



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

LAÍS DOS SANTOS NERI DA SILVA

**DESEMPENHO AGRONÔMICO E SELEÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS DE
FEIJÃO-FAVA**

Teresina-PI

2021

LAÍS DOS SANTOS NERI DA SILVA

**DESEMPENHO AGRONÔMICO E SELEÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS DE
FEIJÃO-FAVA**

**Dissertação apresentada à Universidade
Federal do Piauí como parte das exigências
do Programa de Pós-Graduação em
Genética e Melhoramento para obtenção do
título de “Mestre”.**

**Orientador: Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva
Coorientadora: Dr^a. Ângela Celis de Almeida Lopes**

Teresina-PI

2021

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Comunitária Jornalista Carlos Castello Branco Serviço de
Processos Técnicos

S586d

Silva, Laís dos Santos Neri da.
Desempenho agrônômico e seleção de variedades
crioulas de feijão-fava / Laís dos Santos Neri da Silva. –
2021.

57 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí,

1. *Phaseolus lunatus* L. 2. Potencial produtivo. 3.
Seleção fenotípica. I. Título.

CDD 631.53

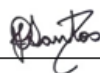
**DESEMPENHO AGRONÔMICO E SELEÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS DE
FEIJÃO-FAVA**

LAÍS DOS SANTOS NERI DA SILVA

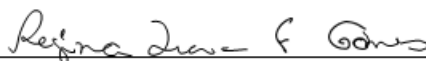
LICENCIADA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

Aprovada em 27/08/2021

Comissão Julgadora



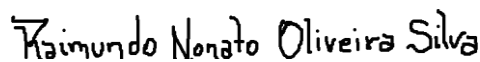
Prof. Dr. Jardel Oliveira Santos- UFMA



Prof^a. Dr^a. Regina Lúcia Ferreira Gomes- CCA/UFPI



Prof^a. Dr^a. Ângela Celis de Almeida Lopes- CCA/UFPI
(Coorientadora)



Prof. Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva- CAFS/UFPI
(Orientador)

A Deus

Aos meus queridos pais, Almir Neri e Aurene dos Santos
por todo amor, apoio e carinho

A todas as pessoas que dedicam suas vidas à pesquisa e a
conservação dos recursos genéticos vegetais,

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Deus por não desistir de mim nos momentos mais difíceis, pelos meus erros e acertos que me fizeram crescer e chegar até aqui.

A Coordenação de Aperfeiçoamento Pessoal de Nível Superior-CAPES pelo apoio na concessão da bolsa.

A Universidade Federal do Piauí e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de crescimento acadêmico e profissional.

Ao meu orientador e “Pai Científico” professor Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva por ter me ajudado a trilhar meu caminho na pesquisa desde a graduação. Obrigada prezado pelo exemplo de profissional e pessoa que és, por compartilhar seu conhecimento, pelos conselhos, incentivo, apoio e amizade construída ao longo desses anos.

A minha coorientadora professora Dr^a. Ângela Celis de Almeida Lopes pela compreensão, pelas atitudes de humildade e por sempre estar disposta a buscar soluções para os problemas.

A professora Dr^a. Regina Lúcia Ferreira Gomes pelo exemplo de liderança e conduta.

A todos os professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento por contribuir significativamente no meu desenvolvimento pessoal e profissional.

Ao coordenador do curso professor Dr. José Evando Aguiar Beserra Jr. e ao secretário César Viana da Silva por todo o suporte e disponibilidade.

Aos professores membros da banca de qualificação e defesa pelas importantes contribuições no aperfeiçoamento deste trabalho.

Ao professor do Instituto Federal de Ciência e Tecnologia do Ceará, Me. Edmilson Gomes de Oliveira, pela disponibilidade e substancial ajuda, em nome dele agradeço a todos os produtores de feijão-fava da mesorregião sul cearense.

Ao Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas- RGMP em especial gostaria de agradecer a Maria de Fátima Vieira e Eulilia Machado pela amizade construída ao longo dessa caminhada. Não poderia deixar de mencionar meus singelos agradecimentos a minha primeira família científica, desde os tempos de graduação, grupo de Genética do CAFS-GenCafs, pela amizade, risadas e apoio apesar da distância.

Aos funcionários da Fitotecnia em especial Sr. Joelton Pires pela disponibilidade em ajudar e a dona Francisca das Chagas pelo carinho e melhor café da Fitotecnia.

Gratidão a minha turma do PPGM: Guilherme Luz, Jailson do Nascimento, Jarbson Henrique Oliveira, Walter Frazão, Kelvim Crist, Elenildo dos Santos, Mauricio Sérgio pela amizade,

alegrias, histórias e dificuldades compartilhadas. Em especial gostaria de agradecer a Luciana Lopes pela amizade, conselhos e ajuda nos “perrengues acadêmicos.”

Agradeço aos meus queridos pais Almir Neri e Aurene dos Santos, pelo amor, cuidado, incentivo, conselhos e por serem meu porto seguro nos momentos mais difíceis. Essa conquista é por vocês e para vocês, meus velhos. Eu os amo infinitamente.

Aos meus irmãos Rodrigo Neri e Salmo Neri por todo carinho, apoio, amizade e compreensão da minha ausência.

Agradeço a minha tia Eva Ramos e aos meus primos Francisco Ramos e Franciane Ramos por todo o suporte e apoio nos primeiros meses de adaptação em Teresina.

A todos os familiares pelas palavras de incentivo e apoio.

Agradeço a Lucia Emília Soares e Ana Maria Soares pela boa convivência, amizade e “perrengues de vida adulta”.

Externo aqui minha gratidão aos meus poucos e leais amigos, em especial Gabriela Resende (*in memoria*) que torceu por mim em cada etapa da seleção do mestrado e que se hoje estivesse aqui certamente estaria vibrando de alegria comigo.

A todos que contribuíram de alguma forma para a realização deste trabalho, recebam os meus mais sinceros muito obrigada!

“É necessário que Ele cresça e eu diminua.” (João 3:30)

RESUMO

As variedades crioulas de feijão-fava possuem notável diversidade genética e potencial agrônômico, aspectos relevantes no melhoramento vegetal. Esse trabalho objetivou avaliar o desempenho agrônômico de variedades de feijão-fava via *genotype*trait* biplot (GT) e *genotype by yield*trait* biplot (GYT biplot) além de estimar os coeficientes de correlação e análise de trilha em variedades crioulas de feijão-fava. Foram avaliados 12 genótipos coletados em municípios da mesorregião sul cearense. Os ensaios experimentais foram conduzidos nos municípios de Crato e Farias Brito, no Estado do Ceará. Utilizou-se delineamento em blocos casualizados, com quatro repetições. A mensuração dos caracteres morfoagronômicos considerou os descritores recomendados pelo *Bioversity International*. Os gráficos GT e GYT biplot foram gerados com base na estimativa dos componentes principais. Estimaram-se coeficientes de correlação e análise de trilha. Verificou-se correlação positiva entre produtividade de grãos e caracteres de vagens, a associação entre esses caracteres é interessante no melhoramento visando ganhos de produção. O GT biplot indicou UFPI1242 como genótipo ideal pelo bom desempenho para a maioria das características de rendimento. Através da abordagem GYT biplot observou-se alta performance de produtividade os genótipos UFPI1242, UFPI1259, e UFPI1285 os quais podem ser empregados em programas de melhoramento de feijão-fava. Verificaram-se correlações positivas e significativas entre os principais caracteres de vagens e grãos, mostrando-se promissoras para o incremento no rendimento. Além disso, número de vagens por planta, peso de vagens, possuem efeito direto e positivo no desempenho da característica principal, produtividade de grãos e, portanto, devem ser utilizadas como critério de seleção indireta para otimizar os ganhos na produção de grãos em variedades locais de feijão-fava.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L. Potencial produtivo. Seleção fenotípica

ABSTRACT

The lima bean landraces have remarkable genetic diversity and agronomic potential, relevant aspects in plant improvement. This work aimed to evaluate the agronomic performance of lima bean varieties via genotype*trait biplot (GT) and genotype by yield*trait biplot (GYT biplot) in addition to estimating the correlation coefficients and path analysis in landraces of lima beans. Twelve genotypes collected in municipalities of the southern Ceará mesoregion were evaluated. The experimental tests were carried out in the cities of Crato and Farias Brito, in the State of Ceará. A randomized block design with four replications was used. The measurement of morphoagronomic characters considered the descriptors recommended by Bioversity International. The GT and GYT biplot graphs were generated based on the estimation of the principal components. Correlation coefficients and path analysis were estimated. There was a positive correlation between grain yield and pod characters, the association between these characters is interesting in the improvement aiming production gains. The GT biplot indicated UFPI1242 as the ideal genotype due to its good performance for most yield traits. Through the GYT biplot approach, high yield performance was observed for the genotypes UFPI1242, UFPI1259, and UFPI1285, which can be used in lima bean breeding programs. Positive and significant correlations were verified between the main characters of pods and grains, showing promise for the increase in yield. In addition, number of pods per plant, pod weight, have a direct and positive effect on the performance of the main trait, grain yield and, therefore, should be used as an indirect selection criterion to optimize gains in grain production in local varieties of lima beans.

Keywords: *Phaseolus lunatus* L. Agronomic performance. Phenotypic selection

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1-** Relação das variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-Fava da Universidade Federal do Piauí- BAG/UFPI, com respectivas denominações, nomes populares e municípios. Teresina-PI, 2021. 37
- Tabela 2-** Teste de média de Duncan para a característica produtividade de grãos (PG) em 12 variedades crioulas de feijão-fava avaliadas conjuntamente nos municípios de Crato e Farias Brito, CE. Teresina-PI, 2021. 46
- Tabela 3-** Estimativas dos coeficientes de correlação entre características morfoagronômicas de feijão-fava avaliadas conjuntamente nos municípios de Crato e Farias Brito, CE: NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NV- Número de vagens; CV- Comprimento da vagem; LV- Largura da vagem; EV- Espessura da vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NLV- Número de lóculos por vagem; P100G- Peso de 100 grãos; PG- Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. Teresina-PI, 2021. 55
- Tabela 4-** Estimativas dos efeitos diretos na diagonal e indiretos da característica principal PG das características secundárias de rendimento, avaliadas conjuntamente nos municípios de Crato e Farias Brito, CE: NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NV- Número de vagens; CV- Comprimento da vagem; LV- Largura da vagem; EV- Espessura da vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NLV- Número de lóculos por vagem; P100G- Peso de 100 grãos; PV- Produtividade de vagens. Teresina-PI, 2021. 56

LISTA DE FIGURAS

Figura 1- Gráfico *genotype-by-trait* biplot exibindo a associação entre as 11 características morfoagronômicas avaliadas em 12 genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PG-Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. Teresina- PI, 2021.....41

Figura 2- Gráfico Which-Won-Where biplot exibindo o desempenho de 12 genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) para as 11 características morfoagronômicas analisadas. CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PG-Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. 1 (UFPI253); 2 (UFPI1237); 3 (UFPI1298); 4 (UFPI1296); 5 (UFPI1240); 6 (UFPI1262); 7 (UFPI1259); 8 (UFPI1242); 9 (UFPI1285); 10 (UFPI1265); 11 (UFPI1290); 12 (UFPI1241). Teresina- PI, 2021.....41

Figura 3- Gráfico discriminante e representatividade das 11 características morfoagronômicas avaliadas em 12 genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PG-Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. 1 (UFPI253); 2 (UFPI1237); 3 (UFPI1298); 4 (UFPI1296); 5 (UFPI1240); 6 (UFPI1262); 7 (UFPI1259); 8 (UFPI1242); 9 (UFPI1285); 10 (UFPI1265); 11 (UFPI1290); 12 (UFPI1241). Teresina- PI, 2021.....44

Figura 4- Gráfico *ranking genotypes* biplot exibindo o genótipo ideal considerando as 11 características morfoagronômicas analisadas. CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PG-Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. 1 (UFPI253); 2 (UFPI1237); 3 (UFPI1298); 4 (UFPI1296); 5 (UFPI1240); 6 (UFPI1262); 7 (UFPI1259); 8 (UFPI1242); 9 (UFPI1285); 10 (UFPI1265); 11 (UFPI1290); 12 (UFPI1241). Teresina- PI, 2021.....45

Figura 5- Gráfico *genotype by yield*trait* biplot exibindo a combinação entre a produtividade de grãos (PG) e as 10 características morfoagronômicas analisadas, considerando o desempenho dos genótipos. CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PV- Produtividade de vagens. 1 (UFPI253); 2 (UFPI1237); 3 (UFPI1298); 4 (UFPI1296); 5 (UFPI1240); 6 (UFPI1262); 7 (UFPI1259); 8 (UFPI1242); 9 (UFPI1285); 10 (UFPI1265); 11 (UFPI1290); 12 (UFPI1241). Teresina- PI, 2021.47

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

BAG	Banco Ativo de Germoplasma
CIAT	Centro Internacional de Agricultura Tropical
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
FAO	<i>Food and Agriculture Organization of the United Nations</i>
GT biplot	<i>Genotype*Trait</i> biplot
GYT biplot	<i>Genotype by yield*trait</i> biplot
IBGE	Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística
IFCE	Crato Instituto Federal de Ensino, Ciência e Tecnologia, <i>Campus</i> Crato
IPECE	Instituto de Pesquisa e Estratégia Econômica do Ceará
IPGRI	International Plant Genetic Resources Institute
PCAs	Principal Component Analysis
UFV	Universidade Federal de Viçosa
USDA-NASS	<i>United States Department of Agriculture- National Agricultural</i> <i>Statistics Service Information</i>

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	15
2.	REVISÃO DE LITERATURA.....	17
	2.1. A espécie <i>Phaseolus lunatus</i> L.....	17
	2.2. Diversidade Genética e Bancos de Germoplasma.....	18
	2.3. Importância das Variedades Crioulas.....	20
	2.4. Importância Socioeconômica	21
	2.5. Caracterização Morfoagronômica	22
	2.6. Seleção via GT e GYT Biplot	23
	2.7. Associação entre Características	24
	REFERÊNCIAS	26
	CAPÍTULO I- SELEÇÃO DE VARIEDADES DE FEIJÃO-FAVA PARA MÚLTIPLOS CARACTERES VIA ANÁLISE GT E GYT BILOT.....	34
	RESUMO.....	34
	ABSTRACT	34
	INTRODUÇÃO	35
	MATERIAL E MÉTODOS	36
	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	40
	CONCLUSÕES	47
	REFERÊNCIAS	48
	CAPÍTULO II- CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA EM FEIJÃO-FAVA	50
	RESUMO.....	50
	ABSTRACT	50
	INTRODUÇÃO.....	51
	MATERIAL E MÉTODOS	52
	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	53
	CONCLUSÕES	57
	REFERÊNCIAS	58

1. INTRODUÇÃO

O feijão-fava, também conhecido popularmente como feijão manteiga, feijão sieva, feijão lima, fava belém (GRIN, 2021), fava lavadeira, boca de moça, orelha-de-vó, coquinho, branca e branquinha (MORAES et al., 2017) é uma das principais espécies domesticadas e exploradas comercialmente do gênero *Phaseolus* (BAUDOIN et al., 2004). A espécie *P. lunatus* é apreciada na forma de grãos secos ou verdes de alto valor proteico para a alimentação humana e, além disso, é usada na alimentação de ruminantes no período de estiagem nos estados da região Nordeste (SILVA, R et al., 2015; ORAKA e OKOEY, 2017), o que a torna promissora na geração de renda, especialmente dos pequenos agricultores (BEZERRA et al., 2010).

As variedades crioulas de feijão-fava são amplamente cultivadas por agricultores devido a notável diversidade genética e potencial agrônomo da espécie, aspectos de grande utilidade para a conservação da agrobiodiversidade e uso em programas de melhoramento. É necessário, portanto, parcerias entre pesquisadores e agricultores e organizações do segmento público para avaliar e resguardar adequadamente os recursos genéticos (MCCOUCH et al., 2020), em especial do feijão-fava.

Sendo assim, estratégias de avaliação do germoplasma fornecem informações úteis para uso e conservação das espécies, além da identificação e seleção de variedades de feijão-fava com bom desempenho produtivo, adaptadas a diversas regiões (SANTOS et al., 2002) e passíveis de serem incorporadas em etapas subsequentes de programas de melhoramento (CARBONELL, 2017).

Diversas abordagens fornecem suporte para os melhoristas na identificação de genótipos mais promissores para diferentes finalidades. A exemplo podemos citar o GT biplot (*genotype*trait* biplot), ferramenta de utilidade na seleção de genótipos responsivos para características de interesse. Essa abordagem, permite realizar a seleção de genótipos de interesse comparando-os com suas múltiplas características (EGESI et al., 2007), enquanto que o GYT biplot (*genotype by yield*trait* biplot) combina essas características com rendimento visando incrementos no ganho com a produção (KENDAL, 2019).

Outras abordagens adotadas em programas de melhoramento são as estimativas de correlações entre as características, as quais permitem a seleção indireta de caracteres que são de difícil obtenção via seleção direta (ALMEIDA et al., 2010). Entretanto, esse tipo de análise não permite inferir a relação de causa e efeito entre variáveis. Para isso utiliza-se a análise de trilha, medida que desdobra os coeficientes de correlações em efeitos diretos e indiretos

(CABRAL et al., 2011), fornecendo uma melhor compreensão da associação entre os caracteres.

Em síntese, as estratégias supracitadas contribuem na recomendação de genótipos e, após sucessivas etapas de seleção, no lançamento de uma cultivar, capaz de reunir caracteres favoráveis, principalmente aqueles que visem aumento de rendimento e de seus componentes. Esse trabalho teve por objetivo avaliar o desempenho agronômico de variedades de feijão-fava utilizando a metodologia do GT e GYT biplot, estimativa dos coeficientes de correlação e análise de trilha visando auxiliar o processo de seleção de variedades crioulas de feijão-fava.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A espécie *Phaseolus lunatus* L.

O gênero *Phaseolus* é representado por espécies produtoras de grãos, genericamente denominados de feijões, consumidas mundialmente (BARBIERI; STUMPF, 2008). O referido gênero engloba cerca de 70 a 80 espécies silvestres, sendo cinco dessas domesticadas (RENDÓN-ANAYA et al., 2017) de notório valor econômico a exemplo do *P. lunatus*, conhecido como feijão-fava. A domesticação dessa leguminosa ocorreu em uma ampla extensão geográfica englobando desde a América Central, Caribe, passando pela Amazônia, Andes até a Costa Peruana (SMÝKAL et al., 2015).

Essa distribuição geográfica possibilitou a formação de *pools* gênicos distintos (ANDUEZA-NOH et al., 2015), o *pool* gênico Andino (AI), limitado ao Equador e Peru, e o *pool* gênico Mesoamericano (MI e MII). O grupo MI, por sua vez é subdividido em MIa e MIb em decorrência de sua distribuição no México, mais especificamente no istmo de Tehuantepec. Enquanto que o grupo MII possui abrangência maior, incluindo México, América Central, Caribe e América do Sul (SERRANO-SERRANO et al., 2010; MARTÍNEZ- CASTILLO et al., 2014).

Com relação ao tipo de cultivo, essa leguminosa pode ser de ciclo anual ou perene, possui hábito de crescimento classificado como indeterminado trepador ou determinado anão (VIEIRA, 1992a). No tipo indeterminado, as plantas possuem crescimento e ramificação contínuos durante a floração e maturação das vagens. Enquanto que o tipo determinado caracteriza-se pela interrupção do crescimento e da formação de ramos após o surgimento das primeiras flores terminais (LONG et al., 2014).

A floração do feijão-fava geralmente ocorre nos meses de abril a julho (Oliveira et al., 2010), após o período chuvoso nos estados Piauí, Maranhão e Ceará. Em decorrência da morfologia floral, coincidência da maturação do pólen e da receptividade do estigma, o processo de autofecundação é favorecido (BI et al., 2005). Contudo, a taxa de cruzamento natural do feijão-fava em torno de 38,1% sugerindo um sistema de cruzamento misto para a espécie, mas com tendência a autogamia (PENHA et al., 2017).

Em relação aos caracteres associados a vagens, o comprimento pode variar de 4,37 cm a 10,07 cm e a largura pode compreender valores de 1,8 cm a 2,3 cm. Ademais, as vagens dessa cultura podem ser de formato oblonga ou recurvado, deiscentes ou não deiscentes, com extremidades curtas ou alongadas com pubescência ou não. Além disso, em cada vagem o número médio de sementes por lóculos é de três a quatro sementes (SANTOS et al., 2002;

BRITO et al., 2020). Essa considerável variação nesses caracteres pode ser considerada indicativo para seleção de variedades promissoras de feijão-fava.

O tegumento das sementes, por sua vez, exibe notória diversidade de cores abrangendo desde o branco, verde, cinza, amarelo, marrom, rosado, vermelho até o preto (VIEIRA, 1992a). A germinação na cultura do feijão-fava é do tipo epígea, normalmente com emergência entre seis a dez dias sob temperatura ideal em torno de 25 a 30°C (OLIVEIRA et al., 2010; NASCIMENTO et al., 2017). A emergência dos cotilédones frequentemente surge entre o nono e décimo quarto dia. Após o início da floração, em média entre 51 e 74 dias, inicia-se a maturação das vagens ocorre entre 84 e 97 (OLIVEIRA et al., 2010) dependendo da variedade, o período reprodutivo pode chegar a 136 dias, o que caracteriza o ciclo tardio (FRAZÃO et al., 2010).

Os grãos verdes do feijão-fava podem ser coletados nos primeiros dias da colheita e são ricos em proteínas (BARBOSA; ARRIEL, 2018), considerando os grãos secos, esse conteúdo proteico alcança valores médios de 16,85 a 23,41 g / 100g (SANTOS et al., 2010), os quais atendem aos requisitos mínimos de ingestão proteica para suprir a necessidade diária de indivíduos adultos, conforme preconizado pela Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura- FAO (FAO, 2011).

Devido ao paladar amargo, resultado da presença de teores variados de glicosídeos cianogênicos, o feijão-fava não é comumente utilizado na alimentação diária (BARBOSA; ARRIEL, 2018). Entretanto, na mesorregião sul cearense o consumo de feijão-fava é diário sendo as variedades branca, amarela/mulatinha, lavandeira/preta rajada e branca graúda responsáveis por 79,27% do consumo de grãos de feijão-fava (OLIVEIRA, 2019). Além de constituir um elemento antinutricional, a alta concentração de ácido cianídrico, observada também nas folhas de feijão-fava, torna-se eficiente mecanismo de defesa e atividade repelente contra ação de insetos herbívoros (BALLHORN et al., 2009; BALLHORN et al., 2016).

2.2. Diversidade Genética e Bancos de Germoplasma

O germoplasma de cultivares obsoletas, landraces e parentes silvestres são fontes de variação genética (FAO, 2010; MCCOUCH et al., 2020) e isso exige dos programas de melhoramento genético maior conhecimento dessa variabilidade a fim de explorar novas combinações gênicas satisfatórias (KARASAWA, 2016). Nesse contexto, o feijão-fava é uma espécie detentora de expressiva diversidade genética observada, principalmente, em caracteres morfológicos relacionados a vagens e sementes com diversos tamanhos, formas e cores

(NERE; BLEICHER; BERTINI, 2021), os quais são de grande importância em estudos de dissimilaridade genética e seleção de parentais.

A caracterização morfológica de 24 acessos de feijão-fava do Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí, identificou que as características comprimento e largura de vagens e número de vagens por planta, contribuiriam juntas com 79.41% para a divergência genética (SILVA, V et al., 2015). As informações de caracterização morfoagronômica são úteis para atividades posteriores de avaliação e seleção de genótipos superiores visando ganhos de rendimento em programas de melhoramento. Além disso, o uso de técnicas moleculares também proporciona informações completas acerca da amplitude da diversidade genética de genótipos de feijão-fava conservadas em bancos de germoplasma (BARROSO et al., 2019).

Atualmente, existem cerca de 1750 Bancos de Germoplasma pelo mundo, conservando milhares de acessos de espécies agrícolas e suas formas silvestres (SOFI et al., 2020), delineando-se uma solução oportuna para a conservação de espécies vegetais em vulnerabilidade genética (O'DONNELL; SHARROCK, 2017). Os Bancos de Germoplasma estão presentes em instituições de ensino e pesquisa, jardins botânicos, propriedades rurais, órgãos dos setores públicos e privados e são responsáveis por contribuir para o conhecimento, acesso e conservação da diversidade genética existente (FAO, 2010; SMÝKAL et al., 2015).

A conservação dos recursos genéticos de feijão-fava nos trópicos americanos é realizada através de Bancos de Germoplasmas geridos por órgãos e instituições como *United States Department of Agriculture* (USDA), nos Estados Unidos, Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), na Colômbia (CAMARENA, 2005).

No Brasil, a Embrapa por meio do Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia da Embrapa (EMBRAPA- CENARGEN) conta com aproximadamente 363 amostras de feijão-fava oriundas de doações de instituições internacionais como a *University of California-Davis* (2013) e nacionais a exemplo da Universidade Federal do Rio de Janeiro - Museu Nacional (2015) e Universidade Federal do Piauí (duas remessas em 2016) (MORAES et al., 2017).

O Banco Ativo de Germoplasma de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí iniciou-se em 2005 com as iniciativas de coletas de em comunidades rurais, feiras, e estados vizinhos, sendo incorporados 211 subamostras oriundas dos estados do Piauí, Maranhão, Pernambuco e Bahia. Atividades de intercâmbio e parceria com outras instituições como Embrapa Cenargen, UFV e CIAT, regiões do Brasil e outros países foram firmadas sendo possível a incorporação de novos genótipos ao germoplasma de feijão-fava da UFPI.

Atualmente o BAG UFPI conta com 1345 amostras de genótipos silvestres e domesticadas de feijão-fava passíveis de serem incorporados em atividades de conservação e manejo dos recursos genéticos dessa cultura.

2.3. Importância das Variedades Crioulas

Estima-se que aproximadamente 7.039 espécies de plantas com potencial uso na alimentação, apenas 417 são utilizadas, porém, apenas 15 culturas dentre elas o trigo, arroz e milho, contribuem com cerca de 90% de energia ingerida na alimentação (NASS et al., 2012; ANTONELLI et al., 2020). Os dados mencionados anteriormente são preocupantes, pois revelam que exploramos uma base estreita de plantas produtoras de alimentos (GUERRA et al., 2015). Adicionalmente, o crescimento da população mundial, estimado para 2030, atingirá aproximadamente 8,7 bilhões de pessoas (KUIPER et al., 2018) e em 2050 estima-se que esse número alcance 9,2 bilhões de habitantes (FAO, 2012) tais estimativas devem elevar a demanda de alimentos. Dessa forma, o incremento de outras culturas subutilizadas com potencial produtivo e adaptativo é uma solução viável para suprir essa dependência alimentar (LAMEIRA et al., 2015).

Os sistemas de cultivo de sementes ou variedades crioulas mantidos por agricultores, no decorrer das gerações, representam uma riqueza de diversidade genética, ampla adaptação local, rusticidade e potencial produtivo para implementar e diversificar a alimentação básica e, conseqüentemente garantir a segurança alimentar (MACHADO et al., 2008). Assim, os agricultores atuam como “guardiões da agrobiodiversidade” tanto no contexto de conservação de variedades agrícolas locais quanto no de seleção, manejo e multiplicação dos melhores materiais crioulos a serem empregados em próximos ciclos de cultivo no roçado (WOLFF; MEDEIROS, 2016).

No sistema de produção do feijão-fava, por exemplo, observa-se ainda um modelo de agricultura familiar tradicional no qual conhecimento acerca do preparo do solo, sistema de produção, escoamento da grãos, formas de conservação e uso das sementes crioulas são passadas de pai para filho (SOARES et al., 2010). O que contribui para uma maior autonomia socioeconômica e alimentar de seus agroecossistemas (KAUFMANN et al., 2018). É importante ressaltar ainda que os produtores de feijão-fava, em geral, têm preferências, sejam por motivos de produção, culturais ou econômicos, por algumas variedades crioulas em detrimento de outras, resultando na conservação da diversidade genética dessas variedades mantidas sob seu domínio e manejo.

Por outro lado, esse reduzido aproveitamento das variedades locais poderá configurar-se um entrave. Um claro exemplo disso é a presença de dois tipos de grãos de feijão-fava cultivados no estado do Maranhão, branca e branquinha, as quais se diferenciam apenas pelo tamanho da semente. A redução no repertório de variedades crioulas na região se deve a dificuldade de aceitação comercial (SILVA et al., 2010). De acordo com Machado et al. (2008), a perda da agrobiodiversidade conduz ao desaparecimento de sistemas de cultivo e práticas socioculturais realizadas por agricultores e comunidades tradicionais.

Resguardar e incentivar a conservação do germoplasma crioulo de feijão-fava seja *in situ* (conservação *on farm*) e *ex situ* (bancos comunitários ou instituições públicas), são necessárias na promoção de reintrodução de variedades locais ou crioulas perdidas pelos agricultores ou guardiões da biodiversidade agrícola. Essas ações contribuem para ampliação da variabilidade genética, identificação de materiais promissores e adaptados, diversificação dos sistemas de cultivo e fortalecimento da agrobiodiversidade (BEVILAQUA et al., 2014).

2.4. Importância Socioeconômica

O feijão-fava possui considerável distribuição mundial sendo consumido na Europa, Ásia, América Latina e Estados Unidos (MORAES et al., 2017). De acordo com o relatório do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos- USDA e do Serviço Nacional de Estatísticas Agrícolas- NASS, em 2018 a área plantada de feijão-fava foi de 25.100 ha enquanto que a área colhida correspondeu a 23.750 ha. (USDA-NASS, 2020).

A comercialização da colheita dos grãos de feijão-fava é realizada de acordo com o grau de preenchimento, formação e desenvolvimento de vagens e grãos seguindo as seguintes categorias estabelecidas pelo USDA-NASS (2016): vagens preenchidas com grãos razoavelmente bem desenvolvidos, vagens razoavelmente preenchidas com pelo menos um terço de grãos desenvolvidos, vagens deformadas com grãos tortos, enrolados, mal formados e vagens supermaturas representadas por grãos verdes e frescos. Nos Estados Unidos, a indústria alimentícia explora os grãos de feijão-fava na forma de enlatados, processados, sendo comercializados tanto no varejo quanto para fins de exportação (LONG et al., 2014).

No Brasil, apesar de os grãos de feijão-fava não possuírem classificação comercial, observa-se expressiva participação da produção da fava no cenário nacional. Segundo dados do IBGE (2019), o feijão-fava é cultivado principalmente na região Sul, Sudeste e Nordeste. A área plantada de feijão-fava aumentou de 21.329 ha em 2015 para 36.252 ha em 2019. A produção de fava alcançou 11.449 t. em 2019, a maior nos últimos cinco anos, sendo a região Nordeste a maior produtora, respondendo por 99,4% do total produzido.

Os estados do Ceará, Paraíba e Rio Grande do Norte somam 8.798 t. de feijão-fava, sendo os maiores produtores no Nordeste brasileiro. O Ceará lidera no ranking concentrando cerca de 52,4% da produção, com destaque para a participação significativa da região Centro-Sul e Sul cearense, somando em torno de 60,5% da produção de grãos de feijão-fava (IBGE, 2019). Esses dados são reflexos da participação dos municípios Graça, Cariré, Campos Sales, Quixadá, Farias Brito e Crato etc. na produção de grãos, em sua maioria oriundos da agricultura familiar (BARRETO; MENEZES, 2014; IBGE, 2019).

Apesar do potencial do feijão-fava, os dados estatísticos sobre a produção dessa cultura são incertos, pois, segundo Almeida et al. (2016), os levantamentos estatísticos não especificam os tipos de feijões e estes, por sua vez, são contabilizados juntos com a produção geral de grãos diversos. Além disso, existem outros fatores que podem afetar a produção da cultura e que não são considerados nos levantamentos tais como o consórcio com outras culturas (milho, mamona, mandioca), cultivo em hortas e/ou quintais domésticos (VIEIRA, 1992b; AZEVEDO, 2003).

O cultivo consorciado de feijão-fava com outras culturas é prática comum em algumas regiões do Brasil, onde são cultivados por pequenos agricultores desprovidos de recursos e tecnologias de produção (BROUGHTON et al., 2003). Em geral, os pequenos agricultores destinam boa parte da produção para consumo próprio e ração animal (SILVA et al., 2010). A comercialização do excedente produzido entre o agricultor familiar e o consumidor final ocorre em feiras livres, municípios vizinhos ou mediada por atravessadores que repassam um valor bem abaixo do mercado para o pequeno produtor (BARBOSA; ARRIEL, 2018).

O consumo do feijão-fava ocorre em algumas ocasiões especiais ou como acompanhamentos no cardápio de bares e restaurantes (BARBOSA; ARRIEL, 2018). Além disso, a fava pode ser empregada como forrageira em virtude do bom crescimento vegetativo, representando uma opção de alimento para os animais, bovinos, ovinos e caprinos, durante o período de entressafra de culturas usualmente utilizadas na alimentação desses animais (WOLFF; MEDEIROS, 2016).

2.5. Caracterização Morfoagronômica

A caracterização é uma etapa fundamental no melhoramento genético e conservação, pois descreve os genótipos por meio de características de fácil mensuração, distinção e alta herdabilidade (SALIM et al., 2018) e com elevado valor taxonômico. Essa atividade fornece informações preliminares para melhor documentação e compreensão da diversidade do germoplasma vegetal. Além do mais, envolve desde dados moleculares, bioquímicos,

fisiológicos até morfológicos e agrônômicos, contribuindo para uma melhor recomendação e uso do germoplasma disponível (JARAMILLO; BAENA, 2000).

A caracterização e avaliação morfoagronômica são usadas de modo complementares e possuem baixo custo e considerável quantidade de marcadores morfológicos disponibilizados para diversas espécies, elaborados por especialistas e publicados em órgãos de abrangência internacional (JARAMILLO; BAENA, 2000). A espécie *P. lunatus* L. por exemplo, possui uma lista de descritores, disponibilizada pelo *Bioversity International*, abrangendo dados de passaporte, caracterização e avaliação e gestão em bancos de germoplasma. Essa lista é bastante versátil e permite a criação e incorporação de descritores adicionais, otimizando assim, a conservação, troca de informação e utilização do germoplasma de feijão-fava (IPGRI, 2001).

De acordo com Yan e Tinker (2006), a avaliação das características, principalmente as relacionadas a rendimento, é realizada em múltiplos ambientes com o intuito de comparar o desempenho dos genótipos fornecem informações que auxiliam o trabalho do melhorista. Posteriormente, os dados serão processados com auxílio de análises multivariadas, permitindo a identificação, seleção e recomendação de materiais de grande relevância para os programas de melhoramento.

2.6. Seleção via GT e GYT Biplot

Análise *genotype*trait* biplot- GT é uma excelente ferramenta gráfica que se fundamenta na seleção de genótipos de interesse com base em um conjunto de características (KENDAL, 2019). Além de avaliar os genótipos por meio de múltiplas características, o GT biplot pode ser usado para visualização da correlação entre as características, identificar aquelas que são chaves para a seleção indireta do caráter alvo e classificar os genótipos, fornecendo assim informações práticas para o melhorista (SHARIFI; EBADI, 2018).

A metodologia GT biplot vem sendo bastante empregada em culturas de cereais tais como arroz (SHARIF; EBADI, 2018), trigo (MALIK et al., 2014), aveia (YAN; REID, 2008) e milho (SHOJAEI et al., 2020). Nas leguminosas, o GT biplot também é aplicado em soja (YAN; RAJACAN, 2002) e feijão-caupi (EDEDEJI et al., 2020). Em feijão-comum, por exemplo, o GT biplot foi empregado para comparar genótipos, através de uma visualização gráfica, com as características associadas a produtividade, o que possibilitou a identificação e recomendação de genótipos candidatos a serem usados como parentais em programas de melhoramento (OLIVEIRA et al., 2018).

O índice *genotype*yield*trait* biplot- GYT, proposto por Yan e Reid (2018), representa uma vantagem em relação ao método GT biplot devido a possibilidade de classificar os genótipos de acordo com a combinação de rendimento com características agronômicas, tais como qualidade de grãos, nutricional e resistência a doenças, revelando assim, os pontos fortes e negativos dos genótipos (BOUREIMA; YAOU, 2019; KENDAL, 2019).

O GYT biplot é gerado conforme as seguintes etapas: primeiro, a tabela GT é convertida em tabela GYT, onde cada coluna representa uma combinação de rendimento com a característica. Dependendo do caractere avaliado, valores maiores podem ser considerados ideais para seleção enquanto que para outros caracteres valores altos podem ser indesejáveis. Desse modo, os dados são transformados de modo que valores elevados signifiquem mais desejáveis. O segundo passo consiste em padronizar a tabela GYT, realizado através da subtração do valor da média dividido pelo desvio padrão de acordo com as respectivas combinações de rendimento e característica. Na terceira etapa, são definidos pesos para características que possuem níveis distintos de importância. Características importantes podem receber peso de 1,0 a 2,0 e aquelas consideradas de menor importância pode ser definidas entre 0,0 e 1,0. Na última fase, a tabela GYT ponderada é visualizada em um biplot GYT (YAN et al., 2019).

2.7. Associação entre Características

Características de natureza complexas, como rendimento de grãos, são difíceis de serem obtidas via seleção direta. No melhoramento vegetal, as estimativas dos coeficientes de correlações fornecem dados acerca da magnitude e direção das associações lineares envolvidas entre duas variáveis (FERREIRA et al., 2003; SALLA et al., 2015), proporcionando ao melhorista maior conhecimento da complexidade da relação existente entre caracteres agronomicamente importantes.

A associação genética pode ser explicada pela ocorrência de fenômenos de pleiotropia ou ligação gênica os quais causam variação conjunta em dois caracteres. A relação pode ser benéfica se o melhoramento de uma característica contribuir para o melhoramento das demais correlacionadas. Caso isso não ocorra, a seleção é prejudicada devido a presença de características indesejadas (RAMALHO et al., 2012). As correlações fenotípicas, resultantes de causas genéticas e ambientais (FERREIRA et al., 2003), são diretamente acessadas pelo melhorista visto que a seleção é praticada com base no fenótipo da característica alvo, sendo corriqueira em atividades de melhoramento.

A compreensão das correlações, portanto, são úteis no processo de seleção de parentais divergentes e populações segregantes (LOPES et al., 2001). Ademais, esse procedimento pode ser otimizado via seleção indireta de outro caractere de baixa herdabilidade, fácil estimativa e altamente correlacionado com a característica principal que, em geral é o rendimento de grãos. Contudo, a seleção pode surtir efeito contrário do esperado caso seja realizado em uma característica que afeta em redução de outra (FERREIRA et al., 2003; BARILI et al., 2011).

Apesar da sua importância no melhoramento vegetal, as correlações não geram conclusões amplas sobre a interferência direta ou indireta de outras variáveis sobre a característica que se pretende melhorar. Para contornar essa limitação Sewall Wright desenvolveu, em 1921, uma metodologia chamada Análise de Trilha (*Path Coefficient Analysis*) que consiste em investigar em um conjunto de variáveis as relações de causa e efeito (WRIGHT, 1934) fornecendo informações sobre a influência de uma característica sobre a outra.

De acordo com Dewey e Lu (1959), os coeficientes da análise de trilha são obtidos através de equações de regressões com variáveis padronizadas. O objetivo dessa técnica, portanto, é avaliar a relação de causa e efeito por meio da dissociação dos coeficientes de correlações em efeitos diretos e indiretos entre as variáveis explicativas e a variável principal (GARKO et al., 2020).

Entretanto, na mensuração dos efeitos diretos e indiretos entre dois caracteres pode existir a influência da multicolinearidade. O grau de interrelação entre variáveis independentes decorrente de uma sobreposição das variáveis no modelo de regressão conduzindo a interpretações sem implicações significativas do ponto de vista biológico (COIMBRA et al., 2005). Em outras palavras, elevados valores de multicolinearidade poderá conduzir a estimativas de correlações errôneas culminando em baixa precisão nos resultados obtidos.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, P. R. V.; WANDER, A. E.; FIGUEIREDO, R. S. Panorama do mercado internacional de feijões: análise dos principais players mundiais com a competitividade do setor de exportação brasileira. **Revista Gestão Inovação e Negócios**. v.1, n.2, p.1-23, 2016.
- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, Sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, v.26, n.1, p.95-99, 2010.
- ANDUEZA-NOH, R. H.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J.; CHACÓN-SÁNCHEZ, M. I. Domestication of small-seeded lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) landraces in Mesoamerica: evidence from microsatellite markers. **Genetica**, v.143, n.6, p.657-669, 2015.
- ANTONELLI, A.; FRY, C.; SMITH, R. J.; SIMMONDS, M, S, J. KERSEY, P. J.; PRITCHARD, H. W. **State of the World's Plants and Fungi**. Reino Unido: Royal Botanic Gardens, Kem, 2020. 100p.
- AZEVEDO, J. N; FRANCO, L. J. D; ARAÚJO, R. O C. **Composição química de sete variedades de feijão-fava**. Teresina: Embrapa Meio Norte: Circular Técnico, 2003. 4p.
- BALLHORN, D. J.; KAUTZ, S.; HEIL, M.; HEGEMAN, A. D. Cyanogenesis of wild lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) is an efficient direct defence in nature. **PLoS One**, v.4, n.5, p.1-7, 2009.
- BALLHORN, D.J.; KAUTZ, S.; LAUMANN, J.M. Herbivore damage induces a transgenerational increase of cyanogenesis in wild lima bean (*Phaseolus lunatus*). **Chemoecology**. v.26, n.4, p1-5, 2016.
- BARBIERI, R. L.; STUMPF, E. R. T. **Origem e evolução de plantas cultivadas**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. 909p.
- BARBOSA, G. J.; ARRIEL, N. H. Feijão-fava e a agricultura familiar de serraria, PB. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**. v.35, n.3, p.387-403, 2018.
- BARRETO, F. A. F. D.; MENEZES, A. S. B. **Desenvolvimento econômico do Ceará: evidências recentes e reflexões**. Fortaleza: IPECE, 2014. 402p.
- BARROSO, P. A.; MEDEIROS, A. M.; SANTOS, N. P. S.; SILVA, D. C. Q.; SILVA, S. C. GOMES, R. L. F. Phenotypic dispersion of landrace lima bean varieties using multidimensional scaling. **Journal of Agricultural Science**, v.11, n.13, p. 178-185, 2019

- 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**. Roma: IPGRI, 2004. cap.2, p.3-8.
- BEVILAQUA, G. A. P.; ANTUNES, I. F.; BARBIERI, R. L.; SCHWENGBER, J. E.; SILVA, S. D. A.; LEITE, D. L.; CARDOSO, J. H. Agricultores guardiões de sementes e ampliação da agrobiodiversidade. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v.31, n.1, p.99-118, 2014.
- BEZERRA, B. R.; ARAÚJO, A. S. F.; SANTOS, J. A.; CARNEIRO, R. F. V. Fertilidade do solo e adubação. In: LOPES et al. (Orgs.). **A cultura do feijão-fava no meio-norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, 2010. cap.6, p.131-138.
- BI, I. Z.; MAQUET, A.; BAUDOIN, J. P. Mating system of wild *Phaseolus lunatus* L. and its relationship to population size. *Heredity*, v.94, n.2, p.153-158, 2005.
- BOUREIMA, S.; YAOU, A. *Genotype by yield*trait* combination biplot approach to evaluate sesame genotypes on multiple traits basis. **Turkish Journal of Field Crops**, v.24, n.2, p. 237-244, 2019.
- BRITO, M. V.; SILVA, V. B.; MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A. Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotype. **Revista Caatinga**, v.33, n.2, p.571-578, 2020.
- BROUGHTON, W. J.; HERNÁNDEZ, G.; BLAIR, M.; BEEBE, S.; GEPTS, P.; VANDERLEYDEN, J. Beans (*Phaseolus* spp.)- model food legumes. **Plant and soil**, v.252, n.1, p.55-128, 2003.
- CAMARENA, F. Magnitud e impacto potencial de la liberación de organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales. Caso: Leguminosas de grano. In: HIDALGO et al. (Orgs.). **Magnitud e impacto potencial de la liberación de organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales: Casos Algodón, Leguminosas de grano, Maíz y Papa**. Lima, Peru: Consejo Nacional del Ambiente, 2005. cap.2, p.19-40.
- CARBONELL, S. A. M. O uso do BAG-Feijão do Instituto Agrônômico (IAC) no melhoramento genético. **Revista RG News**, v.3, n.3, p.64-71, 2017.
- COIMBRA, J. L. M.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; OLIVEIRA, A. C.; CARVALHO, F. I. F.; GUIDOLIN, A. F.; SOARES, A. P. Multicollinearity consequence on path analysis in canola. **Ciência Rural**, v.35, n.2, p.347-352, 2005.
- DEWEY, D. R.; LU, K. H. A correlation and path coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. **Agronomy Journal**, v.51, n.9, p.515-518, 1959.

- EGESI, C. N.; ILONA, P.; OGBE, F. O.; AKORODA, M.; DIXON, A. **Agronomy Journal**, v.99, n.3, p. 1137-1142, 2007.
- FAO- Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Dietary protein quality evaluation in human nutrition**. Food Nutrition Paper, 2011. 66p.
- FAO- Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Second global plan of action for plant genetic resources for food and agriculture**. Roma, 2012. 96p.
- FAO- Food and Agriculture Organization of the United Nations. **The Second Report on the state of the world's plant genetic resources for food and agriculture**. Commission on genetic resources for food and agriculture, 2010. 399p.
- FERREIRA, M. A. J. F.; QUEIRÓZ, M. A.; BRAZ, L. T.; VENCOSKY, R. correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente entre dez caracteres de melancia e suas implicações para o melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, v.21, n.3, p.438-442, 2003.
- FRAZÃO, J. L. M.; SANTOS, D.; OLIVEIRA, F. P.; PEREIRA, W. E.; MORAIS, J. F. Morfologia e fenologia de dez variedades de fava nas fases vegetativa e de inflorescência. **Agropecuária Técnica**, v.32, n.1, p.18-24, 2010.
- GARKO, M. S.; DAWAKI, K. D.; YAMALE, M. A.; MOHAMMED, I. B.; YAROSON, A. Y. Correlations among grain yield, yield and weed attributes of maize (zea mays l.) As influenced by weed control method and poultry manure rate in kano state nigeria. **International Journal of Research-granthaalayah**, v. 8, n. 4, p. 275-284, 2020.
- GRIN. **Germoplasm Resources Information Network. National Germplasm Resources Laboratory in Beltsville, Maryland**. Disponível em: < <https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/search>>. Acesso em 7 fev. 2021.
- GUERRA, M. P.; ROCHA, F. S.; NODARI, R. Biodiversidade, recursos genéticos vegetais e segurança alimentar em um cenário de mudanças e ameaças. In. VEIGA, R. F. A; QUEIRÓZ, M. A (Eds). **Recursos genéticos: a base da agricultura sustentável no Brasil**. 1. ed. Brasília: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2015. Cap. 2, p.40-52.
- Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v.11, n.1, p.37-45, 2007.
- IBGE- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção agrícola 2019**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/Tabela/1612#resultado>>. Acesso em 19 jan. 2021.
- IPGRI. **Descritores para *Phaseolus lunatus*(feijão-espadinho)**. International Plant Genetic Resources Institute, Roma. 2001.51p.

- JARAMILLO, S.; BAENA, M. **Material de apoyo a la capacitación em conservación ex situ de recursos fitogenéticos**. Colombia: Instituto Internacional para os Recursos Fitogenéticos, 2000. 207p.
- KARASAWA, M. M. G. O uso de recursos genéticos na produção de cultivares melhoradas com vistas a atender os desafios impostos pela mudança climática. **Revista RG News**, v.2, n.1, p. 95-97, 2016.
- KAUFMANN, M. P.; REINIGER, L. R. S.; WIZNIEWSKY, J. G. A conservação integrada da agrobiodiversidade crioula. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v.13, n.2, p.36-43, 2018.
- KENDAL, E. Comparing durum wheat cultivars by genotype× yield× trait and genotype× trait biplot method. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v.79, n.4, p.512-522, 2019.
- KUIPER, M; SHUTES, L; VERMA, m; TABEAU; MEIJL, H. V. **Exploring the impact of alternative population projections on prices, growth and poverty developments**. Food and Agriculture Organization of the United Nations, 2018. 61p.
- LAMEIRA, O. A.; OLIVEIRA, E.C. P. O uso dos recursos filogenéticos na alimentação e saúde. In: VEIGA, R. F. A.; QUEIRÓZ, M. A (Eds). **Recursos filogenéticos: a base da agricultura sustentável no Brasil**. 1.ed. Brasília: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2015. cap. 42, p. 484-491.
- LONG, R.; TEMPLE, S.; MEYER, R.; SCHWANKL, L.; GODFREY, L.; CANEVARI, M.; ROBERTS, P. **Lima Bean Production in California**. University of California, ANR, 2014. 25p.
- LOPES, A. C. A.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA, R. B. Q.; CAMPOS, F. L.; ROCHA, M. M. Variabilidade e correlações entre caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.3, p.515-520, 2001.
- MACHADO, A. T.; SANTILLI, J.; MAGALHÃES, R. **Agrobiodiversidade com enfoque agroecológico: implicações conceituais e jurídicas**. Brasília-DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2008. 98p.
- 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, 2014.
- MORAES, C. S.; DIAS, T. A. B.; COSTA, S. P. P.; VIEIRA, R. C.; NORONHA, S. E.; BURLE, M. L. **Catálogo de fava (*Phaseolus lunatus* L.) Conservada na Embrapa**. Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2017, p.47.

- NASCIMENTO, M. G. R.; ALVES, E. U.; SILVA, M. L. M.; RODRIGUES, C. M. Sementes de *Phaseolus lunatus* L. submetidas a concentrações salinas e diferentes temperaturas. **Revista Caatinga**, v.30, n.3, p.738-747, 2017.
- NASS, L. L.; SIGRIST, M. S.; RIBEIRO, C. S. C.; REIFSCHNEIDER, F. J. B. Genetic resources: the basis for sustainable and competitive plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.12, n.1, p.75-86, 2012.
- NERE, D. R.; BLEICHER, E.; BERTINI, C. H. C M. Biometria de plantas e sementes de fava: contribuições para divergência genética. **Research, Society and Development**, v.10, n.2, p.1-28, 2021.
- O'DONNELL, K.; SHARROCK, S. The contribution of botanic gardens to ex situ conservation through seed banking. **Plant Diversity**, v. 39, n. 6, p. 373-378, 2017.
- OLIVEIRA, E. G. Sistemas de cultivo e avaliação de variedades crioulas de feijão-fava na mesorregião sul cearense. 2019. 117p. Dissertação (Mestrado)- Universidade Federal do Piauí, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Teresina, 2019.
- OLIVEIRA, M. C. P.; MEIRELLES, A. C. S.; LOPES, A.C. A.; GOMES, R. L. F. Fenologia e desenvolvimento vegetativo. In: LOPES et al. (Orgs.). **A cultura do feijão-fava no meio-norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, 2010. cap.4, p.105-115.
- ORAKA, C. O.; OKOEY, J. I. Effect of heat processing treatments on the chemical composition and functional properties of lima bean (*Phaseolus lunatus*) flour. **American Journal of Food Sciences and Nutrition**, v.1, n.1, p.14-24, 2017.
- 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, 2017.
- RAMALHO, M. A.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B.; SOUZA, E. P.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. Genética na agropecuária. 5.ed. Lavra: UFPA, 2012. 566p.
- RENDÓN-ANAYA, M.; MONTEIRO-VARGAS, J. M.; SABURIDO-ÁLVAREZ, S.; VLASOVA, A.; CAPELLA- GUTIERREZ, S.; ORDAZ-ORTIZ, J. J.; AGUILAR, O. M.; VIANELLO-BRONDANI, R. P.; SANTALLA, M.; DELAYE, E.; GABALDÓN, T.; GEPTS, P.; WINKLER, R.; GUIGÓ, R.; DELGADO-SALINAS, A.; HERRERA-ESTRELLA, A. Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest si/ster species. **Genome Biology**, v.18, n.1, p.1-17, 2017.

- SALIM, M, M, R.; RASHID, M. H.; HOSSAIN, M. M.; ZAKARIA, M. Morphological characterization of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes. **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**. v.19, n.3, p.233-240, 2018.
- SALLA, V. P.; DANNER, M. A.; CITADIN, I.; SASSO, S. A. Z.; DONAZOLLO, J.; GIL, B. V. Análise de trilha em caracteres de frutos de jabuticabeira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.50, n.3, p.218-223, 2015.
- 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.1407-1402, 2002.
- SANTOS, J. A.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A.; BASTOS, E, M.; SILVA, S. C. C. C.; COSTA, E. M. R. Caracterização morfológica e bioquímica de sementes. In: LOPES et al. (Orgs.). **A cultura do feijão-fava no meio-norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, 2010. cap.11, p.207-236.
- 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, 2010.
- SHARIFI, P.; EBADI, A. A. Relationships of rice yield and quality based on genotype by trait (GT) biplot. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 90, p. 343-356, 2018.
- SHOJAEI, S. H.; MOSTAFAVI, K.; KHOSROSHAHLI, M.; BIHAMTA, M. R.; RAMSHINI, H. Assessment of genotype- trait interaction in maize (*Zea mays* L.) hybrids using GGT biplot analysis. **Food Science & Nutrition**, v. 8, n. 10, p. 5340-5351, 2020.
- SILVA, R, N. P.; ALVES, A. A.; CAMPELO, J. E. G.; COSTA, M. S.; MOREIRA, A. L.; GARCEZ, B. S.; PARENTE, H. N.; AZEVÊDO, D. M. M. R. Divergência nutricional de cascas de vagens de genótipos de feijão-fava para alimentação de ruminantes. **Revista Brasileira de Saúde e Produção Animal**, v.16, n.3, p.571-581, 2015.
- SILVA, V. B.; GOMES, R. F. L.; LOPES, A. 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, 2015.
- SMÝKAL, P.; COYNE, M. J.; AMBROSE, M. J.; MAXTED, N.; SCHAEFER, H.; BLAIR, M. W.; BERGE, J.; GREENE, S. L.; NELSON, M. N.; BESHARAT, N.; VYMYSLICKY, T.; TOKER, C.; SAXENA, R. K.; ROORKIMAL, M.; PANDELY, M. K.; HU, J.; LI, Y. H.; WANG, L. X.; GUO, Y.; QUI, L. J.; REDDEN, R. J.; VARSHNEY, R. K. Legume crops

phylogeny and genetic diversity for science and breeding. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v.34, n.1-3, p.43-104, 2015.

SOARES, C. A.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; GÂNDARA, F. C. Aspectos socioeconômicos. *In*: LOPES et al. (Orgs.). **A cultura do feijão-fava no meio-norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, 2010. cap.12, p.239-266.

SOFI, P. A.; ZARGAR, S. M.; MIR, R. A.; SALGOTRA, R. K. Role of Gene Banks in Maintaining Crop Genetic Resources. *In*: **Rediscovery of Genetic and Genomic Resources for Future Food Security**. Singapore: Springer, 2020. cap. 6, p.211-224.

USDA-NASS (United States Department of Agriculture- National Agricultural Statistics Service Information). **Vegetables 2015 Summary, 2016**. Disponível em :< <https://downloads.usda.library.cornell.edu/usda/esmis/files/02870v86p/n009w4740/9c67wq616/VegeSumm-02-04-2016.pdf>>. Acesso em: 14. Jan. 2021.

USDA-NASS (United States Department of Agriculture- National Agricultural Statistics Service Information). **Vegetables 2019 Summary (February 2020)**. 2020. Disponível em: < https://www.nass.usda.gov/Publications/Todays_Reports/reports/vegean20.pdf>. Acesso em: 14. Jan. 2021.

VIEIRA, C. Leguminosas de grãos: importância na agricultura e na alimentação humana. **Informe Agropecuário**, v.16, n.174, p.5-11, 1992b.

VIEIRA, R. F. Cultura do feijão-fava. **Informe Agropecuário**, v.16, n.174, p.30-36, 1992a.

WOLFF, L. F; MEDEIROS, C. A. B. **Alternativas para a diversificação da agricultura familiar de base ecológica**. Pelotas: Embrapa Clima Temperado, 2016. 72p.

YAN, W.; RAJACAN, I. Biplot Analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Breeding, Genetics & Cytology**, v.42, n.1, p.11-20, 2002.

YAN, W.; REID, J. F. *Genotype by yield*trait* (GYT) biplot: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. **Scientific Reports**, v.8, n.8242, p.1-10, 2018.

YAN, W.; REID, J. F.; MOUNTAIN, N.; KOBLER, J. Genotype and management evaluation based on genotype by yield* trait (GYT) analysis. **Crop Breeding, Genetics and Genomics**, v.1, n.2, 2019.

YAN, W.; TINKER, N. A. Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications. **Canadian Journal of Plant Science**, v.86, n.3, p.623-645, 2006.

YAN. W.; REID, J. F. Breeding line selection based on multiple traits. **Crop Science**, v.8, n.2, p.417-423, 2008.

WRIGHT, S. The method of path coefficients. **The annals of mathematical statistics**, v.5, n.3, p.161-215, 1934.

CAPÍTULO I- SELEÇÃO DE VARIEDADES DE FEIJÃO-FAVA PARA MÚLTIPLOS CARACTERES VIA ANÁLISE GT E GYT BIPLLOT

RESUMO

Os programas de melhoramento visam reunir esforços para o desenvolvimento de cultivares cada vez mais adaptadas e produtivas. Na cultura do feijão-fava, os estudos sobre produtividade e características associadas devem ser explorados para atender as necessidades dos produtores e consumidores. Esse trabalho objetivou avaliar o desempenho agrônomo de variedades de feijão-fava utilizando-se da metodologia do *genotype*trait* biplot (GT) e *genotype by yield*trait* biplot (GYT) além de identificar as características mais representativas e discriminantes. Foram avaliados 12 genótipos de variedades crioulas de feijão-fava em dois municípios cearenses, Crato e Farias Brito. Os ensaios experimentais foram conduzidos em delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. A mensuração dos caracteres morfoagronômicos considerou os descritores recomendados pelo *Bioversity International*. Os gráficos da análise GT e GYT biplot foram gerados com base na estimativa dos componentes principais. Verificou-se que característica rendimento de grãos está correlacionada positivamente com caracteres de vagens, aspecto importante para ganhos de produção. As características mais discriminantes foi número de dias para floração, número de vagens, produtividade de vagens, produtividade de grãos, largura de vagem, peso de 100 grãos e comprimento da vagem da qual número de dias para floração produtividade de vagens e produtividade de grãos foram consideradas as mais representativas. O GT biplot indicou o UFPI1242 como genótipo ideal pelo bom desempenho para a maioria das características de rendimento. Através da abordagem GYT biplot observou-se que os genótipos UFPI1242, UFPI1259, e UFPI1285 possuem bom desempenho na combinação entre rendimento de grãos com outros componentes sendo indicados para uso em programas de melhoramento de feijão-fava.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L. Rendimento de grãos. Melhoramento genético.

ABSTRACT

The breeding programs aim to join efforts for the development of cultivars that are increasingly adapted and productive. In the lima bean crop, productivity studies and associated characteristics must be explored to meet the needs of producers and consumers. This work aimed to evaluate the agronomic performance of broad bean varieties using the methodology *genotype * characteristic* biplot (GT) and *genotype by yield * characteristic* biplot (GYT), in addition to identifying the most representative and discriminating

characteristics. Twelve bean variety genotypes were evaluated in two municipalities of Ceará, Crato and Farias Brito. The experimental tests were carried out in a randomized block design with four replications. The measurement of morphoagronomic characters considered the descriptors recommended by Bioversity International. The biplot GT and GYT analysis graphs were generated based on the estimation of the principal components. It was found that the grain yield trait is positively correlated with pod characters, an important aspect for yield gains. The most discriminating characteristics were number of days to flowering, number of pods, pod yield, grain yield, pod width, weight of 100 grains and pod length, of which the number of days to flowering and grain yield were considered the most representative. The GT biplot indicated UFPI1242 as the ideal genotype due to its good performance for most production traits. Through the GYT biplot approach, it was observed that the genotypes UFPI1242, UFPI1259 and UFPI1285 present good performance in the combination of grain yield with other components, being indicated for use in lima bean breeding programs.

Keywords: *Phaseolus lunatus* L. Grain yield. Genetical enhancement.

INTRODUÇÃO

No Brasil, o feijão-fava é encontrado em todas as regiões com predomínio da região nordeste devido a adaptabilidade ao clima semiárido (MORAES et al., 2017). Nos últimos anos, a produção de feijão-fava no nordeste brasileiro vem apresentando expressivo crescimento. Segundo dados do IBGE (2019) entre os anos de 2010 a 2019, a produção avançou de 6.667 t para 11.381 t, representando um crescimento de produção de 70,7%.

Apesar da promissora produtividade, o rendimento dessa cultura está sujeito a oscilações, seja por fatores bióticos e abióticos, por perdas no armazenamento de grãos ou mistura mecânica de sementes cultivadas por sucessivos ciclos de seleção realizado pelo agricultor na propriedade. Logo, estudos sobre produtividade e características associadas, principalmente relacionadas a grãos e vagens, na cultura do feijão-fava merecem ser melhor exploradas para atendimento às necessidades dos produtores e, conseqüentemente movimentar o mercado consumidor dessa leguminosa.

Assim, um dos grandes desafios para o melhoramento de plantas é combinar satisfatoriamente, múltiplas características desejáveis em um único genótipo (YAN et al., 2016). Os índices de seleção, por exemplo, são comumente utilizados com o objetivo de classificar os genótipos para um conjunto de características com base em um índice.

Entretanto, tal estratégia possui como desvantagem a subjetividade do pesquisador o que conduz a distintas decisões de seleção (YAN; REID, 2018).

Para contornar esse problema, as análises gráficas *genotype*trait* biplot (GT biplot) e *genotype by yield*trait* biplot (GYT biplot) permitem a combinação de múltiplos caracteres de interesse com rendimentos de grãos de forma objetiva visando avaliar a resposta dos genótipos para cada uma delas possibilitando a classificação e seleção daqueles que reúnam atributos favoráveis. Essa metodologia proporciona também a visualização das interrelações existentes entre um conjunto de características além de permitir a identificação daquelas mais representativas e discriminantes para seleção de genótipos (YAN; REID, 2018).

De acordo com as informações geradas no GT biplot, o cosseno do ângulo das linhas retas de cada variável representa o nível de associação entre elas. Ângulo agudo ($<90^\circ$) indica correlação positiva enquanto que o ângulo obtuso ($>90^\circ$) as características estão correlacionadas negativamente. Ângulo reto ($=90^\circ$) significa ausência de correlação (KENDAL, 2019). A interpretação da representatividade e discriminação entre as características também é realizada considerando a disposição dos ângulos e do tamanho dos vetores.

A abordagem GT e GYT biplot, portanto é uma ferramenta auxiliar, rápida e prática na identificação de características importantes e na seleção indireta. Desse modo, esse trabalho objetivou avaliar o desempenho agrônômico de variedades de feijão-fava visando selecionar, por meio da metodologia do GT e GYT biplot, genótipo mais responsivos com relação ao rendimento de grãos além de identificar as características mais representativas e discriminantes.

MATERIAL E MÉTODOS

Material Vegetal

Foram avaliados 12 genótipos de variedades crioulas de feijão-fava (Tabela 1), cultivadas por pequenos agricultores há 10 ou mais anos. Esse material foi coletado entre os anos de 2017 e 2018 em propriedades rurais de sete municípios localizados na mesorregião Sul Cearense. As amostras de sementes dos genótipos foram incorporadas ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-Fava da Universidade Federal do Piauí- BAG/UFPI, recebendo uma nomenclatura de entrada.

Tabela 1- Relação das variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus L.*) oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-Fava da Universidade Federal do Piauí- BAG/UFPI, com respectivas denominações, nomes populares e municípios. Teresina-PI, 2021.

Genótipo BAG	Nome Popular	Município
UFPI1253	Amarela/ Mulatinha/ Belinha	Potengi
UFPI1237	Amarela/ Mulatinha/ Belinha	Farias Brito
UFPI1298	Branca	Assaré
UFPI1296	Branca	Farias Brito
UFPI1240	Branca Coquinho	Crato
UFPI1262	Branca Coquinho	Farias Brito
UFPI1259	Branca Graúda	Potengi
UFPI1242	Branca Graúda	Crato
UFPI1285	Lavadeira/ Preta Rajada	Nova Olinda
UFPI1265	Lavadeira/ Preta Rajada	Araripe
UFPI1290	Raio de Sol/ Rainha	Caririaçu
UFPI1241	Raio de Sol/ Rainha	Farias Brito

Condução Experimental

Os experimentos foram conduzidos durante o ano de 2018 em dois municípios cearenses, Crato e Farias Brito. No Crato, foi utilizada área experimental, localizada no Instituto Federal de Ciência e Tecnologia do Ceará, *Campus Crato* (IFCE), com as coordenadas latitude 7°12'4386" Sul, longitude 39°26'3388" Oeste e 442 metros de altitude. O clima é tropical quente semiárido brando e tropical quente sub-úmido, com solos aluviais, litólicos, latossolo vermelho-amarelo, podzólico vermelho-amarelo, terra roxa estruturada similar (IPECE, 2016).

No município de Farias Brito, a montagem do experimento ocorreu na propriedade Boa Vista, situada no Distrito Quincuncá, na latitude 6°51'1791" Sul, longitude 39°36'2956" Oeste e 591 metros de altitude. O clima da região é caracterizado como tropical quente semiárido e solos do tipo litólicos, podzólico vermelho-amarelo e terra roxa estruturada similar (IPECE, 2017).

Os ensaios experimentais foram conduzidos em delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. A parcela experimental constitui-se de quatro fileiras de 5,4 m cada uma com nove plantas. O espaçamento utilizado entre fileiras foi de 1 m e 0,6 cm entre

plantas. Considerou-se como parcela útil as duas fileiras centrais. No plantio foram utilizadas quatro sementes por cova, realizando-se posteriormente o desbaste deixando apenas uma planta por cova. Empregou-se o milho como tutor da cultura do feijão-fava. Realizou-se análise química do solo e a adubação em ambos os experimentos foi realizada, com aplicação de 20 Kg de N, 60 kg P₂O₅ e 30 kg de K₂O por hectare de acordo com as recomendações propostas por Bezerra et al. (2010). Ambos os experimentos foram submetidos às mesmas recomendações de cultivo e práticas culturais.

Caracteres Morfoagronômicos Avaliados

A mensuração dos caracteres morfoagronômicos considerou os descritores recomendados pelo IPGRI (2001) (*International Plant Genetic Resources Institute*) para a espécie *P. lunatus*, conforme listados a seguir: Comprimento da vagem- CV: média, em milímetros, de 20 vagens maduras, tomadas ao acaso; Espessura da vagem- EV: média, em milímetros, da espessura de 20 vagens maduras, tomadas ao acaso; Largura da vagem- LV: média, em milímetros usando paquímetro digital, da largura de 20 vagens maduras, tomadas ao acaso; Número de dias desde a emergência até a floração- NDF: número de dias desde a emergência até ao estágio em que 50% das plantas estão em floração; Número de dias até a maturação- NDM: número de dias desde a emergência até que 50% das plantas tenham vagens maduras; Número de lóculos por vagem- NLV: número de funículos tomados em 20 vagens ao acaso; Número de sementes por vagem- NSV: número médio de sementes por vagem em 20 vagens maduras, ao acaso; Número de vagens- NV: número de vagens coletadas da parcela útil; Peso de 100 grãos- P100G: peso de 100 sementes, em gramas, tomadas ao acaso; Produtividade de grãos- PG: total, em quilogramas por hectare, de grãos coletados da parcela útil; Produtividade de vagens- PV: total, em quilogramas por hectare, de vagens coletadas da parcela útil.

Análises Estatísticas

Os dados foram submetidos a análise de variância individual em cada experimento, posteriormente, seguiu-se com análise conjunta dos dois ambientes. A abordagem multivariada GT e GYT biplot foi realizada conforme descrito por Yan e Reid (2018). A padronização das médias dos genótipos para as análises GT e GYT biplot foram realizadas da seguinte maneira:

$$P_{ij} = \frac{T_{ij} - \bar{T}}{S_j}$$

Em que:

P_{ij} = valor padronizado do genótipo i para característica ou combinação produtividade-característica j na tabela padronizada.

T_{ij} = valor original do genótipo i para característica ou combinação produtividade-característica j na tabela GT ou GYT.

\bar{T} = é a média entre os genótipos para a característica ou combinação produtividade-característica j .

S_j = é o desvio padrão para a característica ou combinação produtividade-característica j .

A construção dos biplot considerou os dois primeiros componentes principais (PCA) os quais foram obtidos conforme a seguinte equação:

$$P_{ij} = (d\lambda_1^\alpha \xi_{i1}) \left(\frac{(\lambda_1^{1-\alpha} \tau_{1j})}{d} \right) + (d\lambda_2^\alpha \xi_{i2}) \left(\frac{(\lambda_2^{1-\alpha} \tau_{2j})}{d} \right) + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

λ_1 e λ_2 = são os valores singulares para o primeiro e segundo componentes principais, respectivamente.

α = é o fator singular de particionamento de valor.

d = é o valor escalar dos vetores.

ξ_{i1} e ξ_{i2} = são os autovalores para o primeiro e segundo componentes principais, respectivamente, para o genótipo i .

τ_{1j} e τ_{2j} = são os autovalores para o primeiro e segundo componentes principais, respectivamente, para o genótipo j .

ε_{ij} = são o resíduo do primeiro e segundo componentes principais para o genótipo i na característica j .

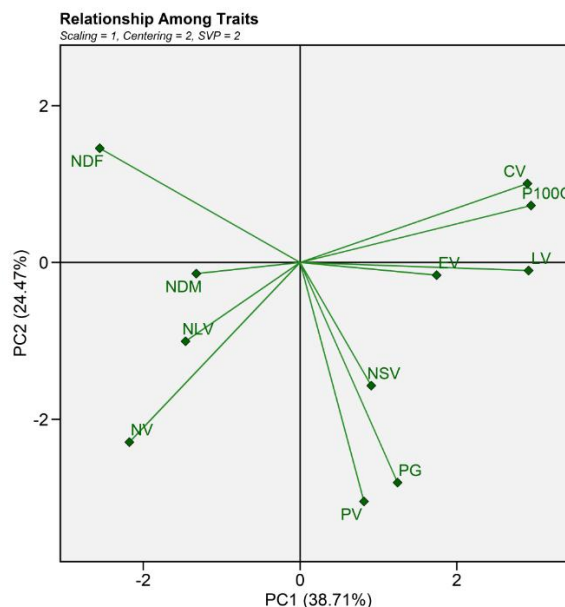
Os gráficos GT e GYT biplot foram gerados utilizando-se o pacote metan (OLIVOTO; DAL'COL LÚCIO, 2020) no programa estatístico R Core Team (2020).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os gráficos GT biplot da performance dos genótipos de feijão-fava em relação as 11 características avaliadas evidenciam que os dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2) explicaram 63,18% da variação total. Yang et al. (2009) recomendam que os dois componentes principais sejam responsáveis por captar pelo menos 60% da variabilidade total dos dados. Outro aspecto que deve ser destacado é que esse percentual obtido nos dois primeiros PCAs pode indicar uma maior complexidade existente nas relações entre as características avaliadas (YAN; RAJCAN, 2002).

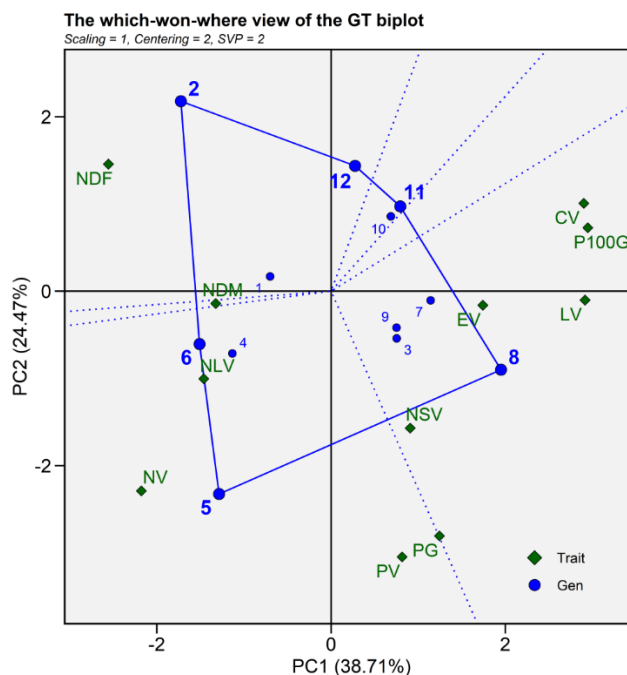
A característica PG está correlacionada positivamente com todos os caracteres de vagens, o que significa que a seleção de genótipos com altos valores para NLV, NV, PV, NSV, EV, LV e CV incide no aumento do rendimento de grãos (Figura 1). Oliveira et al. (2018) ao selecionarem genótipos de feijão-vagem (*P. vulgaris*) por meio da metodologia GT biplot, constaram também associações entre características de rendimento e vagens as quais são de grande aplicabilidade no melhoramento genético de plantas visando ganhos na produção. Observou-se que NDF e NDM possuem correlação negativa com todas as características estudadas. Considerando essa situação, a seleção de genótipos precoces para o ciclo poderá resultar em aumento de componentes de produção.

Figura 1- Gráfico *genotype-by-trait* biplot exibindo a associação entre as 11 características morfoagronômicas avaliadas em 12 genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PG-Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. Teresina- PI, 2021.



Na representação gráfica “*Which-Won-Where*” (Figura 2) verifica-se que os genótipos mais distantes da origem do biplot são interligados por linhas retas formando um vértice de um polígono de tal modo que todos os demais genótipos estejam incluídos dentro do polígono (YAN; HUNT, 2020). O conjunto de linhas pontilhadas que partem do centro do biplot divide o gráfico em setores sendo o vértice de cada um dos setores, representado por um genótipo com melhor resposta para as características agrupadas no setor correspondente.

Figura 2- Gráfico *Which-Won-Where* biplot exibindo o desempenho de 12 genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) para as 11 características morfoagronômicas analisadas. CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PG-Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. 1 (UFPI253); 2 (UFPI1237); 3 (UFPI1298); 4 (UFPI1296); 5 (UFPI1240); 6 (UFPI1262); 7 (UFPI1259); 8 (UFPI1242); 9 (UFPI1285); 10 (UFPI1265); 11 (UFPI1290); 12 (UFPI1241). Teresina- PI, 2021.



Verificou-se a formação de seis setores, contudo, somente três deles tiveram características agrupadas. UFPI1237 obteve maiores valores para NDF no seu respectivo setor. Os genótipos UFPI1240 e UFPI1262 também ficaram reunidos em um único setor, sendo o UFPI1240 para NV e PV e o UFPI1262 com boa resposta para NDM e NLV. O genótipo UFPI1242 superou os demais genótipos para a maioria das características, a saber: EV, CV, P100G, LV, NSV e PG. Os caracteres de vagens é um indicativo da capacidade de rendimento de grãos em campo sendo possível identificar genótipos favoráveis para essa finalidade (ARAÚJO et al., 2021). Considerando o bom desempenho na maioria das características relacionadas a produção, o UFPI1242 pode ser selecionado e incorporado em programas de melhoramento.

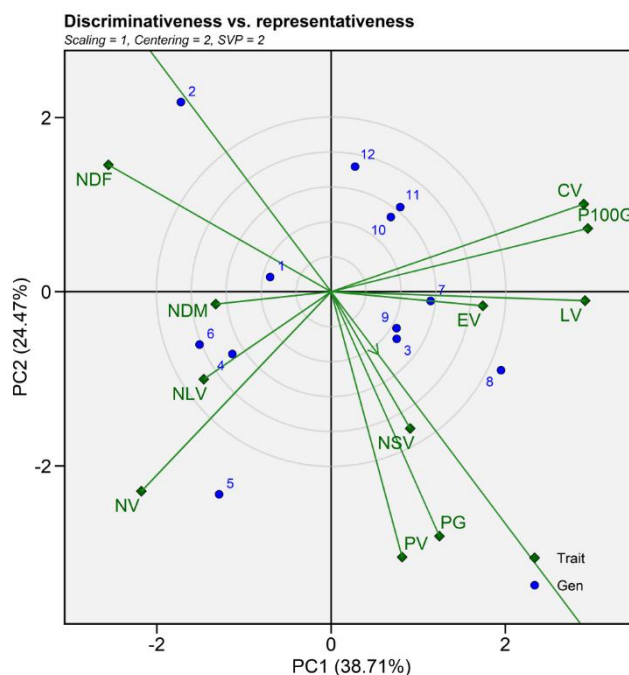
Observa-se ainda que UFPI1290 e UFPI1241 não estão associados a nenhuma característica, isso significa que o desempenho desses genótipos não foi satisfatório para os caracteres estudados e, portanto, não podem ser incluídos na seleção. Além disso, todos os demais genótipos situados dentro do polígono possuem menor resposta para todas ou algumas características estudadas, ou seja, não são recomendados para seleção como parentais em programas de melhoramento (OLIVEIRA et al., 2018; ARAÚJO et al., 2021).

O gráfico da capacidade de discriminação e representatividade indica que características com vetores maiores são mais discriminantes em relação aos genótipos em comparação com aquelas com vetores menores. Caracteres pouco discriminantes implica em desempenho semelhante entre os genótipos e, portanto, não devem ser consideradas. Além

disso, vetores de características disposto em ângulos menores, em relação ao eixo do gráfico, são mais representativos.

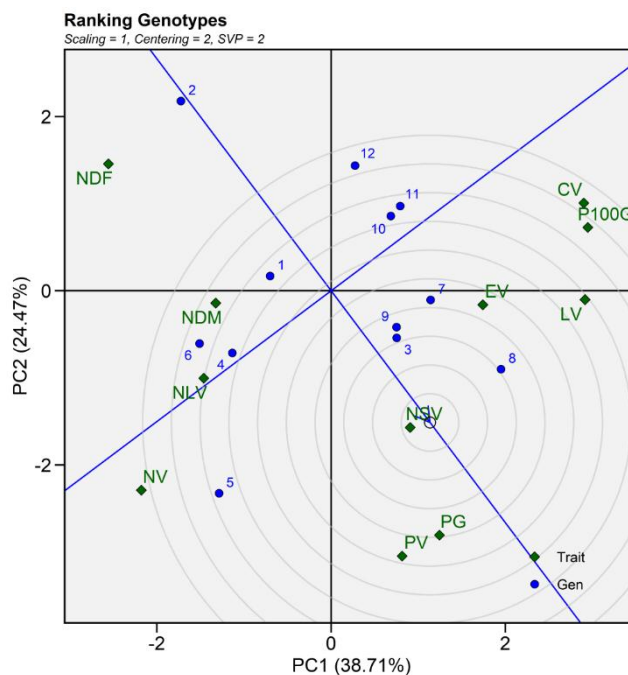
De acordo com Araújo et al. (2021), caracteres não representativos fornecem informações tendenciosas e dificulta a seleção de genótipos superiores para um conjunto de caracteres alvos. Por esse motivo, é fundamental compreender quais características são mais discriminantes e representativas para o material avaliado. Dessa forma NDF, NV, PV, PG, LV, P100G e CV foram consideradas as características mais discriminantes, o que denota a ampla variabilidade genética entre essas variáveis. Ao considerar a disposição dos ângulos, verificou-se que NDF, PV e PG como mais representativas entre os genótipos de feijão-fava estudados (Figura 3).

Figura 3- Gráfico discriminante e representatividade das 11 características morfoagronômicas avaliadas em 12 genótipos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PG-Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. 1 (UFPI253); 2 (UFPI1237); 3 (UFPI1298); 4 (UFPI1296); 5 (UFPI1240); 6 (UFPI1262); 7 (UFPI1259); 8 (UFPI1242); 9 (UFPI1285); 10 (UFPI1265); 11 (UFPI1290); 12 (UFPI1241). Teresina- PI, 2021.



O genótipo ideal, com base no conjunto de características avaliadas, é identificado de acordo com a sua localização no centro dos círculos concêntricos (Figura 4). Aqueles genótipos próximos do genótipo ideal também são mais favoráveis para seleção (OLIVEIRA et al., 2018). O genótipo UFPI1242 é considerado ideal, seguido pelo UFPI1298, UFPI1285 e UFPI1259. Vale ressaltar que esses genótipos ficaram localizados no mesmo setor no gráfico *Which-Woh-Where* (Figura 2) e que esse setor reuniu características agrônômicas relacionadas à produtividade.

Figura 4- Gráfico *ranking genotypes biplot* exibindo o genótipo ideal considerando as 11 características morfoagronômicas analisadas. CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PG-Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. 1 (UFPI1253); 2 (UFPI1237); 3 (UFPI1298); 4 (UFPI1296); 5 (UFPI1240); 6 (UFPI1262); 7 (UFPI1259); 8 (UFPI1242); 9 (UFPI1285); 10 (UFPI1265); 11 (UFPI1290); 12 (UFPI1241). Teresina- PI, 2021.



O aumento no rendimento de grãos a partir da seleção de genótipos superiores é o objetivo principal em estudos agrônômicos. Em relação as variedades crioulas utilizadas nesse estudo, verificou-se que o UFPI1242, conhecido como variedade branca graúda, obteve destaque com produtividade média acima de 900 kg ha^{-1} , superando a contribuição das regiões Nordeste e Sudeste com rendimento médio total de 885 kg ha^{-1} (IBGE, 2019). Em geral, os demais genótipos exibiram valores entre $619,79$ a $863,24 \text{ kg ha}^{-1}$, com exceção do UFPI1237 cujo rendimento de grãos foi baixo ($505,47 \text{ kg ha}^{-1}$). Esses dados apontam para a presença de variedades com potencial aplicabilidade em programas de melhoramento genético de feijão-fava (Tabela 2).

Tabela 2- Teste de média de Duncan para a característica produtividade de grãos (PG) em 12 variedades crioulas de feijão-fava avaliadas conjuntamente nos municípios de Crato e Farias Brito, CE. Teresina-PI, 2021.

Genótipo	Média
UFPI253	661,80bc
UFPI1237	505,47c
UFPI1298	749,93ac
UFPI1296	811,38ab
UFPI1240	863,24ab
UFPI1262	745,60ac
UFPI1259	784,26ab
UFPI1242	933,49 a
UFPI1285	779,53ab
UFPI1265	619,79bc
UFPI1290	747,43ac
UFPI1241	647,14bc

Médias seguidas da mesma letra não diferem estatisticamente ao nível 5% de probabilidade

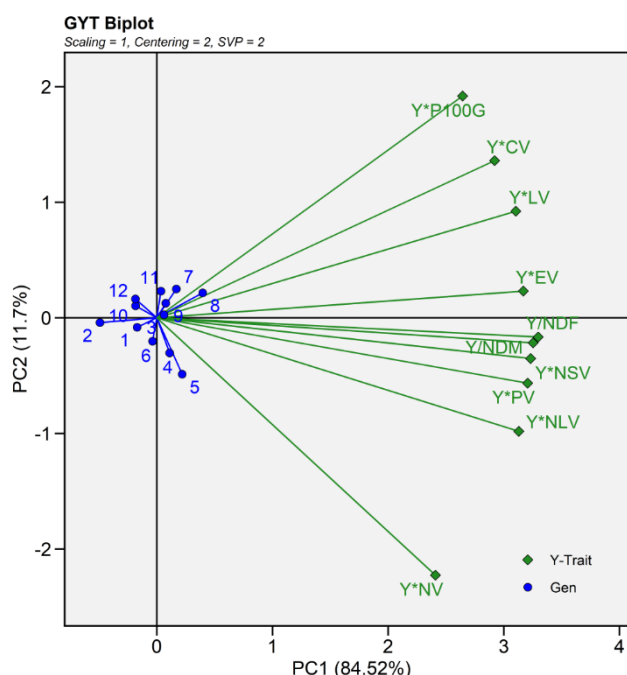
Embora os gráficos GT biplot indiquem aspectos relevantes dos genótipos, a inclusão da análise GYT biplot, oferece informações mais eficientes uma vez que a avaliação dos genótipos é feita com base no desempenho da combinação de suas diversas características com rendimento de grãos permitindo identificar os aspectos mais relevantes de cada genótipo (YAN et al., 2019).

Considerando o gráfico GYT Biplot (Figura 5), os dois primeiros componentes principais responderam por 96.8% da variação total o que significa que o biplot obtido dos PCA's fornecem uma interpretação clara e eficiente das informações dos genótipos e características. Os vetores curtos fornecem baixa informação sobre os genótipos ao passo que vetores longos e com ângulos pequenos em relação ao eixo principal são ideias para seleção de genótipos superiores. Para situações em que os genótipos possuem vetores longos e com ângulos maiores não são recomendados para seleção.

Em geral, a combinação das características com o rendimento mostra que os ângulos agudos do biplot geralmente são correlacionados positivamente, proporcionando uma classificação gráfica dos genótipos (YAN; REID, 2018). O UFPI1259, UFPI1242 e UFPI1285 são correlacionados com as combinações Y*P100G, Y*CV e Y*LV contribuindo para o

aumento no rendimento de grãos e vagens. Podemos inferir que essas combinações devem ser consideradas na seleção de genótipos com alta performance de produtividade. Assim, os genótipos UFPI1259, UFPI1242 e UFPI1285 são promissores para serem indicados como progenitores em programas de melhoramento de feijão-fava.

Figura 5- Gráfico *genotype by yield*trait* biplot exibindo a combinação entre a produtividade de grãos (PG) e as 10 características morfoagronômicas analisadas, considerando o desempenho dos genótipos. CV- Comprimento da vagem; EV- Espessura da vagem; LV- Largura da vagem; NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NLV- Número de lóculos por vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NV- Número de vagens; P100G- Peso de 100 grãos; PV- Produtividade de vagens. 1 (UFPI253); 2 (UFPI1237); 3 (UFPI1298); 4 (UFPI1296); 5 (UFPI1240); 6 (UFPI1262); 7 (UFPI1259); 8 (UFPI1242); 9 (UFPI1285); 10 (UFPI1265); 11 (UFPI1290); 12 (UFPI1241). Teresina- PI, 2021.



CONCLUSÕES

1. A metodologia GT biplot indicou UFPI1242 como genótipo ideal e mais promissor para rendimento.
2. As características mais discriminantes foram número de dias para floração, número de vagens, produtividade de vagens, produtividade de grãos, largura da vagem, comprimento da vagem e peso de cem grãos das quais número de dias para floração, número de vagens, produtividade de vagens, produtividade de grãos foram consideradas as mais representativas.
3. Através da abordagem GYT biplot observou-se alta performance de produtividade os genótipos UFPI1242, UFPI1259 e UFPI1285 os quais podem ser empregados em programas de melhoramento de feijão-fava.

REFERÊNCIAS

- ARAÚJO, K. C.; OLIVEIRA, T. R. A.; GRAVINA, G. A.; ROCHA, M. M.; ALCÂNTARA NETO, F.; OLIVEIRA, G. H. F.; CRUZ, D. P.; SANT'ANNA, C. Q. S. S.; GRAVINA, L. M.; ROCHA, R. S.; PEREIRA, I. M. Selection of high-performance black-eyed cowpea (*Vigna unguiculata*) through GYT biplot analysis: a new methodology based on multiple characteristics. **Australian Journal of Crop Science**, v. 15, n. 3, p. 464-469, 2021.
- BEZERRA, B. R.; ARAÚJO, A. S. F.; SANTOS, J. A.; CARNEIRO, R. F. V. Fertilidade do solo e adubação. In: LOPES et al. (Orgs.). **A cultura do feijão-fava no meio-norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, 2010. cap.6, p.131-138.
- IBGE- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção agrícola 2019**. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/Tabela/1612#resultado>>. Acesso em 19 jan. 2021.
- IPECE- Instituto de Pesquisa e Estratégia Econômica do Ceará. **Perfil básico municipal 2016 Crato**. Disponível em: <https://www.ipece.ce.gov.br/wp-content/uploads/sites/45/2018/09/Crato_2016.pdf>. Acesso em 26 mar. 2021.
- IPECE- Instituto de Pesquisa e Estratégia Econômica do Ceará. **Perfil municipal 2017 Farias Brito**. Disponível em: <https://www.ipece.ce.gov.br/wp-content/uploads/sites/45/2018/09/Farias_Brito_2017.pdf>. Acesso em 26 mar. 2021.
- IPGRI. **Descritores para *Phaseolus lunatus* (feijão-espadinho)**. International Plant Genetic Resources Institute, Roma. 2001. 51 p.
- KENDAL, E. Comparing durum wheat cultivars by genotype× yield× trait and genotype× trait biplot method. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 79, n. 4, p. 512-522, 2019.
- OLIVEIRA, T. R. GRAVINA, G. A.; OLIVEIRA, G. U. F. ARAÚJO, K. C.; ARAÚJO, L. C.; DAHER, R. F.; VIVAS, M.; GRAVINA, L. M.; CRUZ, D. P. The GT biplot analysis of green bean traits. **Ciência Rural**, v. 48, n. 6, p. 1-6, 2018.
- OLIVOTO, T.; DAL'COL LÚCIO, A. metan: An R package for multi-environment trial analysis. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 11, n. 6, p. 783-789, 2020.
- R Core Team: **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>. 2020.
- YAN, W. Analysis and handling of G× E in a practical breeding program. **Crop Science**, v. 56, n. 5, p. 2106-2118, 2016.

- YAN, W.; HUNT, L. A. Biplot analysis of multi-environment trial data. *In*: KANG, M. S. **Quantitative Genetics, Genomics and Plant Breeding**. Boston: CABI, 2020. cap. 10. p. 162-177.
- YAN, W.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, v. 42, n. 1, p. 11-20, 2002.
- YAN, W.; REID, J. F. *Genotype by yield*trait* (GYT) biplot: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. **Scientific Reports**, v.8, n. 8242, p.1-10, 2018.
- YAN, W.; REID, J. F.; MOUNTAIN, N.; KOBLER, J. Genotype and management evaluation based on genotype by yield* trait (GYT) analysis. **Crop Breeding, Genetics and Genomics**, v. 1, n. 2, p. 1-21, 2019.
- YANG, R. C. CROSSA, J.; CORNELIUS, P. L.; BURGUENÕ, J. Biplot analysis of genotype \times environment interaction: proceed with caution. **Crop Science**, v. 49, n. 5, p.1564-1576, 2009.

CAPÍTULO II- CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA EM FEIJÃO-FAVA

RESUMO

O estudo do potencial agrônômico de variedades crioulas de feijão-fava exige maior compreensão das estimativas de correlações e de causa e efeito entre características importantes para rendimento da cultura visando auxiliar o melhorista na seleção de genótipos superiores. Objetivou-se estimar os coeficientes de correlação e análise de trilha em rendimento de grãos de feijão-fava e seus componentes. Foram avaliadas 12 variedades locais de feijão-fava. Os experimentos foram conduzidos nos municípios cearenses de Crato e Farias Brito, empregando delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. Utilizou-se 11 caracteres conforme recomendação do *Bioversity International*. Foram obtidos coeficientes de correlações com base nos resíduos das variáveis e em seguida gerada análise de trilha. Verificaram-se correlações positivas e significativas entre os principais caracteres de vagens e grãos tais como número de vagens (NV), peso de vagens (PV) e produtividade de grãos (PG), mostrando-se promissoras para o incremento no rendimento. Além disso, NV e PV possuem efeito direto e positivo no desempenho da característica principal PG, portanto, devem ser utilizadas como critério de seleção indireta para otimizar os ganhos na produção de grãos.

Palavras-chave: Variedades locais. Componentes de rendimento. Seleção indireta.

CHAPTER II- CORRELATIONS AND PATH ANALYSIS IN LIMA BEANS

ABSTRACT

The study of the agronomic potential of lima bean landraces requires greater understanding of the estimates of correlations and cause and effect between important traits for crop yield, aiming to assist the breeder in the selection of superior genotypes. The aim of this study was to estimate the correlation coefficients and path analysis in grain yield of lima bean and its components. Twelve local varieties of lima beans were evaluated. The experiments were carried out in the Ceará municipalities of Crato and Farias Brito, using a randomized block design with four replications. Eleven characters were used as recommended by Bioversity International. Correlation coefficients were obtained based on the residuals of the variables and then generated a path analysis. Positive and significant correlations were verified between the main characters of pods and grains such as number of pods (NV), pod weight (PV) and grain yield (PG), showing promise for increasing yield. In addition, NV and PV have a direct

and positive effect on the performance of the main trait PG, therefore, they should be used as an indirect selection criterion to optimize gains in grain production.

Keywords: Local varieties. Yield components. Indirect selection.

INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa amplamente difundida e apreciada como alimento para populações rurais da região nordeste do país. Os estados nordestinos contribuem majoritariamente com 99,4% da produção nacional dessa cultura. Em 2019, foram colhidas cerca de 11.381 t de grãos em uma área total de 32.352 ha (IBGE, 2019). O potencial agrônômico do feijão-fava requer atenção em programas de melhoramento que visem ganhos significativos de rendimento. Para isso, é imprescindível o entendimento das relações entre os componentes de produção.

Na cultura do feijão-fava, as principais características agrônômicas estão relacionadas com rendimento de grãos e seus componentes secundários, estes caracteres possuem herança quantitativa e, portanto, acentuada influência de ordem ambiental. De acordo com Barili et al. (2011), através da estimação da associação entre variáveis é possível realizar a seleção indireta de caracteres agronomicamente importantes de difícil mensuração e de baixa herdabilidade a partir da seleção de uma característica correlacionada de fácil obtenção e alta herdabilidade.

As correlações podem ser oriundas de causas genéticas (herdável) e ambientais. Os coeficientes de correlações genotípicas são importantes na expressão dos caracteres possibilitando a realização da seleção indireta da característica de interesse (GONÇALVES et al., 2017). Contudo, quando essas correlações não estão associadas fenotipicamente, o processo de seleção é dificultado (CABRAL et al., 2011).

É importante ressaltar que estimativas dos coeficientes de correlação não fornecem informações de causa e efeito na associação entre características. Dessa forma, a análise de trilha é um recurso complementar ao estudo das correlações (BALLA et al., 2017), consistindo no desdobramento do coeficiente de correlação em efeitos diretos e indiretos que as variáveis secundárias podem exercer sob a variável principal.

A análise de trilha possui aplicabilidade em diversas áreas, auxiliando na investigação mais acurada do tipo e nível de relação entre os caracteres (DAL'COL LÚCIO et al., 2013). O resultado da análise de trilha pode ser interpretado da seguinte maneira, correlações de mesmo sinal e magnitudes semelhantes com o efeito direto indica que a variável secundária influencia

no desempenho da variável principal. Se a correlação for negativa, mas o efeito direto for positivo e de alta intensidade, significa que a variável secundária deve ser considerada. Por outro lado, correlação positiva associada a efeito direto negativo ou baixo, considera-se os efeitos indiretos (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2004).

Esse tipo de análise permite ao melhorista elaborar estratégias eficientes que visem ganhos de rendimentos satisfatórios em diferentes culturas, tais como leguminosas de grande importância econômica como soja e feijão. Contudo, não existem relatos ainda da abordagem de análise de trilha na identificação de características com efeito significativo no rendimento de grãos em feijão-fava.

Portanto, esse trabalho teve por objetivo estimar os coeficientes de correlação e análise de trilha em rendimento de grãos de feijão-fava e seus componentes fornecendo subsídios para a seleção de variedades crioulas de feijão-fava.

MATERIAL E MÉTODOS

Nesse estudo foram avaliadas 12 variedades locais de feijão-fava, amplamente cultivadas por agricultores da mesorregião Sul Cearense. As amostras de sementes desses genótipos foram incorporadas ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-Fava da Universidade Federal do Piauí- BAG/UFPI.

Os experimentos foram conduzidos em dois municípios do estado do Ceará, Crato e Farias Brito. No Crato, foi realizado em área experimental, pertencente ao Instituto Federal de Ciência e Tecnologia do Ceará, *Campus Crato* (IFCE). Essa região, localizada a 442 metros de altitude, é caracterizada como clima tropical quente semiárido brando e tropical quente sub-úmido, pluviosidade anual de 1090,9 mm e temperatura média variando de 24 a 26°C (IPECE, 2016). Em Farias Brito, situado a 591 metros de altitude, a instalação do experimento ocorreu na propriedade Boa Vista, situada no Distrito Quincuncá. O clima é tipicamente tropical quente semiárido com índices de pluviosidade em torno de 896,5 mm e temperatura anual média de 26° a 28°C (IPECE, 2017).

Os ensaios experimentais foram conduzidos em delineamento em blocos casualizados com quatro repetições. Considerou-se como parcela experimental quatro fileiras de nove plantas, cada, com 5,4 m de comprimento. O espaçamento utilizado entre fileiras foi de 1 m e 0,6 cm entre plantas. As duas fileiras centrais foram utilizadas como parcela útil na coleta dos dados. No plantio foram utilizadas quatro sementes por cova, realizando-se posteriormente o desbaste deixando apenas uma planta por cova. Em ambos os experimentos foi realizada adubação contendo 20 Kg de N, 60 kg P₂O₅ e 30 kg de K₂O por hectare seguindo as

recomendações de Bezerra et al. (2010). Adotou-se as mesmas recomendações de cultivo e práticas culturais para os dois experimentos.

A mensuração dos 11 caracteres morfoagronômicos foi realizada segundo os descritores recomendados pelo IPGRI (2001). Características de vagens, tais como comprimento da vagem (CV), espessura da vagem (EV) e largura da vagem (LV) foram medidas, em mm, a partir de 20 vagens maduras, tomadas ao acaso. Para número de dias até a floração (NDF) e número de dias até a maturação (NDM) considerou-se a quantidade de dias desde a emergência até ao estágio em que 50% das plantas estivessem em floração e maturação das vagens, respectivamente. O número de lóculos por vagem (NLV) e o número de sementes por vagem (NSV) foram estimados tomando 20 vagens maduras ao acaso. Para os dados de produção foram obtidos número de vagens (NV) correspondente a quantidade de vagens produzidas na parcela útil. Para peso de 100 grãos (P100G), utilizou-se o peso de 100 sementes, em gramas, selecionadas ao acaso. A produtividade de grãos (PG) e produtividade de vagens (PV) foi estimada, respectivamente, em quilogramas por hectare, de grãos e vagens coletados da parcela útil.

Os dados foram submetidos a análise de variância individual em cada experimento, posteriormente, seguiu-se com análise conjunta dos dois ambientes. Os coeficientes de correlações foram estimados com base nos dados médios e nos resíduos das variáveis utilizando-se o pacote Hmisc (HARREL, 2021). Posteriormente, realizou-se diagnóstico de multicolinearidade ($k= 0,05$) e seguiu-se a análise de trilha através do pacote biotools (SILVA, 2021). As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa computacional R Core Team (2020).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Considerou-se os valores dos coeficientes de correlação baixos ou fracos (0,0 a 0,30), médios ou intermediários (0,30 a 0,60) e altos ou fortes (0,60 a 1,0). As correlações fenotípicas entre os caracteres agrônômicos de feijão-fava evidenciaram associações fracas e negativas entre NDF com a maioria das características avaliadas especialmente P100G (-0,279**) e PG (-0,211**). Para os principais componentes de rendimento, verificou-se correlações positivas de valores moderados a elevados entre os seguintes pares de características LV x P100G (0,626**), CV x LV (0,631**), P100G x PV (0,735**), P100G x PG (0,753**), NV x PV (0,951**), NV x PG (0,935**).

Caracteres de rendimentos são de grande relevância para seleção de novos genótipos promissores para rendimento de grãos. Contudo, esses resultados requerem atenção na interpretação, pois, as médias dos genótipos poderão superestimar os valores das correlações. Por outro lado, os resíduos possuem ausência dos efeitos das médias dos genótipos avaliados, diante disso, empregou-se a análise dos resíduos para obtenção dos coeficientes de correlação e, posteriormente o desdobramento destes através da análise de trilha.

Em geral, verificou-se baixa magnitude e não significância para a maioria das características utilizando-se da abordagem dos resíduos. Entretanto, correlações significativas entre floração e principalmente entre os caracteres mais importantes de vagens e grãos a exemplo de número de vagens e produtividade de vagens e grãos se mantiveram. Foram constatadas correlações negativas entre NDF x NV, NDF x P100G, NDF x PV e NDF x PG (Tabela 2) isso significa que genótipos tardios estão mais expostos a ação de fatores bióticos e abióticos principalmente no final do ciclo resultando em produção a baixo do esperado. Além do mais, de acordo com Lopes e Lima (2015), o baixo teor de carboidratos e alterações metabólicas das plantas no período final de floração podem influenciar no decréscimo da produtividade de grãos.

A presença de correlações negativas entre as variáveis indica que a melhoria em uma característica acarreta na redução de outra igualmente importante para a produtividade (LOPES et al., 2001). Desse modo, a seleção de genótipos precoces para floração propicia longo período de produção em campo e, conseqüentemente a realização de várias colheitas abrangendo períodos de cultivo distintos, como sequeiro e estiagem, aumentando os ganhos de rendimento (FREIRE-FILHO et al., 2005).

Verificou-se correlações significativas e positivas entre NV x PV, NV x PG e PV x PG. Essas variáveis são promissoras para o incremento no rendimento do feijão-fava. Considerando o cultivo predominante de variedades de crescimento indeterminado dessa cultura, pode-se deduzir que à medida que ocorre a formação de novas vagens ao longo dos ramos, é esperado o aumento na produção e peso das vagens devido a mobilização de assimilados para as estruturas reprodutivas da planta. É importante ressaltar que o estágio de enchimento das vagens poderá resultar em grãos desuniformes quanto ao tamanho os quais poderá influenciar também no rendimento final da cultura. Desse modo, pode-se inferir que a seleção indireta com base em NV e PV resulta no aumento final dos grãos, aspecto bastante apreciado por produtores de feijão-fava.

Tabela 3- Estimativas dos coeficientes de correlação entre características morfoagronômicas de feijão-fava avaliadas conjuntamente nos municípios de Crato e Farias Brito, CE: NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NV- Número de vagens; CV- Comprimento da vagem; LV- Largura da vagem; EV- Espessura da vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NLV- Número de lóculos por vagem; P100G- Peso de 100 grãos; PG- Produtividade de grãos; PV- Produtividade de vagens. Teresina-PI, 2021.

	NDF	NDM	NV	CV	LV	EV	NSV	NLV	P100G	PV	PG
NDF	-	0,07	-0,25*	0,19	0,20	0,27**	0,18	0,02	-0,24*	-0,22*	-0,28**
NDM		-	0,05	0,02	-0,04	-0,16	-0,15	-0,05	0,01	0,11	0,10
NV			-	-0,12	0,07	-0,42**	-0,07	-0,02	0,07	0,82**	0,77**
CV				-	0,28**	0,49**	0,40**	0,35**	0,01	-0,01	-0,19
LV					-	0,07	0,13	-0,02	-0,15	0,09	-0,08
EV						-	0,50	0,16	0,09	-0,36**	-0,41**
NSV							-	0,31**	-0,06	0,00	-0,07
NLV								-	-0,03	0,10	0,04
P100G									-	0,13	0,12
PV										-	0,88**
PG											-

**significativo a 1% ($p < 0,01$) e *significativo a 5% ($p < 0,05$)

Para os caracteres que determinam o tamanho da vagem, constatou-se que CV está correlacionado com LV, EV, NSV e NLV. Verificou-se também correlação entre NSV x NLV. Isso significa que o aumento no tamanho, largura e espessura das vagens, associado como maior disponibilidade de lóculos promove a incorporação de massa da matéria seca no enchimento de grãos nas vagens. Desse modo, a obtenção de ganhos na produção de grãos poderá ser alcançada através da seleção indireta via CV, LV e EV cuja mensuração auxilia o melhorista na escolha de plantas mais produtivas no campo através da resposta correlacionada.

Considerando a análise de trilha para os dois experimentos (Tabela 4), observou-se que o valor do coeficiente de determinação e residual foram de 0,752 e 0,497, respectivamente. Esses resultados demonstram que o desempenho da característica principal, PG, é explicado em quase sua totalidade pelas características secundárias.

Tabela 4- Estimativas dos efeitos diretos na diagonal e indiretos da característica principal PG das características secundárias de rendimento, avaliadas conjuntamente nos municípios de Crato e Farias Brito, CE: NDF- Número de dias para floração; NDM- Número de dias para maturação; NV- Número de vagens; CV- Comprimento da vagem; LV- Largura da vagem; EV- Espessura da vagem; NSV- Número de sementes por vagem; NLV- Número de lóculos por vagem; P100G- Peso de 100 grãos; PV- Produtividade de vagens. Teresina-PI, 2021.

	NDF	NDM	NV	CV	LV	EV	NSV	NLV	P100G	PV
NDF	-0,027	-0,000	-0,006	-0,019	-0,026	-0,006	-0,000	-0,000	-0,004	-0,044
NDM	-0,002	-0,002	0,001	0,000	0,011	0,007	0,000	0,001	0,001	0,101
NV	0,002	-0,000	0,059	0,008	-0,010	0,012	0,000	0,001	0,001	0,609
CV	-0,006	0,000	-0,005	-0,088	-0,056	-0,019	-0,001	-0,005	0,000	0,047
LV	-0,004	0,000	0,003	-0,028	-0,177	-0,002	-0,000	0,000	-0,001	0,096
EV	-0,004	0,000	-0,019	-0,045	-0,010	-0,038	-0,001	-0,002	0,005	-0,201
NSV	-0,004	0,000	-0,004	-0,038	-0,021	-0,018	-0,004	-0,004	0,001	0,013
NLV	-0,001	0,000	-0,006	-0,030	0,007	-0,006	-0,001	-0,015	0,000	0,049
P100G	0,004	-0,000	0,002	-0,000	0,012	-0,008	-0,000	-0,000	0,027	0,079
PV	0,001	-0,000	0,045	-0,005	-0,021	0,009	-0,000	-0,000	0,002	0,796

Em geral, observou-se que os efeitos diretos das variáveis secundárias sobre a variável principal foram relativamente baixos. Identificou-se efeito direto de NV sobre PG baixo, mas, ao verificar os efeitos indiretos, observou-se que NV exerce influência indireta sobre PV (0,609). Esse caractere, por sua vez, possui maior efeito direto sobre PG (0,796), em relação aos demais estudados. Esses resultados sugerem que as características secundárias, NV e PV, portanto, não devem ser descartadas, pois sua ação afeta direta ou indiretamente a resposta da variável principal, PG, na cultura do feijão-fava.

Do exposto, o melhorista pode otimizar o processo de seleção da característica desejável com base na resposta correlacionada e influência direta e indireta de outras variáveis facilmente mensuráveis, a exemplo de NV. De acordo com Freitas et al. (2016), o emprego de NV como estratégia de seleção indireta visando melhorias em PG e PV pode ser de grande utilidade no trabalho dos melhoristas em decorrência da praticidade de mensuração em comparação com rendimento, o qual exige debulha dos grãos em estágio específico de maturação.

A característica EV apresentou correlação negativa com PG, mas os efeitos indiretos foram baixos. Entretanto, EV influenciou indiretamente e de forma negativa a variável PV a qual é de extrema importância para a produção de grãos. A correlação não significativa entre

LV x PG não implica em ausência de relação entre essas variáveis, pois, na análise de trilha verificou-se que LV possui efeito direto negativo sobre PG. Na prática, a seleção indireta dessas variáveis poderá resultar na redução de PG. Pois, vagens com valores elevados para EV e LV não necessariamente resultará em aumento no peso da semente. Do contrário, vagens mais estreitas poderão formar sementes com maior concentração de massa da matéria seca, resultando em incrementos na produção.

CONCLUSÕES

As características número de vagens e produtividade de vagens são fortemente correlacionadas positivamente entre si e com produtividade de grãos. Número de vagens influencia indiretamente produtividade de vagens que por sua vez exerce maior efeito direto e positivo sobre produtividade de grãos. Os caracteres largura de vagem e espessura de vagem afetam negativamente de modo direto e indireto produtividade de grãos, respectivamente. Todas as características secundárias mencionadas anteriormente podem ser empregadas na seleção de variedades crioulas de feijão-fava com desempenho superior de rendimento de grãos.

REFERÊNCIAS

- BALLA, M. Y.; IBRAHIM, S. E. Genotypic correlation and path coefficient analysis of soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] for yield and its components. **Agriculture Research and Technology**, v.7, n.3, p.1-6, 2017.
- BARILI, L. D. VALE, M. N.; MORAIS, P. P. P.; BALDISSERA, J. N. C.; BOFF, A. C.; ROCHA, F.; VALENTINI, G.; BERTOLDO, G. J.; COIMBRA, J. L.; GUIDOLIN, A. F. Correlação fenotípica entre componentes do rendimento de grãos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Semina: Ciências Agrárias**, v.32, n.4, p.1263-1274, 2011.
- BEZERRA, B. R.; ARAÚJO, A. S. F.; SANTOS, J. A.; CARNEIRO, R. F. V. Fertilidade do solo e adubação. In: LOPES et al. (Orgs.). **A cultura do feijão-fava no meio-norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, 2010. cap.6, p.131-138.
- CABRAL, P. D. S. SOARES, T. C.; LIMA, A. B. P.; SOARES, Y. J. B.; SILVA, J. A. Análise de trilha do rendimento de grãos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) e seus componentes. **Revista Ciência Agronômica**, v.42, n.1, p.132-138, 2011.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, 2004. 480p.
- DAL'COL LÚCIO.; STORCK, L.; KRAUSE, W.; GONÇALVES, E. Q.; NIED, A. H. Relações entre os caracteres de maracujazeiro-azedo. **Ciência Rural**, v.43, n.2, p.225-232, 2013.
- FREIRE FILHO, F. R.; LIMA, J. A. A.; RIBEIRO, V. Q. **Feijão-caupi: avanços tecnológicos**. Teresina: Embrapa Informação Tecnológica, 2005. 519p.
- FREITAS, T. G. G.; SILVA, P. S. L.; DOVALE, J. C.; SILVA, M. E. Green bean yield and path analysis in cowpea landraces. **Revista Caatinga**, v.29, n.4, p.866-877, 2016.
- GONÇALVES, D. L.; BARELLI, M. A. A.; OLIVEIRA, T. C.; SANTOS, P. R. J.; SILVA, C. R.; POLETINE, J. P.; NEVES, L. G. Genetic correlation and path analysis of common bean collected from Caceres Mato Grosso State, Brazil. **Ciência Rural**, v.47, n.8, p.1-7, 2017.
- HARREL, F. E. H. JR. Hmisc: Harrell Miscellaneous. R package version 4.5-0, 2021. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/Hmisc/index.html>. Acesso em 04 ago. 2021.

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

LOPES, A. C. A.; FREIRE FILHO, F. R.; SILVA, R. B. Q.; CAMPOS, F. L.; ROCHA, M. M. Variabilidade e correlações entre caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v,36, n.3, p.515-520, 2001.

LOPES, N. F.; LIMA, M. G. S. **Fisiologia da produção**. Viçosa, MG: Ed. UFV, 2015. 492p.

R Core Team: **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>. 2020.

SILVA, A. R. Tools for biometry and applied statistics in agricultural science. R package version 4.1, 2021. Disponível em: <https://cran.r-project.org/web/packages/biotoools/biotoools.pdf> Acesso em 04 ago. 2021.