



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO

GUILHERME ALEXANDRE LUZ DA COSTA

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE GANHOS EM
GERAÇÕES F_3 E F_4 DE FEIJÃO-FAVA VIA MODELOS MISTOS

Teresina
2021

GUILHERME ALEXANDRE LUZ DA COSTA

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE GANHOS EM
GERAÇÕES F₃ E F₄ DE FEIJÃO-FAVA VIA MODELOS MISTOS

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento – PPGM da Universidade Federal do Piauí – UFPI como requisito para obtenção do título de Mestre em Ciências, área de concentração: Genética e Melhoramento.

Orientadora:
Prof. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes

Coorientadores:
Prof. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes
Prof. Dr. Willame dos Santos Candido

Teresina
2021

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias
Serviço de Processos Técnicos

C837e Costa, Guilherme Alexandre Luz da
Estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos em gerações
F₃ e F₄ feijão-fava via modelos mistos. / Guilherme Alexandre Luz da
Costa -- 2021.
46 f.: il.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Centro de Ci-
ências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento,
Teresina, 2021.

“Orientadora: Prof^a. Dr^a. Regina Lucia Ferreira Gomes”

“Coorientadores: Prof^a. Dr^a. Ângela Celis de Almeida Lopes”
Prof. Dr. Willame dos Santos Cândido”

1. *Phaseolus lunatus* 2. Herdabilidade 3. REML/BLUP 4. Variância
genética. I. Gomes, Regina Lucia Ferreira II. Lopes, Ângela Celis de Almei-
da III. Cândido, Willame dos Santos IV. Título.

CDD 635.651

Estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos em gerações F₃ e F₄ de feijão-fava via modelos mistos

Guilherme Alexandre Luz da
Costa
Bacharel em Ciências Biológicas

Aprovado em 12/07/2021

Comissão Julgadora:



Prof. Dr. José Ailton Rodrigues Nunes - UFLA



Prof. Dr. Artur Mendes Medeiros - CPCE/UFPI



Profa. Dra. Verônica Brito da Silva - PNP/UFPI



Prof. Dr. Willame dos Santos Cândido - CCA/UFPI
Coorientador



Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes - CCA/UFPI
Orientadora

AGRADECIMENTOS

À Universidade Federal do Piauí e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de realização do curso;

À Coordenadoria de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa de estudos;

À minha orientadora, Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes, por ter me acolhido assim que entrei no programa, pela orientação durante esse período, pelos ensinamentos e por ter acreditado no meu potencial;

À professora Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes, pela orientação, pela disponibilidade sempre quando possível, pelos conselhos e por ser uma pessoa sempre disposta a ajudar o próximo;

Ao professor Dr. Willame dos Santos Candido, pela orientação, ensinamentos e disponibilidade para resolver os meus questionamentos;

A professora Dra. Verônica Brito da Silva, pelos ensinamentos, orientação e amizade, sempre disponível para ajudar;

Ao grupo do Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas (RGMP), pelos momentos de descontração, apoio e ajuda na condução dos experimentos;

Aos funcionários do Departamento de Fitotecnia, Francisca das Chagas Silva, Joelton Pires Messias, Marcos Antônio dos Santos, Diego Pereira da Silva e Idenilson Freitas Cardoso, pelo auxílio nas tarefas diárias e pelos momentos de descontração;

Aos amigos de turma, Lais dos Santos Neri da Silva, Kelvim Crist Araújo Rocha, Walter Frazao Lelis de Aragão, Luciana de Sousa Lopes, Jarbson Henrique Oliveira Silva, Maurício Sérgio Ferreira Soares da Silva Junior, Elenildo dos Santos Oliveira e Jailson do Nascimento Silva, pela amizade, ajuda nos estudos e momentos de alegria e descontração;

A minha mãe Sislane Maria Luz, por ser meu exemplo na vida e a base que me mantém forte dia após dia.

“We are all in the gutter, but some of us are looking at the stars.”
Oscar Wilde

RESUMO

O feijão-fava é uma cultura importante no contexto socioeconômico nordestino, sendo fonte de alimentação e renda para os agricultores familiares da região. Estudos genéticos com a espécie são escassos, o que limita o conhecimento disponível para ser usado em programas de melhoramento. O objetivo do trabalho foi estimar parâmetros genéticos e prever os ganhos genéticos em gerações segregantes F_3 e F_4 de feijão-fava oriundas do Programa de Melhoramento da Universidade Federal do Piauí (UFPI). Os experimentos foram instalados no Departamento de Fitotecnia da UFPI, no qual foram avaliados 13 caracteres agrônômicos de seis populações de feijão-fava geradas de cruzamentos biparentais, sendo o experimento da geração F_3 instalado em delineamento de blocos casualizados com cinco repetições no ano de 2019, e o experimento da geração F_4 em delineamento de blocos casualizados com três repetições no ano de 2020. Os componentes de variância, parâmetros genéticos e ganhos genéticos foram calculados via metodologia de modelos mistos REML/BLUP, com o auxílio do software SELEGEN utilizando o modelo 109. Os resultados de F_3 mostram que todas as herdabilidades encontradas foram de baixa magnitude, exceto para a espessura da vagem (36%); os valores da razão CV_g/CV_e foram superiores a 1, em todos os caracteres, exceto altura da planta (0,87), espessura da vagem (0,24) e peso de 100 sementes (0,33). Na geração F_4 , as herdabilidades encontradas foram de alta magnitude para espessura de vagem (58%), número de dias para maturação (59%), comprimento da semente (62%), espessura da semente (80%), número de vagens por planta (89%) e largura da semente (98%) a razão CV_g/CV_e foi superior a 1 nos caracteres número de dias para o início floração (2,49), altura da planta (2,33), largura da vagem (3,66), e número de sementes por vagem (1,12). Considerando os resultados obtidos, foi evidenciado a existência de variabilidade genética entre e dentro das populações para todos os caracteres em F_3 e para a maioria dos caracteres em avaliados em F_4 , sendo que essa variabilidade pode ser explorada no melhoramento da espécie.

Palavras chave: *Phaseolus lunatus*, herdabilidade, variância genética, REML/BLUP

ABSTRACT

Lima bean is an important crop in the northeast region of Brazil, mainly in a socioeconomic context, being a source of food and income for family farmers. Genetic studies with the species are scarce, which limits the knowledge available to be used in breeding programs. The aim of this work was to estimate genetic parameters and predict the genetic gain in F_3 and F_4 segregating generations of lima beans belonging to the Lima Bean Breeding Program at Federal University of Piauí (UFPI). The experiments were installed at the Fitotechnics Department of the UFPI, in which 13 agronomic traits from six populations of lima beans originated from two-parent crosses were evaluated, the F_3 generation experiment was installed in a randomized block design with five replications in 2019, and the F_4 generation experiment was installed in a randomized block design with three replications in 2020. The variance components, genetic parameters and genetic gain were calculated using the mixed model methodology with the help of the SELEGEN software. The results of F_3 shows that all heritabilities found were of low magnitude except for the pod thickness (36%), the values of the CV_g/CV_e ratio were greater than 1 in all traits except plant height (0,87), pod thickness (0,24) and weight of 100 seeds (0,33). The results of F_4 shows that the heritabilities found were of high magnitude for pod thickness (58%), number of days to maturation (59%), seed length (62%), seed thickness (80%), number of pods per plant (89%) and seed width (98%), the CV_g/CV_e ratio was higher than 1 in the traits number of days to onset of flowering (2,49), plant height (2,33), pod width (3,66), and number of seeds per pod (1,12). Considering the results, the existence of genetic variability between and within populations was evidenced for all traits in F_3 and for most of the traits evaluated in F_4 , this variability can be exploited in breeding studies for the species.

Key words: *Phaseolus lunatus*, heritability, genetic variance, REML/BLUP

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	7
2 REVISÃO DE LITERATURA	9
2.1 Aspectos botânicos.....	9
2.2 Centros de origem e diversidade.....	10
2.3 Importância econômica da cultura.....	11
2.4 Melhoramento genético de plantas.....	12
2.4.1 Parâmetros genéticos.....	12
2.4.2 Ferramenta REML/BLUP no melhoramento genético de plantas.....	14
2.4.3 Melhoramento genético de espécies mistas.....	16
2.5 Melhoramento genético do feijão-fava.....	16
2.6 Programa de melhoramento genético do feijão-fava da UFPI.....	18
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	19
3.1 Material genético.....	19
3.2 Local de execução.....	20
3.3 Geração F ₃	21
3.4 Geração F ₄	22
3.5 Análises estatísticas	22
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
5 CONCLUSÕES	38
6 REFERÊNCIAS.....	39

1 INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus*), também conhecido como fava, fava-de-lima, feijão-de-lima ou fava belém, é uma das cinco espécies do gênero *Phaseolus* exploradas comercialmente, sendo cultivada na América do Norte, América do Sul, Europa, leste e oeste da África e sudoeste da Ásia (LOPES et al., 2010), é a segunda leguminosa de maior importância do gênero, atrás apenas do feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) (MAQUET, 1999; ESTADOS UNIDOS, 2021).

No Brasil, o cultivo do feijão-fava vem aumentando, principalmente no Nordeste, sendo os estados do Ceará e Paraíba os maiores produtores (IBGE, 2019). No entanto, seu cultivo é de menor relevância do que o feijão comum, por conta de uma menor tradição de consumo, menor aceitação no paladar, principalmente de crianças e jovens, e tempo de cocção mais prolongado (BARBOSA; ARRIEL, 2018).

O feijão-fava, uma alternativa alimentar e de renda para a população da região Nordeste, que possui características agrônômicas favoráveis para se desenvolver em ambientes secos (OLIVEIRA et al., 2004; BARREIRO NETO et al., 2015), sendo moderadamente tolerante à salinidade (ARTEAGA et al., 2018). Sob condições de irrigação, possui condutância estomática menor que o feijão comum, o que pode indicar potencial adaptação para estresses de calor e seca (MEDINA et al., 2017).

Como importante fonte de alimento, os grãos do feijão-fava, consumidos maduros ou verdes, são ricos em proteínas carboidratos, gorduras, fibras e minerais, apresentando também elevado conteúdo de aminoácidos essenciais como lisina, valina, histidina, fenilalanina, isoleucina e alta digestibilidade (KATHIRVEL, KUMUDHA, 2011; SEIDU et al., 2015).

A cultura do feijão-fava apresenta várias características favoráveis (sociais, culturais, climáticas, ecológicas, dentre outras). A sua produção é destinada principalmente ao autoconsumo das famílias, assim, considerando o valor sociocultural, o feijão-fava constitui uma leguminosa importante para a segurança alimentar de comunidades rurais do Semiárido (NOBRE; BRANDAO JUNIOR, 2016; BARBOSA; ARRIEL, 2018).

Muitas pesquisas com o feijão-fava ainda precisam ser realizadas, principalmente na área de genética, pois o conhecimento limitado dificulta o processo de planejamento e melhoramento da espécie (GOLÇALVES et al., 2019; BRITO et al., 2020). Nos Estados Unidos, o estímulo inicial para o desenvolvimento de variedades melhoradas de feijão-fava começou com o desenvolvimento dos processos industriais e da necessidade de variedades com hábito de crescimento e floração uniformes (LOPES et al., 2010).

No Brasil existe uma carência de cultivares de feijão-fava, por conta disso, o programa de melhoramento de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí busca

desenvolver uma cultivar de ciclo precoce, porte da planta ereto, sementes com padrão comercial, produtivo e com resistência a patógenos como nematoides, que possa atender à demanda dos consumidores e produtores, principalmente dos agricultores familiares que o cultivam.

A disponibilidade de variabilidade genética é essencial e de grande importância no programa de melhoramento de uma espécie. Para sua adequada exploração é indispensável a estimação de parâmetros genéticos tais como variâncias genéticas, herdabilidade e ganho genético (FALCONER; MACKAY, 1996). No entanto, não foram encontrados trabalhos utilizando essas estimativas em feijão-fava.

As análises biométricas são determinantes na escolha do método de melhoramento mais adequado à cultura (CRUZ et al., 2012). O conhecimento da natureza e magnitude dos efeitos que controlam determinado caráter é de fundamental importância na seleção e predição do comportamento das gerações segregantes (CRUZ; REGAZZI, 1997).

A utilização da metodologia REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viesada) é uma técnica que envolve simultaneamente a predição dos valores genéticos, estimação dos componentes de variância e predição dos valores genéticos, sendo utilizado na análise de dados complexos com a comparação de indivíduos ao longo do tempo e locais diferentes, permitindo a correção simultânea dos efeitos do ambiente, podendo ser aplicado a dados balanceados e desbalanceados (RESENDE, 2016).

Nesse sentido, objetivou-se estimar parâmetros genéticos e prever ganhos genéticos em gerações segregantes F_3 e F_4 de populações de feijão-fava oriundas do Programa de Melhoramento da Universidade Federal do Piauí.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2. 1 Aspectos botânicos

De acordo com Cronquist (1988), o gênero *Phaseolus* pertence ao filo *Magnoliophyta*, classe *Magnoliopsida*, subclasse *Rosidae* e subtribo *Phaseolinae*. As principais espécies são *Phaseolus vulgaris*, *Phaseolus coccineus*, *Phaseolus acutifolius*, *Phaseolus polyanthus* e *Phaseolus lunatus*, amplamente distribuídas pelo mundo, com cultivo realizado nos trópicos, regiões subtropicais e zonas temperadas dos hemisférios Norte e Sul (LOPES et al., 2010).

Na espécie *Phaseolus lunatus* existem duas variedades botânicas, a silvestre *P. lunatus* var. *silvester* e a variedade domesticada *P. lunatus* var. *lunatus* (BAUDET, 1977). As formas cultivadas podem ser anuais, bianuais ou perenes, de germinação epígea, hábito de crescimento indeterminado trepador, com o desenvolvimento da gema terminal em uma guia, ou determinado anão, com o desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência (LOPES et al., 2010). Possui um cariótipo composto de 22 cromossomos, predominantemente metacêntricos, com regiões pericentroméricas ricas em sequências repetitivas de guanina/citosina (BONIFÁCIO et al., 2012). Esse número cromossômico é constante no gênero *Phaseolus* (FONSÊCA et al., 2016).

A inflorescência é em forma de racemo com muitas flores. As folhas são trifoliadas e, em geral, mais escuras que as encontradas em outras espécies, mesmo após o amadurecimento das vagens. As flores podem ser lilás, rosa, violeta ou branca. As vagens são compridas, achatadas, recurvadas, coriáceas, pontiagudas e às vezes deiscentes com todas as vagens contendo de duas a quatro sementes romboides, redondas ou em forma de rins (SANTOS et al., 2002; LOPES et al., 2010).

As sementes apresentam uma grande variação quanto a cor do tegumento, ocorrendo do branco, verde, cinza, amarelo, marrom, róseo, vermelho, púrpuro, preto ou manchado e sarapintado (LOPES et al., 2010). Uma característica que distingue o feijão-fava dos outros feijões são as linhas que se irradiam do hilo para a região dorsal das sementes (BAUDOIN, 1988; VIEIRA, 1992).

Quanto ao modo de reprodução, o feijão-fava é uma espécie anual autocompatível ou uma espécie perene com sistema misto de cruzamento, sendo a autogamia favorecida pela maturação sincronizada dos grãos de pólen e do estigma, além da proximidade entre os dois no botão floral (BAUDOIN et al., 2004; PENHA et al., 2016). Taxas de fecundação cruzada de 2 a 10% e 48% (ZORO BI et al., 2005; MAQUET et al., 1996) já foram reportadas anteriormente, nas condições de cultivo na Califórnia/EUA foi reportado uma taxa de 15% (DOHLE, 2017) e em estudo realizado

no Brasil foi relatado taxa de fecundação cruzada natural de 38,1% (PENHA et al., 2016).

As variações nas taxas de cruzamento podem ser atribuídas ao tamanho da população, genótipo, densidade da população, morfologia e fenologia da flor e a disponibilidade de polinizadores (ZORO BI et al., 2005; PENHA et al., 2016). Os insetos polinizadores que mais visitam as flores são das famílias *Apidae*, *Syrphidae*, *Halictidae*, *Megachilidae* e *Muscidae*, sendo as abelhas as visitantes mais frequentes (BRITO, 2019).

Dois fatores podem ser responsáveis pelas taxas de fecundação cruzada alta em feijão-fava: a pressão sobre as asas de flores abertas forçando o estigma e o estilete a se projetarem para fora da quilha, que ocorre na natureza quando insetos pousam nas flores, e o estigma exposto que permanece receptivo ao pólen por muitas horas (LOPES et al., 2010).

2.2 Centros de origem e diversidade

O *Phaseolus lunatus* originou-se na América tropical a aproximadamente um milhão de anos (DELGANO-SALINAS et al., 2006), sendo domesticado tanto na região Mesoamericana como nos Andes entre 8.000 e 10.000 anos (ANDUEZA-NOH et al., 2016).

De acordo com Mackie (1943) o feijão-fava é originário da Guatemala de onde se dispersou em três direções, seguindo as rotas de comércio. A Ramificação Hopi seguindo para o norte atingindo os Estados Unidos, ramificação Caribe, seguindo para o leste, atingindo as Antilhas e então o norte da América do Sul e a ramificação Inca, seguindo para o sul, atingindo a Colômbia, Equador e Peru.

Com base em estudos anteriores Motta-Aldana et al. (2010) propôs dois cenários para a origem das variedades Mesoamericanas: (1) dois eventos de domesticação separados, um no centro oeste do México do *pool* gênico Mesoamericano I e o outro na área da Guatemala e Costa Rica do *pool* gênico Mesoamericano II, ou (2) um evento único de domesticação do *pool* gênico Mesoamericano I com o fluxo gênico pós-domesticação com populações silvestres do *pool* gênico Mesoamericano II.

Estudos recentes têm indicado a existência de três *pools* gênicos da espécie, o Andino, o Mesoamericano I e o Mesoamericano II no qual todos contêm variedades silvestres e domesticadas (MARTÍNEZ-CASTILHO et al., 2014; CAMACHO-PEREZ et al., 2018;). Além disso, Chacón-Sánchez e Martínez-Castillo (2017) utilizando a técnica de Genotipagem por Sequenciamento (GBS) sugerem a existência de outro *pool* gênico Andino na Colômbia.

Os acessos agrupados no *pool* gênico Mesoamericano I são encontrados principalmente a oeste e noroeste do Istmo de Tehuantepec, México. Acessos do grupo Mesoamericano II são amplamente distribuídos ocorrendo no México, Cuba, Colômbia, Sul do Peru e Argentina. Acessos do grupo Andino são encontrados nos Andes do Equador e norte do Peru (SERRANO-SERRANO et al., 2010).

A presença dos *pools* gênicos Andino e Mesoamericano, além de uma grande diversidade genética no país, possibilita com que o Brasil possa ser considerado um centro de diversidade da espécie. Do ponto de vista do melhoramento a presença de diferentes *pools* gênicos são fontes de diversidade genética que pode ser utilizada no desenvolvimento de novas variedades (SILVA et al., 2019).

2.3 Importância econômica da cultura

No Brasil, o feijão-fava é cultivado em quase todo o território nacional, apresentando relativa importância econômica principalmente no Nordeste (MEDEIROS et al., 2015). Nessa região, o feijão-fava é cultivado sob regime de sequeiro, principalmente por pequenos agricultores, os quais se utilizam predominantemente de variedades crioulas de crescimento indeterminado, existindo também produtores que cultivam para fins comerciais (CARMO et al., 2015; SILVA et al., 2017).

No ano de 2019, o país teve uma produção nacional de 11.449 toneladas (t) sendo a região Nordeste a maior produtora, destacando os estados do Ceará e Paraíba com produção de 4.614 t e 2.910 t, respectivamente. O estado do Piauí teve uma produção de 985 t no mesmo período (IBGE, 2021).

No Nordeste o germoplasma de feijão-fava utilizado pelos agricultores é originário da sua própria produção, guardando sementes para serem plantadas no ano seguinte, além disso, também realizam trocas de sementes com outros produtores (SILVA et al., 2015). A espécie está presente também na dieta de diversas etnias indígenas do Brasil, sendo uma importante fonte de proteína nessas comunidades em períodos de escassez de carne. No entanto, relata-se uma grande erosão genética da cultura nessas comunidades indígenas (ALVES et al., 2012).

O feijão-fava é cultivado nas regiões tropicais e subtropicais, sendo um dos principais legumes no leste e sul da África (AGHKHANI et al., 2012). Na África tropical é plantado juntamente com outras culturas como o milho, sorgo, batata doce, café e algodão (ASANTE et al., 2008).

A espécie é distribuída em vários países como no México, Guatemala, Equador, Peru, Colômbia, Madagascar, Espanha, Nigéria, Indonésia, Filipinas, Myanmar e Maurício (BRIA et al., 2019; SEIDU et al., 2018). A espécie foi levada pelos

espanhóis para as Filipinas e em seguida para a Ásia, também do Peru para Madagascar (LOPES et al., 2010).

Acredita-se que o feijão-fava chegou no Brasil por meio da ramificação Caribe, de origem na Guatemala foi transportado até a costa nordeste da América do Sul passando pelas Antilhas, sendo então desse ponto distribuído por todo o País (MACKIE, 1943).

Por conta do comércio de escravos, o feijão-fava foi levado do Brasil para a África (LOPES et al., 2010). No final do século XIX foi levado para ser cultivado na Europa e Ásia, passando primeiro das Filipinas para Myanmar, e então para a Indonésia (BRIA et al., 2019).

A nível internacional a cultura do feijão-fava é relevante, pois é considerada uma alternativa sustentável na produção de alimentos (CHEL-GUERRERO et al., 2012). Os Estados Unidos é o maior produtor de feijão-fava do mundo, seguidos por Madagascar e Peru (AGHKHANI et al., 2012). Os Estados Unidos são grandes produtores de feijão fava, existindo variedades melhoradas, adaptadas às condições climáticas, além de investimentos contínuos em estudos e desenvolvimento de novas variedades (LONG et al., 2014).

Nos Estados Unidos, de acordo com o Serviço de Estatística Agrícola Nacional (*National Agricultural Statistics Service*) para os anos de 2017 e 2018, produções de 37.576 e 38.175 mil toneladas, com valores que alcançaram os 18.647 e 20.940 milhões de dólares respectivamente. Os estados de Delaware e Califórnia foram os maiores produtores no período. A partir de 2019, a coleta de dados sobre o feijão-fava foi descontinuada (USDA-NASS, 2020).

Na região dos trópicos, estudos relacionados ao melhoramento do feijão-fava não vem recebendo muita atenção. Alguns programas de melhoramento foram iniciados no Peru e Madagascar com ênfase em caracteres de interesse para a região como plantas com hábito de crescimento indeterminado, alta produtividades, com grãos grandes e brancos. Outros países como México, Filipinas, Zâmbia, Gana, Nigéria e Zaire também iniciaram programas de melhoramento da espécie (BAUDOIN, 1988; LIOI; GALASSO, 2002).

Em regiões da Espanha, o feijão-fava também é utilizado como ‘corta vento’ sendo utilizado para proteger terrenos com plantações, como bananeiras. Podem ser utilizadas como ornamental nas cercas de fazendas, ou em muros, onde crescem e se apoiam (TARDIO et al., 2018).

2.4 Melhoramento genético de plantas

2.4.1 Parâmetros genéticos

A estimação dos parâmetros genéticos em uma população é uma ferramenta poderosa pois permite conhecer a estrutura e o potencial genético, dando suporte para selecionar os indivíduos de forma mais eficiente (RAMALHO et al., 2012a). O conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam determinado caractere é de fundamental importância na seleção e predição do comportamento das gerações segregantes (CRUZ et al., 2012).

A quantificação da variabilidade genotípica e fenotípica presentes em uma população permite conhecer melhor o controle genético dos caracteres e o seu potencial para a seleção, sendo de grande importância para os programas de melhoramento (RAMALHO et al., 2012b). O estudo do controle genético e da herança dos caracteres agrônômicos pela estimativa dos parâmetros genéticos em uma população permite fazer inferências sobre a variabilidade genética e o que se pode esperar com o ganho com seleção (CORRÊA et al., 2012).

As estimativas dos componentes de variância genética e da herdabilidade são importantes para subsidiar a escolha adequada da estratégia a ser empregada no programa de melhoramento (SANTOS et al., 2011). A variabilidade fenotípica é resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e do ambiente e o seu conhecimento é de grande importância para o melhorista (BORÉM; MIRANDA 2013).

A partir da variância genotípica é possível estudar os fatores que são importantes nas populações (AMARAL et al., 1996). A variância genotípica pode ser dividida em variância do tipo aditiva, de dominância e epistática, no qual, a variância aditiva corresponde a variação decorrente dos efeitos médios dos alelos, ou seja, aqueles que são transmitidos de uma geração para a próxima (CRUZ et al., 2012). Enquanto que, a variância de dominância é função das frequências alélicas e do grau de dominância e a epistática está relacionada com a interação entre alelos de locos diferentes (RAMALHO et al., 2012a).

A herdabilidade reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, é a proporção da variância genética presente na variância fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012a). No sentido amplo, a herdabilidade tem por objetivo mensurar a importância relativa da variação genética na expressão de uma característica quantitativa. Ela é mais significativa quando todos os tipos de variância genética podem estar implícitos no desenvolvimento (BERNARDO, 2014).

No sentido restrito se considera apenas a variância genética do tipo aditiva, que é fixada na população com o avanço das gerações. Por conta disso ela é considerada mais importante no melhoramento de plantas autógamas, onde a cada geração de autofecundação ocorre um aumento da variância genética aditiva e diminuição da variância genética de dominância (BALDISSERA et al., 2014). O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo e restrito pode variar de zero a um. No caso de

herdabilidade igual a um as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas unicamente por diferenças genéticas e quando igual a zero a variabilidade do caractere não tem origem genética (BALDISSERA et al., 2014).

Para o melhoramento a herdabilidade no sentido restrito é mais útil, pois quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética que pode ser transmitida para a próxima geração (BORÉM; MIRANDA, 2013). Com isso, é importante destacar que a herdabilidade não é apenas a propriedade de um carácter, mas da população, sob as condições ambientais expostas (BALDISSERA et al., 2014).

Os valores da herdabilidade podem ser utilizados como parâmetros na quantificação do ganho com seleção, no entanto, a herdabilidade por si só não é suficiente para prever o ganho com seleção para um caractere, pois também depende da extensão da variabilidade genética da população (GOPAL, 2002). As estimativas de ganho genético associados à herdabilidade e acurácia seletiva podem indicar com segurança o melhor genótipo, maximizando assim as possibilidades de ganho genético (COSTA et al., 2015).

A estimativa do ganho com seleção serve para aferir a eficiência dos métodos de seleção que estão sendo empregados (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). O ganho com seleção mede o aprimoramento da geração selecionada em relação à população anterior (RESENDE, 2002). O ganho ocorre por meio das seleções baseadas nas características de interesse aliadas ao método de melhoramento utilizado. Assim, o melhorista responsável tem como função identificar os critérios de seleção a fim de incrementar as características de interesse (REIS et al., 2004).

2.4.2 Ferramenta REML/BLUP no melhoramento genético de plantas

Os modelos lineares podem ser fixos ou aleatórios, fixo quando apresenta somente fatores de efeito fixo, exceto pelo erro e aleatório quando apresenta apenas fatores de efeito aleatório, exceto pela média. Assim, os modelos mistos são aqueles que apresentam fatores com efeitos fixos e aleatórios, além da média e do erro (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Na análise com o uso de modelos mistos, em relação a parte fixa, são estimados os valores dos efeitos fixos, enquanto na parte aleatória são realizadas previsões dos efeitos dos mesmos (FRITSCHÉ-NETO, 2008).

Atualmente, o uso da metodologia REML/BLUP (Máxima verossimilhança Restrita/ Melhor preditor linear não viesado) é o procedimento padrão na estimação de parâmetros genéticos e seleção em diversas espécies (RESENDE, 2016). O REML é utilizado para estimar os componentes de variância e o BLUP na previsão dos valores genotípicos (RESENDE, 2007). A utilização de modelos mistos como estratégia no melhoramento de plantas autógamas vem sendo utilizada na

identificação de progênies ou linhas com maior mérito genotípico por meio da estimação mais acurada dos valores genotípicos (RAMALHO; ARAUJO, 2011).

O REML foi desenvolvido pelos pesquisadores Desmond Patterson e Robin Thompson, em 1971, sendo um método eficiente no estudo das várias fontes de variação associadas à avaliação de experimentos em campo (RESENDE, 2002). Dependendo da situação, o BLUP é o procedimento de seleção ideal para efeitos genéticos aditivos, efeitos de dominância e efeitos genotípicos. Ele maximiza a acurácia seletiva e permite o uso simultâneo de várias fontes de informação. Os BLUPs individuais usam todos os efeitos do modelo estatístico, aborda o desbalanceamento, considera a relação genética entre as plantas avaliadas e a coincidência entre as unidades de seleção e recombinação (RESENDE, 2016).

O uso de modelos mistos do tipo REML/BLUP é fundamental na predição de valores genéticos aditivos e genotípicos, tanto intra quanto interpopulacionais (RESENDE, 2000). Mesmo em condições de experimentos desbalanceados a abordagem REML/BLUP permite a predição acurada e não viesada dos valores genéticos, propiciando informações específicas sobre o mérito da progênie e de indivíduos nas progênies (RESENDE, 2007).

A metodologia também permite considerar erros correlacionados dentro de locais, bem como a adaptabilidade e estabilidade na seleção de genótipos superiores fornecendo valores genéticos já descontados da instabilidade (TORRES et al., 2015). As principais vantagens do uso do REML/BLUP é que ele permite a comparação de indivíduos ou variedades ao longo do tempo, correção simultânea dos efeitos ambientais, estimação dos componentes de variância e predição dos valores genotípicos permitindo a análise de dados com estrutura complexas (diversos anos, locais, delineamentos) podendo também ser aplicadas a dados desbalanceados (RESENDE, 2016).

Ao empregar essa metodologia os efeitos do modelo não devem ser testados via teste F, o teste recomendado para os efeitos aleatórios é o teste da razão de verossimilhança (LRT), por meio de uma análise de *deviance*. Tal análise generaliza a análise de variância clássica, tanto para dados balanceados como também para desbalanceados. Sendo a *deviance* uma estatística derivada da razão entre as verossimilhanças do modelo completo, em relação ao modelo sem o efeito que se deseja testar (RESENDE, 2007).

O uso da metodologia REML/BLUP é amplamente utilizado em estudos de melhoramento e na obtenção de parâmetros genéticos de outras espécies de feijão como o feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) (BARROS et al., 2011; BARROSO NETO et al., 2017; OLIVEIRA et al., 2017a; SOUSA et al., 2019) e feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) (CHIORATO et al., 2008; SOUSA et al., 2017; CRUZ et al., 2018; SOUZA et al., 2018).

2.4.3 Melhoramento genético de espécies mistas

O conhecimento do sistema reprodutivo e da taxa de alogamia é de fundamental importância para a escolha do método de melhoramento a ser utilizado, bem como para a manutenção da pureza dos genótipos e para produção de sementes (VIDAL NETO; FREIRE, 2013). Como exemplo o algodoeiro é uma espécie mista e os métodos utilizados possuem particularidades dos métodos de autógamas e alógamas, como a proteção dos botões florais para assegurar a autofecundação (VIDAL NETO; FREIRE, 2013).

Primeiramente se utiliza a hibridação como forma de explorar e ampliar a variabilidade genética e então se aplica uma das formas de condução das populações segregantes, seja o método bulk, bulk dentro de família ou genealógico. Seleção recorrente e retrocruzamentos também podem ser utilizados (VIDAL NETO; FREIRE, 2013; CARVALHO et al., 2011).

O quiabo (*Abelmoschus esculentus*) é uma espécie mista que pode apresentar taxas de fecundação cruzada de 4 a 42,2% por decorrência da ação do vento e dos insetos polinizadores que visitam as flores (NANDHINI et al., 2018). Na espécie, cruzamento entre parentais promissores combinada com a seleção genealógica ou retrocruzamentos são os métodos mais utilizados (SORAPONG, 2012).

A berinjela (*Solanum melongena*) considerada uma espécie mista apresenta uma taxa de fecundação natural de 0 a 46%, essa alta taxa de fecundação cruzada pode variar dependendo do genótipo, localização e frequência de atividade dos insetos que visitam a flor, além de seu pólen que fica viável por até dez dias após ser liberado (RAHMAN et al., 2015). O desenvolvimento de variedades híbridas com o aproveitamento da heterose vem sendo bastante utilizado nessa cultura (WEBER et al., 2013; VALADARES et al., 2019).

O feijão-fava com uma taxa de fecundação cruzada natural de 38,1% (PENHA et al., 2016) precisa ser trabalhado de forma a manter a pureza genética das linhagens durante o seu desenvolvimento. A produção de linhagens pelo método do descendente de única semente e por *bulk* são os mais utilizados (UNIVERSITY OF CALIFORNIA, DAVIS, 2020).

2.5 Melhoramento genético do feijão-fava

Os Estados Unidos são grandes produtores de feijão-fava, possuindo cultivares com diferentes características para os produtores (LONG et al., 2014). A Universidade da Califórnia, Davis e a Universidade de Delaware em Newark, Delaware possuem pesquisas voltadas para o melhoramento genético da espécie para caracteres importantes como a resistência a patógenos (UNIVERSITY OF DELAWARE, 2021).

A Universidade de Delaware possui pesquisas voltadas para resistência ao fungo que causa epidemias de míldio, que é uma praga para os produtores de feijão-fava da região. A doença é causada por fungos como o *Phytophthora phaseoli*, que tem seis raças, A a F, sendo a raça F predominante na região do Meio-Atlântico, criando a necessidade de cultivares de feijão-fava resistentes (THOMAS, 2017).

Partindo dessa necessidade, os pesquisadores desenvolveram marcadores genéticos a partir de técnica de genotipagem por sequenciamento (GBS) para detectar resistência a raça F em feijão-fava que foram validados e que podem ser usados em pesquisas para prever a resistência em genótipos (MHORA et al., 2016). Pesquisas posteriores mostraram que a resistência a raça F e a raça E em feijão-fava é conferida por um único gene independente e dominante (SANTAMARIA et al., 2018).

Outra linha de pesquisa com feijão-fava da Universidade de Delaware, é o desenvolvimento de linhagens de feijão-fava resistentes a nematoides. Chefiado pela Dra. Emmalea Ernest, a linha de pesquisa tem como objetivo identificar germoplasma resistente a nematoides das galhas para desenvolver novas variedades adaptadas ao estado de Delaware (THOMAS, 2017).

Além disso, existe uma linha de pesquisa voltada para o desenvolvimento de materiais tolerantes a temperaturas em feijão-fava. Como as altas temperaturas podem influenciar numa floração mais tardia e menores produtividades, os melhoristas buscam identificar genótipos que possuam tolerância as altas temperaturas e então usá-los no programa de melhoramento de feijão-fava da Universidade de Delaware (ERNEST et al., 2017).

A Universidade da Califórnia, Davis, possui pesquisas voltadas para o desenvolvimento de variedades com diferentes características que atendam os produtores da Califórnia como plantas tipo arbusto, com sementes brancas e resistência a nematoides e ao inseto *Lygus hesperus* (Hemiptera), que é uma praga que causa grandes perdas de produção na região da Califórnia (DOHLE, 2017).

Várias cultivares de feijão-fava foram lançadas pela Universidade da Califórnia, Davis. Como, por exemplo, a UC 92 de hábito de crescimento determinado com resistência ao inseto *Lygus hesperus* e ao nematóide *Meloidogyne incognita* raça 3; UC Beija-flor de sementes pequenas com resistência ao *L. hesperus* e *Meloidogyne javanica* e *M. incognita*; UC Haskell de hábito de crescimento indeterminado e boa produtividade sob pressão de pragas; Lee de sementes pequenas e brancas de porte indeterminado produzida a partir da seleção de plantas individuais de uma população *bulk* em F₁₀ de cruzamento biparental; Mezcla Baby de hábito de crescimento indeterminado trepador de sementes pequenas que foi desenvolvida a partir de uma população em *bulk* avançada até a geração F₁₅ e depois realizada a seleção; e a Cariblanco N, desenvolvida a partir da seleção em gerações precoces de plantas individuais com resistência a nematoides, de hábito indeterminado, com sementes

pequenas e brancas e resistência a nematoides *M. incognita* raça 1 e 3 e *M. javanica* (UNIVERSITY OF CALIFORNIA, DAVIS, 2020).

2.6 Programa de melhoramento genético do feijão-fava da UFPI

O programa de melhoramento de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí (UFPI), Teresina, é pioneiro no País no quesito de desenvolver uma cultivar com características de interesse que atendam as preferências do mercado como plantas de ciclo precoce e com sementes grandes e brancas.

Os estudos de melhoramento da espécie são realizados no Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas – UFPI, onde são realizados trabalhos de caracterização morfoagronômica, de pré-melhoramento buscando genótipos com resistência a patógenos como fungos e nematoides e avaliação de variedades crioulas de feijão-fava.

Os cruzamentos foram realizados pela Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes no Laboratório de Evolução, Domesticação e Biodiversidade de Colheitas da Universidade da Califórnia, Davis, nos Estados Unidos em 2015. No qual, foram realizados cruzamentos biparentais com acessos previamente selecionados do Brasil, México e Estados Unidos. A escolha dos acessos priorizou aspectos relativos ao hábito de crescimento, porte e precocidade.

As sementes F_1 dos cruzamentos foram confirmadas por meio de marcador molecular microssatélite e marcadores morfológicos como cor do hipocótilo, hábito de crescimento, pigmentação do caule principal, cor da flor, cor da semente e padrão do tegumento da semente. As sementes confirmadas como cruzamento foram transferidas para o Brasil, onde está sendo conduzido o avanço das gerações. As plantas da geração F_1 foram autofecundadas para obtenção das sementes da geração F_2 . As autofecundações foram realizadas em telados localizados em duas cidades com diferentes condições ambientais e latitudinais, Teresina-PI e em Tianguá-CE no ano de 2017.

As plantas da geração F_2 foram avançadas apenas em Teresina-PI, em telado, no ano de 2018, seguindo pelo avanço das gerações F_3 e F_4 em campo experimental realizados nos anos de 2019 e 2020 respectivamente.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

Dos cinco genótipos de feijão-fava utilizados nos cruzamentos biparentais, oriundos da Argentina, Brasil e Estados Unidos, e pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (Tabela 1), que apresentam características distintas (Tabela 2), foram obtidas as populações (Tabela 3), cujas gerações F₃ e F₄ constituíram o material genético avaliado.

Tabela 1 - Os genitores de feijão-fava utilizados nos cruzamentos biparentais, procedência e instituição detentora.

Genitores	Procedência	Instituição detentora
G25236	Buenos Aires, Argentina	CIAT ⁽¹⁾
UFPI 628	Piauí, Brasil	UFPI ⁽²⁾
UFPI 728	Piauí, Brasil	UFPI
UC HASKELL	Califórnia, EUA	UC Davis ⁽³⁾
UC 92	Califórnia, EUA	UC Davis

⁽¹⁾ Centro Internacional de Agricultura Tropical, Colômbia. ⁽²⁾ Universidade Federal do Piauí, Brasil. ⁽³⁾ Universidade da Califórnia, Davis, Estados Unidos.

Tabela 2 - Características dos genitores de feijão-fava utilizados nos cruzamentos biparentais.

Genitores	Ciclo	Hábito de Crescimento	Cor da Semente	Resistência
G25236	Precoce	Determinado	Branca	-
UFPI 628	Precoce	Determinado	Castanha	-
UFPI 728	Precoce	Determinado	Castanha	-
UC HASKELL	Tardio	Indeterminado	Branca	<i>Lygus</i>
UC 92	Precoce	Determinado	Branca	Nematoides

Tabela 3 - Populações segregantes de feijão-fava e seus respectivos genitores, avaliadas nas gerações F₃ e F₄, em 2019 e 2020, em Teresina-PI.

População	Parental Feminino	Parental Masculino
H1	G25236	UC 92
H25	UFPI 628	G25236
H46	UFPI 728	UC HASKELL
H50	UFPI 628	UFPI 728
H81	UC 92	UFPI 628
H86	UFPI 728	UFPI 628
H94	UC 92	UFPI 728

3.2 Local de execução

Os experimentos foram conduzidos no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí (UFPI) em Teresina, PI, localizado na latitude 05° 05' 21"S, longitude 42°48'07" W a 72 m de altitude. O clima da região é do tipo Aw, segundo a classificação de Köppen. A análise de solo foi realizada para as características químicas e físicas (Tabela 4).

Tabela 4 - Características químicas e físicas do solo, coletado a 20 cm de profundidade, da área experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, Teresina - PI, 2021.

Característica química	Teresina - PI		
	Unidade	Resultado	Classificação
pH em água	-	6,20	Acidez fraca
P	mg/dm ³	0,19	Baixo
K+	mg/dm ³	0,13	Baixo
H ⁺ + Al ³⁺	cmol(c)/dm ³	0,68	Baixo
Ca ²⁺	cmol(c)/dm ³	0,11	Baixo
Mg ²⁺	cmol(c)/dm ³	0,04	Baixo
SB	cmol(c)/dm ³	0,40	Baixo
CTC	cmol(c)/dm ³	1,09	Baixo
Característica física	Unidade		
Areia	%	41,5	
Silte	%	55,6	
Argila	%	2,9	
Classe Textural			Franco Siltosa

No ano de 2019, a temperatura média foi de 28,07 °C, com umidade relativa média de 67,40% e precipitação média de 1.588 mm. No ano de 2020, a temperatura

média anual foi de 29,07 °C, com umidade relativa de 65,10% e precipitação média de 2.423 mm (BRASIL, 2021).

3.3 Geração F₃

O experimento foi instalado em abril de 2019, no delineamento de blocos casualizados com cinco repetições, sendo a parcela útil constituída de dez plantas com espaçamento 0,5 m entre plantas e 1,0 m entre fileiras, totalizando 50 plantas por população. Foram utilizadas bordaduras nas laterais dos blocos, no início e no final de cada linha da parcela, o genótipo utilizado nas bordaduras foi o UFPI-1000, de porte determinado e sementes pequenas de coloração branca.

As populações foram avançadas em *Bulk* modificado, sendo que ao invés de misturar todas as sementes da geração F₂ colhidas e retirar uma amostra, foram retiradas amostras proporcionais à produção de cada planta, que posteriormente foram misturadas para constituir a geração. A adubação foi realizada de acordo com análise de solo e recomendações realizadas por Lopes et al. (2010).

Os seguintes caracteres foram avaliados de acordo com os descritores para *Phaseolus lunatus* L. (IPGRI, 2001):

- I. Número de dias para o início da floração (NDF) - período entre a emergência e a época em que 50% das plantas apresentarem flores;
- II. Número de dias para maturação (NDM) - compreendendo o período entre a emergência e a época em que 50% das vagens estiverem maduras;
- III. Altura da planta (AP) - medida em cm, aferida desde a cicatriz cotiledonar até à extremidade da planta;
- IV. Comprimento da vagem (CV) - em mm, aferido em 10 vagens maduras, tomadas ao acaso;
- V. Largura da vagem (LV) - em mm, aferida em 10 vagens maduras, tomadas ao acaso;
- VI. Espessura da vagem (EV) - em mm, aferida em 10 vagens maduras, tomadas ao acaso;
- VII. Número de vagens por planta (NVP) - corresponde à quantidade de vagens coletada por planta;
- VIII. Comprimento da semente (CS) - em mm, aferido em 10 sementes secas, tomadas ao acaso;
- IX. Largura da semente (LS) - em mm, aferida em 10 sementes secas, tomadas ao acaso;
- X. Espessura da semente (ES) - em mm, aferida em 10 sementes secas, tomadas ao acaso;

- XI. Número de lócus por vagem (NLV) - determinado em 10 vagens maduras, tomadas ao acaso;
- XII. Número de sementes por vagem (NSV) - determinado em 10 vagens maduras, tomadas ao acaso;
- XIII. Peso de 100 sementes (P100S) - refere-se ao peso de cem sementes amostradas aleatoriamente, expresso em grama.

Os caracteres comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), espessura da vagem (EV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS) e espessura da semente (ES) foram mensurados com paquímetro digital; e peso de 100 sementes (P100S) com balança eletrônica digital Marte AS2000C.

3.4 Geração F₄

No experimento foram utilizadas as mesmas populações da geração anterior, não ocorrendo nenhum tipo de seleção. O experimento foi instalado em fevereiro de 2020, no delineamento de blocos casualizados, com três repetições, sendo a parcela útil constituída de quarenta plantas com espaçamento 0,7 m entre plantas e 1,0 m entre fileiras, o espaçamento entre plantas foi aumentado em relação a geração anterior para facilitar a condução do experimento, totalizando um número de 120 plantas por população.

As populações foram avançadas em *Bulk*, sendo misturadas todas as sementes das plantas F₃ colhidas e retirada uma amostra para constituir a geração. A adubação foi realizada de acordo com análise de solo e recomendações realizadas por Lopes et al. (2010).

Os caracteres avaliados, de acordo com os descritores para *Phaseolus lunatus* L. (IPGRI, 2001), foram os mesmos da geração F₃.

3.5 Análises estatísticas

Os dados obtidos das populações em F₃ e F₄ foram analisados pelo modelo 109 do SELEGEN (RESENDE, 2016), que se refere à avaliação de indivíduos em progênies de plantas com sistema reprodutivo misto, avaliação em um local, e progênies de várias populações. Na análise, foi considerada a taxa de autofecundação de 61,9% levando em consideração trabalho realizado por Penha et al. (2016).

O modelo estatístico utilizado foi o seguinte: $y = Xr + Za + Wp + Ts + e$, em que: y é o vetor de dados; r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios);

p é o vetor dos efeitos de parcela (assumidos como aleatórios);

s é vetor dos efeitos de população (aleatórios) e;

e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Considerando se tratar de experimentos desbalanceados, realizou-se a análise de *deviance* por meio do teste de razão de verossimilhança (LRT) para os caracteres avaliados como sugerido por Resende (2007) com auxílio do programa estatístico R versão 4.0.5 (R CORE TEAM, 2021) utilizando o pacote lme4 versão 1.1-26 (BATES et al., 2015), sendo a significância verificada pelo teste do qui-quadrado a 5%, 1% e 0,1% de probabilidade.

Os parâmetros genéticos foram estimados via REML, sendo as médias genotípicas ajustadas e estimadas pelo procedimento BLUP. A partir do modelo foram obtidos os seguintes componentes de variância:

Vg: variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação;

V_{parc} - variância ambiental entre parcelas;

V_{pop} - variância genética entre populações;

V_e - variância residual;

V_f - variância fenotípica individual;

$h^2_a = h^2$ - herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando $S = 0$) no sentido restrito;

c^2_{parc} - coeficiente de determinação dos efeitos de parcela;

c^2_{proc} - coeficiente de determinação dos efeitos de populações;

h^2_{ad} - herdabilidade aditiva dentro de parcela (usando 1/2 da variância genética aditiva no numerador, quando $S = 0$);

A acurácia na média de população foi calculada a partir da variância do erro de predição (PEV) dos valores genéticos pela fórmula $r = [1 - \text{PEV}_i / \sigma^2_a] / 2$.

A partir das variâncias obtidas foram calculados o coeficiente de variação genético (CVg), coeficiente de variação do ambiental (CVe) e a razão CVg/CVe.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas obtidas pelo Teste de Razão de Verossimilhança (LRT), nos caracteres avaliados em seis populações nas gerações F₃ e F₄ de feijão-fava (Tabela 5), mostram que, em F₃, as populações diferiram entre si para todos os caracteres, exceto para espessura de vagem e peso de 100 sementes. Em relação as parcelas, os caracteres número de dias para o início da floração, número de dias para maturação, altura da planta, largura da vagem, espessura da vagem e peso de 100 sementes apresentaram diferenças significativas.

Em relação a geração F₄, apenas os caracteres número de dias para o início da floração e largura da vagem apresentaram diferenças significativas entre as populações avaliadas. Com relação às parcelas, os caracteres apresentaram diferenças significativas entre si, exceto altura da planta, largura da vagem, número de lócus por vagem, número de sementes por vagem e espessura da semente.

Tabela 5 - Estimativas obtidas pelo Teste de Razão de Verossimilhança nos caracteres: número de dias para o início da floração (NDF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (AP), número de vagens por planta (NVP), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), espessura da vagem (EV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), número de lócus por vagem (NLV), número de sementes por vagem (NSV) e peso de 100 sementes (P100S), avaliados em seis populações F₃ e F₄ de feijão-fava, em Teresina-PI, 2021.

Caracteres	Teste de Razão de Verossimilhança			
	Geração F ₃		Geração F ₄	
	População	Parcela	População	Parcela
NDF (dias)	8,4900**	517,5800***	11,7210***	12,8790***
NDM (dias)	28,9620***	203,0340***	0,0000	22,205***
AP (cm)	3,9478*	15,3961***	3,5001	0,4147
NVP	8,0342**	0,3348	0,0000	6,4920*
CV (mm)	5,1371*	2,7565	0,7573	4,5846*
LV (mm)	19,6300***	4,4873*	9,5687**	0,6461
EV (mm)	0,0000	3,8553*	0,0000	4,0131*
CS (mm)	13,3146***	0,7478	0,0000	13,9220***
LS (mm)	12,2150***	1,0579	0,0000	9,3212**
ES (mm)	5,2842*	3,4290	0,0000	0,5606
NLV	8,6168**	0,0000	0,5225	1,3292
NSV	14,9180***	0,0000	1,5123	2,6906
P100S (g)	0,1360	39,4150***	1,5955	4,9249*

*, ** e ***: significativo a $\rho \leq 0,05$; $\rho \leq 0,01$ e $\rho \leq 0,001$, respectivamente, pelo teste χ^2 com 1 grau de liberdade.

Valores significativos do teste LRT indicam que os componentes de variância são significativamente diferentes de zero, indicando a existência de variabilidade genética que pode ser explorada pelo melhoramento (STURION; RESENDE, 2010). Em F_3 , nas populações avaliadas, é possível realizar seleção para todos os caracteres, exceto espessura de vagem e peso de 100 sementes. Em relação a F_4 , é possível se realizar seleção em número de dias até a floração e largura da vagem.

Em relação as parcelas, na geração F_3 é possível se realizar seleção dentro das populações nos caracteres número de dias até o início da floração, número de dias até a maturação, altura da planta, largura da vagem, espessura da vagem e peso de 100 sementes. Em relação a geração F_4 , é possível se realizar seleção nos caracteres número de dias até o início da floração, número de dias até a maturação, número de vagens por planta, comprimento da vagem, espessura da vagem, comprimento da semente, largura da semente e peso de 100 sementes.

Quanto as médias BLUPs obtidas dos caracteres avaliados em seis populações de feijão-fava nas gerações F_3 e F_4 (Tabela 6), verifica-se que a população H1 apresenta menor quantidade de dias para a floração (31,84 e 47,86 dias) e para a maturação das vagens (87,66 e 182,46 dias). Logo, é a mais precoce dentre às demais. Carmo et al. (2013) avaliaram genótipos de feijão-fava de porte determinado encontraram número de dias para o início da floração variando de 38 a 51 dias, e número de dias para a maturação das vagens variando de 75 a 100 dias.

Todas as populações apresentaram valores semelhantes para número de dias até a maturação em F_4 , em torno de 182 dias, indicando maturação tardia das vagens. As populações estudadas foram, em sua maioria, mais tardias em relação a geração anterior.

Considerando a altura da planta, em F_3 as médias variaram de 24,49 cm até 33,27 cm, em F_4 as médias variaram de 28,79 cm a 37,03 cm, com destaque para a população H46 em ambas as gerações. A arquitetura da planta é um caráter importante em programas de melhoramento, devido à busca por plantas mais eretas (PÚBLIO JÚNIO et al., 2017). O tamanho variando de 25 a 35 cm é ideal pois auxilia na colheita das vagens, seja ela manual ou automatizada.

Para o número de vagens por planta, as médias variaram de 15,76 a 44,08 em F_3 e de 20,20 a 21,43 em F_4 , as populações H46, H5086 e H81 obtiveram os maiores valores nas duas gerações, indicando que essas populações se destacam quanto a esse caráter. De acordo com Barriga e Oliveira (1982), o caráter é bastante influenciado por alterações ambientais, o que pode explicar a grande amplitude dos valores obtidos nos genótipos estudados.

Tabela 6 – Médias BLUPs dos caracteres número de dias para o início da floração (NDF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (AP), número de

vagens por planta (NVP), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV), espessura da vagem (EV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), número de lócus por vagem (NLV), número de sementes por vagem (NSV) e peso de 100 sementes (P100S), avaliados em seis populações de feijão-fava, na geração F₃ e F₄, em Teresina - PI, 2021.

Caracteres	Geração	Populações					
		H1	H25	H46	H5086	H81	H94
NDF (dias)	F ₃	31,84	40,57	43,23	41,56	35,02	37,29
	F ₄	47,86	57,46	74,40	59,54	50,43	56,41
NDM (dias)	F ₃	87,66	123,62	124,30	117,16	102,66	128,95
	F ₄	182,46	182,76	182,84	182,86	182,77	182,75
AP (cm)	F ₃	24,86	25,43	33,27	27,97	24,49	25,91
	F ₄	28,79	33,33	37,03	33,82	33,40	32,51
NVP	F ₃	15,81	34,32	44,08	36,07	15,76	22,02
	F ₄	20,33	20,87	20,35	21,43	21,21	20,20
CV (mm)	F ₃	59,13	55,80	59,30	55,46	62,96	60,53
	F ₄	56,20	55,98	56,80	54,41	58,28	54,34
LV (mm)	F ₃	15,54	13,56	15,56	13,65	17,13	16,63
	F ₄	14,51	14,52	16,22	14,63	15,99	14,96
EV (mm)	F ₃	8,10	8,10	8,08	8,02	8,03	8,13
	F ₄	7,53	7,50	7,55	7,53	7,51	7,52
CS (mm)	F ₃	12,59	10,76	11,01	10,92	12,37	12,63
	F ₄	10,66	10,65	10,65	10,65	10,66	10,66
LS (mm)	F ₃	8,38	7,60	7,58	7,67	8,34	8,43
	F ₄	7,66	7,65	7,65	7,66	7,66	7,67
ES (mm)	F ₃	4,58	4,96	5,21	5,05	5,10	5,09
	F ₄	5,15	5,15	5,15	5,15	5,15	5,15
NLV	F ₃	2,26	2,62	2,56	2,51	2,38	2,33
	F ₄	2,43	2,56	2,57	2,48	2,47	2,41
NSV	F ₃	1,85	2,29	2,24	2,17	1,82	1,82
	F ₄	1,73	1,84	1,83	1,68	1,69	1,49
P100S (g)	F ₃	29,53	28,53	29,33	28,76	30,27	31,60
	F ₄	30,48	25,84	26,00	26,96	30,20	30,91

Com relação ao comprimento de vagem, os valores variaram de 55,46 mm a 62,96 mm em F₃ e de 54,34 mm a 58,28 mm em F₄. Em relação a largura da vagem, as médias variaram de 13,56 mm a 17,13 mm em F₃ e de 14,51 mm a 16,22 mm em F₄. A população H81 se destacou para os dois caracteres em ambas as gerações.

Vagens grandes são desejáveis, pois ajudam na colheita manual pelos agricultores (SILVA; NEVES, 2011), além de serem positivamente correlacionados com rendimento de grãos (SILVA, 2015). Os valores apresentados no presente estudo são medianos em comparação com os observados por Silva (2015), em trabalho realizado com 28 acessos de feijão-fava, que encontrou comprimentos de vagem variando de 49,56 mm a 103,36 mm, e larguras de vagem de 9,84 mm a 20,45 mm.

Quanto à espessura da vagem, os valores variaram de 8,02 mm a 8,13 mm em F₃ e de 7,50 mm a 7,55 mm em F₄. As populações obtiveram valores semelhantes em ambas as gerações, com a população H94 apresentando as maiores médias. Em

trabalho realizado por Sousa (2019), com variedades crioulas de feijão-fava, foram encontrados valores menores (de 5,5 mm a 6,9 mm).

Para comprimento da semente os valores variaram de 10,76 mm a 12,63 mm em F_3 e de 10,65 mm a 10,66 mm em F_4 , sendo as populações H1 e H94 com os maiores valores médios, indicando ter sementes grandes. Quanto a largura da semente, os valores variaram de 7,58 mm a 8,43 mm em F_3 e de 7,65 mm a 7,67 mm em F_4 .

Em estudo realizado por Silva (2015), com 33 acessos de feijão-fava, foram observados valores para o comprimento de semente variando de 8,33 mm a 20,72 mm e para a largura de semente, de 7,05 mm a 13,65 mm, com indicativo de sementes maiores do que as do presente estudo.

Quanto à espessura da semente, os valores variaram de 4,58 mm a 5,21 mm em F_3 e médias de 5,15 mm em F_4 , com destaque para a população H46, que apresentou os maiores valores, seguida por H81 e H94.

Com relação aos números de lócus por vagem e número de sementes por vagem, as populações H25 e H46 apresentaram os maiores valores médios em ambas as gerações. O número de lócus por vagem variou de 2,26 a 2,62 em F_3 e de 2,41 a 2,57 em F_4 . Quanto ao número de sementes por vagem, os valores variaram de 1,82 a 2,29 em F_3 e de 1,49 a 1,84 em F_4 .

De acordo com Guimarães et al. (2007), não ocorre muita variação no número de sementes por vagem em feijão-fava, sendo que a quantidade varia de duas a quatro sementes.

No peso de 100 sementes, a variação foi de 28,53 g a 31,60 g em F_3 e de 25,84 g a 30,91 g em F_4 , com destaque para a população H94. Conforme Silva (2015), que observou variação de 29,52 g a 122,50 g, este caráter está diretamente relacionado ao tamanho da semente e ao conjunto gênico de cada genótipo.

Na literatura os trabalhos de estimação de parâmetros genéticos com *Phaseolus lunatus* são escassos, sendo este um dos poucos estudos de melhoramento da espécie no Brasil, com a estimação de parâmetros genéticos e predição de ganhos em populações de feijão-fava.

Considerando os parâmetros genéticos estimados (Tabelas 7, 8, 9 e 10), verifica-se que a variância ambiental entre parcelas (V_{parc}) foi superior à variância genética entre populações (V_{pop}) destacando para geração F_3 altura de planta; número de vagens por planta, número de lócus por vagem, comprimento, largura e espessura da semente na geração F_4 e em ambas as gerações espessura da vagem e peso de 100 sementes, indicando predominância da variabilidade genética dentro das populações em relação à variabilidade entre populações para estes caracteres.

Tabela 7 - Estimativas dos parâmetros genéticos para número de dias para o início da floração (NDF), número de dias para maturação (NDM) e altura da planta (AP), avaliados em seis populações de feijão-fava, nas gerações F₃ e F₄, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2021.

Parâmetros ¹	NDF		NDM		AP	
	F ₃	F ₄	F ₃	F ₄	F ₃	F ₄
Vg	-0,0028	-0,1865	-0,0178	-36,9359	-0,4037	-0,2224
Vparc	21,9243	15,0085	48,9388	239,3811	19,7781	1,6613
Vpop	22,3772	93,3474	260,6863	1,0931	15,0339	9,0341
Ve	0,6854	51,0585	10,4592	263,5829	59,4277	53,119
Vf	44,9840	159,2279	320,0665	467,1212	93,8360	63,592
h ² a	0,0011	0,0345	0,0010	0,5939	0,0755	0,1030
c ² parc	0,4874	0,09426	0,1529	0,5125	0,2108	0,0261
c ² pop	0,4975	0,5863	0,8145	0,0023	0,1602	0,1421
h ² ad	0,0768	0,1113	0,0316	0,2969	0,1260	0,1275
Média	38,2570	57,6867	114,0630	182,7461	26,9920	33,152
Acurácia	0,9140	0,9633	0,9810	NaN	0,8427	0,8719
CVg/CVe	1,0102	2,4939	2,3078	0,0676	0,8600	2,3319

¹Vg = variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação; Vparc = variância ambiental entre parcelas; Vpop = variância genética entre populações; Ve = variância residual; Vf = variância fenotípica individual; h²a = h², herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0) no sentido restrito; c²parc = c², coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c²pop = c²1, coeficiente de determinação dos efeitos de populações; h²ad = herdabilidade aditiva dentro de parcela (usando 1/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0); Média geral do experimento; Acurácia = acurácia na média entre populações; NaN = não foi possível calcular; CVg/CVe = razão entre coeficiente de variação genético e ambiental.

A variância genética entre populações foi superior à variância ambiental entre parcelas para os caracteres na avaliação em F₃ para número de dias até a maturação, número de vagens por planta, comprimento da vagem, comprimento, largura, espessura da semente e número de lócus por vagem. Nas duas gerações para número de dias para o início da floração, largura da vagem e número de sementes por vagem. Na geração F₄ para altura da planta, indicando que, o maior contribuinte para a variância fenotípica para esses caracteres foi a variância existente entre as populações e sendo assim, possibilitando diferenças de uso para seleção entre as procedências.

Tabela 8 - Estimativas dos parâmetros genéticos para número de vagens por planta (NVP), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), avaliados em seis populações de feijão-fava, na geração F₃ e F₄, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2021.

Parâmetros	NVP		CV		LV		EV	
	F ₃	F ₄	F ₃	F ₄	F ₃	F ₄	F ₃	F ₄
Vg	-6,9574	-31,4998	-0,2821	-0,1404	-0,0103	-0,0051	-0,0262	-0,0183
Vparc	25,8184	154,7732	6,8093	5,8919	0,4153	0,0491	0,1692	0,1114
Vpop	164,8469	4,0708	10,1250	4,1594	2,3231	0,6592	0,0093	0,0040
Ve	998,5751	921,3531	41,3617	33,2282	1,8146	1,2811	1,1032	0,8438
Vf	1182,2829	1048,6973	58,0138	43,0636	4,5426	1,9842	1,2554	0,9408
h ² a	0,1033	0,8846	0,0854	0,0961	0,0402	0,0770	0,3672	0,5750
c ² parc	0,0218	0,1476	0,1174	0,1364	0,0914	0,0247	0,1348	0,1184
c ² pop	0,1394	0,0039	0,1745	0,0953	0,5114	0,3322	0,0074	0,0043
h ² ad	0,1293	1,0410	0,1265	0,1287	0,1063	0,1233	0,4416	0,6629
Média	28,0130	20,7387	58,8670	56,0071	15,3480	15,1432	8,0800	7,5273
Acurácia	0,9020	NaN	0,8851	0,7265	0,9702	0,9462	NaN	NaN
CVg/CVe	2,5049	0,1622	1,2017	0,8402	2,3590	3,6659	0,2343	0,1895

¹Vg = variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação; Vparc = variância ambiental entre parcelas; Vpop = variância genética entre populações; Ve = variância residual; Vf = variância fenotípica individual; h²a = h², herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0) no sentido restrito; c²parc = c², coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c²proc = c²1, coeficiente de determinação dos efeitos de populações; h²ad = herdabilidade aditiva dentro de parcela (usando 1/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0); Média geral do experimento; Acurácia = acurácia na média entre populações; NaN = não foi possível calcular; CVg/CVe = razão entre coeficiente de variação genético e ambiental.

Para Resende (2015), às herdabilidades individuais podem ser classificadas de acordo com a sua magnitude em: baixa ($0,01 \leq h^2 \leq 0,15$), média ($0,15 < h^2 < 0,50$) e alta ($h^2 \geq 0,50$). Nesse sentido, todos os caracteres analisados apresentaram estimativas de herdabilidade de baixa magnitude na geração F₃, exceto por espessura da vagem que apresentou um valor de herdabilidade de magnitude média (36%).

Em relação a geração F₄, as herdabilidades estimadas foram de baixa magnitude para número de dias para o início da floração (3,45%), altura da planta (7,55%), comprimento da vagem (9,61%), largura da vagem (7,70%), número de lócus por vagem (11,15%), número de sementes por vagem (9,66%) e peso de 100 sementes (8,66%); e de alta magnitude para número de dias para maturação (59,39%), número de vagens por planta (88,46%), espessura da vagem (57,50%), comprimento da semente (61,33%), largura da semente (96,84%) e espessura da semente (80,22%).

Tabela 9 - Estimativas dos parâmetros genéticos para comprimento da semente (CS), largura da semente (LS) e espessura da semente (ES), avaliados em seis populações de feijão-fava, na geração F₃ e F₄, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2021.

Parâmetros ¹	CS		LS		ES	
	F ₃	F ₄	F ₃	F ₄	F ₃	F ₄
Vg	-0,0093	-0,1744	-0,0030	-0,0152	-0,0016	-0,018
Vparc	0,0990	0,8751	0,0321	0,1061	0,0339	0,0471
Vpop	0,8663	0,0006	0,1941	0,0016	0,0593	0,0000
Ve	1,4664	1,0111	0,4645	0,3719	0,2453	0,6588
Vf	2,4224	1,7124	0,6876	0,4644	0,3368	0,6873
h ² a	0,0681	0,6133	0,0783	0,9684	0,0872	0,8022
c ² parc	0,0409	0,5110	0,0467	0,2285	0,1006	0,0685
c ² pop	0,3576	0,0004	0,2823	0,0035	0,1761	0,0000
h ² ad	0,1189	0,3066	0,1224	1,2503	0,1266	0,8652
Média	11,7180	10,6598	8,0050	7,6636	5,0040	5,1507
Acurácia	0,9632	NaN	0,9485	NaN	0,8921	NaN
CVg/CVe	2,9539	0,0270	2,4461	0,1240	1,3039	0,0298

¹Vg = = variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação; Vparc = variância ambiental entre parcelas; Vpop = variância genética entre populações; Ve = variância residual; Vf = variância fenotípica individual; h²a = h², herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0) no sentido restrito; c²parc = c², coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c²pop = c²1, coeficiente de determinação dos efeitos de populações; h²ad = herdabilidade aditiva dentro de parcela (usando 1/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0); Média geral do experimento; Acurácia = acurácia na média entre populações; CVg/CVe = razão entre coeficiente de variação genético e ambiental.

As herdabilidades encontradas no presente estudo foram, em sua maioria, de baixa magnitude por conta da baixa variância genética entre famílias obtida. Esses valores podem ser explicados pelo fato das populações estudadas possuírem parentais em comum, logo, as populações possuem um certo grau de parentesco. De acordo com Pimentel et al. (2014), esses valores de baixa magnitude sugerem que não há condições favoráveis à seleção de plantas individuais.

Tabela 10 - Estimativas dos parâmetros genéticos para número de lócus por vagem (NLV), número de sementes por vagem (NSV) e peso de 100 sementes (P100S), avaliados em seis populações de feijão-fava, na geração F₃ e F₄, via metodologia REML/BLUP, em Teresina - PI, 2021.

Parâmetros ¹	NLV		NSV		P100S	
	F ₃	F ₄	F ₃	F ₄	F ₃	F ₄
Vg	-0,0009	-0,0006	-0,0010	-0,0007	-0,1391	-0,1790
Vparc	0,0006	0,0124	0,0012	0,0196	43,4842	9,0319
Vpop	0,0230	0,0091	0,0538	0,0250	4,5911	9,0148
Ve	0,1328	0,1400	0,1565	0,1575	20,8448	43,0314
Vf	0,1554	0,1609	0,2104	0,2015	68,7810	60,8990
h ² a	0,1043	0,1115	0,0875	0,0966	0,0355	0,0866
c ² parc	0,0038	0,0772	0,0055	0,0975	0,6322	0,1483
c ² pop	0,1479	0,0563	0,2557	0,1241	0,0668	0,1480
h ² ad	0,1291	0,1325	0,1244	0,1277	0,1238	0,1267
Média	2,4490	2,4917	2,0380	1,7148	29,6730	28,4036
Acurácia	0,9192	0,6720	0,9571	0,7972	0,5225	0,7867

CVg/CVe	6,2309	0,8539	6,8154	1,1280	0,3249	0,9991
---------	--------	--------	--------	--------	--------	--------

¹Vg = variância genética entre famílias, cujos componentes da variância genética aditiva e variância genética de dominância dependem da taxa de autofecundação ;Vparc = variância ambiental entre parcelas; Vpop = variância genética entre populações; Ve = variância residual; Vf = variância fenotípica individual; h²a = herdabilidade individual total (usando 3/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0) no sentido restrito; c²parc = c², coeficiente de determinação dos efeitos de parcela; c²pop = c²1, coeficiente de determinação dos efeitos de populações; h²ad = herdabilidade aditiva dentro de parcela (usando 1/2 da variância genética aditiva no numerador, quando S = 0); Média geral do experimento; Acurácia = acurácia na média entre populações; CVg/CVe = razão entre coeficiente de variação genético e ambiental.

Em estudos realizados por Moghaddam et al. (2016), Nascimento et al. (2018) e Fatema et al. (2019), em feijão comum, foram estimadas herdabilidades de diferentes magnitudes para o número de dias para o início da floração (49% e 54%) e para o número de dias para maturação (32%, 35% e 60,12%). Com feijão-caupi, Públio Júnior et al. (2018) obtiveram estimativa de 93,09% para o número de dias para início da floração e Oliveira et al. (2017b) obtiveram estimativas de magnitude mediana (32% e 33%) para número de dias para início da floração e número de dias até a maturação respectivamente. No presente estudo, foi estimado valor de herdabilidade alto para número de dias até a maturação na geração F₄.

Para altura da planta, em feijão-caupi, o coeficiente de herdabilidade foi de 69,84% (PÚBLIO JÚNIOR et al., 2018) e em feijão-comum, de 76,69% (FATEMA et al., 2019), indicando que tais populações apresentavam mais variabilidade genética para o caráter comparadas com as populações de feijão-fava do presente estudo, já que a herdabilidade não é uma propriedade do caráter ou da espécie, e sim da população e das condições ambientais a que foram submetidas (BALDISSERA et al., 2014).

Os coeficientes de herdabilidade para o número de vagens por planta (52,79% e 87,32%) em feijão-caupi (PÚBLIO JÚNIOR et al., 2018) e em feijão-comum (FATEMA et al., 2019), respectivamente, foram de alta magnitude assim como os encontrados na geração F₄ no presente estudo (88,46%). Para o comprimento da vagem (82,49%, 81,12% e 70,65%), os coeficientes de herdabilidade estimados em feijão-caupi (PÚBLIO JÚNIOR et al., 2018; BARROS et al., 2011) e em feijão-comum (FATEMA et al., 2019), respectivamente, foram altos, enquanto os estimados em feijão-fava (8,54% em F₃ e 9,61% em F₄) foram de baixa magnitude.

Quanto ao número de sementes por vagem (86,86% e 78,52%), a herdabilidade estimada em feijão comum (FATEMA et al., 2019) e feijão-caupi (BARROS et al., 2011) respectivamente, também foi superior à observada em populações de feijão-fava. Em relação ao número de vagens por planta, Cruz et al. (2018) encontraram valores de herdabilidade baixo (9,2%) em populações de feijão comum em geração F₃, valor esse inferior aos encontrados em ambas as gerações de feijão-fava avaliadas no presente estudo (10,33% e 88,46%). Em relação ao peso de

100 sementes (79,86%) encontrado em feijão-caupi (BARROS et al., 2011), foi superior aos encontrados no presente estudo com feijão-fava.

Outro parâmetro importante é o coeficiente de determinação dos efeitos de parcela (c^2_{parc}), que quantifica a variabilidade das parcelas dentro de cada bloco, fornecendo informações mais detalhadas sobre a precisão experimental. De acordo com Resende (2002), as estimativas ideais são aquelas com magnitudes inferiores a 10%, indicando que a variação fenotípica observada foi pouco influenciada pela variação ambiental. Valores elevados de c^2_{parc} significam alta variabilidade entre parcelas, dentro dos blocos, e alta correlação ambiental entre observações, dentro da parcela (PIMENTEL et al., 2014).

Os caracteres número de dias para o início da floração, altura de planta, espessura da semente em F_3 ; número de vagens por planta, comprimento da semente, largura da semente em F_4 e peso de 100 sementes nas duas gerações apresentaram valores superiores a 10% para c^2_{parc} , o que indica elevada variabilidade ambiental entre parcelas influenciando na variação fenotípica observada.

Com relação às estimativas dos coeficientes de determinação dos efeitos de populações (c^2_{pop}), observa-se que os valores foram superiores ao c^2_{pac} nos caracteres número de dias para o início da floração, número de sementes por vagem e largura da semente em ambas as gerações, número de dias para maturação, número de vagens por planta, comprimento da vagem, comprimento da semente, largura da semente, espessura da semente e número de lócus por vagem em F_3 , e altura da planta em F_4 . Esses valores representam a estimativa da variação genética entre populações, no qual, para essas variáveis, uma parte da variação se encontra entre populações.

A relação CV_g/CV_e , ou índice b , pode ser empregada como indicativo do grau de eficiência seletiva para cada caráter. Valores próximos ou acima da unidade na relação CV_g/CV_e indicam situação favorável à seleção, ou seja, presença de variabilidade suficiente para a seleção com a possibilidade de maiores ganhos (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

Os valores foram próximos ou superiores a 1 em todos os caracteres avaliados, exceto por número de dias até a maturação, número de vagens por planta, comprimento da semente, largura da semente e espessura da semente em F_4 , peso de 100 sementes em F_3 , e espessura da vagem em ambas as gerações, indicando a possibilidade de ganhos com seleção. Assim como no presente estudo, Meire et al. (2017) encontrou valor da razão CV_g/CV_e superior a 1 e favorável a seleção para o caráter altura de planta em feijão-caupi.

A acurácia de seleção refere-se à correlação entre o valor genotípico verdadeiro e aquele estimado a partir das informações do experimento, e será mais

alta quanto menor forem os desvios absolutos entre os valores genéticos paramétricos e os estimados, sendo os valores próximos à unidade desejáveis (RESENDE; DUARTE, 2007). Assim, quanto maior a acurácia seletiva na avaliação de um indivíduo, maior é a confiança na sua avaliação e no valor predito (STURION; RESENDE, 2005). A acurácia é o elemento principal do progresso genético, que pode ser alterado pelo homem quando se visa maximizar o ganho, podendo ser incrementada por uma experimentação mais adequada (RESENDE, 2002).

Os valores da acurácia podem variar de 0 a 1, sendo classificados como muito alto ($\geq 0,90$), alto ($\geq 0,70$ e $< 0,90$), moderado ($\geq 0,50$ e $< 0,70$) e baixo ($< 0,50$) (RESENDE; DUARTE, 2007). Valores de acurácia maiores que 0,70 são considerados adequados para propiciar inferência precisa sobre o valor genético, sendo uma medida associada à precisão na seleção.

Os caracteres avaliados apresentaram valores de acurácia classificados como muito altos ($\geq 0,90$) para os caracteres número de dias até a floração e largura da vagem em ambas as gerações, número de dias até a maturação, número de vagens por planta, comprimento da semente, largura da semente, número de lócus por vagem e número de sementes por vagem em F_3 .

As acurácias foram classificadas como altas ($\geq 0,70$ e $< 0,90$) para os caracteres altura da planta e comprimento da vagem nas duas gerações, espessura da semente em F_3 , número de sementes por vagem e peso de 100 sementes em F_4 . As acurácias foram classificadas como moderadas para os caracteres número de lócus por vagem em F_4 e peso de 100 sementes em F_3 .

Os valores de acurácia encontrados na geração F_4 foram, em geral, menores do que aqueles encontrados na geração F_3 , assim, pode-se dizer que a precisão experimental foi maior no experimento da geração F_3 . Uma possível explicação para este fato é o maior número de repetições utilizadas no experimento da geração F_3 . De acordo com Resende (2002), a acurácia pode ser incrementada por uma experimentação mais adequada, como por exemplo o aumento no número de repetições e medições por planta

Para os caracteres número de dias para maturação na geração, número de vagens por planta, comprimento da semente, largura da semente e espessura da semente na geração F_4 e espessura da vagem em ambas as gerações, não foi possível calcular a acurácia de seleção pois não foram obtidos valores da variância do erro de predição (PEV).

Os ganhos de seleção estimados via BLUP nas gerações F_3 e F_4 (Figuras 1 e 2) revelam que, em geral, os maiores ganhos foram obtidos na geração F_3 , sendo os caracteres número de dias para o início da floração, altura da planta e número de vagens por planta com os maiores ganhos nas duas gerações avaliadas.



Figura 1 - Ganhos com seleção relativos nos caracteres número de dias até o início da floração, número de dias para maturação, altura da planta, comprimento da vagem, largura da vagem e espessura da vagem avaliados em seis populações de feijão-fava, nas gerações F₃ e F₄, em Teresina-PI, 2021.



Figura 2 - Ganhos com seleção relativos nos caracteres número de vagens por planta, comprimento da semente, largura da semente, espessura da semente, número de lócus por vagem, número de sementes por vagem e peso de 100 sementes avaliados em seis populações de feijão-fava, nas gerações F₃ e F₄, em Teresina-PI, 2021.

Considerando o número de dias para o início da floração, a população H1 não apresentou ganho para o caráter e a população H46 apresentou o maior valor de ganho nas duas gerações avaliadas. No geral, os ganhos foram superiores em F₄ para esse caráter.

Quanto ao número de dias para maturação, a população H1 não obteve ganho em ambas as gerações e as populações H46 e H94 obtiveram os maiores ganhos na geração F₃, em F₄ não foram obtidos ganhos expressivos para nenhuma população. Cultivares com ciclo precoce são desejáveis, pois menor ciclo garante produção precoce e menos risco por causa de estiagem. O ideal seria a seleção para diminuição das médias destes caracteres, visando a obtenção de material mais precoce.

Em relação à altura da planta, a população H46 foi a que apresentou o maior valor para ganho em ambas as gerações. Comparando os ganhos estimados via BLUP de F₃ e as médias obtidas em F₄, verifica-se que, para o caráter todas as populações apresentaram ganhos reais, onde as médias da geração F₄ é superior às médias da geração F₃ para todas as populações.

Para os caracteres comprimento da vagem e largura da vagem, as populações H81 e H94 apresentaram os maiores valores de ganho em ambas as gerações. Em comparação dos BLUPs estimados em F₃ e as médias obtidas em F₄ observa-se que, embora as populações H25 e H5086 apresentem estimativas de ganho de baixa magnitude em F₃, elas apresentaram ganhos reais expressivos em F₄ para os caracteres.

Ganhos nesses caracteres são desejáveis pois, de acordo com Silva e Neves (2011), vagens grandes favorecem a colheita manual. Além disso, esses caracteres têm correlação positiva com rendimento, sendo de grande importância para o melhoramento da espécie (SILVA, 2015).

Para espessura da vagem, a população H94 apresentou maiores ganhos em F₃, e a população H46 em F₄. No geral, para a característica os ganhos foram baixos, não diferindo muito da média geral inicial.

Para número de vagens por planta, a população H81 não apresentou ganhos para a característica em F₃ e a população H94 não apresentou ganhos em F₄. Embora a população H81 não tenha apresentado estimativas de ganhos em F₃, ela apresentou um ganho real para o caráter quando comparadas as médias das duas gerações avaliadas. As populações H25, H46 e H5086 apresentaram estimativas de ganhos expressivos para o caráter em F₃ e ganhos consideráveis em F₄.

Para comprimento da semente, os ganhos foram bem expressivos em F₃, sendo as populações H1, H81 e H94 com os maiores ganhos, à população H25 não teve ganhos. Para a largura da semente, as populações H1, H81 e H94 obtiveram os maiores ganhos em F₃, já a população H46 não obteve ganhos para a característica em nenhuma das gerações avaliadas.

Para a espessura da semente os ganhos foram mais expressivos em F_3 , sendo a população H46 com os maiores ganhos, para a população H1 não foram obtidos ganhos. Ganhos nesses caracteres são desejáveis pois, de acordo com Dobert e Blevins (1993), o tamanho das sementes no feijão-fava é uma característica importante no desenvolvimento fisiológico da cultura, onde sementes maiores tendem a produzir uma maior quantidade de nódulos e matéria seca.

Para os caracteres número de lócus por vagem e número de sementes por vagem, as populações H25 e H46 apresentaram maiores ganhos em ambas as gerações avaliadas. Para o caráter, os ganhos não foram muito grandes, não diferindo muito da média inicial.

De acordo com Guimarães et al. (2007), não ocorre muita variação no número de sementes por vagem em feijão-fava, sendo a quantidade variando de duas a quatro sementes, o que pode explicar os ganhos baixos obtidos. Em trabalho de Barreiro Neto et al. (2015) com dez acessos de feijão-fava, foram encontrados valores variando de 2,17 a 3,10, o que mostra a pouca variação do caráter dentro da espécie.

Para o caráter peso de 100 sementes, as populações H81 e H94 obtiveram as maiores estimativas de ganhos, já a população H25 não obteve ganho nas duas gerações avaliadas. Para esse caráter os ganhos foram maiores em F_4 do que na geração anterior, sendo ganhos nesse caráter desejados. Comparados os ganhos estimados com as médias obtidas nas gerações avaliadas, a população H1 obteve ganhos reais superiores aos ganhos estimados via BLUP para o caráter

Trabalho realizado por Oliveira et al. (2017b) com feijão-caupi obteve ganhos expressivos (21,33%) para peso de 100 sementes, ganhos superiores aos encontrados no presente estudo.

Evidentemente, o programa de melhoramento em feijão-fava não pode ser conduzido para a melhoria de muitos caracteres ao mesmo tempo. Por conta disso, torna-se essencial priorizar os caracteres a serem trabalhados, como número de dias para a floração e maturação, comprimento e largura de vagens e sementes e peso de 100 sementes, e a metodologia adequada para a obtenção de ganhos genéticos.

5 CONCLUSÕES

A metodologia REML/BLUP mostrou-se eficiente na estimação dos parâmetros genéticos e predição de ganhos em populações de feijão-fava.

A variabilidade genética entre e dentro das populações estudadas, para todos os caracteres na geração F_3 e na maioria dos caracteres na geração F_4 , pode ser explorada para o melhoramento da espécie.

A população H1 por apresentar ciclo mais precoce e sementes grandes e brancas é uma população promissora no melhoramento da espécie.

6 REFERÊNCIAS

- AGHKHANI, M. H.; ASHTIANI, S. H. M.; MOTIE, J. B.; ABBASPOUR-FARD, M. H. Physical properties of christmas lima bean at different moisture content. **International Agrophysics**, v. 26, n. 4, p. 341-346, 29 out. 2012.
- ALVES, J. L. M. D.; SILVA, S.; DIAS, T. A. B.; VIEIRA, R. C.; BURLE, M. L. Aspectos etnobotânicos, multiplicação e caracterização de germoplasma de fava (*Phaseolus lunatus* L.) da comunidade indígena Krahô. In: II Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, 2012, Belém, PA. Anais, II CBRG. Belém, PA: Embrapa, 2012.
- AMARAL, A. L.; CARVALHO, F. L. F.; FEDERIZZI, L. C.; MITTELMANN, A.; PANDINI, F. Estimativa da herdabilidade para os caracteres adaptativos ciclo e estatura de planta em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 26, n. 1, p. 33-37, 1996.
- ANDUEZA-NOH, R. H.; CAMACHO-PÉREZ, L.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J.; MAYPAT, F. Distribución Geográfica de los Parientes Silvestres del Acervo Genético Mesoamericano del Frijol Lima (*Phaseolus lunatus* L.) en México. **Polibotánica**, n. 41, p. 101-113, jan. 2016.
- ARTEAGA, S.; HASSAN, M. A.; BANDARA, W. C.; YABOR, L.; LLINARES, J.; BOSCAIU, M.; VICENTE, O. Screening for Salt Tolerance in Four Local Varieties of *Phaseolus lunatus* from Spain. **Agriculture**, v. 8, n. 12, p. 201-214, 15 dez. 2018.
- ASANTE, I. K.; OFFEI, S. K.; ADDY, R.; CARSON, A. G. Phenotypic and Seed Protein Analysis in 31 Lima Bean (*Phaseolus lunatus*) Accessions in Ghana. **West African Journal Of Applied Ecology**, v. 12. 2008.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BARBOSA, G. J.; ARRIEL, N. H. C. Feijão-fava e a agricultura familiar de serraria, PB. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, Brasília, v. 35, n. 3, p. 387-403, dez. 2018.
- BARREIRO NETO, M.; FAGUNDES, R. A. A.; BARBOSA, M. M.; ARRIEL, N. H. C.; FRANCO, C. F. O.; SANTOS, J. F. Características morfológicas e produtivas em acessos de feijão-fava consorciados. **Tecnologia & Ciência Agropecuária**, João Pessoa, v. 9, n. 3, p. 23-27, jun. 2015.
- BARRIGA, R. H. M. P.; OLIVEIRA, A. F. F. **Variabilidade genética e correlações entre o rendimento e seus componentes em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) na região amazônica**. Belém: Embrapa-CPATU, 1982. 16p.
- BARROS, F. R.; ANUNCIÇÃO FILHO, C. J.; ROCHA, M. M.; NUNES, J. A. R.; SILVA, K. J. D.; FREIRE FILHO, F. R.; RIBEIRO, V. Q. Potencial genético de progênies de feijão-caupi segregantes quanto ao tipo da inflorescência. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 46, n. 2, p. 182-189, fev. 2011.
- BARROSO NETO, A. M.; MATOS, R. F.; PINHEIRO, M. S.; BERTINI, C. H. C. M.; DOVALE, J. C. Genetic variability and selection of extra-early cowpea progenies. **Revista Caatinga**, v. 30, n. 3, p. 698-707, set. 2017.
- BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal Of Statistical Software**, v. 67, n. 1, p. 1-48, 2015.
- BAUDET, J. C. Taxonomic status of the cultivated types of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Trop Grain Legume Bull.** p. 29-30. jan. 1977.
- BAUDOIN, J. P. Genetic resources, domestication and evolution of lima bean, *Phaseolus lunatus*. In: GEPTS, P. (Ed) **Genetic resources of *Phaseolus* bean**. Holland: kluwer Academic Publishers. p. 393-407, 1988.

BAUDOIN, J. P.; ROCHA, O.; DEGREEF, J.; MAQUET, A.; GUARINO, L. Ecogeography, Demography, Diversity and Conservation of *Phaseolus lunatus* L. in the Central Valley of Costa Rica. In: **Systematic and Ecogeographic Studies on Crop Gene pools 12**, International Plant Genetic Resources Institute, IPIGRI (Ed.), Rome, 2004.

BERNARDO, R. **Essentials of plant breeding**. Woodbury: Stemma Press, 2014. 252 p.

BONIFÁCIO, E. M.; FONSÊCA, A.; ALMEIDA, C.; SANTOS, K. G. B.; PEDROSA-HARAND, A. Comparative cytogenetic mapping between the lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) and the common bean (*P. vulgaris* L.). **Theoretical And Applied Genetics**, v. 124, n. 8, p. 1513-1520, 14 fev. 2012.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV. 2013. 523p.

BRASIL. **INMET: Instituto Nacional de Meteorologia**. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Gráficos Anuais de Estações Automáticas. Disponível em: <<https://tempo.inmet.gov.br>>. Acesso em: 25 jun. 2021.

BRIA, E. J.; SUHARYANTO, E.; PURNOMO. Variability and Intra-Specific Classification of Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L.) from Timor Island based on Morphological Characters. **Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology**, v. 4, n. 2, p. 62-71, 12 ago. 2019.

BRITO, Alana Viana. **Entomofauna e visitantes florais associados ao feijão-fava**. 2019. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Engenharia Agrônômica) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2019.

BRITO, M. V.; SILVA, V. B.; MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; LOPES, Â. C. A. Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotypes. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 33, n. 2, p. 571-578, abr. 2020.

CAMACHO-PÉREZ, L.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J.; MIJANGOS-CORTÉS, J. O.; FERRER-ORTEGA, M. M.; BAUDOIN, J. P.; ANDUEZA-NOH, R. H. Genetic structure of Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) landraces grown in the Mayan area. **Genetic Resources And Crop Evolution**, v. 65, n. 1, p. 229-241, 30 maio 2018.

CARMO, M. D. S.; CARVALHO, E. M. S.; GOMES, R. L. F.; LOPES, Â. C. A.; CAVALCANTE, G. R. S. Avaliação de acessos de feijão-fava, para resistência a *Colletotrichum truncatum*, em condições de folhas destacadas e campo. **Summa Phytopathologica**, v. 41, n. 4, p. 292-297, dez. 2015.

CARVALHO, L. P.; ANDRADE, F. P.; SILVA FILHO, J. L. NOTA CIENTÍFICA: cultivares de algodão colorido no Brasil. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibras**, Campina Grande, v. 15, n. 1, p. 37-44, jan. 2011.

CHACÓN-SÁNCHEZ, M. I.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J. Testing Domestication Scenarios of Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Mesoamerica: insights from genome-wide genetic markers. **Frontiers In Plant Science**, v. 8, 12 set. 2017.

CHEL-GUERRERO, L.; DOMÍNGUEZ-MAGAÑA, M.; MARTÍNEZ-AYALA, A.; DÁVILA-ORTIZ, G.; BETANCUR-ANCONA, D. Lima Bean (*Phaseolus lunatus*) Protein Hydrolysates with ACE-I Inhibitory Activity. **Food And Nutrition Sciences**, v. 03, n. 04, p. 511-521, 2012.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; DIAS, L. A. S.; RESENDE, M. D V. Prediction of genotypic values and estimation of genetic parameters in common bean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 51, n. 3, p. 465-472. jun. 2008.

CORREA, A. M.; CECCON, G.; CORREA, C. M. A.; DELBEN, D. S. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e

morfoagronômicos em feijão-caupi. **Revista Ceres**, Viçosa, v.59, n.1, p.88-94, jan./fev. 2012.

COSTA, R. B.; MARTINEZ, D. T.; SILVA, J. C.; ALMEIDA, B. C. Variabilidade e ganhos genéticos com diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus camaldulensis*. **Revista de Ciências Agrárias - Amazon Journal Of Agricultural And Environmental Sciences**, v. 58, n. 1, p. 69-74, 2015.

CRONQUIST, A. **The evolution and classification of flowering plants**. 2. ed. New York: The New York Botanical Garden, 1988.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, 3. ed. Viçosa: UFV, 2012, 480 p.

CRUZ, D. P.; GRAVINA, G. A.; OLIVEIRA, T. R. A.; GOMES, A. B. S.; SILVA, C. Q.; VIVAS, M.; ARAÚJO, K. C.; DAHER, R. F.; GRAVINA, L. M.; MORAES, R.; SILVA, V. B. Selection of progenies of snap beans using mixed models (REML/BLUP). **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 2, 2018.

DELGADO-SALINAS, A.; BIBLER, R.; LAVIN, M. Phylogeny of the Genus *Phaseolus* (Leguminosae): A Recent Diversification in an Ancient Landscape. **Systematic Botany**, v. 31, n. 4, p. 779-791, 2006.

DOBERT, R. C.; BLEVINS, D. G. Effect of seed size and plant growth on nodulation and nodule development in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Plant and Soil**, The Hague, v. 148, p. 11-19, 1993.

DOHLE, Sarah. **Development of resources for lima bean (*Phaseolus lunatus*) breeding and genetics research**. 2017. Tese (PhD em Plant Biology) - University Of California, Davis, 2017.

ERNEST, E. G.; WISSER, R. J.; JOHNSON, G. C. Physiological effects of heat stress on lima bean (*Phaseolus lunatus*) and development of heat tolerance screening techniques. **Annual Report of The Bean Improvement Cooperative**, n. 60, p. 101-102, mar. 2017.

ERNEST, E. G. **Lima bean Breeding Program**. Cooperative Extension University of Delaware. Disponível em: <<https://www.udel.edu/academics/colleges/canr/cooperative-extension/sustainable-production/commercial-crops/vegetable-crops/lima-bean-program/#:~:text=The%20goal%20of%20the%20breeding,replicated%20yield%20trials%20in%202008>>. Acesso em: 15 mar. 2021.

ESTADOS UNIDOS. **GRIN - Germoplasm Resources Information Network**. United States Department of Agriculture. Taxon: *Phaseolus lunatus* L. Disponível em: <<https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/taxon/taxonomydetail?id=27591>>. Acesso em: 30 jan. 2021.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to Quantitative Genetics**. Benjamin-Cummings Pub Co, 1996. 464 p.

FATEMA, R.; RAHMAN, J.; SHOZIB, H.; NAZRUL, M.; FATIMA, K. Genetic Diversity and Nutritional Components Evaluation of Bangladeshi Germplasms of Kidney Bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Genetic Resources**, v. 5, n. 2, p. 83-96, jul. 2019.

FONSÊCA, A.; FERRAZ, M. E.; PEDROSA-HARAND, A. Speeding up chromosome evolution in *Phaseolus*: multiple rearrangements associated with a one-step descending dysploidy. **Chromosoma**, v. 125, n. 3, p. 413-421, 21 out. 2015.

FRITSCHÉ-NETO, Roberto. **Predição de valores genotípicos de híbridos de milho com desbalanceamentos de genótipos e ambientes**. 2008. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade de São Paulo: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2008.

- GOMES, R. L. F.; COSTA, M. F.; PEREIRA, A. A.; BAJAY, M. M.; VIANA, J. P. G.; VALENTE, S. E. S.; LOPES, Â. C. A.; ZUCCHI, M. I.; PINHEIRO, J. B. A. A lima bean core collection based on molecular markers. *Scientia Agricola*, v. 77, n. 2, p. 1-2, 2020.
- GONÇALVES, G. M. C.; GONÇALVES, M. M. C.; MEDEIROS, A. M.; LOPES, Â. C. A.; GOMES, R. L. F. Genetic dissimilarities between fava bean accessions using morphoagronomic characters. *Revista Caatinga*, Mossoró, v. 32, n. 4, p. 1125-1132, dez. 2019.
- GOPAL, J. Genetic parameters and character associations for family selection in potato breeding programmes. *Journal of Genetics & Breeding*, Roma, v. 55, p. 201-208, 2002.
- GUIMARÃES, W. N. R.; MARTINS, L. S. S.; SILVA, E. F.; FERRAZ, G. M. G.; OLIVEIRA, F. J. Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, Campina Grande, v. 11, n. 1, p. 37-45, fev. 2007.
- IBGE, **Banco de dados agregados: pesquisa: produção agrícola municipal**. Rio de Janeiro, 2019. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612>>. Acesso em 30 de janeiro de 2021.
- IPGRI. **Descritores para *Phaseolus lunatus* (Feijão espadinho)**. International Plant Genetic Resources Institute. Rome, 2001. 42 p.
- KATHIRVEL, P.; KUMUDHA, P. A Comparative study on the chemical composition of wild and cultivated germplasm of *Phaseolus lunatus* L. *International Journal of Applied Biology and Pharmaceutical Technology*. p. 296-305. 2011.
- LIOI, L.; GALASSO, I. Oligonucleotide DNA fingerprinting revealing polymorphism in *Phaseolus lunatus* L. *Genetics Resources and Crop Evolution*, v. 49, p. 53-58, 2002.
- LONG, R.; TEMPLE, S.; MEYER, R.; SCHWANKL, L.; GODFREY, L.; CANEVARI, M.; ROBERTS, P.; GEPTS, P. **Lima bean production in California**. University of California Division of Agriculture and Natural Resources, California, 2014.
- LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F. ARAÚJO, A. S. F.; (Orgs). **A cultura do feijão-fava na Região Meio-Norte do Brasil**. 1. ed. Teresina: EDUFPI, 2010. 272 p.
- MACEDO, C. B.; OLIVEIRA, I. C. M.; RODRIGUES, J. A. S.; PARRELA, R. A. C.; SCHAFFERT, R. E. **Uso da macho-esterelidade no melhoramento genético de sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2019. 16 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Circular Técnica, 255).
- MACKIE, W. Origin, Dispersal and Variability of the Lima Bean, *Phaseolus lunatus*. *Journal of Chemical Information and Modeling*, v. 15, n. 1, p. 1-31, 1943.
- MAQUET, A.; VEKEMANS, X.Z.; BAUDOIN, J.P. Phylogenetic study on wild allies of lima bean, *Phaseolus lunatus* (Fabaceae), and implications on its origin. *Plant Systematics and Evolution*, v.218, n.1-2, p.43-54, 1999.
- MAQUET, A.; ZORO BI, I.; ROCHA, O. J.; BAUDOIN, J. P. Case studies on breeding systems and its consequences for germplasm conservation: 1. Isoenzyme diversity in wild lima bean populations in central Costa Rica. *Genetic Resources and Crop Evolution*, n. 43, p. 309-318, 1996.
- MARTÍNEZ-CASTILLO, J.; CAMACHO-PÉREZ, L.; VILLANUEVA-VIRAMONTES, S.; ANDUEZA-NOH, R. H.; CHACÓN-SÁNCHEZ, M. I. Genetic structure within the Mesoamerican gene pool of wild *Phaseolus lunatus* (Fabaceae) from Mexico as revealed by microsatellite markers: implications for conservation and the domestication of the species. *American Journal of Botany*, v. 101, n. 5, p. 851-864, maio 2014.

- MARTÍNEZ-NIETO, M. I.; ESTRELLES, E.; PRIETO-MOSSI, J.; ROSELLÓ, J.; SORIANO, P. Resilience Capacity Assessment of the Traditional Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L.) Landraces Facing Climate Change. **Agronomy**, v. 10, n. 6, p. 758-773, 26 maio 2020.
- MEDEIROS, V. S. S.; ALMEIDA, L. S.; PAULA, A. C.; MARINI, F. S.; ARRIEL, N. H. C. Caracterização morfoagronômica de fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Cadernos de Agroecologia**, v. 10, n. 3, 2015.
- MEDINA, V.; TERAN, J. C. B.; GEPTS, P.; GILBERT, M. E. Low stomatal sensitivity to vapor pressure deficit in irrigated common, lima and tepary beans. **Field Crops Research**, v. 206, p. 128-137, maio 2017.
- MEIRA, A. L.; SANTANA, T. M.; AMARAL, C. L. F.; MIGUEL, D. L.; SANTOS JÚNIOR, N. S. Estimativas de parâmetros genéticos para características de crescimento em feijão-caupi sob estresse hídrico severo. **Agropecuária Científica no Semiárido**, Patos, v. 13, n. 1, p. 41-47, 2017.
- MHORA, T. T.; ERNEST, E. G.; WISSER, R. J.; EVANS, T. A.; PATZOLDT, M. E.; GREGORY, N. F.; WESTHAFFER, S. E.; POLSON, S. W.; DONOFRIO, N. M. Genotyping-by-Sequencing to Predict Resistance to Lima Bean Downy Mildew in a Diversity Panel. **Phytopathology**, v. 106, n. 10, p. 1152-1158, maio 2016.
- MOGHADDAM, S. M.; MAMIDI, S.; OSORNO, J. M.; LEE, R.; BRICK, M.; KELLY, J.; MIKLAS, P.; URREA, C.; SONG, Q.; CREGAN, P.; GRIMWOOD, J.; SCHMUTZ, J. MCCLEAN, P. E. Genome-Wide association study identifies candidate loci underlying agronomic traits in a middle american diversity panel of common bean. **The Plant Genome**, v. 9, n. 3, p. 1-21, nov. 2016.
- MOTTA-ALDANA, J. R.; SERRANO-SERRANO, M. L.; HERNÁNDEZ-TORRES, J.; CASTILLO-VILLAMIZAR, G.; DEBOUCK, D. G.; CHACÓNS, M. I. Multiple origins of lima bean landraces in the Americas: evidence from chloroplast and nuclear DNA polymorphisms. **Crop Science**, v. 50, n. 5, p. 1773-1787, set. 2010.
- NANDHINI, E.; PADMINI, K.; VENUGOPALAN, R.; ANJANAPPA, M.; LINGAIAH, H. B. Flower - visiting insect pollinators of okra [*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench] in Bengaluru region. **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, Bengaluru, v. 2, n. 7, p. 1406-1408, 2018.
- NASCIMENTO, M.; NASCIMENTO, A. C. C.; SILVA, F. F.; BARILI, L. D.; VALE, N. M.; CARNEIRO, J. E.; CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; SERÃO, N. V. L. Quantile regression for genome-wide association study of flowering time-related traits in common bean. **Plos One**, v. 13, n. 1, p. 1-14, 4 jan. 2018.
- NOBRE, D. A. C.; BRANDÃO JUNIOR, D. S. Feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). Disponível em: <<https://www.grupocultivar.com.br/artigos/feijao-fava-phaseolus-lunatus-l->>. Acesso em: 12 agosto 2019.
- OLIVEIRA, A. P.; ALVES, E. U.; ALVES, A. U.; DORNELAS, C. S. M.; SILVA, J. A.; PORTO, M. L.; ALVES, A. V. Produção de feijão-fava em função do uso de doses de fósforo em um Neossolo Regolítico. **Horticultura Brasileira**, v. 22, n. 3, p. 543-546, 2004.
- OLIVEIRA, D.G.; ROCHA, M.M.; DAMASCENO-SILVA, K.J.; SÁ, F.V.; LIMA, L.R.L.; RESENDE, M.D.V. Genotypic gain with simultaneous selection of production, nutrition, and culinary traits in cowpea crosses and backcrosses using mixed models. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-12, 2017a.
- OLIVEIRA, R. M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; OLIVEIRA, A. C.; RIBEIRO, V. Q.; VIEIRA, P. F. M. J. Seleção em Feijão-Caupi Visando Obtenção de Linhagens Extraprecoces. **Nativa**, v. 5, n. 4, p. 250-256, 2017b.
- OLIVEIRA, T. C. A cultura do sorgo sacarino: revisão. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 2, p. 1-7, 11 fev. 2021.

PENHA, J. S.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; PINHEIRO, J. B.; ASSUNÇÃO FILHO, J. R.; SILVESTRE, E. A.; VIANA, J. P. G.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J. Estimation of natural outcrossing rate and genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L. var. *lunatus*) from Brazil using SSR markers: implications for conservation and breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, n. 6, p. 1355-1364, 6 set. 2016.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 49, n. 11, p. 882-890, nov. 2014.

PÚBLIO JÚNIOR, E.; GUIMARÃES, D. G.; PÚBLIO, A. P. P. B.; SOUZA, U. O.; AMARAL, C. L. F. Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-frade. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 41, n. 3, p. 806-814, jul. 2018.

PÚBLIO JÚNIOR, E.; MORAIS, O. M.; ROCHA, M. M.; PÚBLIO, A. P. P. B.; BANDEIRA, A. S. Características agrônômicas de genótipos de feijão-caupi cultivados no sudoeste da Bahia. **Científica**, v. 45, n. 3, p. 223, 6 jul. 2017.

RAHMAN, M. B.; TALUKDAR, M. B.; ISLAM, M. R.; RAHMAN, K. S. Pollination technique: efficacy on fruit set, seed yield and seed quality of eggplant. **International Journal of Recent Scientific Research**. Bangladesh, v. 6, n. 9, p. 6366-6369. set. 2015.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. UFLA, 2012a. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; ARAÚJO, L. C. A. Breeding self-pollinated plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, p.1-7, 2011.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5.ed. - Lavras, MG: Ed. UFLA, 2012b. 566 p.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna. Disponível em <<https://www.R-project.org>>. Acesso em: 7 abr. 2021.

REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, v. 34, n. 3, p. 685-692, jun. 2004.

RESENDE, M. D. V. **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas, 2000. 101p. (Embrapa Florestas. Documentos, 47).

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Visconde do Rio Branco: Ed. Suprema, 2015.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p.330-339, 2016.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 3, n. 37, p. 182-194, set. 2007.

- SANTAMARIA, L.; ERNEST, E. G.; GREGORY, N. F.; EVANS, T. A. Inheritance of resistance in lima bean to *Phytophthora phaseoli*, the causal agent of downy mildew of lima bean. **Hortscience**, v. 53, n. 6, p. 777-781, jun. 2018.
- SANTOS, C. E. M.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; SIQUEIRA, D. L.; ROSADO, L. D. S. Componentes genéticos aditivos e não aditivos em maracujazeiro-azedo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 5, p.482-490, maio 2011.
- SANTOS, D.; CORLETT, F. M. F.; MENDES, J. E. M. F.; WANDERLEY JÚNIOR, J. S. A. Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 10, p. 1407-1412, out. 2002.
- SEIDU, K. T.; OSUNDAHUNSI, O. F.; OLALEYE, M. T.; OLUWALANA, I. B. Amino acid composition, mineral contents and protein solubility of some lima bean (*Phaseolus lunatus* L. Walp) seeds coat. **Food Research International**, v. 73, p. 130-134, jul. 2015.
- SEIDU, K. T.; OSUNDAHUNSI, O. F.; OSAMUDIAMEN, P. M. Nutrients assessment of some lima bean varieties grown in southwest Nigeria. **International Food Research Journal**, v. 25, n. 2, p. 848-853, abr. 2018.
- SERRANO-SERRANO, M. L.; HERNÁNDEZ-TORRES, J.; CASTILLO-VILLAMIZAR, G.; DEBOUCK, D. G.; SÁNCHEZ, M. I. C. Gene pools in wild Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: evidences for an andean origin and past migrations. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 54, n. 1, p. 76-87, jan. 2010.
- SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A. Produção de feijão-caupi semi-prostrado em cultivos de sequeiro e irrigado. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 6, p. 29-36, 2011.
- SILVA, Raimundo Nonato Oliveira. **Estudos genéticos em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) visando o melhoramento genético da cultura**. 2015. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense, Rio de Janeiro, 2015.
- SILVA, R. N. O.; BURLE, M. L.; PÁDUA, J. G.; LOPES, Â. C. A.; GOMES, R. L. F.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J. Phenotypic diversity in lima bean landraces cultivated in Brazil, using the Ward-MLM strategy. **Chilean Journal of Agricultural Research**, p. 35-40, jan. 2017.
- SILVA, R. N. O.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; PÁDUA, J. G.; BURLE, M. L. High diversity of cultivated lima beans (*Phaseolus lunatus*) in Brazil consisting of one Andean and two Mesoamerican groups with strong introgression between the gene pools. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 4, p. 1-12, 2019.
- SILVA, V. B.; GOMES, R. L. F.; LOPES, Â. C. A.; DIAS, C. T. S.; SILVA, R. N. O. Genetic diversity and promising crosses indication in lima bean (*Phaseolus lunatus*) accessions. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 2, p. 683-692, 22 abr. 2015.
- SORAPONG, B. Okra (*Abelmoschus esculentus* (L.) Moench) as a valuable vegetable of the world. **Ratarstvo I Povrtarstvo**, v. 49, n. 1, p. 105-112, 2012.
- SOUSA, Antônia Maria de Cássia Batista. **Predição da Produtividade de grãos e adaptabilidade e estabilidade em variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.)** 2019. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2019.
- SOUSA, C. M. B.; GRAVINA, G. A.; VIANA, A. P.; DAHER, R. F.; SOUZA, C. L. M. Selection of snap bean F2 progenies for production using the REML/BLUP methodology. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 1, p. 33-40, mar. 2017.
- SOUSA, T. J. F.; ROCHA, M. M.; DAMASCENO-SILVA, K. J.; BERTINI, C. H. C. M.; SILVEIRA, L. M.; SOUSA, R. R.; SOUSA, J. L. M. Simultaneous selection for yield, adaptability, and genotypic stability in immature cowpea using REML/BLUP. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 54, p. 1-2, 2019.

SOUZA, Y. P.; SANTOS, P. R.; NASCIMENTO, M. R.; COSTA, K. D. S.; LIMA, T. V.; OLIVEIRA, T. R. A.; COSTA, A. F.; PEREIRA, H. S.; SILVA, J. W. Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. **Ciência Rural**, v. 48, n. 7, p. 1-12, 16 jul. 2018.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Nota Científica: Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 157-160, 28 out. 2010.

TARDÍO, J.; LÁZARO, A.; ROSELLÓ, J.; MORALES, R.; SANTAYANA, M. P. Fichas de inventario: garrofón (*Phaseolus lunatus*). In: TARDÍO, J.; SANTAYANA, M. P.; MORALES, R.; MOLINA, M.; ACEITUNO-MATA, L. **Inventario español de los conocimientos tradicionales relativos a la biodiversidad agrícola**. Madrid: Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación, 2018. Cap. 3. p. 150-152.

THOMAS, A. **Lima bean resistance**. 2017. University of Delaware, UDAILY. Disponível em: <<https://www.udel.edu/udaily/2017/june/research-to-predict-disease-resistance-in-lima-beans/>>. Acesso em: 22 abr. 2021.

TORRES, F. E.; TEODORO, P. E.; SAGRILO, E.; CECCON, G.; CORREA, A. M. Interação genótipo x ambiente em genótipos de feijão-caupi semiprostrado via modelos mistos. **Bragantia**, v. 74, n. 3, p. 255-260, 7 jul. 2015.

UNIVERSITY OF CALIFORNIA DAVIS. **UC Davis Foundation Seed Program: lima varieties**. 2020. Disponível em: <<https://fsp.ucdavis.edu/seed-catalog/lima-varieties>>. Acesso em: 24 abr. 2021.

UNIVERSITY OF DELAWARE. **Agriculture & Natural Resources: Lima bean breeding**. Disponível em: <<https://www.udel.edu/academic/colleges/canr/cooperative-extension/sustainable-production/commercial-crops/vegetable-crops/lima-bean-program/>>. Acesso em: 24 jun. 2021.

USDA-NASS, United States Department of Agriculture-National Agricultural Statistics Service Information. Principal processing vegetables, area planted, harvested, production and value by Crop - United States: 2017-2018 (Domestic Units). **Vegetables 2019 Summary**. p. 18-21. 2020.

VALADARES, R. N.; NÓBREGA, D. A.; LIMA, L. B.; SILVA, J. A. S.; SANTOS, A. M. M.; MELO, R. A.; MENEZES, D. Combining capacity and heterosis in eggplant hybrids under high temperatures. **Horticultura Brasileira**, v. 37, n. 3, p. 348-353, jul. 2019.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VIDAL NETO, F. C.; FREIRE, E. C. Melhoramento genético do algodoeiro. In: VIDAL NETO, F. C.; CAVALCANTI, J. J. V. **Melhoramento genético de plantas no Nordeste**. Brasília: Embrapa, 2013. Cap. 3. p. 49-83.

VIEIRA, R. F. A cultura de feijão-fava. **Informe Agropecuário**, v.16. n. 174, p. 30-37, 1992.

WEBER, L. C.; AMARAL-LOPES, A. C.; BOITEUX, L. S.; NASCIMENTO, W. M. Produção e qualidade de sementes híbridas de berinjela em função do número de frutos por planta. **Horticultura Brasileira**, v. 31, n. 3, p. 461-466, set. 2013.

ZORO BI, I; MAQUET, A.; BAUDOIN, J. P. Mating system of wild *Phaseolus lunatus* L. and its relationship to population size. **Heredity**, v. 95, p. 153-158, 2005.