



UNIVERSIDADE FEDERAL RURAL DE PERNAMBUCO
DEPARTAMENTO DE AGRONOMIA PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
MELHORAMENTO GENÉTICO DE PLANTAS

ALANE DANIELLE PACHECO PEREIRA

DIVERSIDADE FENOTÍPICA E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS
EM SUBAMOSTRAS DE FEIJÃO-FAVA

RECIFE – PE

2020

ALANE DANIELLE PACHECO PEREIRA

**DIVERSIDADE FENOTÍPICA E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS
EM SUBAMOSTRAS DE FEIJÃO-FAVA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal Rural de Pernambuco, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia “Melhoramento Genético de Plantas”, para obtenção do título de mestre.

Orientadora: Prof. Dr^a. Gheysa Coelho Silva

RECIFE – PE

2020

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal Rural de Pernambuco
Sistema Integrado de Bibliotecas
Gerada automaticamente, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

P436d Pereira, Alane Danielle Pacheco
DIVERSIDADE FENOTÍPICA E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM SUBAMOSTRAS
DE FEIJÃO-FAVA / Alane Danielle Pacheco Pereira. - 2020.
61 f. : il.

Orientador: Gheysa Coelho Silva.
Inclui referências.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal Rural de Pernambuco, , Recife, 2020.

1. Phaseolus lunatus L.. 2. Caracteres qualitativos. 3. Fenologia. 4. Sementes. I. Silva, Gheysa Coelho,
orient. II. Título

CDD

ALANE DANIELLE PACHECO PEREIRA

**DIVERSIDADE FENOTÍPICA E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS
EM SUBAMOSTRAS DE FEIJÃO-FAVA**

Dissertação defendida e aprovada pela banca examinadora em: 20/10/2020

ORIENTADORA:

Profa. Dra. Gheysa Coelho Silva (UFRPE/DEPA)

BANCA EXAMINADORA:

Prof. Dra. Lidiane Kely de Lima Graciano (UFERSA)

Dra. Maria da Conceição Martiniano de Souza (IPA-PE)

Dra. Jacqueline Wanessa de Lima Pereira

RECIFE – PE

2020

Dedico aos meus amados pais, Pacheco e Dalsileide, que um dia sonharam e hoje compartilham este importante momento comigo.

Dedico aos meus irmãos Amanda e Diego pelo carinho e amizade constante.

Dedico aos meus sobrinhos Nicolas e Maria Luísa pela motivação na minha trajetória.

Dedico ao meu amor Rômulo, pela dedicação e apoio indispensáveis.

Vocês são a luz da minha vida.

AGRADECIMENTOS

A Deus, razão da minha existência, pela inspiração e sabedoria para realização desse sonho.

A minha família pelo amor, apoio e pelas orações. Especialmente ao amor da minha vida Rômulo Almeida, por todo incentivo e compreensão. Obrigada por estarem sempre ao meu lado, amo vocês.

A minha orientadora, a Prof^a. Dr^a. Gheysa Coelho Silva, pela compreensão, sábios conselhos e direcionamentos.

As amigas Cristina e Jordana, por todo apoio e incentivo para realização desse sonho.

A supervisora Genira e aos colegas Débora, Lucas e Robson pela ajuda durante a condução do experimento.

As amigadas adquiridas: Roberta, Kelly, Lucas, Flávia, Jackson, Nardiele. Grata por todos os momentos compartilhados.

A Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE, pela oportunidade de realização do mestrado.

A todos os professores do Programa Pós-Graduação em Melhoramento Genético de Plantas por todos os ensinamentos.

Aos Técnicos Agrícolas Fabian e Fernando responsáveis pelo setor da horta, pela disponibilidade e auxílio juntamente com toda sua equipe (Enivaldo, Salatiel, Davi Luiz e “Batistinha”) tornando possível a execução do experimento.

Aos servidores Heitor e Roberval pela ajuda indispensável durante a condução do experimento.

Aos membros titulares da banca examinadora Lidiane Kely de Lima Graciano, Maria da Conceição Martiniano de Souza, Jacqueline Wanessa de Lima Pereira e aos suplentes, Professores Antônio e Wilson, por terem aceitado o convite para participação desse momento da minha trajetória acadêmica.

A Capes pela concessão da bolsa de estudos, que me permitiu dedicar-me exclusivamente a este trabalho.

A todos que fizeram parte da realização desta etapa acadêmica tão importante na minha vida.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	vi
LISTA DE TABELAS	viii
RESUMO	ix
ABSTRACT	x

CAPÍTULO 1

1.1 INTRODUÇÃO	14
1.2 REVISÃO DE LITERATURA	16
1.2.1 Importância do Gênero <i>Phaseolus</i>	16
1.2.2 Espécie <i>Phaseolus lunatus</i> L.....	19
1.2.3 Aspecto Socioeconômico.....	21
1.2.4 Melhoramento genético do feijão-fava.....	23
1.2.5 Caracterização Agromorfológica.....	25
1.2.6 Divergência e Parâmetros Genéticos.....	27
1.2.7 Referências.....	29

CAPÍTULO 2

2.1 Resumo.....	35
2.2 Abstract.....	36
2.3 Introdução.....	36
2.4 Materiais e métodos.....	38
2.5 Resultados e Discussão	43
2.6 Conclusões.....	57
2.7 Referências.....	57

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO I

REVISÃO DE LITERATURA

- Figura 1.** Morfologia foliar (A), tricomas (B) e a flor (C) das espécies do gênero *Phaseolus*.....15
- Figura 2.** Formato do hilo das sementes de espécies cultivadas do gênero *Phaseolus*.....15
- Figura 3.** Modo de germinação das espécies cultivadas do gênero *Phaseolus*.....16
- Figura 4.** Forma e tamanho das bractéolas das espécies cultivadas do gênero *Phaseolus*.....16
- Figura 5:** Padrão do hábito de crescimento de espécies de *Phaseolus lunatus* L.....18
- Figura 6:** Produção de grãos de feijão-fava na Região Nordeste no ano de 2018.....19
- Figura 7:** Produção de feijão-fava no Brasil nos últimos dez anos.....20

CAPÍTULO II

DIVERSIDADE FENOTÍPICA E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM SUBAMOSTRAS DE FEIJÃO-FAVA

- Figura 1:** Identificação e origem de 16 subamostras de feijão-fava da coleção de germoplasma da UFRPE.....36
- Figura 2:** Forma do folíolo conforme os Descritores para *Phaseolus lunatus* L.....37

Figura 3: Padrões para curvatura da vagem (A) e Forma do ápice da vagem de feijão-fava(B).....	38
Figura 4: Padrão do tegumento da semente de feijão-fava (A) e Forma da semente (B).....	39
Figura 5: Identificação de caracteres morfológicos das vagens de 11 subamostras de feijão-fava. A- Forma do ápice. B- Curvatura. C- Deiscência. D- Pubescência.....	47
Figura 6: Ciclo fenológico de 11 subamostras de feijão-fava.....	50
Figura 7: Dendrograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis (D^2) resultante da análise de 11 subamostras de feijão-fava.....	54

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

DIVERSIDADE FENOTÍPICA E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM SUBAMOSTRAS DE FEIJÃO-FAVA

- Tabela 1:** Esquema da análise de variância para o delineamento de blocos ao acaso, envolvendo “g” genótipos avaliados em um ambiente, em “r” repetições, considerando as fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL) e esperança de quadrados médios (E(QM)).....40
- Tabela 2:** Caracteres qualitativos utilizados na caracterização morfológica de 16 subamostras de feijão-fava.....42
- Tabela 3:** Caracterização morfológica das sementes de 11 subamostras de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.).....48
- Tabela 4:** Resumo da análise de variância para 13 características quantitativas avaliadas de subamostras feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.).....51
- Tabela 5:** Médias dos seis descritores pelo agrupamento Skott-Knott em 11 subamostras de feijão-fava.....53
- Tabela 6:** Estimativas das variâncias fenotípica (σ^2F) e ambiental (σ^2e), variabilidade genotípica (σ^2g), herdabilidade (H^2), coeficiente de variação genética (CV_g), índice de variação “b” (CV_g/CV_e) de 13 caracteres quantitativos.....55

Diversidade fenotípica e estimativas de parâmetros genéticos em subamostras de feijão-fava

RESUMO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), pertencente à família Fabaceae, é uma espécie adaptada a região semiárida, cultivada principalmente por pequenos produtores da região Nordeste do Brasil, e constitui uma alternativa de renda e fonte de alimento para população. Essa leguminosa possui características agronômicas para se desenvolver em diversos ambientes e se caracteriza pela ampla variabilidade em relação a cor, forma e tamanho, encontrada nas sementes. Diante disso, objetivou-se avaliar a diversidade fenotípica a partir de características agronômicas e morfológicas e estimar parâmetros genéticos de 16 subamostras de feijão-fava da coleção de germoplasma do Departamento de Agronomia da UFRPE. Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso com três repetições e a parcela foi constituída por uma linha de 4,8m, sendo quatro plantas por unidade experimental. Foram avaliados caracteres qualitativos e quantitativos durante as fases vegetativa e reprodutiva da cultura. Os dados foram submetidos à análise de variância ($P < 0,01$). Em seguida foi adotado o método de agrupamento UPGMA utilizando-se a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) como medida de dissimilaridade. As subamostras avaliadas representam os dois centros de domesticação: mesoamericano e andino. A subamostra S5 apresentou precocidade, semente grande e padrão comercial satisfatório.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L., Caracteres qualitativos, Fenologia, Sementes.

Phenotypic diversity and estimation of genetic parameters in lima bean subsamples

ABSTRACT

Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.), belonging to the Fabaceae family, is a species adapted to the semiarid region, cultivated mainly by small farmers in the Northeast region of Brazil, and constitutes an alternative income and source of food for the population. This legume has agronomic characteristics that allow its development in different environments, besides the wide variability concerning color, shape, and size in the seeds. Therefore, the objective of this study was to evaluate phenotypic diversity based on agronomic and morphological characteristics, estimating genetic parameters of 16 subsamples of lima beans from the germplasm collection of the Department of Agronomy at the UFRPE. The experiment was carried out by randomized block design with three replications and each plot consisted of a 4.8m line, with four plants per experimental unit. Qualitative and quantitative characters were evaluated during the vegetative and reproductive phases of the crop. The data were submitted to analysis of variance ($P < 0.01$) and then, the UPGMA grouping method was adopted using the generalized Mahalanobis distance (D^2) as a measure of dissimilarity. The evaluated subsamples represent the two domestication centers: Mesoamerican and Andean. The subsample S5 showed precocity, large seed, and satisfactory commercial pattern.

Keywords: *Phaseolus lunatus* L., Qualitative characters, Phenology, Seeds.

CAPÍTULO I

(Revisão de literatura)

1.1 INTRODUÇÃO

As espécies do gênero *Phaseolus* estão entre as leguminosas mais cultivadas no mundo e destacam-se por sua importância econômica. Dentre as espécies estudadas estão o *Phaseolus vulgaris*, conhecido popularmente como feijão comum, e o feijão-fava, *Phaseolus lunatus* L., que é a segunda leguminosa de maior importância do gênero (Santos et al., 2009).

Adaptado ao clima semiárido, o feijão-fava, possui características agrônômicas para desenvolver-se em ambientes onde prevalece a seca (Barreiro Neto et al., 2015). No Brasil, o feijão-fava é plantado especialmente na região Nordeste, entre os Estados destacam-se Paraíba, Rio Grande do Norte, Ceará, Sergipe, Piauí, como também ao norte de Minas Gerais, o qual pertence a Região Sudeste (Azevedo et al., 2003).

Segundo Azevedo et al. (2003), seu cultivo é um tanto rústico, tendo sua colheita prolongada e realizada no período seco, o feijão-fava pode ser plantado consorciado com milho, mandioca ou mamona e dentro da espécie existe uma grande variação com relação à cor do tegumento e tamanho de grãos, porte da planta, hábito de crescimento, etc.

A espécie *Phaseolus lunatus* L. destaca-se pela capacidade de adaptação mais ampla que o feijão comum (Santos et al., 2002) e pelo alto teor de proteína, sendo utilizado como fonte alternativa de alimento e renda pela população, principalmente por pequenos produtores (Santos et al., 2009).

Apesar da adaptabilidade do feijão-fava, seu consumo ainda é relativamente baixo, possivelmente, devido ao paladar peculiar (Vieira, 1992), caracterizado pelo sabor amargo, logo, para eliminá-lo e utilizar as sementes na alimentação humana é preciso submetê-las à cocção por três a cinco vezes, com total substituição da água utilizada (Azevedo et al., 2003).

Em locais onde o plantio do feijão comum é impraticável, a adoção para o cultivo do feijão-fava, pode ser uma alternativa, pois é uma cultura fácil de conduzir, não requer muitos recursos, e constitui uma fonte proteica de alto valor nutritivo (Fonseca e Castro, 1983).

É utilizada na alimentação humana e animal, preferencialmente na forma de grãos maduros ou secos, cozidos, sendo as vagens verdes e as folhas também consumidas pelo homem (Azevedo et al., 2003), podendo usar como adubo verde

ou cultura de cobertura do solo (Alvino et al., 2012), produzindo efeitos positivos nas condições físicas, químicas e biológicas do solo (Pegado et al., 2008).

Apesar da relevante importância econômica e social da cultura, principalmente, para pequenos produtores, o feijão-fava tem recebido pouca atenção por parte dos órgãos de pesquisa e extensão, o que tem resultado em limitado conhecimento das características agrônomicas da cultura. A escassez de informações científicas dificulta o delineamento de estratégias para o melhoramento da cultura (Santos et al., 2002).

O melhoramento genético de plantas tem como finalidade obter cultivares cada vez mais produtivas, mantendo a sustentabilidade dos ecossistemas agrícolas. Para que se possa aproveitar ao máximo os recursos genéticos existentes, torna-se fundamental a caracterização morfológica e agrônômica da espécie de que se tem interesse (Carvalho et al., 2016).

De acordo com Santos et al. (2002), o estudo de variedades do feijão-fava é importante porque facilita o registro de caracteres de identificação, facilitando o acesso a esse material em busca de plantas com boa resposta em termos de produtividade e comportamento em diferentes condições ambientais.

A produtividade é um dos fatores limitantes do cultivo de feijão-fava e a caracterização agromorfológica é uma estratégia importante para definir caracteres desejáveis no comportamento produtivo e promover a conservação da diversidade dessa leguminosa (Barreiro Neto et al., 2015, Frazão et al., 2010; Barbosa e Arriel, 2018).

Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi avaliar as características agrônomicas e morfológicas de 16 subamostras e estimar parâmetros genéticos de 11 subamostras de feijão-fava, da coleção de germoplasma do Departamento de Agronomia da UFRPE.

1.2 REVISÃO DE LITERATURA

1.2.1 Importância do Gênero *Phaseolus*

O gênero *Phaseolus* pertence à subclasse *Rosidae*, ordem *Fabales* e família *Fabaceae* (Cronquist, 1988). Dentre as dicotiledôneas, as fabáceas se destacam com 643 gêneros e 18.000 espécies distribuídas por todo o mundo, especialmente nas regiões tropicais e subtropicais (Broughton et al., 2003).

Segundo Debouck (1991), o gênero *Phaseolus* tem como origem evolutiva as Américas, apresentando três centros primários de domesticação, um na América Central (Mesoamericano), outro ao Sul dos Andes (Sul do Peru, Bolívia, Norte da Argentina) e um terceiro centro de diversidade ao Norte.

O centro Mesoamericano compreende variadas espécies, entre elas estão as mais cultivadas; o Sul Andino comporta as duas principais espécies cultivadas, *P. vulgaris* L. e *P. lunatus* L. e poucas espécies silvestres, e o centro Norte contém somente quatro das espécies cultivadas e algumas espécies silvestres (Debouck, 1991).

O número exato de espécies ainda é desconhecido, no entanto, Freytag e Debouck (2002) relacionaram ao gênero cerca de 70 espécies e Baudoin et al. (2004), afirmaram existir cerca de 50 espécies do gênero, sendo que somente cinco são cultivadas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray e *P. polyanthus* Greeman.

Devido à falta de estudos com amostras arqueológicas locais de feijão no Brasil, torna-se difícil a reconstituição histórica destas espécies, questionamentos, como, quais espécies foram introduzidas, quando, por onde, por quais grupos humanos, ainda permite discussões nos dias atuais (Freitas, 2006).

O gênero *Phaseolus*, reúne características morfológicas próprias, como as folhas, que são, geralmente, trifolioladas, com pequenas estípulas e folíolos quase sempre completos (Figura 1A); as plantas apresentam tricomas em forma de gancho, encontrados especialmente no caule e nos pecíolos (Figura 1B); e as flores que

podem ser poucas ou numerosas, estão situadas na axila ou no rácemo terminal e têm duas brácteas que persistem até a antese (Figura 1C) (CIAT, 1986).

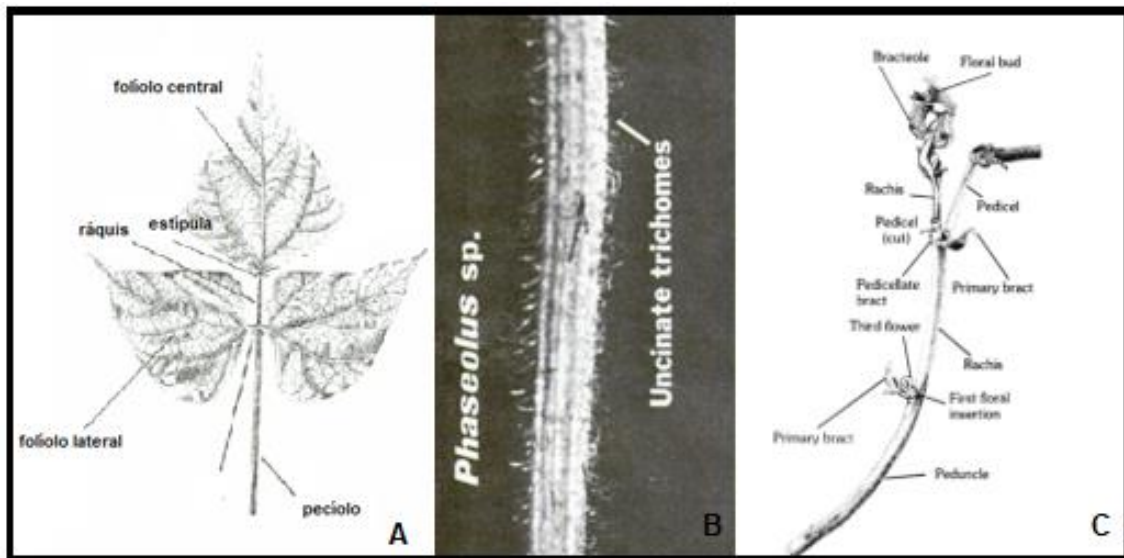


Figura1: Morfologia foliar (A); tricomas (B) e a flor (C) das espécies do gênero *Phaseolus*. Fonte: CIAT (1986).

Dentre as diversas características que reúne as espécies do gênero *Phaseolus*, o formato do hilo (Figura 2), o modo de germinação (Figura 3) e a forma e tamanho das bractéolas (Figura 4) são as principais diferenças existente entre as espécies cultivadas, de acordo com Centro Internacional de Agricultura Tropical - CIAT (1986).

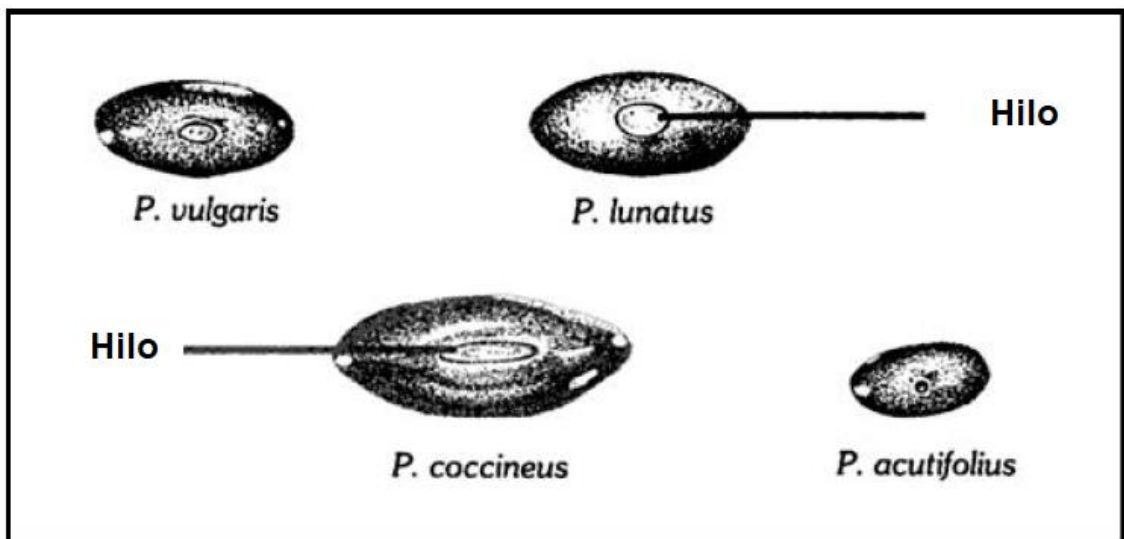


Figura 2: Formato do hilo das sementes de espécies cultivadas do gênero *Phaseolus*. Fonte: CIAT (1986)

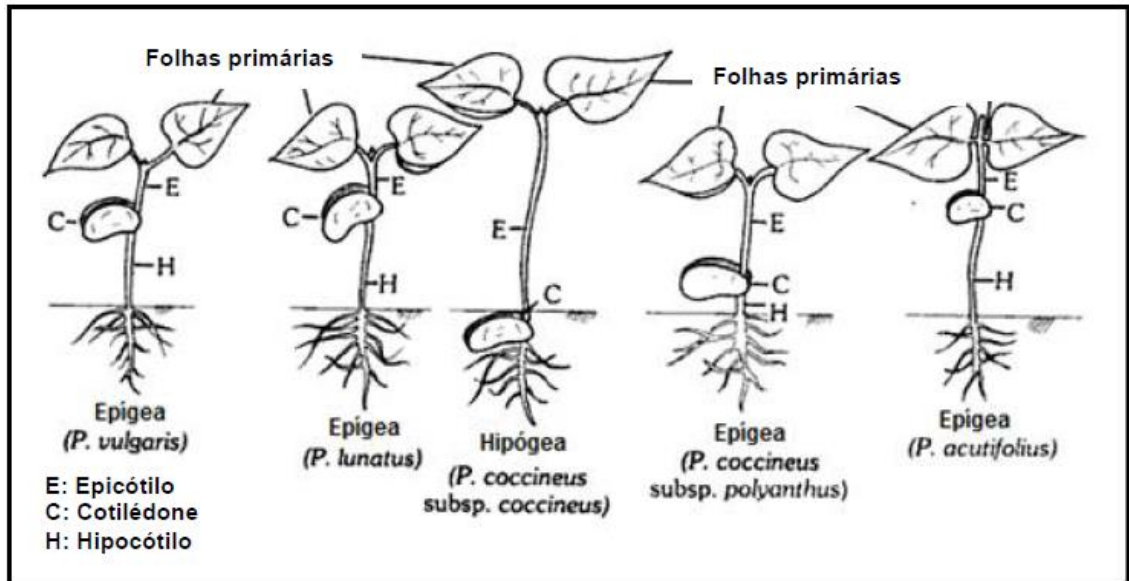


Figura 3: Modo de germinação das espécies cultivadas do gênero *Phaseolus*. Fonte: CIAT (1986).

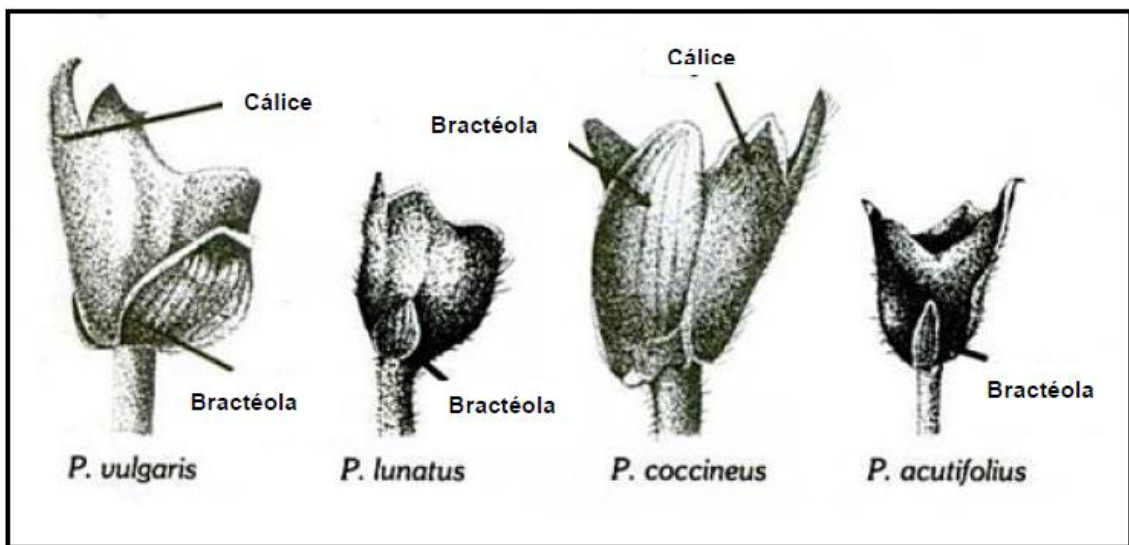


Figura 4: Forma e tamanho das bractéolas das espécies cultivadas do gênero *Phaseolus*. Fonte: CIAT (1986).

Nos últimos anos, o conhecimento das espécies do gênero *Phaseolus*, através da caracterização morfológica e da avaliação fenotípica nas coleções de germoplasma disponíveis, tem possibilitado ao melhoramento genético, além dos cruzamentos realizados dentro das espécies, a exploração das potencialidades de cruzamentos entre espécies, contribuindo, desta forma, para a compreensão da variabilidade genética existente (Silva e Costa 2003).

1.2.2 Espécie *Phaseolus lunatus* L.

A espécie *Phaseolus lunatus* L., conhecida popularmente por feijão-fava, feijão-de-lima, fava-de-lima, ou simplesmente fava é cultivada nas Américas do Norte e do Sul, na Europa, no leste e oeste da África e no sudeste da Ásia (Oliveira et al., 2004; Oliveira et al., 2011). De acordo com Barbosa e Arriel (2018), o feijão-fava é originário da região central da Mesoamérica, porém, Fofana et al. (1997) estudando a espécie concluiu que seu conjunto gênico primário é dividido em dois grupos: grupo Mesoamericano e grupo Andino. Essa leguminosa é bastante cultivada na região tropical (Sousa et al., 2017).

É caracterizada pela sua rusticidade e cultivada por apresentar grãos comestíveis (Azevedo et al., 2003), adaptada ao solo areno-argiloso, fértil e bem drenado, com pH entre 5,6 e 6,8, tolera as mais diversas condições ambientais, sendo considerada mais tolerante à seca que o feijão-comum (Vieira, 1992).

O feijão-fava pode ser identificado através de características próprias da espécie, como a germinação epígea, as folhas geralmente mais escuras que em outras espécies do gênero *Phaseolus*, as bractéolas pequenas e pontiagudas; vagens bastante comprimidas e achatadas, curvas, coriáceas, pontiagudas, de coloração bege quando secas, contendo de 2 a 4 sementes (Azevedo et al., 2003, Barreiro Neto et al., 2017). Em geral, as folhas permanecem verde-escuras mesmo após o amadurecimento completo, além disso, apresentam boa capacidade de rebrota de forma que o ciclo dessa espécie é bastante prolongado (CIAT, 1986).

As sementes de feijão-fava apresentam grande variabilidade com relação à cor, forma e tamanho, isso pode estar relacionado ao genótipo, porém, essa diversidade genética ainda é pouco conhecida, nesse sentido, é importante a realização de estudos morfológicos através da caracterização, devido à importância das sementes para a implantação da cultura (Nobre et al., 2012).

Outra característica marcante do feijão-fava, que a diferencia facilmente de outros feijões, são as linhas que se irradiam do hilo para a região dorsal das sementes, porém, em algumas variedades essas linhas podem não ser tão facilmente observadas (Vieira, 1992).

De acordo com Santos et al. (2002), o hábito de crescimento dessa espécie pode ser determinado com desenvolvimento completo da gema terminal em uma

inflorescência ou indeterminado pelo desenvolvimento da gema terminal em uma guia (Figura 5).

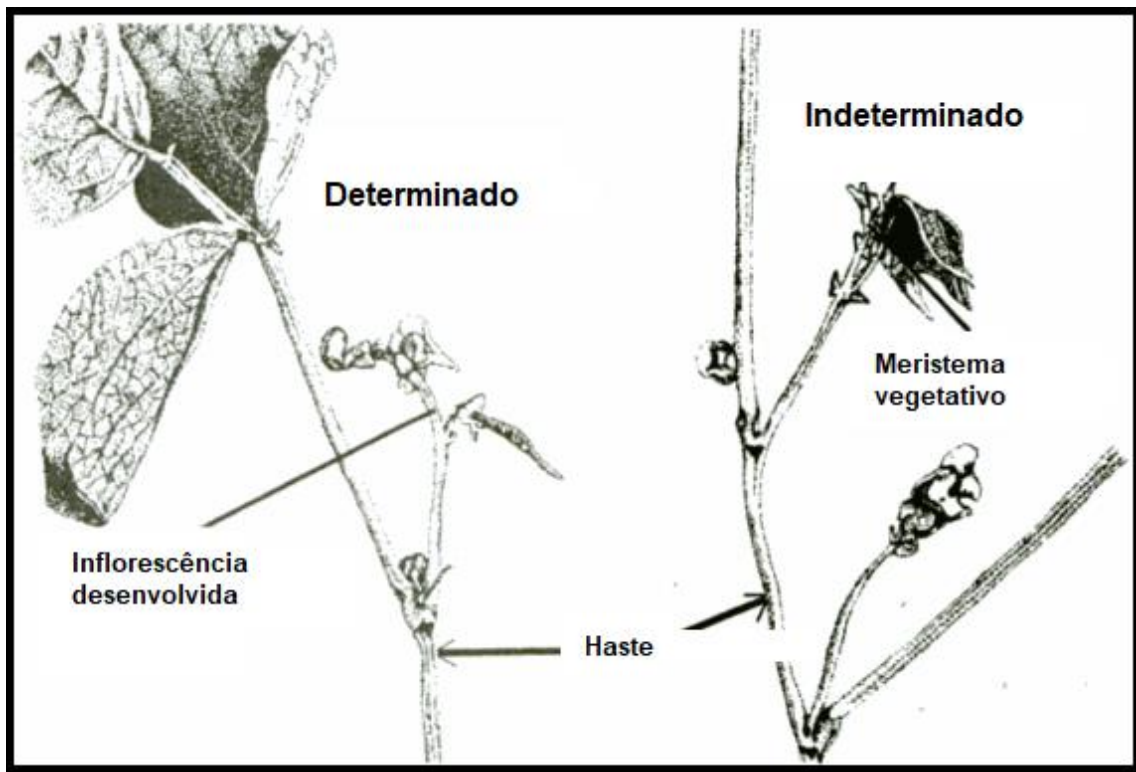


Figura 5: Padrão do hábito de crescimento de espécies de *Phaseolus lunatus* L. Fonte: CIAT (1986).

O hábito de crescimento é muito importante, uma vez que, afeta diretamente o manejo da colheita. É um caráter de herança monogênica, cuja expressão é muito consistente, apesar das mudanças ocorridas no meio ambiente (CIAT, 1986).

Nos Estados Unidos, um dos maiores produtores de feijão-fava do mundo, essa leguminosa é consumida, preferencialmente, em estado verde, na forma de conserva, onde os grãos são enlatados ou congelados e empacotados, sendo bastante apreciada (Vieira, 1992). No Brasil os hábitos de consumo são variados, sendo, preferencialmente, consumido na forma de grãos verdes cozidos (Santos et al., 2002).

Na Região Nordeste, o feijão-fava apresenta exploração comercial significativa de grãos, devido ao elevado valor comercial dos grãos que são comercializados em feiras livres o que acaba agregando a cultura um valor sociocultural (Silva et al., 2019).

1.2.3 Aspectos Socioeconômicos

A importância econômica e social se deve principalmente à sua adaptação a diversas condições ambientais, o que possibilita prolongar a colheita em período seco (Azevedo et al., 2003). Segundo os autores, o cultivo do feijão-fava é realizado, principalmente, por agricultores familiares, que empregam sistemas de consórcio variados com as culturas da abóbora, feijão-comum, feijão-macassar, inhame, mandioca e milho (Silva et al., 2019).

Essa leguminosa é uma das alternativas de renda e alimento para a população da região Nordeste do Brasil, sendo cultivada em quase todo o território nacional atingindo relativa importância econômica nesta região (Vieira, 1992; Oliveira et al., 2004). De acordo com o Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE), em 2018 o Brasil produziu 11.425 toneladas de grãos, sendo o Nordeste responsável por cerca de 98% da produção total. Os Estados do Ceará, Paraíba e Pernambuco foram os que mais se destacaram (Figura 6).

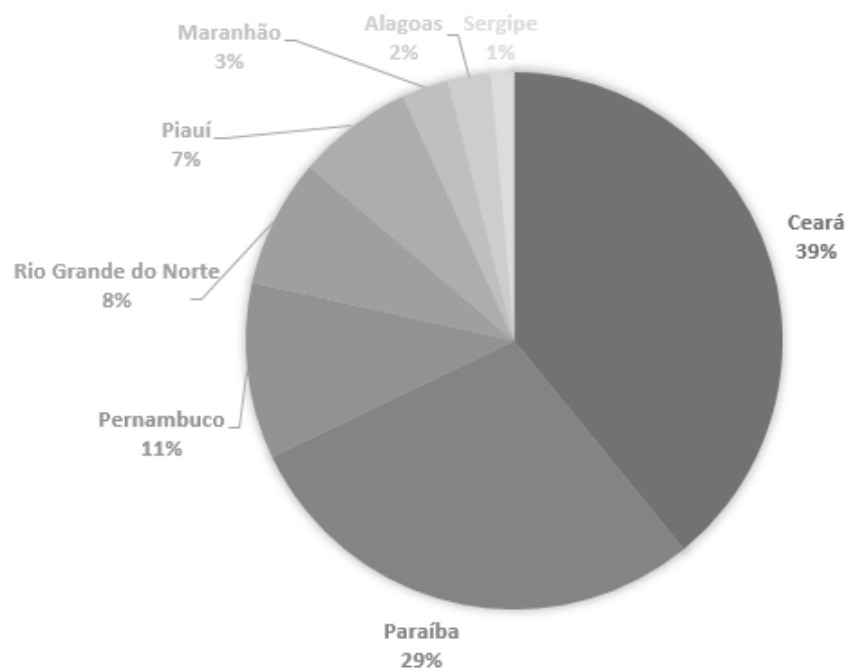


Figura 6: Produção de grãos de feijão-fava na Região Nordeste no ano de 2018. Fonte: IBGE.

Conforme dados do IBGE (2019) o Brasil produziu 11.449 toneladas de grãos. Apesar desse número, entre os anos de 2012 a 2016 houve uma expressiva redução da produção (Figura 7).

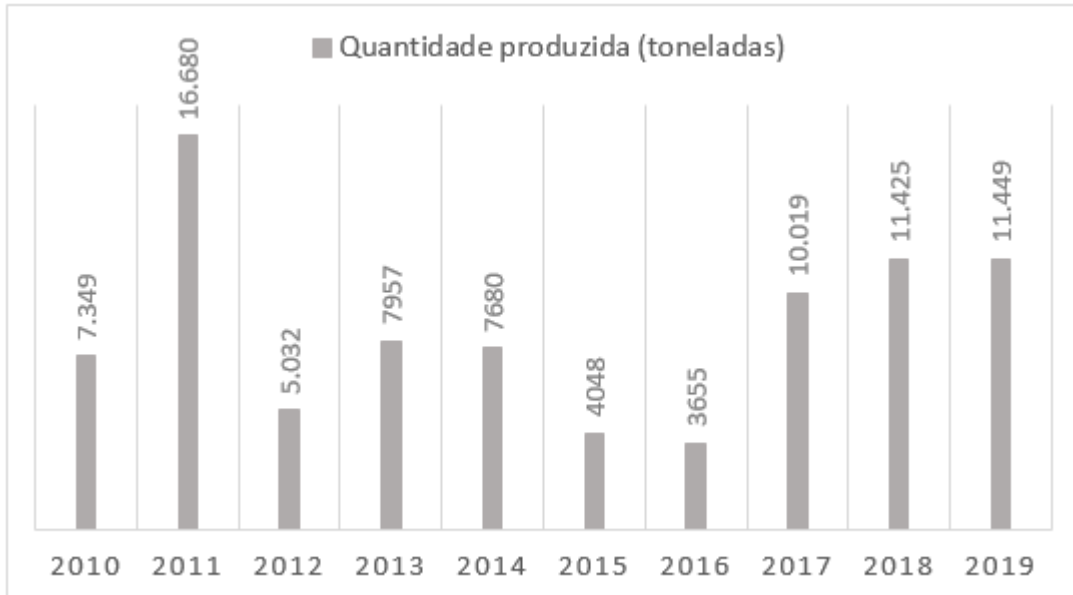


Figura 7: Produção de feijão-fava no Brasil nos últimos dez anos. Fonte: IBGE (2020).

De acordo com Barreiro Neto et al. (2015), essa diminuição comprometeu a oferta de feijão-fava no mercado e elevou o preço do produto no varejo, que atingiu até R\$ 25,00/kg nas feiras livres, promovendo a impossibilidade de consumo para população de baixa renda, sendo comparado a uma iguaria da culinária regional.

A baixa produção de feijão-fava, quando comparada ao feijão comum, pode ser atribuída ao fato de parte da produção ser oriunda de pequenos produtores, em consórcios, sem adoção de tecnologia que vise o aumento da produtividade (Santos et al., 2002). Barreiro Neto et al. (2015), atribuem a fatores climáticos, como a seca, que contribuiu também para a diminuição dos recursos genéticos da agricultura familiar.

Barbosa e Arriel (2018) afirmam que, embora o estado da Paraíba se destaque no cenário nacional, a diminuição nos índices de produtividade, pode estar relacionada a problemas que vão desde fatores climáticos, fertilidade do solo, até a

questão fundiária. De acordo com os autores, a produção de feijão-fava no Brasil é conduzida, principalmente, por agricultores familiares.

Segundo dados do Censo Agropecuário (IBGE) de 2017, 77% do total dos estabelecimentos agropecuários brasileiros pertencem a grupos familiares. São, cerca de, 3,9 milhões de estabelecimentos, sendo que, aproximadamente, metade deles estão na Região Nordeste do país.

A Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAO, 2014) assegura que, haveria em torno de 500 milhões de unidades de produção familiar trabalhando 70% da terra utilizada na agropecuária e produzindo 80% dos alimentos da humanidade, desta forma, a agricultura familiar é fundamental para garantir a produção de alimentos que serão necessários para abastecer um mundo de 9,1 bilhões de habitantes em 2050.

1.2.4 Melhoramento Genético do feijão-fava

O conhecimento e a conservação da variabilidade são fundamentais para o sucesso de um programa de melhoramento genético. Nesse sentido, o feijão-fava, cultivado em diversas regiões do mundo, tem como principais centros de diversidade o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos - USDA, o Instituto Nacional de Pesquisa Florestal, Agrícola e Pecuária – INIFAP no México e o Centro Internacional de Agricultura Tropical- CIAT na Colômbia (Camarena, 2005).

No Brasil, os principais centros de diversidade de feijão-fava estão na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, DF (Silva et al., 2009), na Universidade Federal de Viçosa (UFV) (Knudsen, 2000), na Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE) e na Universidade Federal do Piauí (UFPI).

Considerando a ampla diversidade do material existente, estudos em melhoramento genético são essenciais, uma vez que possibilitará o acesso a informações significativas para o desenvolvimento dessa leguminosa no país (De Jesus et al., 2018).

O Brasil ainda não dispõe de um programa de melhoramento efetivo de feijão-fava (Silva, 2015). No entanto, em 2017, a Embrapa e a UFPI tentaram iniciar um programa nacional de melhoramento genético da cultura em colaboração com outras

instituições nacionais de pesquisa e ensino, como também, de países da América Latina que já possuem vasta experiência nessa área, como México e Colômbia (Embrapa).

As pesquisas sobre o melhoramento genético da cultura no país ainda são bastante limitadas, o que leva a um conhecimento reduzido sobre as características agrônômicas e o potencial produtivo. Desta forma, seu cultivo é restrito, uma vez que, além da tradição de consumo do feijão-comum, o paladar e o tempo de cocção mais longo do feijão-fava contribuem para isso (Brito et al., 2020; Guimarães et al., 2007).

De acordo com as pesquisas realizadas com o feijão-fava (Sousa et al., 2019; Gomes e Nascimento, 2018; Pereira Filho et al., 2019; Silva et al., 2019, Azevedo et al., 2003), considera-se que as principais características de interesse para o melhoramento genético referem-se ao hábito de crescimento, potencial produtivo, resistência a pragas e doenças, tolerância à seca, diminuição da concentração de toxinas, como o ácido cianídrico (HCN), responsável pelo sabor amargo e tempo de cocção.

Nos últimos anos, o feijão-fava tem sido alvo de estudos relacionados a diversidade, fenologia, resistência a doenças e tolerância a seca, no intuito de contribuir para um programa de melhoramento promissor para cultura.

Assim, Silva et al. (2015), com base em descritores morfoagronômicos, estimou a diversidade genética entre 24 acessos de feijão-fava do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Universidade Federal do Piauí (UFPI) e observou a formação de quatro grupos para os caracteres quantitativos e três grupos para os caracteres qualitativos, pelo método UPGMA. Estudo semelhante foi desenvolvido por Brito et al. (2020) ao caracterizar e estimar a diversidade genética de genótipos de feijão-fava pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI por meio de abordagens uni e multivariada.

Sousa et al. (2017) descreveu a fenologia e o desenvolvimento do feijão-fava cultivar 'Moita' no município de Teresina-PI, e identificou que esta apresenta em média dezoito etapas de desenvolvimento, sendo 12 estádios vegetativos e 6 reprodutivos. Da semente até o estádio R1 (pré-floração) foram necessários 41,26 dias e de R1 até R6 (maturação da primeira vagem) foram necessários mais 47,88

dias. A maturação das vagens não é uniforme, do início ao fim da colheita foram 24 dias.

Do Carmo et al. (2013), avaliou a reação de 12 acessos de feijão-fava, de hábito de crescimento determinado, ao agente causal da antracnose, *Colletotrichum truncatum*, e identificou que três acessos se comportaram como moderadamente resistentes, sendo, portanto, promissores para serem utilizados em programas de melhoramento genético do feijão-fava.

Pereira Filho et al. (2019), avaliou as respostas fisiológicas da fava, cultivar Espírito Santo, submetida a estresse salino e hídrico, e identificou que o aumento da concentração de sais na água de irrigação provoca reduções nas respostas fisiológicas do feijão-fava. Sob um regime hídrico de 50% da ETo, a eficiência instantânea e intrínseca do uso da água é maior.

1.2.5 Caracterização Agromorfológica

No desenvolvimento de programas de melhoramento de qualquer cultura é fundamental a caracterização agrônômica e morfológica dos recursos genéticos disponíveis, uma vez que possibilita o conhecimento da variação fenotípica e das relações entre genótipos (Carvalho et al., 2016).

A identificação e a descrição morfológica, comparativa de espécies, populações silvestres e variedades cultivadas definem a caracterização, que consiste, principalmente, na anotação de caracteres botânicos, morfológicos e fenológicos de alta herdabilidade, observados de forma sistemática e que contempla as diferentes partes da planta. Para ampliar a base genética e maximizar os ganhos de seleção de um cultivo, é necessário reunir os alelos favoráveis de populações silvestres, cultivadas e de espécies afins (Silva e Costa, 2003).

Os caracteres morfológicos são informações importantes na expressão da diversidade genética, pois permite identificar a duplicação de coleções de germoplasma, estudo de estimativa de diversidade genética e estudo correlacional entre morfologia e outras características agrônômicas importantes (Purwanti e Prihanta, 2017).

Em geral, além das informações sobre a origem do material, também são consideradas diferenças relacionadas ao comportamento agrônomo dos mesmos, como produtividade, crescimento, hábito de florescimento, respostas a infecções por patógenos ou ataque de pragas, assim como aquelas diferenças advindas da avaliação dos descritores botânicos (Singh, 2001). Também se julga importante a variabilidade encontrada em sementes de feijão-fava, com relação a cor, forma e tamanho, as quais definem as cultivares, portanto, são necessários estudos de caracterização morfológica de sementes, para que se possa conhecer essa diversidade e, desta forma, obter todo o potencial desejável do genótipo em campo (Nobre et al., 2012).

Os descritores para *Phaseolus lunatus* L. foram definidos pelo Centro Internacional para os Recursos Genéticos Vegetais (IPGRI) e publicados em 1982. A publicação contempla identificadores da amostra e informação registrada pelos coletores, o registro de características altamente hereditárias e de características adicionais tidas como convenientes por consenso dos utilizadores da cultura, as características úteis ao melhoramento e as bases para multiplicação e regeneração (IPGRI, 2001).

De modo geral, os cruzamentos realizados nos diversos programas de melhoramento genético dos feijoeiros têm-se concentrado dentro da espécie *Phaseolus vulgaris* (feijão comum), mais especificamente, no germoplasma cultivado. Entretanto, algumas características têm sido procuradas em outras espécies (Silva e Costa, 2003).

Características de importância agrônoma como, porte de planta, ciclo fenológico e produtividade de grãos, têm herança quantitativa. Isso se deve ao controle poligênico da expressão desses caracteres e/ou à acentuada influência ambiental. (Oliveira et al., 2011).

É importante ressaltar que caracteres de herança poligênica ou que apresentam interações gênicas, são considerados variáveis e devem ser avaliados utilizando-se o delineamento experimental adequado, pois podem ser afetados por genes modificadores e pelo ambiente (Guimarães et al., 2007).

Nesse contexto, a grande variabilidade encontrada em sementes de feijão-fava, com relação a cor, forma e tamanho, está relacionada ao genótipo, portanto, são

necessários estudos de caracterização morfológica de sementes, para que se possa conhecer essa diversidade e, desta forma, obter todo o potencial desejável do genótipo em campo (Nobre et al., 2012).

1.2.6 Divergência e Parâmetros genéticos

Para que seja possível avaliar a diversidade genética em relação a várias características de forma simultânea é recomendado a utilização de medidas de dissimilaridade (Cruz & Carneiro, 2006). Desta forma, através da predição, avalia-se as diferenças morfológicas, qualidade nutricional, fisiológicas ou moleculares, quantificadas em alguma medida de dissimilaridade que expresse o grau de diversidade genética entre os genitores (Cruz et al. 2012).

A diversidade genética pode ser avaliada através de análises de componentes principais, variáveis canônicas e pelos métodos aglomerativos de otimização e hierárquicos, que utilizam a distância Euclidiana ou a distância generalizada de Mahalanobis como medidas de dissimilaridade genética (Cruz et al. 2014).

Entre os principais métodos de agrupamento hierárquicos está o método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages) (Cruz et al. 2014). A análise de agrupamento procura discriminar geneticamente os indivíduos, e permite separá-los em grupos por algum critério de classificação, de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre eles (Cruz e Carneiro, 2006).

Silva (2015), avaliando a divergência genética de 33 subamostras de feijão-fava em Campos dos Goytacazes (RJ), através do método hierárquico UPGMA identificou a formação de 8 grupos, já Silva et al.(2015) estimando a diversidade genética entre vinte quatro acessos de feijão-fava do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Universidade Federal do Piauí (UFPI) identificou para os caracteres quantitativos e qualitativos avaliados a formação de 4 e 6 grupos respectivamente, pelo método UPGMA.

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos é fundamental, por permitir identificar a natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e avaliar a eficiência de diferentes estratégias de melhoramento para

obtenção de ganhos genéticos e manutenção de uma base genética adequada. Entre os parâmetros de maior importância, destacam-se as variâncias genéticas aditiva e não aditiva, as correlações e as herdabilidades (Cruz et al., 2014).

Nesse sentido o estudo e a identificação das estimativas de parâmetros genéticos como: coeficiente de variação genética, herdabilidade, correlação entre caracteres são de suma importância, para o conhecimento da variabilidade genética (Rocha et al., 2003) uma vez que, permite ao melhorista tomar decisões a respeito da adequação do método de melhoramento e do modo de condução e seleção (Cruz e Carneiro, 2006).

Assim, Correa et al. (2003), afirmam que estimando parâmetros genéticos, como variâncias, herdabilidade, coeficiente de determinação genotípica, o coeficiente de variação genética, a razão “b” (CV_g / CV_e), e a correlação de uma população é possível definir a melhor estratégia de seleção para obter genótipos superiores com base nas estimativas para características importantes.

Logo, a quantificação das variabilidades fenotípica e genética presente em uma população é de fundamental importância, pois permite conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para seleção (Ramalho et al., 2000).

Diversos autores têm realizado estudos utilizando estimativas de parâmetros genéticos em outras espécies. Públio Júnior et al. (2018), avaliando os parâmetros genéticos e as correlações entre componentes da produção, arquitetura da planta e início da floração em 20 genótipos de feijão-frade observou que existe variabilidade genética para todas as características, e que o aumento na produtividade de grãos poderá ser obtido através da seleção indireta das características: número de vagens por planta, peso da vagem e número de grãos por vagem.

Correa et al. (2012), avaliando 19 genótipos de feijão-caupi através de estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre os caracteres: dias para o florescimento, dias para a maturação, massa de 100 grãos, comprimento de vagem, massa de vagem, número de grãos por vagem e produtividade de grãos secos, verificaram o efeito significativo de genótipos para todas as características indicando existência de variabilidade sendo o maior valor da estimativa do coeficiente de variação genética obtido para produtividade de grãos secos, indicando condição favorável para seleção desse caráter.

Ribeiro et al. (2009), buscando selecionar linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum e estimar parâmetros genéticos, avaliaram 5 caracteres em 185 linhagens e observaram que os coeficientes de determinação genotípicos (H^2) foram superiores a 71% para todos os caracteres avaliados, nesse estudo o índice “b” (CVg/CVe) superou a unidade em 4 dos 5 caracteres avaliados. A produtividade de grãos apresentou índice “b” de 1,07 e H^2 de 77,54%, indicando elevada possibilidade de seleção de genótipos superiores.

Silva et al. (2019), estudando variedade crioulas de feijão-fava, afirma que a espécie se caracteriza pela elevada diversidade genética e elevado potencial de produção. Essa variabilidade é identificada, principalmente, pelos tipos de sementes comercializadas, diferenciadas quanto a cor do tegumento e ao tamanho, com várias denominações locais e regionais (Barreiro Neto et al., 2015).

No entanto, os estudos com feijão-fava continuam insipientes, principalmente na área de genética e melhoramento de plantas, como consequência a falta de informações que dificulta o planejamento estratégico do melhoramento da cultura (Gonçalves et al., 2019).

Nesse contexto, o conhecimento dos parâmetros genéticos e fenotípicos entre características de interesse podem contribuir para avanços em programas de melhoramento do feijão-fava.

1.2.7 Referências

Alvino FC, Fernandes PD, Brito MEB, Wanderley JAC, Barreto CF, Leite DT (2012) Aspectos fisiológicos e produção da cultura da fava sob métodos de captação de água. In: **Inovagri international meeting**. Fortaleza. Disponível em: <<http://www.inovagri.org.br/meeting2012/wpcontent/uploads/2012/06/Protocolo123.pdf>>. Acesso em: 15 de abril de 2019.

Azevedo JN, Franco LJD, Araújo ROC (2003) **Composição química de sete variedades de feijão-fava**. Embrapa Meio-Norte, Teresina, 4p.

Barreiro Neto S, Fagundes RAA, Barbosa MM, Arriel NHC, Franco CFO, Santos JF (2015) Características morfológicas e produtivas em acessos de feijão-fava consorciados. **Tecnologia e Ciência Agropecuária** 9: 23-27.

- Barreiro Neto M, Franco CFO, Arriel NHC, Santos ES (2017) Valoração de custos e rentabilidade econômica de sistemas de produção de feijão fava de crescimento determinado na Mata Paraibana. **Tecnologia & Ciência Agropecuária 11**: 75-83
- Barbosa GJ, Arriel NHC (2018) Feijão-fava e a agricultura familiar de Serraria, PB. **Cadernos de Ciência & Tecnologia 35**: 387-403.
- Baudoin JP, Rocha O, Degreef J, Maquet A, Guarino L (2004) Ecogeography, demography, diversity and conservation of *Phaseolus lunatus* L in the Central Valley of Costa Rica. **International Plant Genetic Resources Institute**, Rome, Italy.
- Brito MV, Silva VB, Matos Filho CHA, Gomes RLF, Lopes ACA (2020) Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotypes. **Revista Caatinga 33**: 571 – 578.
- Broughton WJ, Hernández G, Blair M, Beebe S, Gepts P, Anderleyden J (2003) Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. **Plant and soil 252**: 55-128.
- Camarena F. (2005) Magnitud e impacto potencial de la liberación de los organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales. Caso: Leguminosas de grano. p. 19-40.
- Carvalho M, Castro I, Matos M, Lino-Neto T, Silva V, Rosa E.; Carnide V (2016) Caracterização agro-morfológica de acessos de feijão-frade (*Vigna unguiculata*): bases para o melhoramento. **Revista de Ciências Agrárias 39**: 506-517.
- Censo Agropecuário (2017) resultados definitivos/ibge. **Censo Agropecuário 8**: 1-105.
- CIAT- Centro Internacional de Agricultura Tropical. The cultivated species of *Phaseolus*; Study guide to be used as a supplement to the audiotutorial unit on the same topic. Scientific content: Hidalgo R, Song L, Gepts P. 1986. 52p. Cali, Colômbia.
- Correa AM, Ceccon G, Correa CMA, Delben DS (2012) Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. **Revista Ceres 59**: 88-94.
- Correa AM, Gonçalves MC, Destro D, Souza LCF, Alves Sobrinho T (2003) Estimates of genetic parameters in common bean genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 3**: 223-230.
- Cronquist A (1988) **Devolution and classification of flowering plants**. New York: New York Botanical Garden, 555 p.
- Cruz CD, Carneiro PCS (2006) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 585p.
- Cruz CD, Regazzi AJ, Carneiro PCS (2014) **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. UFV, Viçosa, 668 p.
- Debouck DG (1991) Systematics and morphology. In: Schoonhoven A, Voysest O. (eds.) **Common beans: research for crop improvement**. Cali: CIAT, p.55-118.

De Jesus LGA, Tavares LR, Gomes MFC, Valente SES, Gomes RLF, Lopes ACA, Costa MF (2018) Eficiência de testes colorimétricos para determinação da viabilidade do pólen em acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável 8**: 59-64.

Do Carmo MDS, Gomes RLF, Lopes ACA, Penha JS, Gomes SO e Assunção Filho JR (2013) Genetic variability in subsamples of determinate growth lima bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology 13**: 158-164.

Embrapa (2016) Brasil deve iniciar em 2017 programa de melhoramento genético do feijão fava. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/19265918/brasil-deve-iniciar-em-2017-programa-de-melhoramento-genetico-dofeijaofava#:~:text=%C3%A9%20uma%20esp%C3%A9cie%20alimentar%20de,Brazil%2C%20sobretudo%20na%20região%20do%20nordeste.&text=O%20evento%20reunião%20especialistas%20nacionais,famosa%20em%20todo%20nordeste%20brasileiro.>> Acesso em 28 de setembro de 2020.

FAO – Food and Agriculture Organization. The State of Food and Agriculture (2014) Innovation in family farming. Roma: Food and Agriculture Organization of the United Nations.

Fofana B, Baudoin JP, Vekemans X, Debouck DG, Jardin P (1997) Molecular evidence for an Andean origin and a secondary gene pool for the Lima bean (*Phaseolus lunatus*) using chloroplast DNA. **Theoretical and Applied Genetics 98**: 202–212.

Fonseca JR, Castro TAP (1983) Coleta de germoplasma de feijão. **EMPRAPA-CNPAF**. Documento 6, Goiânia.

Frazão JEM, Santos D, Oliveira FP, Pereira WE, Morais JF (2010) Morfologia e fenologia de dez variedades de fava nas fases vegetativa e de inflorescência. **Agropecuária Técnica 31**: 18-24.

Freitas FO (2006) Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil. **Pesquisa agropecuária brasileira 41**: 1199-1203.

Freytag GF, Debouck DG (2002) **Taxonomy, Distribution, and Ecology of the Genus Phaseolus (Leguminosae-papilionoideae) in North America, Mexico and Central America**. Botanical Research Institute of Texas (BRIT), Forth Worth, TX, USA. 298p.

Gomes RSS, Nascimento LC (2018) Induction of resistance to *Colletotrichum truncatum* in lima bean. **Arquivos do Instituto Biológico 85**: 1-7.

Gonçalves GMC, Gonçalves MMC, Medeiros AM, Lopes ACA, Gomes RLF (2019) Genetic dissimilarities between fava bean accessions using morphoagronomic characters. **Revista Caatinga 32**: 1125 –1132

Guimarães WN, Martins LS, Silva EF, Ferraz GMG, Oliveira FJ (2007) Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental 11**: 37-45.

IBGE. Produção Agrícola - Lavoura Temporária 2018. Disponível em: <<https://cidades.ibge.gov.br/brasil/pesquisa/14/10278?ano=2018>> Acesso em: 25 de agosto de 2020.

IPGRI. (2001) **Descritores para Phaseolus lunatus (feijão-espadinho)**. International Plant Genetic Resources Institute, Rome. 51p.

Knudsen H. (2000) **Directorio de Colecciones de Germoplasma en América Latina y el Caribe**. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Roma, 381p

Nobre, D. A. C.; Brandão Junior, D. S.; Nobre, E. C.; Santos, J. M. C.; Miranda, D. G. S.; Alves, L. P. (2012) Qualidade física, fisiológica e morfologia externa de sementes de dez variedades de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). *Revista Brasileira de Biotecnologia* 10: 425-429.

Oliveira AP, Alves EU, Alves AU, Dornelas CSM, Silva JÁ, Pôrto ML, Alves AV (2004) Produção de feijão-fava em função do uso de doses de fósforo em um Neossolo Regolítico. *Horticultura Brasileira* 22: 543-546.

Oliveira FN, Torres AS, Benedito CP (2011) Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava, em Mossoró, RN. *Revista Caatinga* 24: 143-148.

Pegado CMA, Barbosa LJN, MENDES JEMF, SOUTO PC, SOUTO JS (2008) Decomposição superficial e subsuperficial de folhas de fava (*Phaseolus lunatus* L.) na região do Brejo da Paraíba, Brasil. *Caatinga* 21: 218-223.

Pereira Filho JV, Viana TVA, Sousa GG, Chagas KL, Azevedo BM, Pereira CCMS (2019) Respostas fisiológicas da cultura da fava submetida a estresse salino e hídrico. *Revista brasileira de engenharia agrícola e ambiental* 23: 959-965.

Públio Júnior E, Guimarães DG, Públio APPB, Souza UO, Amaral, CLF (2018) Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-frade. *Revista de Ciências Agrárias* 41: 806-814.

Purwanti E., Prihanta W. (2017) Morphological Diversity and Germplasm Conservation Strategies of *Phaseolus lunatus* L in East Java. **The 4th International Conference the Community Development in ASEAN**: 238-247.

Ramalho MAP, Santos JB & Pinto CABP (2000) **Genética na Agropecuária**. Editora Globo. São Paulo. 359p.

Ribeiro EH, Pereira MG, Coelho KS, Freitas Júnior SP (2009) Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista Ceres* 56: 580-590.

Rocha MM, Campelo JEG, Freire Filho FR, Ribeiro VQ, Lopes ACA (2003) Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-caupi de tegumento branco. *Revista Científica Rural* 08: 135-141.

Santos JO, Araújo ASF, Gomes RLF, Lopes ACA, Figueiredo MVB. (2009) Ontogenia da nodulação em feijão-fava (*Phaseolus lunatus*). *Revista Brasileira de Ciências Agrárias* 4: 426-429.

Santos D, Corlett FMF, Mendes JEMF, Wanderley Júnior JSA (2002) Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. **Pesquisa agropecuária brasileira** 37:1407-1412.

Silva RNO (2015) **Estudos genéticos em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) visando o melhoramento genético da cultura**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). Rio de Janeiro.

Silva LG, Pádua JG, Burle ML (2009) Avaliação Morfológica do Banco Ativo de Germoplasma (Bag) de Feijão-Fava (*Phaseolus lunatus* L.) do CENARGEN. Resumo publicado nos Anais do XIV Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília.

Silva HT e Costa AO (2003) Caracterização botânica de espécies silvestres do gênero *Phaseolus* L. (Leguminosae). Embrapa Arroz e Feijão: Comunicado Técnico. Santo Antônio de Goiás. 40p.

Silva SIA, Souza T, Santos D, Souza RFS (2019) Avaliação dos componentes de produção em variedades crioulas de fava cultivadas no Agreste da Paraíba. **Revista de Ciências Agrárias** 42: 731-742.

Silva VB, Gomes RLF, Lopes ACA, Dias CTS, Silva RNO (2015) Genetic diversity and promising crosses indication in lima bean (*Phaseolus lunatus*) accessions. **Semina: Ciências Agrárias** 36: 683-692.

Sousa FM, Pádua LEM, Portela GLF, Sousa M, Carvalho LF (2017) Phenological characterization and development of fava beans. **Científica** 45: 379–382.

Souza TP, Abboud ACS, Dias A, Silva BS (2019) Seleção de acessos promissores de feijão-fava na Baixada Fluminense, RJ, por meio de descritores morfoagronômicos. **Magistra** 30: 211 - 224

Singh SP (2001) Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. **Crop Science** 41: 1659-1675.

Vieira RF (1992) A cultura do feijão-fava. **Informe Agropecuário** 16: 30 -37.

Capítulo II

Diversidade fenotípica e estimativas de parâmetros genéticos em subamostras de feijão-fava

2. DIVERSIDADE FENOTÍPICA E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM SUBAMOSTRAS DE FEIJÃO-FAVA

Alane Danielle Pacheco Pereira* e Gheysa Coelho Silva.

Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE), Departamento de Agronomia. Rua Dom Manuel de Medeiros, s/n - Dois Irmãos, Recife - PE, 52171-900, Brasil.

(*Autor correspondente: email: alanedaniellepp@gmail.com)

2.1 Resumo

Devido a capacidade de adaptação às diversas condições ambientais, o feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma cultura plurianual de importância econômica e social, principalmente para Região Nordeste do Brasil. Essa leguminosa é uma considerável fonte proteica consumida sob forma de grãos maduros ou verdes e se destaca pela ampla variabilidade encontrada em suas sementes. O estudo morfológico de subamostras de feijão-fava possibilita o conhecimento da diversidade fenotípica, bem como as várias formas de cultivo. Nesse contexto, objetivou-se nesse estudo caracterizar morfológicamente e estimar parâmetros genéticos de subamostras de feijão-fava da coleção de germoplasma da UFRPE, oriundas de diversas localidades da Região Nordeste. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e quatro plantas por parcela. Foram avaliados caracteres qualitativos e quantitativos de 16 subamostras de acordo com os descritores recomendados para espécie. As características quantitativas foram submetidas à análise de variância e, posteriormente, utilizadas para estimar a comparação de médias, em seguida foi realizado o agrupamento das subamostras pelo método UPGMA, a partir do qual houve a formação de três grupos. As subamostras de feijão-fava apresentaram ampla variabilidade genética com relação às características morfológicas avaliadas, com destaque para a subamostra S5 que apresentou precocidade, semente grande e padrão comercial satisfatório.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L., variabilidade genética, caracteres quantitativos, herdabilidade.

2.2 Abstract

Due to the ability to adapt to different environmental conditions, lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) is a multi-annual crop of economic and social importance, especially for the Northeast region of Brazil. This legume is a significant protein source consumed in the form of ripe or green grains and stands out for the wide variability in the seeds. The morphological study of lima bean subsamples allows the knowledge of phenotypic diversity, as well as the various ways of cultivation. Thus, the objective of this study was to characterize morphologically and estimate genetic parameters of subsamples of lima beans from the UFRPE germplasm collection, from different locations in the Northeast region. The experiment was conducted in a randomized block design, with three replications and four plants per plot. The qualitative and quantitative characters of 16 subsamples were evaluated according to the descriptors recommended for the species. The quantitative characteristics were subjected to analysis of variance and, subsequently, used to estimate the comparison of means, and then the subsamples were grouped by the UPGMA method, from which three groups were formed. The subsamples of lima beans showed wide genetic variability concerning the morphological characteristics evaluated, with emphasis on the subsample S5, which presented precocity, large seed, and satisfactory commercial pattern.

Keywords: *Phaseolus lunatus* L., genetic variability, quantitative characters, heritability.

2.3 Introdução

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), pertencente à família botânica *Fabaceae*, é uma espécie plurianual, predominantemente autógama, caracterizada por elevada diversidade genética e elevado potencial de produção (Silva et al., 2019).

Na Região Nordeste do Brasil o cultivo dessa espécie realiza-se em regime de sequeiro com pouco uso de tecnologias e insumos, como fertilizantes, herbicidas e inseticidas, o que resulta em baixos índices de produtividade, e grande variação na produção (Oliveira et al., 2014).

No entanto, devido a boa capacidade adaptativa do feijão-fava às condições do clima e solo da Região Semiárida, essa leguminosa é considerada de grande importância para segurança alimentar e nutricional das pequenas comunidades rurais, uma vez que, possui características agronômicas favoráveis para desenvolver-se em ambientes onde prevalece a seca (Barreiro Neto et al., 2015).

Nesse contexto, o melhoramento genético contribui para o aumento da produtividade, estabilidade e qualidade da cultura e a caracterização e avaliação são etapas fundamentais para o estabelecimento de um programa de melhoramento genético (Silva e Costa, 2003).

Com a finalidade de descrever, identificar e selecionar acessos dentro da espécie (Vicente et al., 2005), a caracterização morfológica de variedades de feijão-fava possui elevada importância, uma vez que, facilita a descrição de caracteres de identificação (Oliveira et al., 2011). Desta forma, diversos autores (Purwanti e Prihanta, 2017; Yagui et al., 2003; Oliveira et al., 2011; Santos et al., 2002; Barreiro Neto et al., 2015) se dedicaram ao estudo da caracterização de subamostras de feijão-fava.

O desempenho agronômico da cultura está relacionado aos caracteres morfológicos como o hábito de crescimento, a fenologia da cultura e características de adaptação. O hábito de crescimento indeterminado é o mais encontrado em variedades de feijão-fava. (CIAT, 1986).

Com relação a fenologia de uma cultura, esta pode ser definida como as etapas de desenvolvimento das plantas, onde é possível compreender as relações entre as características morfológicas e o meio ambiente (Ventura et al., 2009). Desta forma, o estudo fenológico do feijão-fava é importante para a condução da cultura, pois, possibilita o conhecimento da diversidade fenotípica e das relações entre genótipos (Sousa et al. 2017; Carvalho et al., 2016).

Apesar da elevada diversidade de feijão-fava existente no Brasil, ainda não existem variedades registradas pelo Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), sendo exclusivamente cultivadas sementes de variedades crioulas (Silva et al., 2019), essas sementes comercializadas, trocadas ou compartilhadas, apresentam ampla variabilidade (Barreiro Neto et al., 2015).

Mediante a variabilidade apresentada e as diferentes possibilidades de cultivo, as estimativas de parâmetros genéticos são primordiais para o estabelecimento de

programas de melhoramento que objetivam desenvolver cultivares mais produtivas e adaptadas a essas diferentes condições.

Diante do exposto, este trabalho teve como objetivo avaliar a diversidade fenotípica a partir da caracterização agromorfológica de subamostras de feijão-fava da coleção de germoplasma da UFRPE, formada por variedades crioulas de diferentes Estados da Região Nordeste, como também estimar parâmetros genéticos partir de caracteres quantitativos.

2.4 Materiais e métodos

O experimento foi conduzido na área experimental do Departamento de Agronomia da Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE, localizada no município do Recife, na Zona da Mata Pernambucana (coordenadas 8°1'5.87"S e 34°56'37.56"W), no período de outubro de 2019 a abril de 2020. Foram utilizadas 16 subamostras de feijão-fava, que compõem a coleção de germoplasma do Departamento de Agronomia da UFRPE, essas subamostras são oriundas de diversas localidades da Região Nordeste (Figura 1).

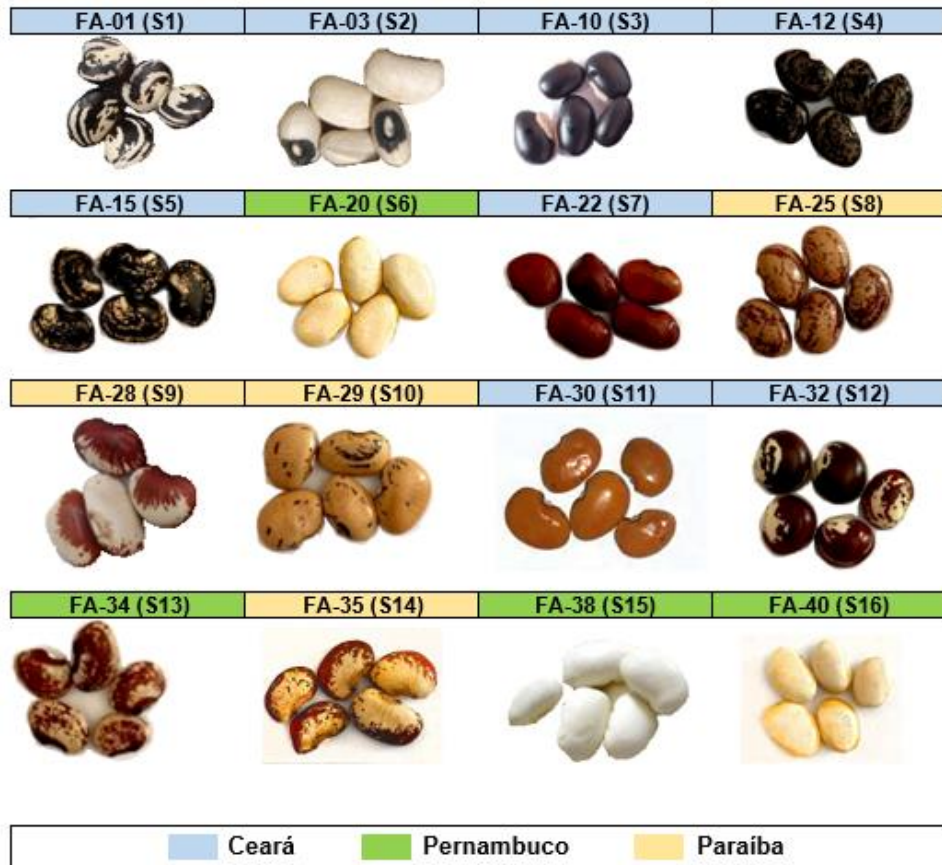


Figura 1: Identificação e origem de 16 subamostras de feijão-fava da coleção de germoplasma da UFRPE.

Para o preparo da área experimental, uma semana antes da semeadura, foi realizada uma aração, seguida de gradagem. O plantio foi feito em covas de 0,4 cm de profundidade. Utilizou-se o delineamento experimental em blocos ao acaso com três repetições. A parcela foi constituída por uma linha de 4,8m, sendo quatro plantas por unidade experimental. O espaçamento entre plantas foi de 1,6m por 1,0m entre linhas, sendo utilizadas três sementes por cova, deixando-se uma planta após desbaste. As plantas foram tutoradas com estacas de bambu com altura de 2,5 m.

O controle das plantas invasoras foi feito por capina manual e roçadeira durante o ciclo da cultura. A adubação e demais tratamentos culturais foram feitos conforme recomendações de manejo usuais para a cultura (Gomes e Lopes, 2006). Utilizou-se o método de irrigação por aspersão com lâmina de aproximadamente 4 mm/dia, de acordo com a Emprapa (1994).

Quatro semanas após o plantio (DAP), deu-se início as avaliações dos caracteres morfológicos referente a fase vegetativa das 16 subamostras. Dentre

essas, 11 subamostras, também foram avaliadas durante fase reprodutiva da cultura.

Para a caracterização das subamostras foram utilizados descritores recomendados para a espécie *Phaseolus lunatus* L., conforme o Internacional Institute of Plant Genetic Resources (IPGRI, 2001). Dentre os 60 descritores contidos no documento, foram utilizados 34 descritores neste estudo, sendo 21 para caracteres qualitativos e 13 descritores para caracteres quantitativos.

Os caracteres relacionados a planta foram: forma do folíolo, que foi determinada a partir do índice “J”, obtido através da razão comprimento e largura, confrontado com os parâmetros presentes nos descritores e classificado como redondo (1), oval (3), oval-lanceolado (5), lanceolado (7) e linear lanceolado (9).

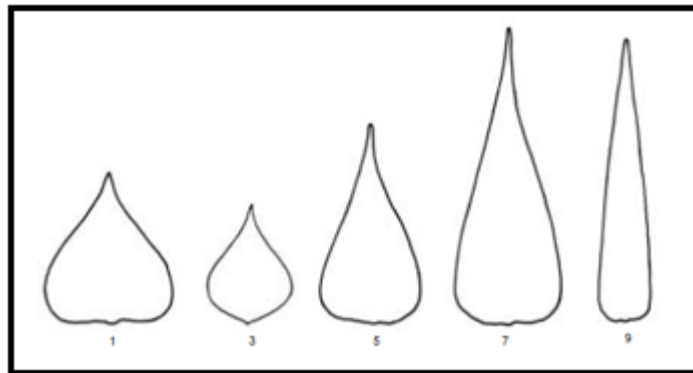


Figura 2: Forma do folíolo conforme os descritores para *Phaseolus lunatus* L. (IPGRI, 2001).

Avaliou-se a cor dos cotilédones, que foi determinada como: branca (1), verde (2) ou purpura (3); a cor do hipocótilo, que foi definida como: verde (1), vermelho (2), vermelho-púrpura (3) ou purpura (4). A determinação da pigmentação do caule principal foi classificada como: sem pigmentação (0), localizada nos nós (3), generalizada (5) ou quase total (7).

A cor da nervura da folha primária foi definida como: verde (1) ou purpura (2). A antocianina nas folhas foi classificada como ausente (0), quando o espaço entre as nervuras apresentou cor verde, e presente (1), quando o espaço entre as nervuras apresentou cor purpura. A cor da folha foi determinada pela intensidade da cor verde, portanto, classificada em: verde pálido (3), verde intermediário (5) e verde escuro (7). A pilosidade da folha foi determinada a partir de sua densidade, sendo classificada como: glabra (0), ligeiramente pubescente (3), moderadamente

pubescente (5), altamente pubescente (7). A persistência da folha foi definida quando cerca de 90% das vagens estavam maduras e foi classificada quando: poucas folhas persistem (3), intermediária (5) e quando a maioria das folhas persiste (7).

Para os caracteres qualitativos relacionados ao fruto (vagem) foram analisados: a pubescência da vagem, que foi definida em: glabra (0) e pubescente (1). A curvatura da vagem foi determinada da seguinte forma: direita (0), ligeiramente curva (3), curva (7) (Figura 3A). A deiscência da vagem foi determinada como: não deiscente (0) e deiscente (1). A forma do ápice da vagem foi classificada em: ápice curto (1), ápice médio (2), ápice longo (3), ápice grosso (4) (Figura 3B).

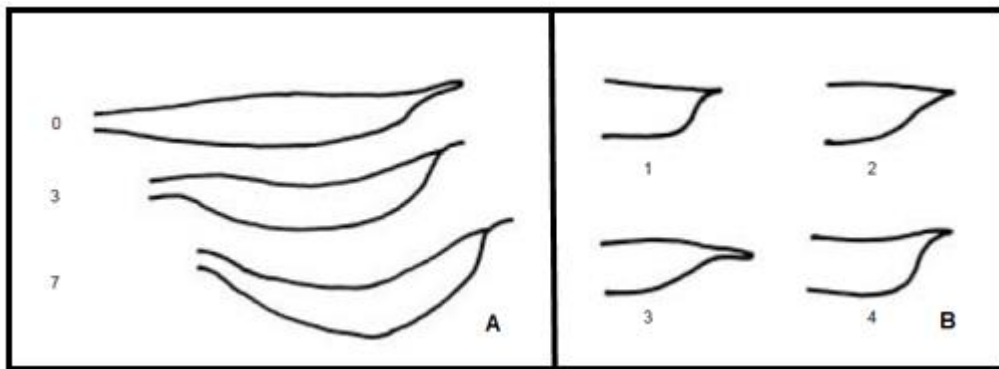


Figura 3: Padrões para curvatura da vagem (A) e Forma do ápice da vagem de feijão-fava (B), de acordo com IPGRI (2001).

Para classificação morfológica das sementes, considerando os caracteres qualitativos, foram avaliados: cor de fundo: verde (1), branco (2), cinzento (3), amarelo (4), cor de tijolo (5), castanho claro (6), rosa (8), vermelho (9), vermelho escuro (10), vermelho-púrpura (11), preto (12). A cor padrão foi classificada em: ausente (0), verde (1), castanho claro ou laranja (2), castanho-escuro (3), vermelho (4), vermelho-púrpura (5) e preto (6). A segunda cor padrão foi definida como: padrão com apenas uma cor/ausente (0), vermelho escuro (1), vermelho-púrpura (2) e preto (3).

O padrão do tegumento e a forma da semente foram definidos de acordo com a Figura 4.

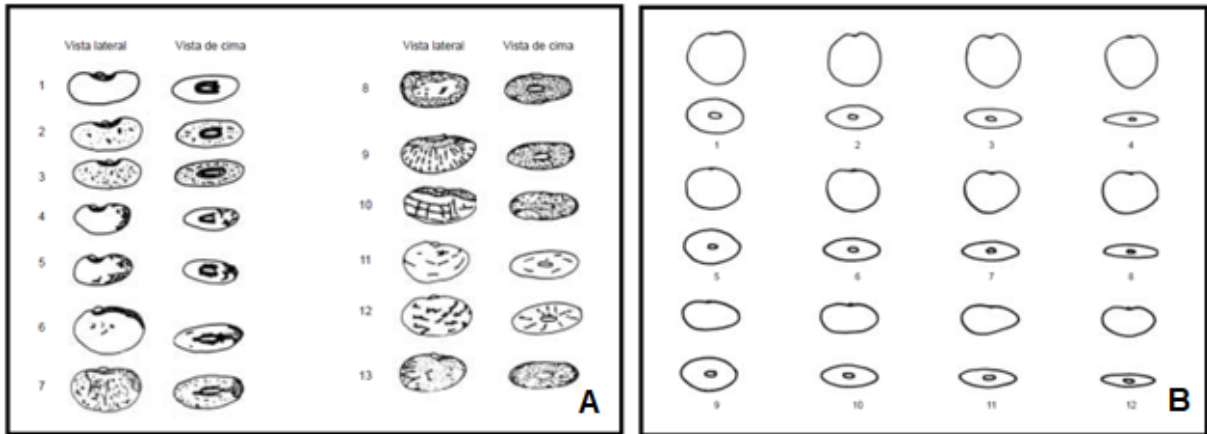


Figura 4: Padrão do tegumento da semente de feijão-fava (A) e Forma da semente (B). Fonte: IPGRI (2001).

A forma da semente também foi determinada pelo índice “J” (comprimento/largura), segundo metodologia proposta por Puerta Romero (1961), citado por Silva (2005), essa metodologia classifica as sementes em: esférica, elíptica, reniforme curta, reniforme média e reniforme longa. As dimensões da semente foram determinadas com paquímetro digital. Quanto ao tamanho, as sementes foram classificadas considerando o peso de 100 sementes, conforme Mateo Box, citado por Vilhordo et al. (1996).

Para caracterização agrônômica, foi avaliado o padrão de crescimento, definido como: determinado (1) ou indeterminado (2). A partir do padrão de crescimento foi analisada a ramificação, esta foi classificada em: um caule principal, ramos laterais curtos, raros ou inexistentes (1), um caule principal, raros ramos laterais a começar nos primeiros nós (3), dois ou três caules principais a começar nos primeiros nós (5), dois ou três caules principais e outros ramos laterais (7) ou densamente ramificado (9).

Para os caracteres quantitativos foram avaliados: comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida (cm) (CBH), número de nós no caule principal antes do 1º cacho (NNC), comprimento da vagem (cm) (CV), número de dias até à floração (NDF), número de lóculos por vagem (NLV), número de nós por cacho (NNC), número de dias até a maturação (NDM), comprimento do cacho (cm) (CC), largura da vagem (cm) (LV), número de sementes por vagem (NSV), comprimento da semente (cm) (CS), largura da semente (cm) (LS) e peso de 100 sementes (P100), as dimensões da semente e da vagem foram determinadas

com paquímetro digital e os resultados expressos em milímetros, medindo comprimento e largura de dez sementes secas, tomadas ao acaso.

O ciclo fenológico foi determinado a partir dos seguintes caracteres quantitativos: data de semeadura, emergência, início de florescimento, maturação e colheita conforme os “Descritores para *Phaseolus lunatus*” (IPGRI, 2001).

Os dados obtidos dos 13 descritores quantitativos, foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e, em seguida, as médias foram agrupadas, pelo teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade.

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Genes (Cruz, 2013), sendo os dados analisados por meio do seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + b_j + e_{ij}$$

Em que:

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

μ : média geral;

t_i : efeito do tratamento i ;

b_j : efeito do bloco j ;

e_{ij} : erro experimental associado à parcela que recebeu o tratamento i no bloco j .

Foram obtidas as esperanças dos quadrados médios das fontes de variação relativas ao modelo (Tabela 1).

Tabela 1: Esquema da análise de variância para o delineamento de blocos ao acaso, envolvendo “ g ” genótipos avaliados em um ambiente, em “ r ” repetições, considerando as fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL) e esperança de quadrados médios (E(QM)).

FV	GL	QM	E(QM)
Repetição (R)	($r-1$)	QMR	$\sigma^2 + g\sigma_r^2$
Genótipos (G)	($g-1$)	QMG	$\sigma^2 + r\phi_g$
Erro	($r-1$)($g-1$)	QME	σ^2

Posteriormente, foram estimados os seguintes parâmetros genéticos:

- Variância fenotípica: $\sigma^2 F = \frac{QMG}{r}$
- Variância ambiental: $\sigma^2 e = \frac{QME}{r}$
- Variabilidade genotípica: $\phi_G = \frac{QMG-QME}{r}$
- Herdabilidade: $H^2 = \frac{\phi_G}{\sigma^2 F}$
- Coeficiente de variação genética: $CVg = \frac{\sqrt{\phi_G}}{m} \times 100$
- Coeficiente de variação ambiental: $CVe = \frac{\sqrt{QME}}{m} \times 100$
- Índice de variação “b”: $\frac{CVg}{CVe}$

Em que:

QMG = quadrado médio do genótipo;

QMR = quadrado médio do erro;

r = número de repetições.

As subamostras foram agrupadas pelo método hierárquico UPGMA, adotando-se como medida de dissimilaridade a distância generalizada de Mahalanobis. O ponto de corte (Pc) do dendrograma foi definido conforme o proposto por Mojema (1977).

2.5 Resultados e Discussão

As subamostras de feijão-fava apresentaram diferentes formas de folíolo: 50% apresentaram folíolo oval, 37,5% folíolo oval lanceolado e 12,5% folíolo redondo (Tabela 1). Essa predominância da forma do folíolo oval foi observada por Frazão et al. (2010), estudando a morfologia de dez variedades de feijão-fava.

Tabela 2: Caracteres qualitativos utilizados na caracterização morfológica de 16 subamostras de feijão-fava.

Genótipo	FF	PC	CC	CH	PCP	CN	AF	CF	PF	RAM	PEF
G1	oval lanceolado	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde intermediário	ligeiramente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G2	oval	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	púrpura	presente	verde escuro	glabra	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G3	oval lanceolado	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde escuro	ligeiramente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G4	redondo	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde intermediário	moderadamente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G5	redondo	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde pálido	ligeiramente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G6	oval lanceolado	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde pálido	ligeiramente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G7	oval	indeterminado	púrpura	púrpura	localizada nos nós	verde	presente	verde pálido	glabra	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G8	oval	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde intermediário	glabra	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G9	oval	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde escuro	ligeiramente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G10	oval lanceolado	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde intermediário	glabra	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G11	oval	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	púrpura	presente	verde intermediário	moderadamente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G12	oval	indeterminado	verde	púrpura	sem pigmentação	púrpura	presente	verde intermediário	ligeiramente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G13	oval lanceolado	indeterminado	verde	púrpura	sem pigmentação	verde	presente	verde intermediário	ligeiramente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G14	oval	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde pálido	glabra	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G15	oval	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde pálido	ligeiramente pubescente	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste
G16	oval lanceolado	indeterminado	verde	verde	sem pigmentação	verde	ausente	verde intermediário	glabra	Densamente ramificada	A maioria das folhas persiste

FF= Forma do Folíolo, PC= Padrão de crescimento, CC= Cor do cotilédone, CH= Cor do hipocótilo, PCP= Pigmento no caule principal, CN= Cor das nervuras, AF= Antocianina das folhas, CF=Cor da folha, PF= Pilosidade da folha, RAM= Ramificação, PEF= Persistência da folha.

O padrão de crescimento indeterminado foi observado em todas as subamostras, mesmo resultado foi encontrado por Santos et al. (2002), estudando produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de feijão-fava na Paraíba. Essa é uma característica agrônômica muito importante na cultura. De acordo com Oliveira et al. (2011), genótipos com hábito de crescimento indeterminado possuem maior produtividade que as de hábito determinado, porque o desenvolvimento vegetativo prossegue com a emissão de novos nós, onde são emitidas novas florações, proporcionando um potencial maior. Oliveira et al. (2004) afirmam que, genótipos com hábito de crescimento indeterminado são os mais utilizados por pequenos produtores.

Segundo Vilhordo e Muller (1981), o hábito de crescimento está relacionado com a ramificação, que se caracteriza pelo número de nós no ramo principal, no presente estudo, todas as subamostras foram classificadas como densamente ramificadas.

Para a cor dos cotilédones, observou-se que todas as subamostras apresentaram cor verde, com exceção da subamostra S7 que apresentou coloração púrpura. Para cor do hipocótilo, as subamostras S7, S12 e S13 apresentaram coloração púrpura, as demais apresentaram coloração verde, de maneira que apenas a subamostra S7 apresentou coloração púrpura para os dois caracteres, as subamostras S12 e S13 divergiram com relação a cor do cotilédone e do hipocótilo. Essas características são importantes, pois estão relacionadas com a cor das sementes. Conforme Vilhordo et al. (1996), cotilédones verdes se originam de sementes claras e cotilédones avermelhados, de sementes com coloração mais escura.

Quanto a pigmentação do caule, apenas a subamostra S7 apresentou pigmentação localizada nos nós, todas as demais subamostras foram classificadas sem pigmentação, de maneira análoga, Frazão et al. (2010), classificou o caule sem pigmentação para a maioria das variedades estudadas.

Com relação a cor das nervuras das folhas primárias, 81,25% das subamostras apresentaram coloração verde, em 18,75% identificou-se a cor púrpura, resultado divergente foi encontrado por Sousa et al. (2019) ao caracterizar 10 acessos de feijão-fava da coleção de germoplasma da UFRRJ, uma vez que, todos os acessos apresentaram a cor da nervura da folha verde.

A presença de antocianina nas folhas foi observada em 31,25% das subamostras estudadas. Após a clorofila, é o grupo de pigmentos mais importante de origem vegetal. As cores produzidas pela antocianina têm um papel importante em vários mecanismos reprodutores das plantas, tais como a polinização e a dispersão de sementes (Harborne e Grayer, 1988, Lopes et al., 2007).

Em relação à cor das folhas, predominou a coloração: verde intermediário (50%), as demais subamostras apresentaram coloração verde pálido (31,25%) ou verde escuro (18,75%). Segundo Zimmermann e Teixeira (1996), a tonalidade, mais escura, do verde de suas folhas, mesmo depois do amadurecimento das vagens é uma das características marcantes que distingue o feijão-fava das outras espécies do gênero *Phaseolus*.

Para pilosidade da folha, 37,5% das subamostras apresentaram folhas glabras, 50% folhas ligeiramente pubescentes e 12,5% apresentaram-se moderadamente pubescente. Com relação à persistência da folha, em todas as subamostras a maioria das folhas persistem. No estudo de caracterização realizado por Frazão et al. (2010) a pilosidade da folha e a persistência da folha não foram importantes na diferenciação das variedades estudadas, uma vez que, todas apresentaram folhas glabras, e, analogamente ao presente estudo, ocorreu em todas as variedades a persistência da maioria das folhas.

Foram identificadas subamostras com ápice da vagem curto (63,7%), ápice médio (9%) e ápice grosso (27,3%) (Figura 5A). Purwanti e Fauzi (2017), caracterizando morfologicamente 15 acessos de feijão-fava em diferentes áreas da Ilha de Java, identificou que todos os acessos apresentaram forma do ápice das vagens curto.

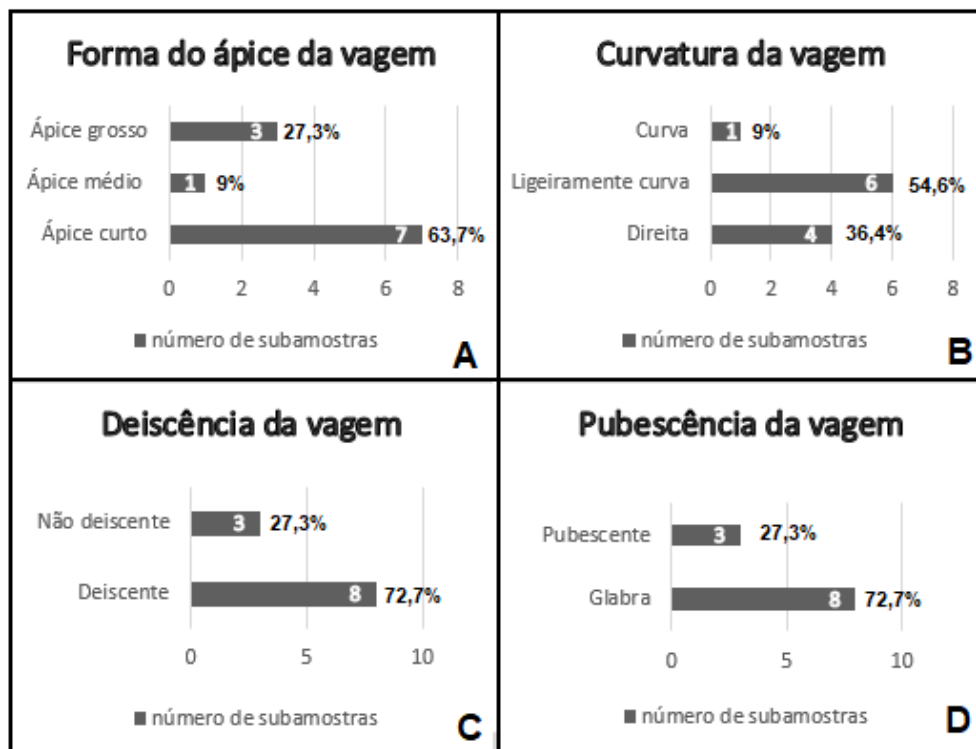





















Figura 5: Identificação de caracteres morfológicos das vagens de 11 subamostras de feijão-fava. A- Forma do ápice. B- Curvatura. C- Deiscência. D- Pubescência.

Para curvatura de vagem, 54,6% apresentou vagem ligeiramente curva, 36,4% curvatura direita e apenas 9% apresentou vagem curva (Figura 5B). Santos et al. (2002) em estudos, na Paraíba, com produtividade e morfologia de vagens e sementes de feijão-fava identificou que todas as variedades apresentaram vagens curvas. Por outro lado, Sousa et al. (2019) e Bria et al. (2019), em estudos com feijão-fava, encontraram grande variação para o descritor curvatura da vagem. Com relação a deiscência, foram identificadas 8 subamostras apresentando deiscência das vagens e 3 subamostras apresentaram vagens não-deiscentes (Figura 5C). Verificou-se que 72,7% das vagens eram glabras e 27,3% apresentaram pubescência (Figura 5D). Diferentemente do presente estudo, Brito et al. (2020) estudando 22 genótipos de feijão-fava no Piauí, identificou que a maioria apresentou vagens não-deiscentes e eram pubescentes.

No feijão-fava, o estudo da variação morfológica das sementes tem sido um dos principais critérios utilizados para explicar sua origem e diversidade genética (Vargas et al., 2003), de acordo com esses critérios, verificou-se a variabilidade fenotípica para os caracteres qualitativos avaliados, referente a cor (cor de fundo,

cor padrão e segunda cor padrão), padrão do tegumento e forma da semente (Tabela 3).

Tabela 3: Caracterização morfológica das sementes de 11 subamostras de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.).

Subamostra	Imagem da Semente	Cor de fundo (semente)	Cor padrão	Segunda cor padrão	Padrão do tegumento da semente*	Comprimento da semente (mm)	Largura da semente (mm)	Forma da semente pelo índice "J"	Tamanho da semente	Forma da semente*
S4		Castanho	Castanho Escuro	Preto	10	13,8	9,7	Esférica	Normal	 (10)
S5		Amarelo	Preto	Ausente	9	17,8	12,00	Elíptica	Grande	 (10)
S6		Branco	Castanho claro	Ausente	0	15,7	10,6	Elíptica	Grande	 (12)
S7		Vermelho Escuro	Ausente	Ausente	1	13,9	9,7	Elíptica	Normal	 (9)
S8		Cor de tijolo	Castanho Escuro	Ausente	3	10,9	7,9	Esférica	Média	 (6)
S10		Castanho	Castanho Escuro	Ausente	11	12,6	9,1	Esférica	Média	 (10)
S11		Cor de tijolo	Vermelho	Ausente	7	11,9	8,5	Esférica	Média	 (7)
S12		Amarelo	Vermelho	Vermelho Púrpura	10	12,1	9,6	Esférica	Média	 (1)
S13		Cinzento	Vermelho	Vermelho Escuro	3	10,9	7,8	Esférica	Pequena	 (7)
S14		Amarelo	Vermelho	Vermelho Púrpura	8	17,6	11,4	Elíptica	Grande	 (10)
S16		Branco	Ausente	Ausente	0	13,00	8,8	Elíptica	Normal	 (5)

Com relação a cor de fundo as sementes apresentaram grande diversidade de cores, apenas as subamostras S6 e S16 apresentaram cor de fundo branco. Segundo Lopes et al. (2010), a maioria dos consumidores nordestinos tem preferência pelo feijão-fava de tegumento branco, dessa forma, é importante a seleção de genótipos que apresentem sementes de coloração clara.

As sementes da maioria das subamostras apresentaram uma cor padrão, sendo a cor vermelha mais evidenciada. A segunda cor padrão foi identificada nas subamostras S4, S12, S13, S14, estas apresentaram as cores preto, vermelho-púrpura, vermelho escuro e vermelho-púrpura, respectivamente.

Uma grande variabilidade de cor da semente foi verificada por Silva et al. (2017) estudando a diversidade fenotípica em variedades de feijão-fava, os quais, avaliando 166 genótipos identificaram que a maioria das sementes apresentou coloração marrom, e branca, para cor padrão das sementes a maioria foi classificada como ausente. Em estudo semelhante na Ilha de Timor, Bria et al. (2019) encontraram uma variação muito alta de coloração de sementes nos 23 genótipos estudados.

O padrão do tegumento da semente é caracterizado pelas formas e localização dos pigmentos presentes no tegumento da semente. Desta forma, essa característica apresentou alta variabilidade entre as subamostras estudadas. Dos treze padrões presentes nos descritores, oito foram identificados. Com relação à forma da semente, foram identificadas sete das doze formas possíveis conforme os descritores.

Mediante as dimensões das sementes (comprimento e largura), obteve-se o índice "J" e as sementes foram classificadas em esféricas (6 genótipos) e elípticas (5 genótipos). Com relação ao tamanho, foram identificadas 3 subamostras com sementes grandes (S5, S6, S14), a subamostra S13 apresentou semente pequena, e as demais sementes foram classificadas como normais e médias. Santos et al. (2002) avaliando oito variedades de feijão-fava na Paraíba identificou que a maioria das variedades apresentou forma esférica e elíptica, com exceção da variedade Boca-de-moça que apresentou forma oblonga e para avaliação do tamanho das sementes, foram identificadas 3 variedades com sementes grandes, semelhante ao presente estudo. Desta forma, evidenciamos uma ampla variabilidade nas sementes das subamostras estudadas indicando potencialidades de uso no melhoramento genético da espécie.

Aspectos fitotécnicos da cultura como o estudo das fases fenológicas é essencial para compreensão da uniformidade da maturação, duração do ciclo e florescimento. Nesse contexto, o ciclo fenológico das subamostras estudadas (Figura 6) apresentou variação de 98 a 154 dias até à maturação, contados a partir da sementeira.

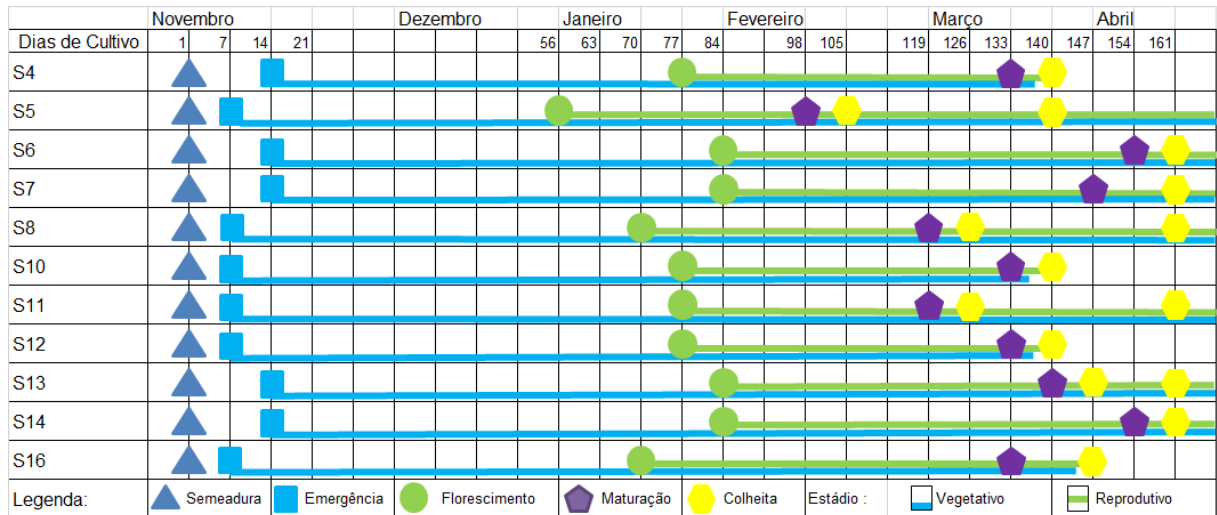


Figura 6: Ciclo fenológico de 11 subamostras de feijão-fava.

Com relação à emergência, houve variação de 07 a 14 dias, após a sementeira, para todas as subamostras avaliadas. A emergência tardia pode ter sido ocasionada pela baixa qualidade fisiológica das sementes utilizadas. Santos et al. (2002), em estudos com oito variedades de feijão-fava, inferiu que, a emergência das plântulas ocorreu entre 6 e 9 dias após a sementeira.

O número de dias até a floração variou entre 56 e 84 dias, contados a partir da sementeira, sendo que a subamostra S5, considerada precoce, em relação as demais, iniciou a floração aos 56 dias. Aos 70 dias após a sementeira, as subamostras S8 e S16 iniciaram a floração, já as subamostras S4, S10, S11 e S12 iniciaram a floração aos 77 dias. As subamostras S6, S7, S13 e S14 iniciaram sua floração tardiamente, aos 84 dias após a sementeira. De forma semelhante, Frazão et al. (2010) verificaram, em estudos de morfologia e fenologia de fava no estado da Paraíba, que a variedade Boca-de-moça apresentou início de floração aos 82 dias contados a partir da emergência. Santos et al. (2002) observaram, em seus estudos, que o início da floração ocorreu entre 49 e 71 dias.

As subamostras S4, S10, S12 e S16, atingiram a maturação das vagens aos 133 dias após a semeadura, em seguida apresentaram senescência das folhas. As subamostras S5, S8, S11 e S13 apresentaram vagens maduras (secas) aos 98, 119, 119 e 140 dias, respectivamente, possibilitando a realização de mais de uma colheita. As últimas subamostras a atingirem a maturação, foram a S6, S7 e S14, aos 154, 147 e 154 dias, respectivamente, após a semeadura. Todas as subamostras não completaram todo o ciclo devido ao encharcamento do solo proveniente do início do período chuvoso que coincidiu com a pandemia do Covid-19 ocorrendo a senescência precoce das plantas.

Para os caracteres quantitativos, observou-se que houve diferenças significativas ($p \leq 0,01$), pelo teste F, para oito características avaliadas (Tabela 4). Indicando a existência de variabilidade genética entre as subamostras, podendo-se selecionar aquelas com características desejáveis agronomicamente. Segundo Ramalho et al. (2000), é imprescindível para qualquer programa de melhoramento a existência da variabilidade genética numa população. Para os caracteres CBH, NCP, CV, CC e LV não houve diferença significativa.

Tabela 4: Resumo da análise de variância para 13 características quantitativas avaliadas de subamostras feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.).

FV	GL	QM						
		CBH	NDM	NCP	NDF	CV	NLV	NNC
Blocos	2	25,79	22,92	0,04	7,57	0,14	0,03	0,46
Tratamentos	10	25,19 ns	687,89**	0,34 ns	173,81**	0,40 ns	0,53**	2,92**
Resíduo	20	11,80	10,29	0,44	18,82	0,43	0,03	0,52
Média		24,79	131,22	7,70	76,10	6,98	2,76	8,99
CV(%)		13,86	2,45	8,64	5,70	9,42	6,31	8,02

FV	GL	QM					
		CC	LV	NSV	CS	LS	P100
Blocos	2	14,34	0,0004	0,0013	0,01	0,0024	5,69
Tratamentos	10	3,27 ns	0,0033 ns	0,47**	0,17**	0,05**	899,43**
Resíduo	20	2,00	0,0027	0,0059	0,01	0,0038	0,49
Média		21,06	1,62	2,87	1,37	0,96	48,03
CVe(%)		3,18	3,18	2,68	7,52	6,46	1,46

** e * significativos a 1 e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F
ns não-significativo; pelo teste F

CBH: Comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida (cm). NDM: Número de dias até a maturação. NCP: N° de nós no caule principal antes do 1° cacho. NDF: N° de dias até à floração. CV: Comprimento da vagem (cm). NLV: Número de lóculos por vagem. NNC: Número de nós por cacho. CC: Comprimento do cacho (cm). LV: Largura da vagem (cm). NSV: Número de sementes por vagem. CS: Comprimento da semente (cm). LS: Largura da semente (cm). P100: Peso de 100 sementes (g).

Uma das medidas mais empregadas entre os pesquisadores para avaliar a precisão dos ensaios de experimentos agrícolas, é o coeficiente de variação experimental (C_{Ve}), assim, as estimativas de C_{Ve} no presente estudo, variaram de 1,46 a 13,86%, esses valores foram considerados baixos para quase todos os caracteres avaliados, segundo a classificação proposta por Gomes e Garcia (2002). O caráter em que se verificou o menor valor de C_{Ve} (1,46%) foi o peso de 100 sementes, isso pode ser devido a boa condução experimental como também a alta herdabilidade apresentada. Oliveira et al. (2011) caracterizando acessos de feijão-fava em Mossoró, identificou que o C_{Ve} para peso de 100 sementes foi de 2,99%. Baixo valor de C_{Ve} também foi encontrado por Públio Júnior et al. (2018), em estudos com genótipos de feijão-frade (C_{Ve}= 7,50%).

Além da característica P100, baixos valores de C_{Ve} foram verificados nas características: NDF e NDM, 5,70 e 2,45%, respectivamente. Correa et al. (2012), estimando parâmetros genéticos e fenotípicos entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos de 19 genótipos de feijão-caupi, também encontraram valores baixos de C_{Ve} para os caracteres NDF (C_{Ve}= 2,83%) e NDM (C_{Ve}= 2,53%).

Para os caracteres relacionados à semente e vagem: NSV, CS, LS e NLV, foram encontrados os seguintes C_{Ve}: 2,68; 7,52; 6,46 e 6,31%, respectivamente. De forma semelhante, Silva et al. (2017), estudando a diversidade genética de 166 genótipos de feijão-fava, obtiveram resultados aproximados para comprimento da semente (C_{Ve}= 8,17%) e largura da semente (C_{Ve}= 6,79%), para NSV o C_{Ve} foi igual a 9,29% e o para o caráter NLV o C_{Ve} foi de 8,41%. Com relação ao número de nós por cacho, o C_{Ve} foi igual a 8,02%, valor aproximado foi encontrado por Correa et al. (2003) (C_{Ve}= 7,51%) avaliando 16 genótipos de feijão-comum no Mato Grosso do Sul.

Com relação à característica número de dias até a floração (NDF), houve formação de quatro grupos (Tabela 5). Quanto ao número de dias até a maturação (NDM), houve formação de cinco grupos. Para (P100) houve a formação de 9 grupos, evidenciando a alta variabilidade para essa característica. Silva (2015), avaliando 28 acessos de feijão-fava em Campos dos Goytacazes- RJ, identificou que formaram 4 grupos para (NDF) e (NDM) e para (P100) formaram 7 grupos.

Tabela 5: Médias dos descritores pelo agrupamento Skott-Knott em subamostras de feijão-fava.

Subamostra	Descritores Quantitativos ^{1/}							
	NDM	NDF	NLV	NNC	NSV	CS	LS	P100
S4	132,00 b	76,00 a	3,00 a	8,00 b	3,17 a	1,38 c	0,97 c	52,00 c
S5	99,00 e	54,00 b	2,00 c	8,08 b	2,08 b	1,78 a	1,20 a	76,00 a
S6	146,50 a	78,33 a	3,00 a	10,00 a	3,06 a	1,57 b	1,06 b	75,00 a
S7	144,00 a	80,66 a	3,00 a	8,44 b	3,03 a	1,39 c	0,97 c	46,00 d
S8	117,75 d	78,00 a	3,00 a	9,50 a	2,97 a	1,09 d	0,79 d	31,00 h
S10	126,00 c	75,25 a	3,00 a	10,37 a	3,03 a	1,26 c	0,91 c	38,00 g
S11	118,16 d	80,66 a	3,00 a	8,83 b	3,09 a	1,19 d	0,85 d	40,00 f
S12	132,00 b	79,66 a	3,00 a	7,94 b	3,03 a	1,21 d	0,96 c	37,50 g
S13	143,00 a	75,25 a	3,00 a	10,64 a	3,06 a	1,09 d	0,78 d	25,00 i
S14	149,00 a	80,66 a	2,33 b	8,77 b	2,07 b	1,76 a	1,14 a	65,53 b
S16	136,00 b	78,50 a	2,00 c	8,25 b	2,99 a	1,30 c	0,88 c	42,33 e

^{1/}NDM: Número de dias até a maturação. NDF: N° de dias até à floração. NLV: Número de lóculos por vagem. NNC: Número de nós por cacho. NSV: Número de sementes por vagem. CS: Comprimento da semente (cm). LS: Largura da semente (cm). P100: Peso de 100 sementes (g).

Para característica comprimento de semente (CS), identificou-se a formação de quatro grupos, com destaque para a subamostra S5, com média de 1,78 cm, o mesmo genótipo foi evidenciado para a característica largura da semente (LS), que também apresentou a formação de quatro grupos, e obteve como maior média 1,20 cm para a subamostra S5. Essas características têm relação direta com o tipo de

domesticação de cada subamostra de feijão-fava. Isto porque, segundo Fofana et al. (1997), sementes grandes e achatadas são características do conjunto gênico Andino, enquanto sementes pequenas, achatadas ou arredondadas é característica do conjunto gênico Mesoamericano. As características (NLV), (NNC), (NSV) formaram 3, 2 e 2 grupos, respectivamente.

A partir dos resultados obtidos, foi gerado um dendrograma (Figura 7) através do método de agrupamento UPGMA para a discriminação das subamostras mais divergentes, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

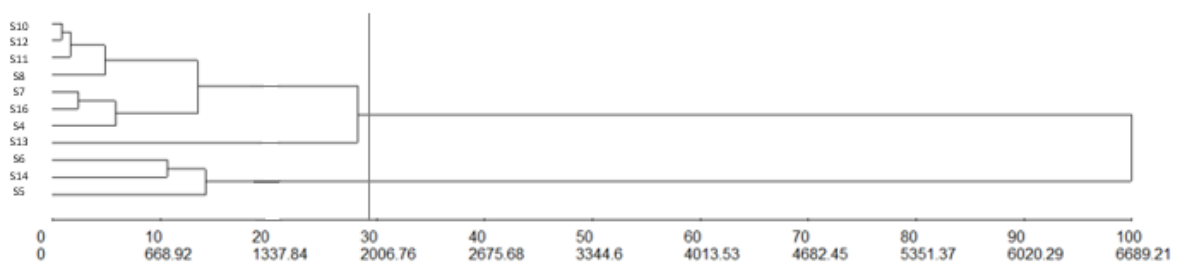


Figura 7: Dendrograma obtido pelo método de agrupamento UPGMA, utilizando a distância de Mahalanobis (D^2) resultante da análise de 11 subamostras de feijão-fava.

As dissimilaridades (D^2) entre as subamostras variaram de 57,028 a 14. As maiores distâncias foram registradas entre as subamostras S5 e S10. Por outro lado, as subamostras S10 e S12 foram os menos distantes geneticamente. Houve a formação de 3 grupos, o primeiro grupo formado pelas subamostras S4, S7, S8, S10, S11, S12, S16, corresponde a cerca de 63% das subamostras avaliadas. O segundo grupo formado pela subamostra S13 e o terceiro grupo formado pelas subamostras S5, S6 e S14.

Na composição das variância fenotípicas (σ^2F) houve superioridade das variabilidade genotípicas (σ^2g), em relação as variâncias ambientais (σ^2e) para todas as características avaliadas (Tabela 6), expressando a predominância dos fatores genéticos na expressão do fenótipo. Resultado semelhante foi encontrado por Silva (2015), estimando parâmetros genéticos de 28 acessos de feijão-fava em Bom Jesus no Piauí.

Tabela 6: Estimativas das variâncias fenotípica ($\sigma^2 F$) e ambiental ($\sigma^2 e$), variabilidade genotípica ($\sigma^2 g$), herdabilidade (H^2), coeficiente de variação genética (CV_g), índice de variação “b” (CV_g/CV_e) de treze caracteres quantitativos.

Parâmetros Genéticos	Descritores Quantitativos ^{1/}							
	NDM	NDF	NLV	NNC	NSV	CS	LS	P100
$\sigma^2 F$	229,29	57,93	0,17	0,97	0,15	0,0587	0,0184	296,47
$\sigma^2 e$	10,29	18,82	0,03	0,51	0,00	0,0105	0,0038	0,16
$\sigma^2 g$	225,86	51,66	0,16	0,80	0,15	0,0552	0,0172	296,31
$H^2(\%)$	98,50	89,17	94,38	82,23	98,74	94,00	93,06	99,94
“b” (CV_g/CV_e)	4,68	1,66	2,37	1,24	5,12	2,29	2,11	24,50

^{1/} NDM: Número de dias até a maturação. NDF: Nº de dias até à floração. NLV: Número de lóculos por vagem. NNC: Número de nós por cacho. NSV: Número de sementes por vagem. CS: Comprimento da semente (cm). LS: Largura da semente (cm). P100: Peso de 100 sementes (g).

A herdabilidade mede o grau de correspondência entre fenótipo e valor genético, ou seja, a proporção herdável da variabilidade total. Desta forma, as estimativas de herdabilidade média (H^2) foram altas e superiores a 80%, com destaque para a característica P100 que apresentou o maior valor de H^2 (99,94%). H^2 superior a 80% foi verificada por Meira et al. (2017) e Silva (2015) para todas as características avaliadas em seus estudos. No entanto, Públio Jr. (2018), estudando genótipos de feijão-frade em Vitória da Conquista, identificou que 50 % das características avaliadas apresentaram herdabilidade inferior a 80%. Nesse contexto, Falconer (1987) afirma que, quando as estimativas de herdabilidade são superiores a 80% é possível obter ganhos genéticos, pois altos valores de H^2 sugerem que grande parte da variabilidade fenotípica é de origem genética.

Segundo Vencovsky (1987), o índice de variação “b” quantifica a proporção da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental. Para todas as características avaliadas, o índice “b” foi superior a 1,0. De acordo com Ribeiro et al. (2009), quanto maior o índice “b”, maior a possibilidade de obtenção de êxito na seleção de genótipos. Silva (2015), avaliando número de dias até a floração, número

de dias até a maturação e peso de sementes identificou que os índices “*b*” foram 1,90; 2,74; 6,18, respectivamente.

2.6 Conclusões

Existe variabilidade genética entre as subamostras de feijão-fava para os caracteres quantitativos avaliados.

A subamostra S5 é considerada precoce, apresenta semente grande e com padrão comercial satisfatório, sendo promissora para estudos em programas de melhoramento.

As sementes das subamostras avaliadas representam os dois centros de domesticação da espécie: mesoamericano e andino.

As estimativas dos parâmetros genéticos permitem inferir que existe possibilidade de ganhos genéticos para as subamostras de feijão-fava estudadas, considerando a seleção com base no fenótipo.

2.7 Referências

Barreiro Neto M, Fagundes RAA, Barbosa MM, Arriel NHC, Franco CFO, Santos JF (2015) Características morfológicas e produtivas em acessos de feijão-fava consorciados. **Tecnologia e Ciência Agropecuária** 9: 23-27.

Barreiro Neto M, Franco CFO, Arriel NHC, Santos ES (2017) Valoração de custos e rentabilidade econômica de sistemas de produção de feijão fava de crescimento determinado na Mata Paraibana. **Tecnologia & Ciência Agropecuária** 11: 75-83

Bria EJ, Suharyanto E, Purnomo (2019) Variability and Intra-Specific Classification of Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L.) from Timor Island based on Morphological Characters. **Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology** 04: 62-71.

Brito MV, Silva VB, Matos Filho CHA, Gomes RLF, Lopes ACA (2020) Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotypes. **Revista Caatinga** 33: 571 – 578.

Carvalho M, Castro I, Matos M, Lino-Neto T, Silva V, Rosa E.; Carnide V (2016) Caracterização agro-morfológica de acessos de feijão-frade (*Vigna unguiculata*): bases para o melhoramento. **Revista de Ciências Agrárias 39**: 506-517.

CIAT- CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. The cultivated species of Phaseolus; Study guide to be used as a supplement to the audiotutorial unit on the same topic. Scientific content: HIDALGO, R; SONG, L; GEPTS, P. 1986. 52p. Cali, Colômbia: CIAT

Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum 35**: 271-276.

Embrapa (1994) **O cultivo do feijão**. EMBRAPA-CNPAP. Documento 48, 83p.

Gomes, R. L. F.; Lopes, A. C. A. (2006) **A cultura da fava**. Teresina: Universidade Federal do Piauí, (Comunicado Técnico, 07). 2p.

Gomes F, Garcia CH (2002) **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**. FEALQ, Piracicaba, 309p.

Falconer DS (1987) **Introdução à genética quantitativa**. UFV, Viçosa, 279p.

Frazão JEM, Santos D, Oliveira FP, Pereira WE, Morais JF (2010) Morfologia e fenologia de dez variedades de fava nas fases vegetativa e de inflorescência. **Agropecuária Técnica 31**: 18-24.

Fofana B, Baudoin JP, Vekemans X, Debouck DG, Jardin P (1999) Molecular evidence for an Andean origin and a secondary gene pool for the Lima bean (*Phaseolus lunatus*) using chloroplast DNA. **Theoretical and Applied Genetics 98**: 202–212.

Harborne JB, Grayer RJ (1988) **The anthocyanins**. In: The flavonoids: advances in research since 1980. Chapman & Hall, London, p. 1-20.

IPGRI. (2001) **Descritores para *Phaseolus lunatus* (feijão-espadinho)**. International Plant Genetic Resources Institute, Rome. 51p.

Lopes TJ, Xavier MF, Quadri MGN, Quadri MB (2007) Antocianinas: uma breve revisão das características estruturais e da estabilidade. **Revista Brasileira Agrociência 13**: 291-297.

Lopes, A. S. A.; Gomes, R. L. F.; Araújo, R. L. **A cultura do feijão-fava no Meio Norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, 2010.

Meira AL, Santana TM, Amaral CLF, Miguel DL, Santos Júnior NS (2017) Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em feijão-caupi sob estresse hídrico severo. **Agropecuária Científica no Semiárido 13**: 41-47.

Mojema R (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal 20**: 359-363.

Nobre, D. A. C.; Brandão Junior, D. S.; Nobre, E. C.; Santos, J. M. C.; Miranda, D. G. S.; Alves, L. P. (2012) Qualidade física, fisiológica e morfologia externa de sementes de dez variedades de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Biotecnologia 10**: 425-429.

Oliveira AP, Alves EU, Alves AU, Dornelas CSM, Silva JÁ, Pôrto ML, Alves AV (2004) Produção de feijão-fava em função do uso de doses de fósforo. **Horticultura brasileira 22**: julho a setembro.

Oliveira, F.N.; Torres, S.A.; Benedito, C.P. (2011) Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava, em Mossoró, RN. **Revista Caatinga 24**: 143-148.

Oliveira AES, Simeão M, Mousinho FEP, Gomes RLF (2014) Desenvolvimento do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) sob déficit hídrico cultivado em ambiente protegido. **HOLOS 1**: 143-151.

Públio Júnior E, Guimarães DG, Públio APPB, Souza UO, Amaral, CLF (2018) Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-frade. **Revista de Ciências Agrárias 41**: 806-814.

Purwanti E e Fauzi A (2017) The Morphological Characteristics of *Phaseolus lunatus* L. in Different Areas of East Java, Indonesia. International Conference on Life Sciences and Technology. IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science 276.

Purwanti, E., Prihanta, W. (2017) Morphological Diversity and Germplasm Conservation Strategies of *Phaseolus lunatus* L in East Java. The 4th International Conference the Community Development in ASEAN. 238 – 247.

Ramalho MAP, Santos JB & Pinto CABP (2000). Genética na Agropecuária. 7ª ed. São Paulo, Editora Globo. 359p.

Ribeiro EH, Pereira MG, Coelho KS, Freitas Júnior SP (2009) Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Ceres 56**: 580-590.

Santos, D.; Corlett, F.M.F.; Mendes, J.E.M.F.; Wanderley júnior, J.S.A. (2002) Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. **Pesquisa agropecuária brasileira** **37**: 1407-1412.

Silva, HT. (2005) **Descritores mínimos indicados para caracterizar cultivares/variedades de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)** Embrapa Arroz e Feijão, 32 p.

Silva HT e Costa, AO (2003) **Caracterização botânica de espécies silvestres do gênero *Phaseolus* L.** (Leguminosae). Santo Antônio de Goiás. 40p. (Embrapa Arroz e feijão: Comunicado Técnico, 156).

Silva RNO, Burle ML, Pádua JG, Lopes ACA, Gomes RLF e Martínez-Castillo J (2015) Phenotypic diversity in lima bean landraces cultivated in Brazil, using the Ward-MLM strategy. **Chilean Journal of Agricultural Research** **77**: 35-40

Silva SIA, Souza T, Santos D, Souza RFS (2019) Avaliação dos componentes de produção em variedades crioulas de fava cultivadas no Agreste da Paraíba. **Revista de Ciências Agrárias** **42**: 731-742.

Silva VB, Gomes RLF, Lopes ACA, Dias CTS, Silva RNO (2015) Genetic diversity and promising crosses indication in lima bean (*Phaseolus lunatus*) accessions. **Semina: Ciências Agrárias** **36**: 683-692.

Singh BB (2007) Recent Progress in cowpea genetics and breeding. **Acta Horticulture** **752**: 69-75.

Sousa FM, Pádua LEM, Portela GLF, Sousa M, Carvalho LF (2017) Phenological characterization and development of fava beans. **Científica** **45**: 379–382.

Souza TP, Abboud ACS, Dias A, Silva BS (2019) Seleção de acessos promissores de feijão-fava na Baixada Fluminense, RJ, por meio de descritores morfoagronômicos. **Magistra** **30**: 211 - 224.

Vargas, E.M.; Castro, E.; Macaya, G.; Rocha, O. J. (2003) Variación del tamaño de frutos y semillas en 38 poblaciones silvestres de *Phaseolus lunatus* (*Fabaceae*) del Valle Central de Costa Rica. **Revista de Biología Tropical** **51**: 707-724.

Ventura F, Marletto V, Traini S, Tonei F, Botarelli L, Pisa PR (2009). Validation of development models for winter cereal sand maize within dependent agrophenological observations in the BBCH scale. **Italian Journal of Agrometeorology** **3**: 17-26.

Vencovsky R (1987) Herança quantitativa. In Paterniani E (ed) Melhoramento e produção de milho no Brasil. Fundação Cargil, Piracicaba, p.122-201

Vicente, M.C. de; Guzmán, F.A.; Engels, J.; Ramanatha RAO, V. Genetic (2005) Characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. In: The Role of Biotechnology. **Proceedings**. Turin, p.121-128.

Vilhordo, B.W.; Araújo, R.S.; Rava, C.A.; Stone, L.F.; Zimmerman, M.J.O. (1996) Morfologia. In: Araújo, R.S.; Rava, C.A.; Stone, L.F.; Zimmerman, M.J.O. Cultura do feijoeiro comum no Brasil. Piracicaba: Potafos, p.71-99.

Vilhordo BW e Muller L (1981) Correlação entre caracterização botânica e classificação comercial em cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) Boletim Técnico 8 (IPAGRO). 62p.

Yagui, A.; Machado Neto, N. B.; Cardoso, V. J. M. (2003) Grouping of Brazilian accesses of lima beans (*Phaseolus lunatus* L.) according to SDSPAGE patterns and morphological characters. **Acta Scientiarum: Agronomy 25**: 7-12.

Zimmermann MJO, Teixeira MG (1996) Origem e evolução. In: Araújo RS, Rava CA, Stone LF, Zimmermann MJO eds. **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato (POTAFOS), 786p.