methods of DNA sequencing. *Scientific Electronic Archives*. Cuiabá, v. 15, n. 10, p. 58-64, 2022. <https://doi.org/10.36560/15820221603>.

SOARES, P. B.; CARNEIRO, T. C. J.; CALMON, J. L.; CASTRO, L. O. DA C. DE O. Análise bibliométrica da produção científica brasileira sobre Tecnologia de Construção e Edificações na base de dados Web of Science. **Ambiente Construído**, Porto Alegre, v. 16, n. 1, p. 175–185, 2016. Disponível em:<<https://seer.ufrgs.br/index.php/ambienteconstruido/article/view/53281>>. Acesso em: 3. nov. 2023.

VAN ECK, N. J.; WALTMAN, L. **Software survey: VOSviewer®, a computer program for bibliometric mapping**. *Scientometrics*. 2010. Disponível em:<<https://doi.org/10.48550/arXiv.1003.2551>>. Acesso em: 03 maio. 2022.

VAZ, D. C.; MORAES JUNIOR, O. P.; PEIXOTO, N. Agro-morphological characterization and genetic divergence assessment in bush snap bean genotypes. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 47, n. 2, p. 134-144, 2017. <https://doi.org/10.1590/1983-40632016v4743525>.

WINCK, G. R.; RAIMUNDO, R. L. G.; FERNANDES-FERREIRA, H.; BUENO, M. G.; D'ANDREA, P. S.; ROCHA, F. L.; CRUZ, G. L. T.; VILAR, E. M.; BRANDÃO, M.; CORDEIRO, J. L. P.; ANDREAZZI, C. S. Socioecological vulnerability and the risk of zoonotic disease emergence in Brazil. **Science Advances**, v. 8, p. 01-11, 2022. DOI: 10.1126/sciadv.abo5774.