



MICHELLE DOS SANTOS NASCIMENTO

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)
PRECOSES PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS**

**Teresina – PI
2024**

MICHELLE DOS SANTOS NASCIMENTO

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)
PRECOCES PARA PRODUTIVIDADE DE GRÃOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, para obtenção do título de Mestra em Genética e Melhoramento.

Orientadora: Profa. Dra. Regina Lucia
Ferreira Gomes

Teresina-PI

2024

FICHA CATALOGRÁFICA
Universidade Federal do Piauí
Biblioteca Setorial CCA
Serviço de Representação Temática da Informação

N244s Nascimento, Michelle dos Santos.
Seleção de linhagens de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.)
precoces para produtividade de grãos / Michelle dos Santos
Nascimento. -- 2024.
67 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Centro
de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia,
2024.

“Orientadora: Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes.”

1. Caracteres agronômicos. 2. Parâmetros genéticos. 3. Seleção
simultânea. I. Gomes, Regina Lucia Ferreira. II. Título.

CDD 635.651

Bibliotecário: Rafael Gomes de Sousa - CRB3/1163

Michelle dos Santos Nascimento

**SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA (*PHASEOLUS LUNATUS* L.) PRECOCES PARA
PRODUTIVIDADE DE GRÃOS**

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, área de concentração Genética e Melhoramento, para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento.

APROVADA em 15 de julho de 2024

Comissão Julgadora:

Verônica Brito da Silva

Prof^a. Dr^a. Verônica Brito da Silva – UFPI/Membro Interno

Raimundo Nonato Oliveira Silva

Prof. Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva - UFPI/Membro Externo

Regina Lucia Ferreira Gomes

**Prof^a. Dr^a. Regina Lucia Ferreira Gomes – CCA/UFPI/Presidente
(Orientadora)**

**TERESINA-PI
2024**

A minha mãe do coração, Maria José
Barbosa (Vovó Zeca), pela sua bondade e
alegria contagiante!
in memoriam

AGRADECIMENTOS

A Deus, por estar sempre comigo em todos os momentos da minha vida;

À Universidade Federal do Piauí, pela oportunidade de realização do curso de Mestrado em Genética e Melhoramento;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos;

À minha orientadora, Profa. Dra. Regina Lucia Ferreira Gomes, pelo acolhimento e compreensão, orientação durante o período da pós-graduação, ensinamentos e por ter acreditado no meu potencial, ajudando a superar os desafios que surgiram durante a realização do curso, e por ser um exemplo para nós;

À professora Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes, pela disponibilidade e atenção, sempre alertando e indicando soluções para as dificuldades, pelos seus ensinamentos por meio de conversas e exemplo, por ser uma pessoa de luz;

À professora Dra. Verônica Brito da Silva, pela paciência, ensinamentos, orientação e amizade, por estar sempre disponível para ajudar, pelos momentos de descontração e por tornar essa jornada mais leve, muito obrigada;

A todo o grupo do Laboratório RGMP, pelos momentos de descontração, alegria, apoio e ajuda durante a condução do experimento, cuja ajuda foi fundamental para realização deste trabalho;

Aos meus amigos, Pedro James Oliveira Moraes, Juliana de Oliveira Sousa e Isaan Bonfim Guimarães pela amizade, união e por proporcionarem momentos de descontração, apoio e ajuda na condução dos experimentos;

Aos meus amigos, Maria Santa de Sousa, Edmilson Gomes e Gabriel Ferraz pela amizade, e perseverança durante todo o percurso;

Ao meu querido amigo, Dr. Gérson do Nascimento Costa Ferreira, pelo incentivo e ensinamentos, apoio constante e amizade sincera, por me fazer enxergar além, principalmente, com as lições que me fizeram crescer como indivíduo;

Ao Prof. Dr. José Ribamar de Assunção Filho, por todo apoio, encorajamento, ensinamentos, conselhos e principalmente por sempre ter acreditado no meu potencial, nos melhores e piores momentos;

Ao Prof. Dr. Raimundo Nonato Oliveira Silva, pela realização das análises estatísticas, por todos os ensinamentos e paciência em transmiti-los;

Ao Professor Dr. Clemilton Ferreira e ao aluno do curso de Engenharia Agrônômica, Elvis Átila Passos Lopes, do Instituto Federal do Ceará, por disponibilizarem a área e auxiliar na condução do experimento em Tianguá-CE;

À minha mãe, que no decorrer da vida proporcionou extenso carinho e amor, transmitiu os princípios da integridade e a importância da perseverança nos momentos de dificuldades, procurando sempre em Deus a força maior;

À minha mãe do coração, Maria José Barbosa (*in memoriam*), pela sua bondade e sua alegria, por sempre incentivar a mim e aos meus irmãos, e por estar ao nosso lado em todos os momentos de nossas vidas;

Aos meus irmãos, Carla Nascimento e Ernandes Nascimento, pelo companheirismo, sinceridade, e por permanecerem ao meu lado nos bons e maus momentos;

Ao meu amor Hermeson Santiago, pelo apoiou incansavelmente em todas as fases deste trabalho. Sua paciência, compreensão e carinho foram fundamentais;

Ao meu avô, Manoel Nascimento e ao meu tio, Antonio de Pádua, por todo apoio e exemplos de dignidade e caráter para mim;

Aos familiares, amigos e todos aqueles que cruzaram minha vida, participando de alguma forma na construção e realização deste tão desejado sonho. Enfim, a todas as pessoas que contribuíram para a realização deste trabalho.

*É preciso suportar duas ou três larvas se quiseres conhecer as borboletas. Dizem
que são tão belas!*

Antoine de Saint-Exupéry

Resumo

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa de importância socioeconômica, principalmente no Nordeste do Brasil, como fonte de alimento e renda para agricultores familiares. Contudo, a inexistência de cultivares melhoradas no país tem dificultado a obtenção de maiores produtividades de grãos. Assim, objetivou-se selecionar linhagens de feijão-fava precoces, produtivas e com sementes de padrão comercial. As 40 linhagens da geração F_{6:8}, obtidas de cruzamentos biparentais, no Programa de Melhoramento Genético da Universidade Federal do Piauí, foram avaliadas em Tianguá - CE e Teresina - PI, em 2023, no delineamento em blocos casualizados, com três repetições. Os caracteres avaliados foram: número de dias para o início da floração, número de dias para maturação, altura da planta, número de vagens por parcela, comprimento da vagem, largura da vagem e espessura da vagem, número de grãos por vagem, comprimento da semente, largura da semente, espessura da semente, massa de 100 sementes, produtividade de grãos e padrão de cor da semente. Nas análises estatístico-genéticas foram estimados os componentes de variância e os parâmetros genéticos pelo método dos momentos, os coeficientes de correlação genética e o índice de seleção não-paramétrico de Mulamba e Mock. Em relação aos avanços genéticos em porcentagem da média, maiores ganhos foram observados para: número de dias para início da floração, número de vagens por parcela, produtividade de grãos e altura da planta, indicando a possibilidade de seleção para estes caracteres. As linhagens apresentam variabilidade genética para o número de dias para o início da floração, indicando a possibilidade de seleção de linhagens precoces. Pela seleção simultânea de caracteres agronômicos desejáveis destacam-se as linhagens: H81-32, H25-59, H25-56, H25-66, H25-57, H81-34, em Tianguá – CE; e H50/86-35, H25-64, H81-34, H25-66, H25-54, H25-60, H50/86-36, H25-58, H50/86-38, H50/86-37, em Teresina – PI. As linhagens H81-34 e H25-66 são promissoras nos dois ambientes. As linhagens: H94-29, H94-30, H94-31, H46-50, H25-56, H25-63 e H25-68 destacam-se por apresentar coloração branca, que é padrão desejável pelo mercado consumidor. Tais resultados possibilitam a seleção de linhagens mais precoces e produtivas, apresentando cor com padrão comercial.

Palavras chave: Caracteres agronômicos, parâmetros genéticos, seleção simultânea.

Abstract

Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) is a legume with a socioeconomic importance, mainly in the Northeast of Brazil, as a source of food and income for family farmers. However, the absence of cultivated varieties in the country has made it difficult to obtain higher grain yields. Thus, our objective was to select early and productive lima bean lines with commercial standard seeds. The 40 lines of the F6:8 generation, obtained from biparental crosses, in the Breeding Program of the Federal University of Piauí, were evaluated in Tianguá - CE and Teresina - PI, in 2023, in a randomized block design, with three replications. The evaluated characters were number of days to start flowering, number of days to maturation, plant height, number of pods per plot, pod length, pod width and pod thickness, number of grains per pod, length of seed, seed width, seed thickness, mass of 100 seeds, grain yield and seed color pattern. In the statistical-genetic analyses, variance components and genetic parameters were estimated using the method of moments, genetic correlation coefficients and the Mulamba and Mock non-parametric selection index. In relation to genetic advances in percentage of the average, greater gains were distributed to: number of days to start the substantial, number of pods per plot, grain productivity and plant height, reducing the possibility of selection for these characters. The lineages present genetic variability for the number of days until the onset of the catastrophe, reducing the possibility of selecting early lineages. Due to the simultaneous selection of desirable agronomic traits, the following lines stand out: H81-32, H25-59, H25-56, H25-66, H25-57, H81-34, in Tianguá – CE; and H50/86-35, H25-64, H81-34, H25-66, H25-54, H25-60, H50/86-36, H25-58, H50/86-38, H50/86-37, in Teresina-PI. Lineages H81-34 and H25-66 are promising in two environments. The strains: H94-29, H94-30, H94-31, H46-50, H25-56, H25-63 and H25-68 stand out for having a white color, which is a pattern peculiar to the consumer market. These results enable the selection of earlier and more productive lines, presenting color with a commercial standard.

Keywords: Agronomic traits, genetic parameters, simultaneous selection.

Lista de Figuras

Figura 1 Flores de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i> L.) observadas nas linhagens F _{6:8} , cores: (a) lilás, (b) amarela, (c) branca. Fonte: Silva (2023)	18
Figura 2 40 linhagens de feijão-fava de hábito de crescimento determinado da geração F _{6:8}	30
Figura 3 – Localização dos municípios de Tianguá – CE e Teresina – PI, nos quais foram avaliadas as linhagens de feijão-fava, em 2023.....	32
Gráfico 1. Elementos climáticos (temperatura, umidade e precipitação pluviométrica) registrados no período de condução do experimento em Tianguá – CE, em 2023. Fonte: INMET, 2023.....	33
Gráfico 2. Elementos climáticos (temperatura, umidade e precipitação pluviométrica) registrados no período de condução do experimento em Teresina – PI, em 2023. Fonte: INMET, 2023.....	33
Figura 4 - Parcelas do experimento de avaliação das linhagens de feijão-fava conduzido em Tianguá - CE, em 2023.....	34
Figura 5 - Parcelas do experimento de avaliação de linhagens do feijão-fava conduzido em Teresina-PI, em 2023.....	34
Figura 6 – Avaliação das 34 linhagens F _{6:8} de feijão-fava conduzido em Tianguá – CE, em 2023. (a) Campo experimental, (b) floração, (c) maturação.....	35
Figura 7 - Experimento de avaliação das 40 linhagens F _{6:8} de feijão-fava realizado em Teresina - PI. (a) Campo experimental, (b) floração, (c) maturação.....	36
Figura 8 - Vista aérea do experimento de avaliação das linhagens F _{6:8} de feijão-fava em Teresina-PI, 2023. (a) Vista superior; (b) Vista lateral.....	37
Figura 9: Linhagens F _{6:8} de feijão-fava infectadas pela bactéria <i>Ralstonia solanacearum</i> . (a) Raiz infectada, (b) Severidade dos sintomas ocasionando a morte da planta.....	38
Figura 10 – Caracterização do padrão de coloração das sementes predominante nas linhagens de feijão-fava obtido avaliadas em Teresina – PI, 2023. (a) linhagens com padrão bicolor, (b) linhagens com padrão branco.....	59

Lista de Tabelas

Tabela 1 - Genótipos de feijão-fava utilizados nos cruzamentos biparentais, procedência e instituição detentora.....	28
Tabela 2 - Relação das populações de feijão-fava e os respectivos genitores, de hábito de crescimento determinado, que originaram as linhagens avaliadas.....	28
Tabela 3 - Relação das 40 linhagens F _{6:8} de feijão-fava, avaliadas em Teresina – PI e Tianguá – CE, em 2023, e seus respectivos genitores.....	29
Tabela 4 - Esquema de análise de variância para experimentos em blocos casualizados envolvendo g genótipos e b blocos.....	41
Tabela 5 - Estimativas de coeficiente de variação genotípico (CVg) para os caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), avaliados em linhagens F _{6:8} de feijão-fava, em Tianguá-CE e Teresina-PI, 2023	42
Tabela 6 – Resumo da análise de variância dos caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), , número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), avaliados em 34 linhagens de feijão-fava na geração F _{6:8} , em Tianguá-CE, 2023	43
Tabela 7 – Resumo da análise de variância dos caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), , número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), avaliados em 40 linhagens de feijão-fava na geração F _{6:8} , em Teresina-PI, 2023	44
Tabela 8 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), avaliados em 34 linhagens F _{6:8} de feijão-fava, em Tianguá-CE, 2023	47
Tabela 9 - Estimativas dos parâmetros genéticos para número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), em 40 linhagens F _{6:8} de feijão-fava, Teresina-PI, 2023.....	48

Tabela 10 – Estimativas dos coeficientes de correlação genética entre 13 caracteres quantitativos em 34 linhagens $F_{6:8}$ do feijão-fava avaliados em Tianguá - CE, 2023.....	51
Tabela 11 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética entre 13 caracteres quantitativos em 40 linhagens $F_{6:8}$ do feijão-fava avaliados em Teresina - PI, 2023.....	53
Tabela 12 - Ranqueamento de 34 linhagens de feijão-fava avaliadas em Tianguá-CE, em 2023, com base no índice não-paramétrico de seleção de Mulamba & Mock (1978)	55
Tabela 13- Ranqueamento de 40 linhagens de feijão-fava avaliadas em Teresina - PI, em 2023, com base no índice não-paramétrico de seleção de Mulamba & Mock (1978)	56
Tabela 14 - Caracterização das sementes de 40 linhagens de feijão-fava quanto à cor de fundo (CORF), cor padrão (CORP) e segunda cor padrão (2CORP)	57

Sumário

1 INTRODUÇÃO	15
2 REVISÃO DE LITERATURA	17
2.1 Aspectos Gerais.....	17
2.2 Importância Socioeconômica	18
2.5 Padrão de Qualidade e Tecnológica dos Grãos.....	20
2.6 Melhoramento Genético do Feijão-Fava	21
2.7 Estimativa dos Parâmetros Genéticos	23
2.9 Índice de Seleção.....	25
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	27
3.1 Material biológico e condução experimental	27
3.2 Análises estatístico-genéticas	39
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	42
5 CONCLUSÃO.....	58
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	59

1 INTRODUÇÃO

A espécie *Phaseolus lunatus* L., popularmente conhecida como fava, feijão-fava ou feijão-lima, apresenta importância econômica, principalmente na região Nordeste do Brasil, sendo fonte de renda e alimento para agricultura familiar, consumido na forma de grãos verdes e secos (Lopes *et al.*, 2010). Caracteriza-se por apresentar ampla diversidade genética e elevado potencial de produção, com capacidade de adaptar-se a diversas condições ambientais (Vieira, 1992; Cavaleiro, 2012; Nobre *et al.*, 2012; Snak e Salinas, 2023).

Na região nordeste, o feijão-fava é cultivado sob regime de sequeiro, principalmente por pequenos agricultores, os quais utilizam predominantemente variedades crioulas de crescimento indeterminado, geralmente em consórcio com outras culturas, cujo trabalho é realizado em sistemas de agricultura tradicional e principalmente para o autoconsumo (Lopes *et al.*, 2010).

As formas de cultivo do feijão-fava pelas famílias tradicionais, em armazenar e intercambiar sementes, contribuem para ampliar a sua variabilidade genética (Penha *et al.*, 2016; Gonçalves *et al.*, 2019; Silva *et al.*, 2019; Brito *et al.*, 2020; Jesus *et al.*, 2022). Tal variabilidade é de fundamental importância nos programas de melhoramento.

O feijão-fava é uma leguminosa com características distintas que o diferenciam de outros tipos de feijão. Embora seja considerada uma espécie autógama, possui um sistema misto de reprodução, com elevada taxa de fecundação cruzada, conforme observado por Penha *et al.* (2016). Devido a essa particularidade, os programas de melhoramento genético do feijão-fava precisam de maior cuidado e estratégias específicas para desenvolver populações que apresentem características agronômicas superiores.

No Brasil, não existem cultivares de feijão-fava, o que se tem são variedades crioulas mantidas e conservadas pelos agricultores tradicionais ao longo de gerações. Por isso, estudos de melhoramento genético para essa leguminosa são essenciais, uma vez que irão oferecer informações agronômicas importantes para seleção de genótipos superiores.

O estudo dos componentes de média e variância possibilita a estimativa de parâmetros genéticos como: coeficiente de variação genético, correlação entre

caracteres e herdabilidade, este último sendo um parâmetro chave para os melhoristas, pois os valores estimados impulsionarão a seleção (Santos *et al.*, 2018; Duarte, 2020). Contudo, trabalhos com estimativas de parâmetros genéticos e índice de seleção em feijão-fava são escassos na literatura.

Para o feijão-fava, dentre os principais objetivos dos programas de melhoramento estão à qualidade do grão, tanto comercial, quanto culinária; arquitetura da planta, que visa à obtenção de plantas com porte ereto, folhas senescentes, inflorescências acima da folhagem; resistência aos principais patógenos que causam enfermidades prejudicando as culturas; e aliado a todos esses objetivos está o incremento do potencial produtivo.

Nesse sentido, objetivou-se selecionar linhagens de feijão-fava de hábito de crescimento determinado, precoces, produtivas e com sementes de padrão comercial, provenientes do Programa de Melhoramento da Universidade Federal do Piauí.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos Gerais

A família Fabaceae tem distribuição mundial, com cerca de 650 gêneros e aproximadamente 18.000 espécies, sendo uma das maiores famílias das angiospermas. As espécies pertencentes a essa família têm importância econômica (Souza e Lorenzi, 2008).

Dentre os gêneros da família Fabaceae encontra-se o *Phaseolus*, pertencente ao filo Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, subclasse Rosidae e subtribo Phaseolinae, com origem no continente americano, concentrado nas regiões de clima tropical e temperado (Broughton *et al.*, 2003). As principais espécies são *P. vulgaris*, *P. coccineus*, *P. acutifolius*, *P. polyanthus* e *P. lunatus*, amplamente distribuídas pelo mundo (Cronquist, 1988; Apg IV, 2016, Fao, 2023).

Na espécie *P. lunatus* existem duas variedades botânicas, a *P. lunatus* var. *silvester*, que engloba as populações silvestres, cujas sementes se caracterizam por serem menores, e *P. lunatus* var. *lunatus*, que inclui as populações domesticadas, com sementes maiores (Baudet, 1977).

As formas cultivadas podem ser anuais, bianuais ou perenes, de germinação epígea, hábito de crescimento indeterminado trepador, com o desenvolvimento da gema terminal em uma guia, ou determinado, com o desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência (Lopes *et al.*, 2010; Beyra e Artiles, 2004; Sánchez-Navarro *et al.*, 2019).

A inflorescência tem formato de cacho, com um conjunto de flores, apresentando coloração lilás, rosa, violeta, branca ou amarela; e folhas trifoliadas (Figura 1). A espécie possui cariótipo composto de 22 cromossomos, predominantemente metacêntricos, com regiões pericentroméricas ricas em sequências repetitivas de guanina/citosina, constante no gênero *Phaseolus* (Bonifácio *et al.*, 2012).

A espécie *P. lunatus* L., conhecida popularmente como fava ou feijão-fava, destaca-se por sua capacidade de adaptação mais ampla em comparação com outras espécies do gênero (Vieira, 1992). Apresenta ampla diversidade genética, elevado potencial de produção (Snak; Salinas, 2023) e possui grande importância econômica, sendo fonte de renda significativa para muitos agricultores.

Figura 1 - Flores de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) observadas nas linhagens F_{6:8}, com cores: (a) lilás, (b) amarela, (c) branca.



Fonte: Silva (2023).

As sementes do feijão-fava apresentam ampla diversidade, tanto para coloração, variando de branco, verde, cinza, amarelo, marrom, róseo, vermelho, púrpuro, preto ou manchado e sarapintado; quanto para formato, que pode ser romboide, redonda ou reniforme, com tamanho variando entre 5-10 mm e vagens com duas a quatro sementes (Beyra; Artiles, 2004; Lopes *et al.*, 2010).

Em relação ao modo de reprodução, o feijão-fava é uma autógama com um sistema misto de reprodução. Zoro Bi *et al.* (2005) relataram variações nas taxas de cruzamentos na espécie entre 2% e 10% em variedades silvestres de feijão-fava. Penha *et al.* (2016) encontram taxa de 38,1% em variedades crioulas. Alguns fatores podem ser atribuídos para alta taxa de fecundação, como, as condições climáticas favoráveis, além da facilidade de visitação por insetos polinizadores.

2.2 Importância Socioeconômica

P. lunatus é uma espécie amplamente cultivada na maioria dos países da América, por sistemas de agricultura tradicionais e principalmente para o autoconsumo (Lopes *et al.*, 2010). Em alguns países como os Estados Unidos, a cultura apresenta importância comercial, visto que o mesmo já cultiva em grande escala.

No Brasil, principalmente na região Nordeste, o feijão-fava se apresenta como importante fonte de proteína, e em alguns locais, a principal. Além disso, se caracteriza como importante fonte de renda para os pequenos agricultores, apesar

da maior parte da produção ser para fins de consumo próprio (Martínez-Castillo; Peralta, 2023).

O cultivo do feijão-fava é sob regime de sequeiro, e se concentra em áreas de agricultores familiares, sem a utilização de insumos modernos, os quais utilizam variedades crioulas de crescimento indeterminado, geralmente em consórcio com outras culturas, sendo o tutor mais utilizado o milho, ou fazem uso de cercas (Silva *et al.*, 2017).

Há interesse em estudar as variedades tradicionais, tanto de feijão-fava quanto de outras espécies, devido ao fato de serem preservadas por meio de técnicas empíricas de cunho sociocultural para o resgate, conservação e dispersão da cultura, cujas práticas são passadas de geração em geração (Jesus *et al.*, 2022).

O feijão-fava é considerado uma pulse, fazendo parte das leguminosas de grãos secos comestíveis, e é valorizado por seu elevado valor proteico e uso diversificado, inclusive na forma de doce. Um dos desafios para sua expansão como pulse no Brasil está relacionado ao desconhecimento dos produtores sobre o potencial desses grãos, seja para venda no mercado interno, para exportação, ou para novas formas de aplicação (IBRAFE, 2023).

Na Indonésia, estudos indicam que a farinha de feijão-fava possui um potencial significativo para aumentar o valor nutricional dos alimentos à base de cereais. A farinha apresenta concentração de 10,36 mg/g de ácido fítico, teor menor de fenólicos (0,63 mg/g) e baixa concentração de ácido cianídrico (HCN) (8,83 mg/kg), além de conter aminoácidos essenciais e proteínas (Palupi *et al.*, 2021). No Brasil, o feijão-fava é utilizado para consumo na forma de grãos secos e verdes.

No ano de 2022 o Brasil produziu cerca de 12.061 toneladas, em uma área plantada de 35.609 ha, sendo o estado do Ceará o maior produtor, com produção de 4.362 toneladas em uma área colhida de 15.858 ha; seguido pelos estados da Paraíba, com produção de 3.885 toneladas e área colhida de produção 9.711 ha; Pernambuco, com 1.462 toneladas com área colhida de produção 4.457 há; e Piauí, com 696 toneladas em área colhida de 2.019 ha. A cidade mais produtora foi Várzea Grande – PI, com produção de 696 toneladas, em área de 2.019 ha (IBGE, 2022).

O estado do Rio Grande do Norte produziu 809 toneladas, com 2.033 ha de área colhida; Alagoas com produção de 488 toneladas em uma área de 528 ha; Maranhão com produção de 279 toneladas em área de 886 ha; Tocantins com produção de 30 toneladas em área de 55 ha; Sergipe com produção de 30 toneladas

em área de 54 ha; e Rio Grande do Sul com produção de 20 toneladas em área de 8 ha (IBGE, 2022).

2.5 Padrão de Qualidade e Tecnológica dos Grãos

A utilização de sementes com alta qualidade é um fator de relevância, já que nessas estão contidas as inovações e avanços tecnológicos, e isso agrega valor ao produto transferido para cadeia de produção, representando acentuados ganhos econômicos ao setor agrícola (Brasil, 2011).

Para se obter maior benefício no processo de preparação das sementes para comercialização, é necessário o conhecimento sobre as características morfológicas que estão relacionadas com qualidade dos grãos, que é importante requisito para a comercialização e o processamento, podendo afetar diretamente o valor do produto (Francisco *et al.*, 2020; Costa *et al.*, 2021; Jacinto-Junior *et al.*, 2023).

Na cultura do feijão comum, para atender os requisitos de toda a cadeia produtiva, os programas de melhoramento buscam cultivares com elevado potencial produtivo, que apresentem bom rendimento de peneira, resistência a pragas e doenças, tolerância a fatores abióticos, estabilidade produtiva, e qualidade tecnológica, como reduzido tempo de cozimento e tolerância ao escurecimento dos grãos (Carbonell *et al.*, 2010; Peña-Valdivia *et al.*, 2011; Chiorato *et al.*, 2015).

A velocidade de escurecimento dos grãos durante o armazenamento também afeta a aceitação de uma nova cultivar pelos produtores, uma vez que os consumidores associam grãos escuros a grãos velhos, com má qualidade de cozimento, reduzindo seu valor comercial (Siqueira *et al.*, 2016). A qualidade tecnológica do feijão comum compreende o tamanho, o formato, a cor, a absorção de água antes do cozimento e o tempo de cozimento.

Para Carbonell *et al.* (2010) e Kläsener *et al.* (2022), os programas de melhoramento genético de feijoeiros têm sido requeridos pelos produtores, não somente por cultivares com alta produtividade e resistência a pragas e doenças; mas também com características que possam demonstrar sua qualidade tecnológica por meio de plantas com porte ereto e seleção de grãos graúdos (em peneiras acima de 12 mm), com coloração mais clara. Para os autores, esse diferencial é responsável por promover maior aceitação do produto no mercado.

Na cultura do feijão-caupi, os seus grãos são utilizados para vários fins e em diferentes sistemas de produção, podendo ser comercializado como grão seco, grão imaturo ou para obtenção de farinha destinada ao uso em culinária local. O consumo dos grãos imaturos ou verdes, como são mais conhecidos, apresentam mercado em potencial, devido à preferência do consumidor, acarretando a possibilidades de processamento desses grãos (Gomes *et al.*, 2021). Os programas de melhoramento visam obter, além da composição química ideal dos grãos, a qualidade nutricional, com altas concentrações de macronutrientes, vitaminas e minerais.

No entanto, a composição química e as propriedades nutricionais variam de acordo com a cultivar. Em feijão-caupi, há certa dificuldade em manter a qualidade dos grãos, visto que na armazenagem, depois de um período de dois meses os grãos ganham cor escura e demoram mais para cozinhar (Gomes *et al.*, 2012).

Trabalhos que abordem padrão de qualidade tecnológica em feijão-fava são escassos. Um dos poucos foi o realizado por Jacinto-Junior *et al.* (2023), que envolveu avaliação colorimétrica e biométricas de sementes de 17 variedades crioulas em Fortaleza - CE, no qual determinaram a cor do tegumento (0°vermelha, 90° amarelo, 180° verde, 270° azul e 360° negro), valor que corresponde à luminosidade (brilho, claridade ou reflectância); e croma, que se refere à saturação ou intensidade da cor; e índice de volume das sementes.

2.6 Melhoramento Genético do Feijão-Fava

Em alguns países, a importância socioeconômica do feijão-fava é notória, alcançando altos níveis comerciais, o que tem estimulado o desenvolvimento de programas de melhoramento genético. Um exemplo é os Estados Unidos da América, onde grandes produtores de feijão-fava utilizam cultivares adaptadas às condições climáticas locais. O estado de Delaware é o maior cultivador desta leguminosa, principalmente na forma de grãos verdes e enlatados (University of Delaware, 2023). Outras regiões produtoras de feijão-fava incluem o noroeste do Pacífico, o estado de Nova York e a Califórnia. De acordo com o Serviço de Estatística Agrícola Nacional (National Agricultural Statistics Service), os Estados Unidos reportaram produção média de aproximadamente 12.800 toneladas em 2022 (USDA, 2022).

As Universidades da Califórnia, em Davis e de Delaware, em Newark, localizadas nos Estados Unidos, desenvolvem pesquisas voltadas para a resistência a patógenos em feijão-fava. A Universidade da Califórnia lançou várias cultivares desta cultura, como a UC 92, de hábito de crescimento determinado; a UC Beija-flor, de sementes pequenas; e a UC Haskell, de hábito de crescimento indeterminado e boa produtividade (University of California, 2023; University of Delaware, 2023).

Programas de melhoramento foram iniciados em países da América Latina, tais como: no Brasil (Universidade Federal do Piauí), na Colômbia (Universidade dos Andes), no Equador (Universidade Técnica de Manabí), no México (Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias -INIFAP), no Peru (Universidade Nacional de San Luiz Gonzaga), entre outros. O Peru, por exemplo, já exporta duas variedades de feijão-fava (variedade Pallar de Ica), do grupo cultural Big Lima, e a variedade Baby Sieva, do grupo cultural Sieva, que é exportada da região de Lambayaque (Peru) (Martínez-Castillo; Peralta, 2023).

No Brasil não existem cultivares de feijão-fava. O cultivo é realizado com variedades crioulas de crescimento indeterminado, sob regime de sequeiro, principalmente por pequenos agricultores (Silva *et al.*, 2017). Assim, visando a obtenção de cultivares no país, o Programa de Melhoramento de Feijão-fava da Universidade Federal do Piauí (UFPI), no Campus Ministro Petrônio Portela, em Teresina, é precursor e se destaca em pesquisas realizadas com a cultura.

Em 2002, foi implantado o Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI (BGP-UFPI), por intermédio de prospecção e coleta de variedades crioulas em comunidades rurais, feiras e mercados, que resultou na incorporação de acessos provenientes dos estados do Piauí, Maranhão, Ceará, Paraíba, Pernambuco e Bahia (Lopes; Gomes; Araújo, 2010).

Atualmente, o BGP-UFPI possui 1439 acessos provenientes de vários estados do Brasil e de países, como: Argentina, Azerbaijão, Costa Rica, Colômbia, China, Estados Unidos, Equador, El Salvador, Guatemala, Hungria, Honduras, México, Nigéria, Peru e República Dominicana, com genótipos silvestres, variedades crioulas e linhagens em gerações iniciais e avançadas. É rico em diversidade genética, como comprovado em estudos realizados por (Silva *et al.*, 2011; Assunção Filho *et al.*, 2012; Silva *et al.*, 2015; Penha *et al.*, 2016; Silva *et al.*, 2017; Gonçalves *et al.*, 2019; Brito *et al.*, 2020; Assunção Filho *et al.*, 2022).

No Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas da UFPI, que abriga o BGP-UFPI, são realizadas atividades de caracterização morfoagronômica, pré-melhoramento e melhoramento. As pesquisas voltadas para o melhoramento genético da cultura iniciaram-se em 2015, com a seleção de acessos de diferentes procedências, como: Argentina, Brasil, Estados Unidos e México, com base em caracteres de interesse (ciclo, hábito de crescimento, porte), que foram utilizados em cruzamentos biparentais no Laboratório de Evolução, Domesticação e Biodiversidade de Colheitas da Universidade da Califórnia, em Davis, nos Estados Unidos.

Após a realização dos cruzamentos as sementes F_1 foram confirmadas com marcador molecular microssatélite e marcadores morfológicos, como cor do hipocótilo, hábito de crescimento, pigmentação do caule principal (presença ou ausência de antocianina), cor da flor, cor da semente e padrão do tegumento da semente. As sementes confirmadas como cruzamento foram transferidas para o Brasil.

As populações segregantes foram avançadas pelo método Bulk modificado, sendo retiradas amostras proporcionais à produção de cada planta, que posteriormente foram misturadas para constituir a geração. Em F_6 , quando o Bulk foi aberto, realizou-se a seleção de plantas individuais para estabelecimento das linhagens. A geração $F_{6:7}$ foi plantada em Tianguá - CE, no segundo semestre de 2022, para multiplicação das sementes. A geração $F_{6:8}$ foi avaliada em Teresina – PI e Tianguá - CE, em 2023. Em 2024, as linhagens na geração $F_{6:9}$ foram avaliadas em Tanque do Piauí, Teresina e Várzea Grande, no Piauí.

2.7 Estimativa dos Parâmetros Genéticos

Para um programa de melhoramento genético bem-sucedido, necessário se faz obter informações sobre a estrutura e a variabilidade genética da população em estudo, e qual parte da variabilidade fenotípica é herdável. O controle genético do caráter é obtido por meio das estimativas dos parâmetros genéticos (Cruz *et al.*, 2004; Ramalho *et al.*, 2012), com base nos componentes de média e variância da população.

Para Santos *et al.* (2018), a estimativa de parâmetros genéticos possibilita conhecer a estrutura genética das populações para fins de seleção. Duarte (2020), afirma que estimativas como, variância genotípica, coeficiente de variação e herdabilidade retratam a proporção da variação fenotípica estabelecida pela variação genotípica de um determinado carácter. Este último é um parâmetro chave que deve ser estimado pelos melhoristas, pois, os valores estimados direcionam a seleção.

A herdabilidade alta ligada a efeitos aditivos pode indicar a possibilidade de sucesso por meio da seleção de genótipos superiores (Alves, 2020). A herdabilidade no sentido amplo pode ser conceituada como a proporção da variância genotípica que está presente na variância fenotípica. Já a herdabilidade no sentido restrito é a proporção entre a variância genética aditiva e a variância fenotípica (Ramalho *et al.*, 2012; Baldissera *et al.*, 2014).

O coeficiente de herdabilidade pode variar de zero a um. Quando a herdabilidade é igual a um, são as diferenças genéticas que explicam as diferenças fenotípicas entre os indivíduos, e quando é igual a zero, a variabilidade do carácter não tem base genética (Baldissera *et al.*, 2014, Borém, 2021). Os valores de herdabilidade podem ser usados como referências para estimar o ganho com seleção.

Os programas de melhoramento buscam selecionar genótipos com caracteres desejáveis para desenvolver cultivares superiores às existentes no mercado. Contudo, grande parte dos caracteres de interesse está relacionada à herança quantitativa, que é controlada por muitos genes (Nogueira *et al.*, 2012).

Um grande desafio encontrado entre os melhoristas é a seleção simultânea de vários caracteres, devido à existência de correlações entre eles, que podem ter uma correlação benéfica ou não aos objetivos do melhoramento (Ramalho *et al.*, 2012).

A correlação é um parâmetro estatístico que mede a intensidade de associação linear entre duas variáveis, ou uma medida do grau de variação conjunta, podendo ser positiva ou negativa. O entendimento das correlações entre caracteres é de grande interesse para os programas de melhoramento genético, uma vez que permite ao melhorista o conhecimento das modificações que ocorrem em um carácter quando se realiza a seleção em outro carácter a ele correlacionado

(Ramalho *et al.*, 2012), possibilitando a seleção indireta. As correlações entre os caracteres podem ser: fenotípicas, genotípicas e ambientais.

Na interpretação das correlações, leva-se em consideração a sua magnitude, sinal, e a significância. Os coeficientes de correlação são adimensionais, não sendo maior que uma unidade, variando entre -1 e 1, sendo o valor zero indicação de total ausência de relação linear. As correlações positivas indicam que os caracteres variam na mesma direção, e quando são negativas, refletem caracteres inversamente correlacionados (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012).

Em estudos realizados com o feijão-fava, Assunção Filho *et al.* (2022) encontram correlações positivas entre ciclo e componentes de produção em variedade crioulas. Costa *et al.* (2022), ao avaliarem seis populações nas gerações F₃ e F₄, também encontraram correlação positiva entre o ciclo e a produção de grãos. Essas correlações, que foram de alta magnitude, permitem ao melhorista realizar seleção eficiente para ciclo e componentes de produção.

2.9 Índice de Seleção

A seleção é uma ferramenta de fundamental importância no melhoramento, para identificação de genótipos superiores (Martins *et al.*, 2006). Contudo, quando baseada em uma, ou poucas características, tem se mostrado ineficiente, por conduzir a um material genético superior em relação aos caracteres selecionados, mas com desempenho não tão favorável em relação aos vários outros caracteres não considerados (Cruz *et al.*, 2012). Nesse contexto, é necessário que o material selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos que satisfaça as exigências do produtor e consumidor.

Uma maneira de aumentar a chance de sucesso de um programa de melhoramento é por intermédio da seleção simultânea de um conjunto de caracteres com importância econômica (Cruz *et al.*, 2012), que pode ser realizada utilizando-se metodologias disponíveis, tais como os métodos: de Tandem, dos níveis independentes de eliminação e do índice de seleção (Bernardo, 2010).

Ao trabalhar com múltiplos caracteres, é preciso definir a metodologia de seleção mais adequada, objetivando desenvolver cultivares que reúnam caracteres

favoráveis quanto ao potencial de produção, arquitetura de plantas, aspecto comercial de grãos e aspectos tecnológicos.

O método em “Tandem” consiste na seleção de um caráter por vez, esperando obter ganho em todos, em decorrência das correlações existentes. Já o método dos níveis independentes de eliminação delimita mínimos ou máximos para cada carácter e seleciona aqueles que fiquem na faixa determinada para todos os demais. Índices de seleção são combinações lineares, que permitem a seleção de vários caracteres simultaneamente, e têm demonstrado maior eficiência que o método dos níveis independentes de seleção, este que por sua vez é superior ao método da seleção em Tandem (Cruz *et al.*, 2012).

Existem diversos índices de seleção disponíveis para os melhoristas e pesquisadores, entre os quais, tem-se como principais: índice Clássico de Smith e Hazel (1936,1943); índice com base nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969); índice-base de Williams (1962); índice com base em soma Rank’s de Mulamba e Mock (1978), índice “livre de pesos” e “livre de parâmetros” (Elston, 1963), índice genótipo-ideótipo (Carvalho *et al.*, 2002). Tais índices podem ser divididos em dois grupos, os paramétricos e os não-paramétricos.

Nos índices de seleção paramétricos há a necessidade de estimação dos parâmetros, variâncias, covariâncias genéticas e fenotípicas, além de pesos econômicos atribuídos aos vários caracteres bem definidos em estudo, entre eles encontram-se: índices de Pesek e Baker (1969) e índice-base de Williams (1962). No grupo dos índices não-paramétricos, não há necessidade de se estimar os parâmetros requeridos no grupo anterior, sendo os principais: índice com base em soma Rank’s de Mulamba e Mock (1978), índice “livre de pesos” e “livre de parâmetros” (Elston, 1963), índice genótipo-ideótipo (Carvalho *et al.*, 2002). Estes índices podem ser utilizados tanto em fases iniciais de programas de melhoramento como em fases finais.

Os índices apresentam vantagem de incluir pesos econômicos para cada carácter individualmente, permitindo a possibilidade de ganhos maiores naqueles caracteres de maior importância para o melhorista. Carias *et al.* (2017) selecionaram linhagens de feijão-comum com base em dois índices de seleção. Damas *et al.* (2023) trabalharam com 13 acessos de feijão-fava da UFPI e selecionaram genótipos superiores com base no índice de seleção de Mulamba e Mock (1978), mostrando eficiência na seleção de genótipos em potencial.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material biológico e condução experimental

Os genitores de feijão-fava utilizados nos cruzamentos biparentais foram procedentes da Argentina, Brasil e Estados Unidos (Tabelas 1 e 2). Tais cruzamentos foram avançados pelo método Bulk modificado até F_6 , quando plantas individuais foram selecionadas para obtenção de linhagens, avaliadas na geração $F_{6:8}$ (Tabela 3 e Figura 2) em Tianguá – CE e Teresina - PI (Figura 3).

Tabela 1 - Genótipos de feijão-fava utilizados nos cruzamentos biparentais, procedência e instituição detentora

Genitores	Procedência	Instituição detentora	Cor da semente
G25236	Buenos Aires, Argentina	CIAT ⁽¹⁾	Branca
BGP-UFPI 628	Piauí, Brasil	BGP-UFPI ⁽²⁾	Bicolor
BGP-UFPI 726	Piauí, Brasil	BGP-UFPI ⁽²⁾	Bicolor
UC HASKELL	Califórnia, Estados Unidos da América	UC Davis ⁽³⁾	Branca
UC 92	Califórnia, Estados Unidos da América	UC Davis ⁽³⁾	Branca

(1) Centro Internacional de Agricultura Tropical, Colômbia. (2) Universidade Federal do Piauí, Brasil.

(3) Universidade da Califórnia, Davis, Estados Unidos.

Tabela 2 - Relação das populações de feijão-fava e os respectivos genitores, de hábito de crescimento determinado, que originaram as linhagens avaliadas

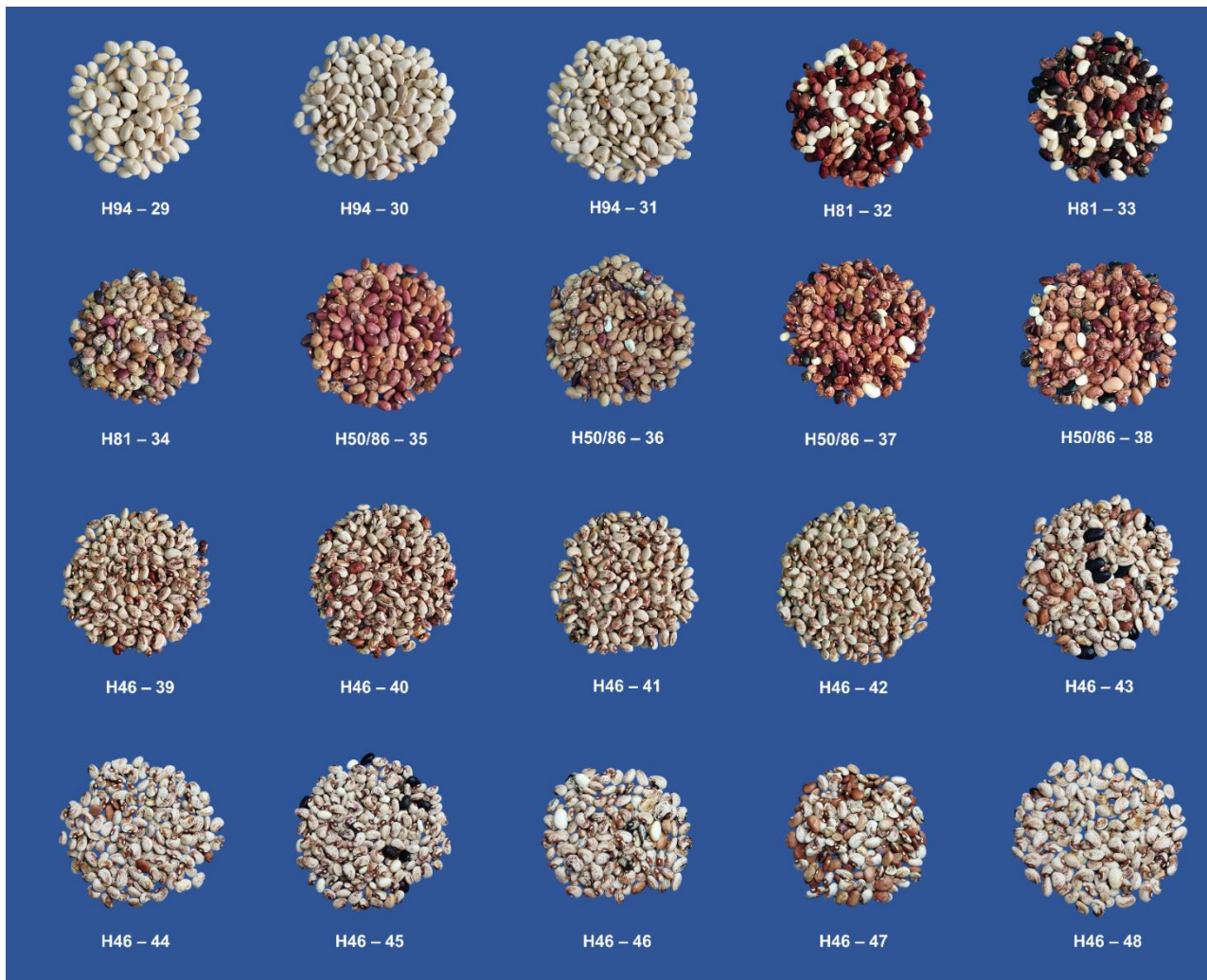
População	Parental feminino	Parental masculino	Hábito de crescimento
H25	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H46	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H50	BGP-UFPI 628	BGP-UFPI 728	Determinado
H81	UC 92	BGP-UFPI 628	Determinado
H86	BGP-UFPI 728	BGP-UFPI 628	Determinado
H94	UC 92	BGP-UFPI 728	Determinado

Tabela 3 - Relação das 40 linhagens F_{6:8} de feijão-fava, avaliadas em Tianguá – CE e Teresina – PI, em 2023, e seus respectivos genitores

Linhagens	Parental feminino	Parental masculino	Hábito de crescimento
H94-29	UC 92	BGP-UFPI 728	Determinado
H94-30	UC 92	BGP-UFPI 728	Determinado
H94-31	UC 92	BGP-UFPI 728	Determinado
H81-32	UC 92	BGP-UFPI 628	Determinado
H81-33	UC 92	BGP-UFPI 628	Determinado
H81-34	UC 92	BGP-UFPI 628	Determinado
H50/86-35	BGP-UFPI 628	BGP-UFPI 728	Determinado
H50/86-36	BGP-UFPI 628	BGP-UFPI 728	Determinado
H50/86-37	BGP-UFPI 628	BGP-UFPI 728	Determinado
H50/86-38	BGP-UFPI 628	BGP-UFPI 728	Determinado
H46-39	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-40	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-41	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-42	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-43	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-44	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-45	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-46	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-47	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-48	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-49	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-50	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-51	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H46-52	BGP-UFPI 728	UC HASKELL	Determinado
H25-53	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-54	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-55	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-56	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-57	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-58	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-59	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-60	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-61	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-62	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-63	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-64	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-65	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-66	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-67	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado
H25-68	BGP-UFPI 628	G25236	Determinado

Figura 2 – Padrão de sementes das 40 linhagens de feijão-fava da geração $F_{6:8}$, avaliadas em Teresina – PI, em 2023

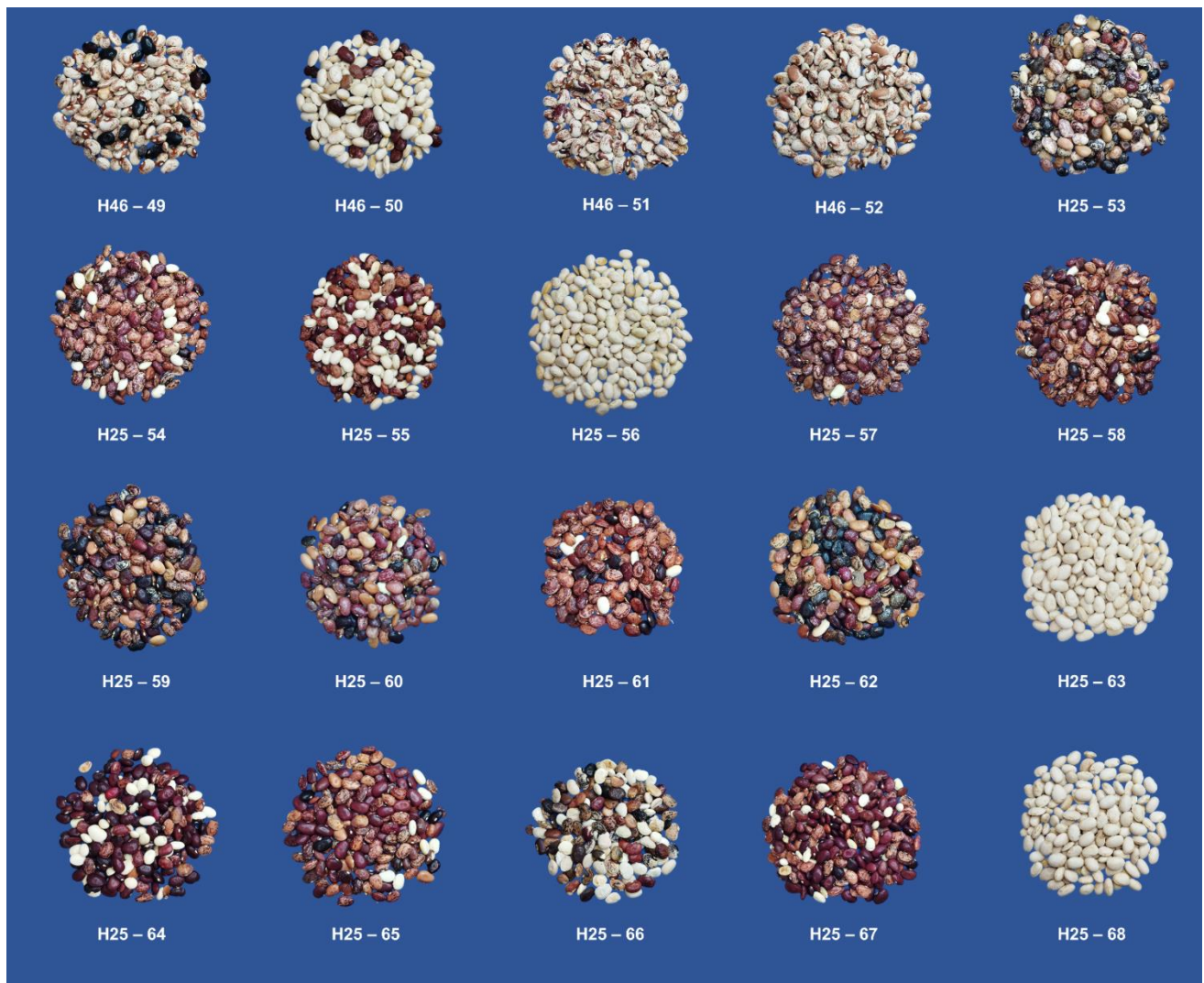
(continua)



Fonte: Ferreira, 2022.

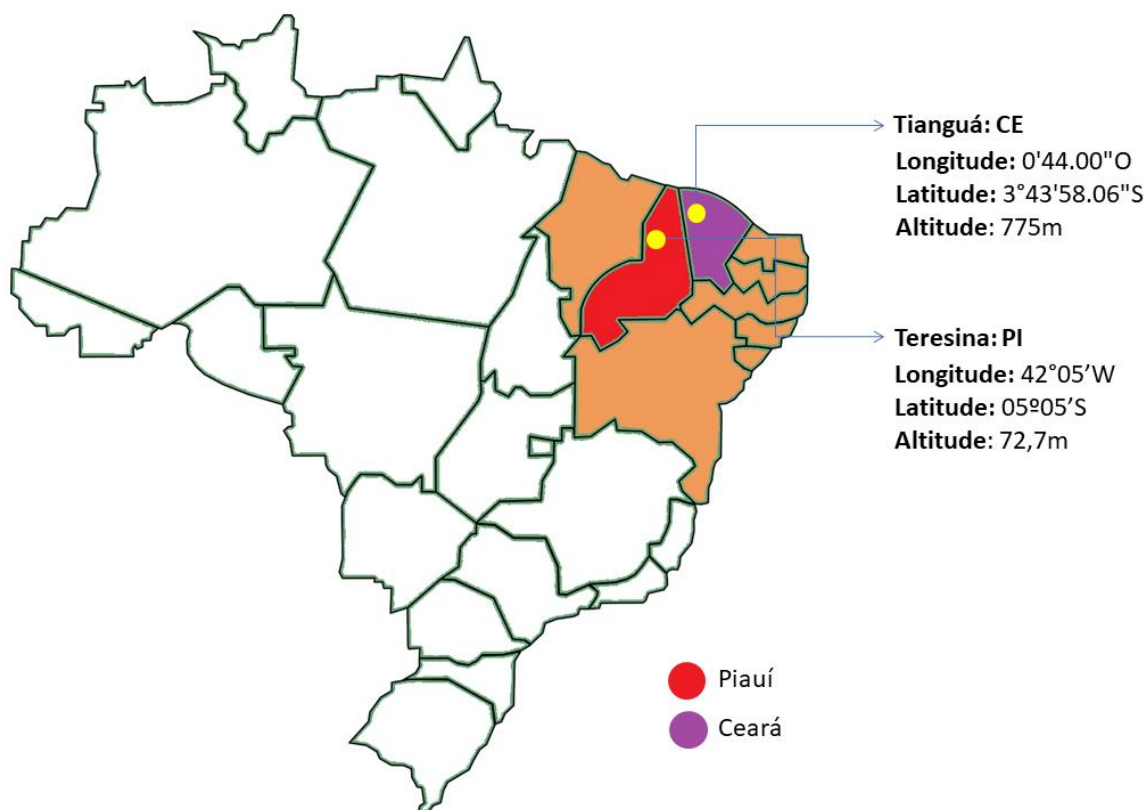
Figura 2 – Padrão de sementes das 40 linhagens de feijão-fava da geração $F_{6:8}$, avaliadas em Teresina – PI, em 2023

(conclusão)



Fonte: Ferreira, 2022.

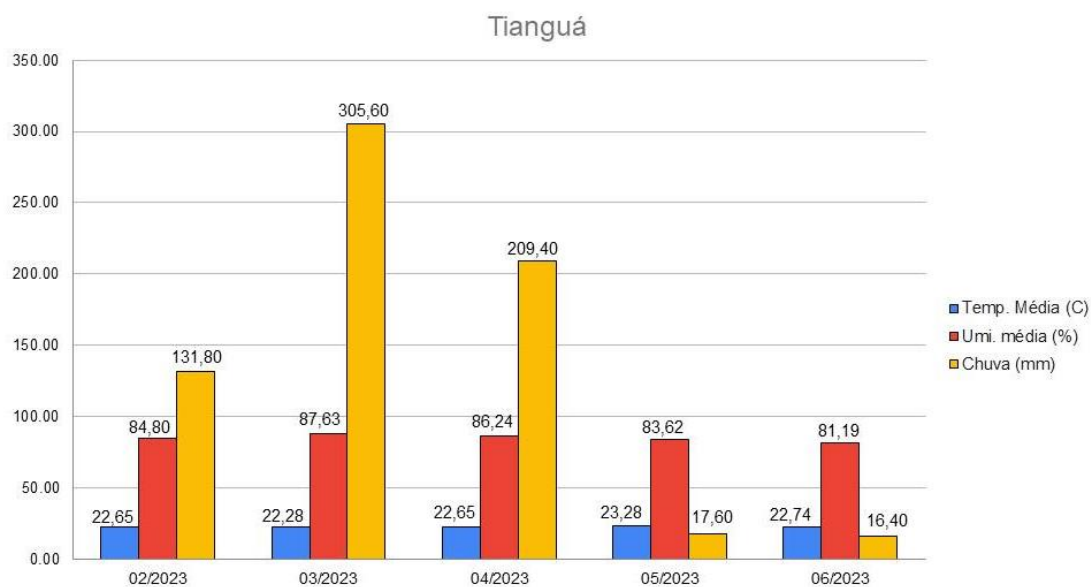
Figura 3 – Localização dos municípios de Tianguá – CE e Teresina – PI, nos quais foram avaliadas as linhagens de feijão-fava, em 2023



Fonte: Elaborado pela autora (2024).

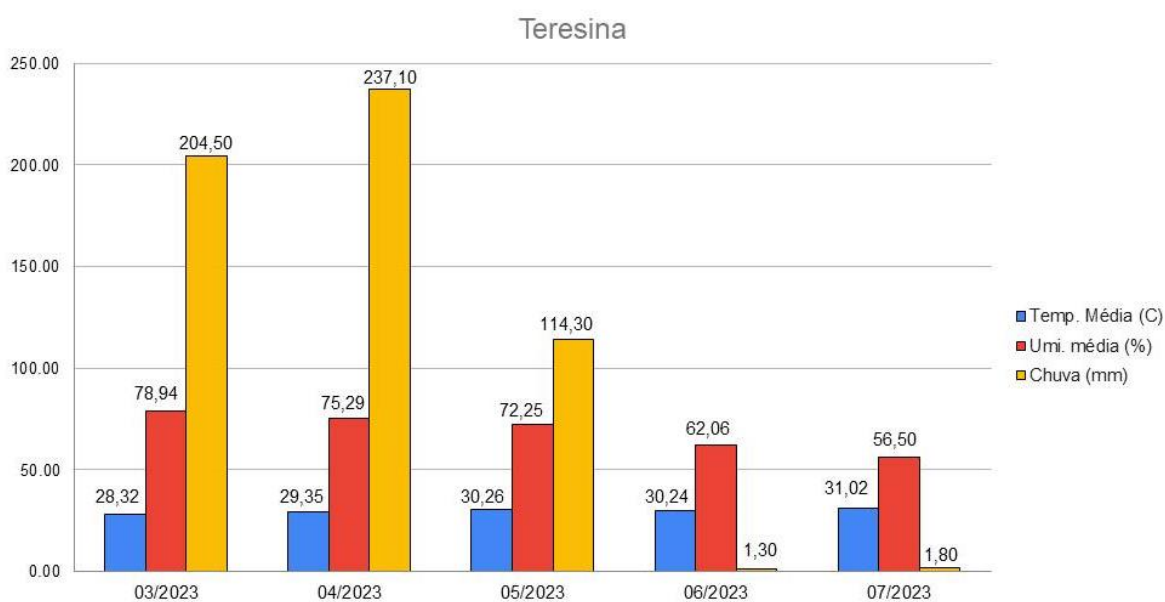
Em Tianguá – CE, cujos elementos climáticos constam no Gráfico 1, as 34 linhagens foram avaliadas no período de fevereiro a junho de 2023, na área do Instituto Federal de Educação do Ceará – Campus Tianguá (Figuras 4 e 6). Em Teresina – PI, cujos elementos climáticos estão apresentados no Gráfico 2, a avaliação das 40 linhagens foi realizada no período de março a julho de 2023, na área do Departamento de Fitotecnia no Centro de Ciências Agrárias (Figuras 5, 7 e 8).

Gráfico 1 – Elementos climáticos (temperatura, umidade e precipitação pluviométrica) registrados no período de condução do experimento em Tianguá – CE, em 2023



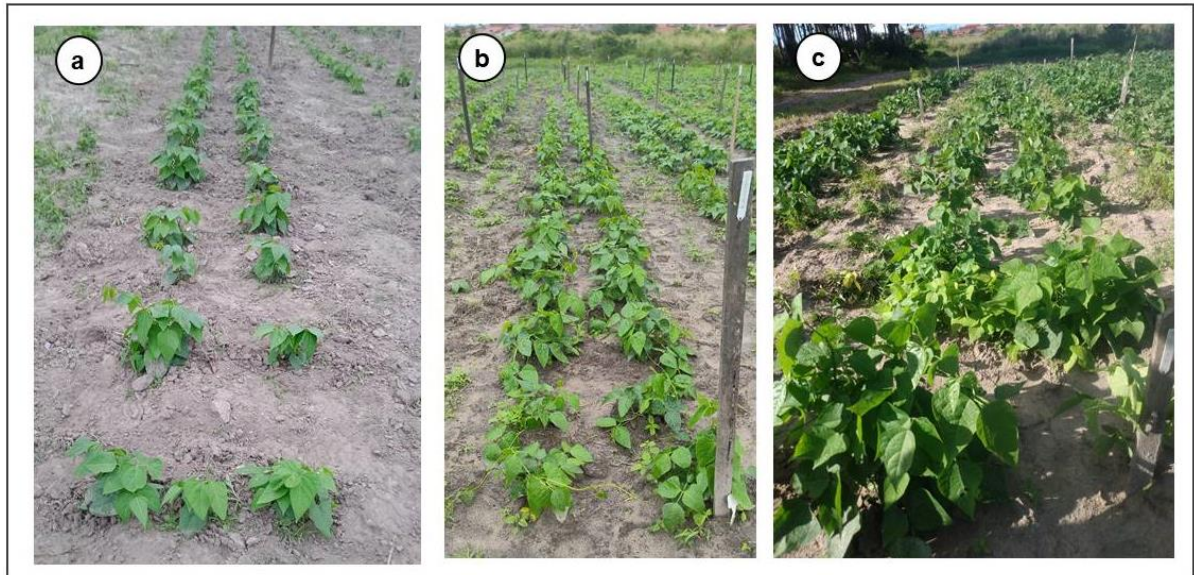
Fonte: INMET, 2023.

Gráfico 2 - Elementos climáticos (temperatura, umidade e precipitação pluviométrica) registrados no período de condução do experimento em Teresina – PI, em 2023



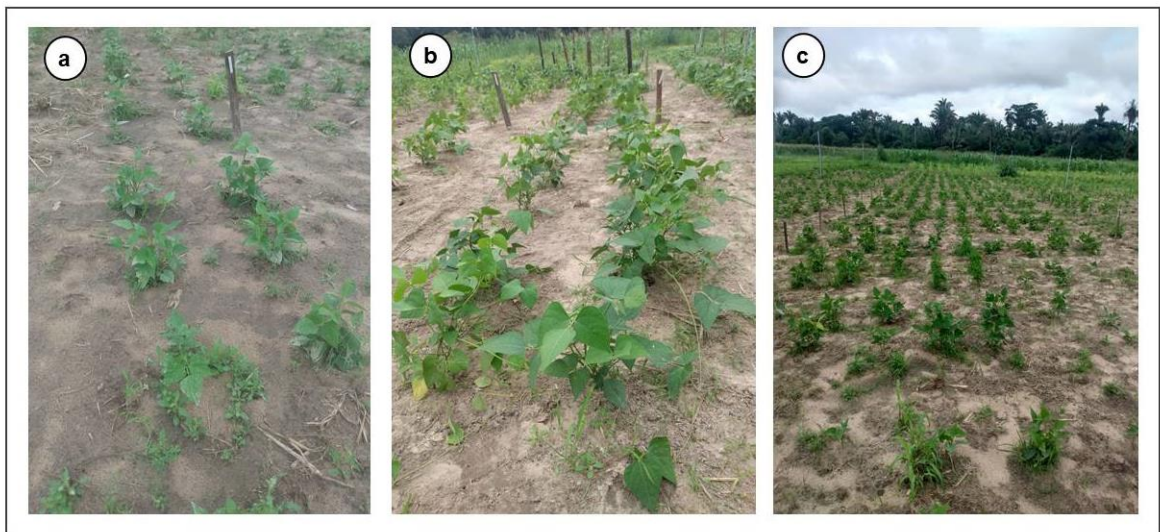
Fonte: INMET, 2023.

Figura 4 - Parcelas do experimento de avaliação das linhagens de feijão-fava conduzido em Tianguá - CE, em 2023



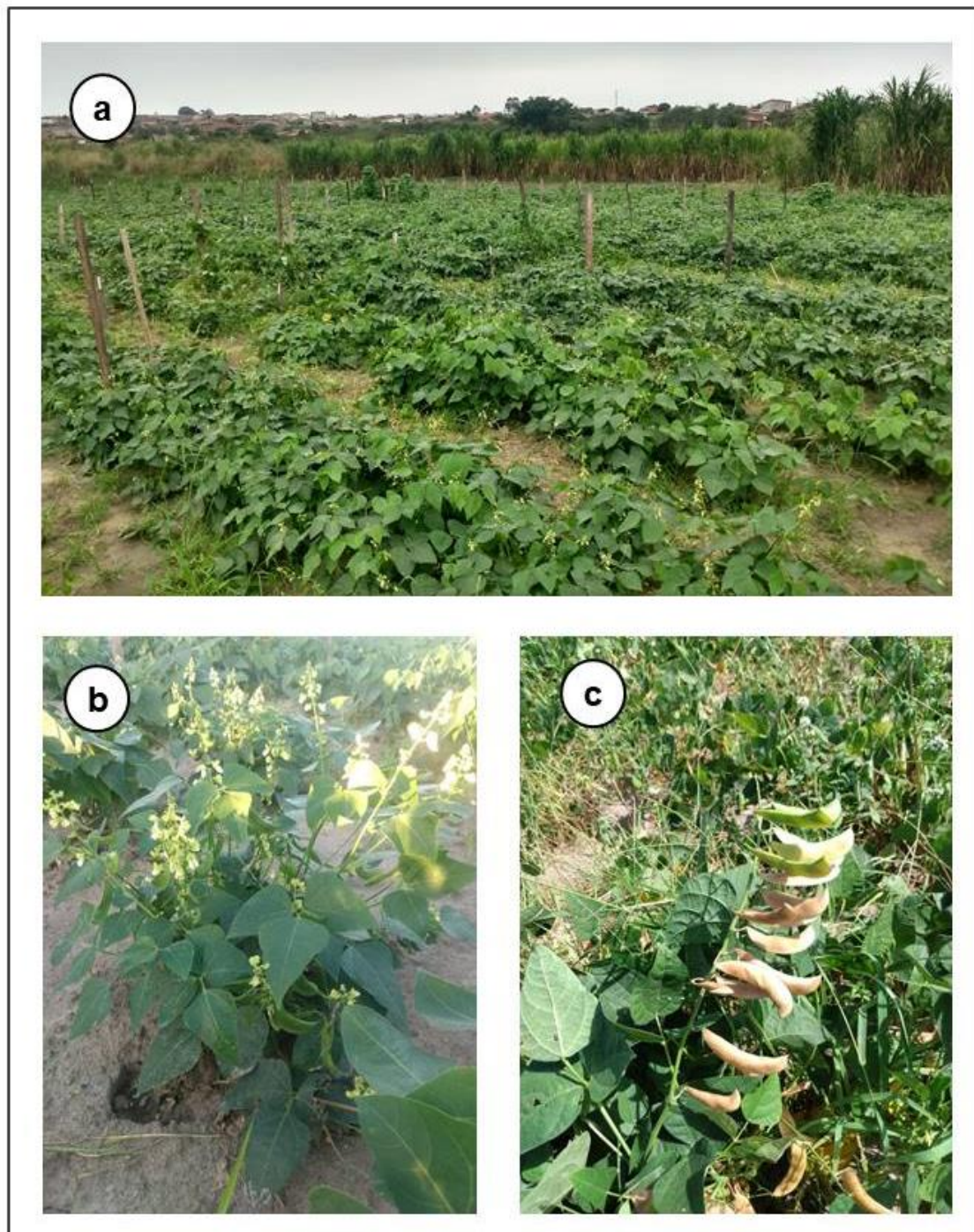
Fonte: Elaborado pela autora (2024).

Figura 5 - Parcelas do experimento de avaliação de linhagens do feijão-fava conduzido em Teresina-PI, em 2023



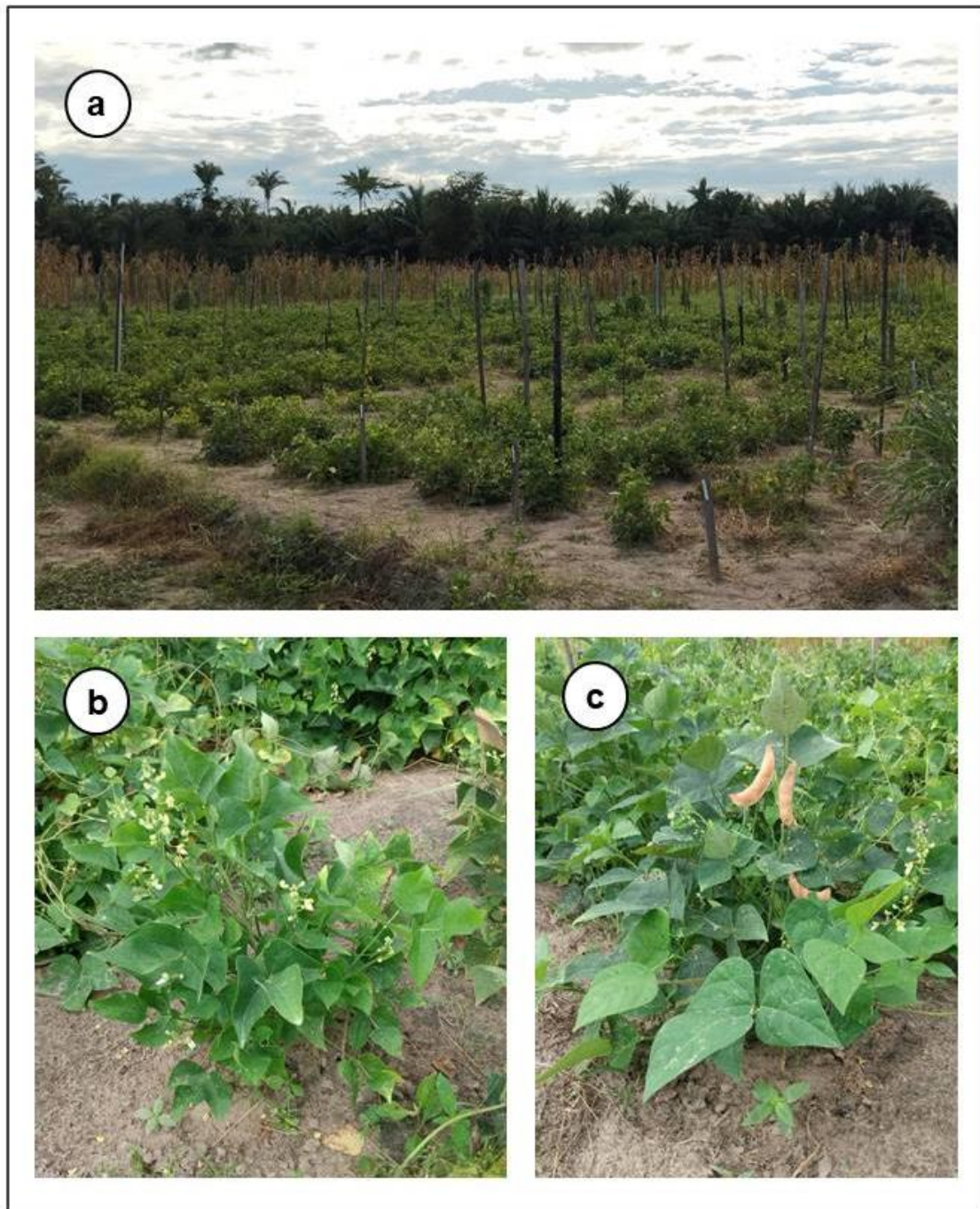
Fonte: Elaborado pela autora (2024).

Figura 6 – Avaliação das 34 linhagens $F_{6:8}$ de feijão-fava em Tianguá – CE, em 2023. (a) Campo experimental, (b) floração, (c) maturação



Fonte: Elaborado pela autora (2024).

Figura 7 - Experimento de avaliação das 40 linhagens $F_{6:8}$ de feijão-fava em Teresina - PI. (a) Campo experimental, (b) floração, (c) maturação



Fonte: Elaborado pela autora (2024).

Figura 8 - Vista aérea do experimento de avaliação das linhagens $F_{6:8}$ de feijão-fava em Teresina-PI, 2023. (a) Vista superior; (b) Vista lateral



Fonte: Sousa (2023).

O delineamento estatístico utilizado foi blocos casualizados, com três repetições, sendo a parcela útil composta por duas linhas de 5 m, com 10 plantas cada uma, no espaçamento de 0,5 m entre plantas e entre linhas.

No plantio, foram utilizadas duas sementes de feijão-fava por cova, tratadas previamente com fungicida. A adubação foi realizada com a formulação NPK (06, 24,12), de acordo com análise de solo e recomendações realizadas por Lopes *et al.* (2010). A área foi irrigada no período de diminuição de chuvas na região.

Durante o desenvolvimento das plantas, observou-se a incidência de pragas como: pulgão na inflorescência, vaquinha, nematoide e cochonilha; e doenças fúngicas e virais como: antracnose, mosaico, mela e podridão do colo nos dois ambientes, além da identificação da bactéria (*Ralstonia solanacearum*) no experimento realizado em Teresina-PI (Figura 9), que ainda não havia sido relatada na literatura para esta cultura. Foram realizadas aplicações de fungicida e inseticida sempre que necessário. Para o controle de plantas daninhas, durante o ciclo da cultura, foram realizadas capinas manuais.

Figura 9: Linhagens F_{6:8} de feijão-fava infectadas pela bactéria *Ralstonia solanacearum*. (a) Raiz infectada, (b) Severidade dos sintomas ocasionando a morte da planta



Fonte: Elaborado pela autora (2024).

Os caracteres quantitativos foram avaliados de acordo com os descritores para *P. lunatus* L. (IPGRI, 2007):

- I. Número de dias para o início da floração (NDIF) - período entre a emergência e a época em que 50% das plantas apresentaram flores;
- II. Número de dias para maturação (NDM) - compreendendo o período entre a emergência e a época que 50% das vagens estavam maduras;
- III. Altura de planta (ALT) - medida em cm, aferida desde a cicatriz cotiledonar até à extremidade da planta;
- IV. Número de vagens por planta (NV) - correspondeu à quantidade de vagens coletada em cada planta;
- V. Comprimento da vagem (CV) - em mm, aferido em 10 vagens maduras, tomadas ao acaso;
- VI. Largura da vagem (LV) - em mm, aferida em 10 vagens maduras, tomadas ao acaso;
- VII. Espessura da vagem (EV) - em mm, aferida em 10 vagens maduras, tomadas ao acaso;
- VIII. Número de grãos por vagem (NGV) - aferido em 10 vagens maduras, tomadas ao acaso;
- IX. Comprimento da semente (CS) - em mm, aferido em 10 sementes secas, tomadas ao acaso;
- X. Largura da semente (LS) - em mm, aferida em 10 sementes secas, tomadas ao acaso;
- XI. Espessura da semente (ES) - em mm, aferida em 10 sementes secas, tomadas ao acaso;
- XII. Massa de 100 sementes (M100S) - referiu-se à massa de cem sementes amostradas aleatoriamente, expresso em grama;
- XIII. Produtividade de grãos (PROD) – referiu-se à massa total de grãos na área útil da parcela em gramas.

Os caracteres comprimento da vagem, largura da vagem, espessura da vagem, comprimento da semente, largura da semente e espessura da semente foram mensurados com paquímetro digital; e massa de 100 sementes com balança eletrônica digital.

Como caracteres qualitativos foram avaliados:

- I. Cor de fundo da semente (CORF) - referindo-se à cor mais clara do tegumento – (1) verde, (2) branco, (3) cinzento, (4) amarelo, (5) cor de tijolo, (6) castanho-claro, (7) castanho, (8) rosa, (9) vermelho, (10) vermelho-escuro, (11) vermelho-púrpura, (12) preto;
- II. Cor padrão da semente (CORP) - incluindo o auréolo e em casos em que o padrão for bicolor, considera-se a cor mais clara - (0) ausente, (1) verde, (2) castanho claro ou laranja, (3) castanho-escuro, (4) vermelho, (5) vermelho-púrpura, (6) preto;
- III. Segunda cor padrão da semente (2CORP) - referindo-se a cor mais escura do padrão - (0) padrão com apenas uma cor/ausente, (1) vermelho-escuro, (2) vermelho-púrpura, (3) preto.

3.2 Análises estatístico-genéticas

Os dados referentes aos caracteres avaliados em cada ambiente foram submetidos às análises de variância (ANOVA) individuais, adotando-se o seguinte modelo estatístico (Cruz *et al.*, 2012):

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + e_{ij},$$

Em que,

Y_{ij} : observação obtida na parcela com i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito aleatório do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, g$);

B_j : efeito aleatório do j-ésimo bloco ($j = 1, 2, \dots, r$);

e_{ij} : erro experimental.

Em seguida, verificou-se a homogeneidade das variâncias dos erros experimentais via $F_{\text{máximo}}$, segundo o qual, para proceder com a análise conjunta, a razão entre o maior e o menor quadrado médio residual dos experimentos deve ser inferior a 7 (Pimentel-Gomes, 1990).

Os componentes de variância foram obtidos utilizando o método dos momentos da ANOVA (Tabela 4), como se segue:

Tabela 4 - Esquema de análise de variância para experimentos em blocos casualizados envolvendo g genótipos e b blocos

Fontes de variação	Graus de Liberdade	Soma de quadrados (SQ)	Quadrados médios (QM)	E (QM)	F
Blocos (r)	(r-1)	SQB	QMB	$\sigma_e^2 + g\sigma_b^2$	QMB/QME
Genótipos (g)	(g-1)	SQG	QMG	$\sigma_e^2 + r\sigma_g^2$	QMT/QME
Resíduos	(r-1)(g-1)	SQE	QME	σ_e^2	-----
Total	(rga-1)	SQTotal	-----	-----	-----

a) Estimativas das variâncias e parâmetros genéticos:

$$\sigma_g^2 - \text{Variância genética: } \frac{QMT - QMR}{r}$$

$$\sigma_f^2 - \text{Variância fenotípica: } \sigma_g^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}$$

$$\sigma_e^2 - \text{Variância ambiental: } \sigma_e^2 = QMR$$

$$h^2 - \text{Herdabilidade: } \frac{\sigma_g^2}{QMT/r}$$

$$CV_g - \text{Coeficiente de variação genotípico: } \frac{100\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{m}}$$

$$AG - \text{Avanço genético: } ih^2\sigma_f, \text{ sendo } i = \text{intensidade de seleção}$$

$$AGM - \text{Avanço genético em porcentagem da média: } \frac{GA}{\bar{m}} \times 100$$

b) Estimativa das correlações genéticas

A matriz de correlação genética foi estimada considerando os dados originais observados, para verificar as associações existentes entre as características de interesse agrônomo. Como segue:

$$rg_{x/y} = \frac{cov g(x, y)}{\sqrt{\sigma_{gx}^2 \cdot \sigma_{gy}^2}}$$

c) Índice de seleção

A classificação dos genótipos foi realizada com base no índice de soma de classificação Mulamba e Mock (1978), adotando-se a seguinte expressão:

$$I_{MMi} = \sum_{j=1}^m n_{ij}$$

Em que,

I_{MMi} - é o índice de soma de classificação; n_{ij} - é o número de classificação do genótipo i com relação ao caráter j . Foram utilizados os valores dos coeficientes de variação genética como pesos econômicos

As análises foram realizadas utilizando o programa computacional Genes (Cruz, 2016) e ambiente R (R Core Team, 2023).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na avaliação realizada em Tianguá – CE (Tabela 5), as linhagens de feijão-fava diferiram entre si quanto aos caracteres número de dias para início da floração, número de dias para maturação, altura de planta, comprimento de vagem, largura da vagem, espessura de vagem, número de vagem, espessura da semente, massa de 100 grãos e produção de grãos. Para número de grãos por vagem, comprimento da semente e largura da semente, não houve diferença significativa entre as linhagens avaliadas.

Na avaliação realizada em Teresina – PI (Tabela 6), as linhagens diferiram entre si para maioria dos caracteres avaliados, exceto para espessura da semente. Tais resultados são promissores no que se refere à seleção de linhagens com ciclo mais curto e mais produtivas.

Tabela 5 – Resumo da análise de variância dos caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), , número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), avaliados em 34 linhagens de feijão-fava na geração F_{6:8}, em Tianguá-CE, 2023

Fontes de variação	GL	Quadrados médios						
		NDIF (dia)	NDM (dia)	ALT (cm)	NV	CV (mm)	LV (mm)	EV (mm)
Bloco	2	169,68	12,74	197,46	1147380,00	21,92	4,76	0,42
Genótipo	33	195,85***	270,17***	207,91***	336304,00***	85,56*	5,83*	1,84*
Resíduo	66	21,41	93,22	50,85	119449,00	50,75	3,09	1,09
Média		35,22	75,89	44,38	743,17	67,85	16,17	8,61
CV _e (%)		13,13	12,72	16,06	46,50	10,49	10,74	12,17

F.V	GL	Quadrados médios					
		NGV	CS (mm)	LS (mm)	ES (mm)	M100S (g)	PROD (k.h ⁻¹)
Bloco	2	0,11	3,14	1,69	0,23	14,68	1268585,00
Genótipo	33	0,22 ^{ns}	2,54 ^{ns}	0,98 ^{ns}	0,49*	85,80***	236135,00***
Resíduo	66	0,14	1,60	0,86	0,27	24,72	93808,00
Média		3,02	11,34	8,03	5,08	35,14	618,38
CV _e %		11,96	11,18	11,55	10,31	14,14	49,52

***, **, * = Significativo ao nível de 0,1%, 1% e 5% de probabilidade, ^{ns} = Não significativo.

Tabela 6 – Resumo da análise de variância dos caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), , número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), avaliados em 40 linhagens de feijão-fava na geração F_{6:8}, em Teresina-PI, 2023

F.V	GL	Quadrado Médio						
		NDIF (dia)	NDM (dia)	ALT (cm)	NV	CV (mm)	LV (mm)	EV (mm)
Bloco	2	74,85	579,26	64,93	152868,00	120,95	1,50	3,19
Genótipo	39	263,16***	534,69**	63,75***	86924,00***	21,85*	1,86***	4,69 ^{ns}
Resíduo	78	46,51	255,80	17,87	28642,00	13,84	0,60	3,65
Média		46,56	91,56	38,71	350,68	58,73	14,56	8,49
CV _e %		14,64	17,46	10,92	48,26	6,33	5,36	22,49

F.V	GL	Quadrado Médio					
		NGV	CS (mm)	LS (mm)	ES (mm)	M100S (g)	PROD (k.h ⁻¹)
Bloco	2	0,17	1,82	1,81	0,95	209,62	36428,00
Genótipo	39	0,12**	0,89***	0,43***	0,35**	48,15***	19696,00***
Resíduo	78	0,06	0,36	0,13	0,16	19,31	6439,00
Média		2,56	11,24	7,75	4,84	29,88	154,68
CV _e %		9,56	5,38	4,68	8,29	14,70	51,87

***, **, * = Significativo ao nível de 0,1%, 1% e 5% de probabilidade, ^{ns} = Não significativo.

Para o início da floração e início da maturação, em Tianguá-CE, as linhagens de feijão-fava apresentaram médias de 35 e 75 dias, respectivamente (Tabela 5). As médias para o número de dias para início da floração e o número de dias para início da maturação na avaliação realizada em Teresina-PI, foram de 46,56 e 91,56, respectivamente (Tabela 6).

Os referidos resultados indicam a possibilidade de selecionar linhagens mais precoces, o que é desejável, garantindo a colheita com menor risco devido à ocorrência de doenças e irregularidades pluviométricas. Tais caracteres são promissores frente às novas mudanças climáticas.

No trabalho realizado por Gomes *et al.* (2010), com acessos de feijão-fava de hábito de crescimento determinado, ocorreu variação de 48 a 57 dias para o início da floração, e de 57 a 101 dias para maturação, resultados diferentes ao observado no presente estudo, onde as linhagens apresentaram ciclo mais curto.

Segundo Silva *et al.* (2017), as linhagens precoces de feijão-fava diferenciam-se das variedades crioulas por apresentarem menor ciclo, sendo menos suscetíveis ao ataque de pragas e doenças, com menor custo de produção e apresentando bom desempenho na rotação de culturas. As variedades crioulas caracterizam-se por apresentar ciclos mais tardios, variando de 70 a 162 dias para o início da floração, e de 101 a 166 dias para o início da maturação (Silva *et al.*, 2015; Gonçalves *et al.*, 2019; Brito *et al.*, 2020; Assunção Filho *et al.*, 2022).

Em relação à altura da planta nos ambientes, as médias foram de 44,38 cm, em Teresina-PI e de 38,71 cm, em Tianguá-CE, o que caracteriza tamanho reduzido, com a possibilidade da presença de linhagens com hábito de crescimento determinado, que facilitam a colheita mecânica. Para a cultura do feijão-caupi, altura de planta é resultado dos processos de melhoramento aos quais foi submetido, levando à tendência da mecanização em todas as fases de cultivo (Júnior *et al.*, 2019).

Os caracteres número, comprimento, largura e espessura de vagem; e comprimento, largura e espessura da semente apresentaram médias de 743,17 vagens, 67,85 mm, 16,17 mm, 8,61 mm, 11,34 mm, 8,03 mm e 5,08 mm, respectivamente, para o ambiente Tianguá-CE. Na avaliação realizada em Teresina-PI, para os caracteres número, comprimento, largura e espessura da vagem; e comprimento, largura e espessura da semente, as médias obtidas foram de 350,68 vagens, 58,73 mm, 14,56 mm, 8,49 mm, 11,24 mm, 7,75 mm, 4,84 mm e 4,84 mm, respectivamente. Tais médias foram superiores às encontradas por Carvalho *et al.* (2022).

Quanto ao número de grãos por vagem, as linhagens apresentaram em média três grãos por vagem. De acordo com Guimarães *et al.* (2007), há pouca variação na quantidade de sementes nas vagens em feijão-fava, sendo de duas a quatro.

Os caracteres relacionados à semente são importantes para a comercialização do feijão-fava e a seleção visa atender o mercado consumidor (Carvalho *et al.*, 2022). Para a massa de 100 grãos e a produtividade de grãos, as linhagens de feijão-fava apresentaram médias de 35,14 g e 618,38 kg.ha⁻¹ (Tabela 5), em Tianguá-CE e no ambiente Teresina-PI (Tabela 6), foram de 29,88 g e 154,68 kg.ha⁻¹, respectivamente.

Tamanho da semente aliado à qualidade tecnológica são considerados caracteres importantes para comercialização do feijão fava. Gonçalves *et al.* (2019),

ao avaliarem acessos de feijão-fava, encontraram média de 540,40 ha^{-1} kg para produtividade de grãos, com variação de 62,82 $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ (BGP-UFPI 799) a 1.185,45 $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$ (BGP-UFPI 817).

Considerando o número de vagens por parcela (743,17 vagens) e a produtividade de grãos (618,38 $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$), as médias obtidas em Tianguá-CE foram superiores às de Teresina-PI (350,68 vagens e 154,68 $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$). Isso pode ser atribuído às diferenças climáticas da região, localização geográfica e incidência de doenças durante a condução dos experimentos. Tais resultados indicam que o município de Tianguá - CE é propício para o plantio do feijão-fava.

Em Delaware, na Califórnia, o fator que mais influencia a produtividade de grãos é a alta umidade na região, garantindo sucesso da produção de feijão-fava no Estado. As altas temperaturas diurnas e noturnas, a baixa umidade relativa e baixa umidade do solo afetam diretamente no desenvolvimento dos botões florais e desenvolvimento das vagens, afetando a produção (Cornell, 2023).

O coeficiente de variação ($\text{CV}_e\%$) estima a precisão experimental e orienta os pesquisadores sobre a validade dos resultados de suas pesquisas, sendo considerados de alta precisão os experimentos com baixos valores de $\text{CV}_e\%$. Segundo Pimental-Gomes (2009), o $\text{CV}_e\%$ é classificado como muito alto acima de 30%. Contudo, de acordo com Garcia (1989), a classificação proposta por Pimental-Gomes (2009) é muito abrangente por não levar em consideração as particularidades da espécie estudada e também por não fazer distinção entre a natureza das variáveis observadas.

Os coeficientes de variação ($\text{CV}_e\%$) obtidos apresentaram variações entre 10,49 e 49,52 para o ambiente Tianguá - CE. Para o ambiente Teresina, os valores obtidos para os $\text{CV}_e\%$ variaram entre 4,68 a 51,87. De acordo com a classificação de Pimentel-Gomes (2009), os $\text{CV}_e\%$ foram considerados baixos para maioria dos caracteres avaliados, com exceção do número de vagem por parcela e produtividade de grãos, com 46,50% e 49,52%, respectivamente (Tabela 5) e 48,26% e 51,87% (Tabela 6).

Os caracteres quantitativos, número de vagens e produtividade, são controlados por muitos genes e a expressão desses caracteres é fortemente influenciada por fatores ambientais como a maioria dos caracteres agrônômicos de importância econômica. Isso significa que o ambiente desempenha papel crucial na manifestação fenotípica dos mesmos.

No caso da cultura do feijão-fava, os coeficientes de variação experimental (CVe%) para número de vagens e produtividade dos grãos foram elevados, indicando que esses caracteres são particularmente sensíveis a mudanças nas condições ambientais. Os estudos realizados por Assunção-Neto et al. (2022 e Diniz (2022) mostram grande amplitude nos CVe% (31,9% e 67,14%), sugerindo que o número de vagem e produtividade do feijão-fava podem variar significativamente dependendo do ambiente de cultivo.

No Brasil, há carência de estudos de melhoramento com a espécie *P. lunatus* L. e, conseqüentemente, trabalhos que abordem parâmetros e ganhos genéticos em genótipos de feijão-fava. O trabalho realizado por Carvalho et al. (2022), avaliando cinco populações de feijão-fava de hábito de crescimento indeterminado, com estimativas de parâmetros genéticos e predições de valores genotípicos, é um dos poucos a abordar essa temática.

Considerando os parâmetros estimados (Tabelas 7 e 8), verifica-se que as estimativas da variância ambiental (σ^2_e) foram superiores às variâncias genéticas (σ^2_g) para maioria dos caracteres, com exceção do número de dias para início da floração e altura da planta, indicando baixa variabilidade genética entre as linhagens avaliadas. Resultados semelhantes foram observados por Carvalho et al. (2022).

No trabalho realizado por Rachman et al. (2018), com populações de feijão comum provenientes de cruzamentos biparentais, foram obtidas baixas estimativas de variância genética e herdabilidade para os caracteres comprimento e largura de vagem. Valores de baixa magnitude do coeficiente de variação genotípica são refletidos diretamente nas estimativas de herdabilidade.

Os componentes de variância são importantes parâmetros, pois possibilitam a obtenção de informações sobre o potencial genético do material avaliado e a compreensão do potencial genético das populações para direcionar o melhorista na seleção de genótipos superiores (Baldisserra et al., 2014; Rocha, 2018). As estimativas do coeficiente de herdabilidade (h^2) fornecem noção da eficiência da seleção (Poormina et al., 2023).

Tabela 7 - Estimativas de parâmetros genéticos para os caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), avaliados em 34 linhagens F_{6:8} de feijão-fava, em Tianguá-CE, 2023

Caracteres	σ^2_g	σ^2_e	σ^2_f	h^2	CVg	AG	AGM
NDIF	58,14	21,41	79,56	0,73	21,64	13,42	38,12
NDM	58,98	93,21	152,20	0,38	10,11	9,84	12,97
ALT	52,35	50,84	103,20	0,50	16,30	10,61	23,91
NV	72284,88	119449,38	191734,26	0,37	36,17	340,06	45,75
CV	11,60	50,75	62,35	0,18	5,01	3,02	4,46
LV	0,93	3,01	3,95	0,25	5,98	0,97	6,00
EV	0,24	1,09	1,34	0,18	5,76	0,43	5,08
NGV	0,02	0,14	0,17	0,15	5,08	0,13	4,09
CS	0,31	1,60	1,91	0,16	4,92	0,46	4,07
LS	0,04	0,86	0,90	0,04	2,56	0,09	1,14
ES	0,07	0,27	0,34	0,20	5,26	0,25	4,92
M100S	20,35	24,72	45,08	0,45	13,83	6,24	17,77
PROD	47442,52	93807,61	141250,14	0,33	35,22	260,04	42,05

σ^2_g : variância genética; σ^2_e : variância residual; σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2 : herdabilidade CVg%: coeficiente de variação genotípica; AG: avanço genético; AGM: avanço genético porcentagem média (%).

Para Resende (2015), as herdabilidades individuais podem ser classificadas de acordo com a sua magnitude em: baixa ($0,01 \leq h^2 \leq 0,15$), média ($0,15 < h^2 < 0,50$) e alta ($h^2 \geq 0,50$). Nas linhagens de feijão-fava avaliadas em Tianguá_CE, o coeficiente de herdabilidade (h^2) foi média magnitude ($< 50\%$) para maioria dos caracteres, exceto para o número de dias para início da floração, que apresentou herdabilidade de alta magnitude (73%), e altura da planta (50%) (Tabela 8). Na avaliação realizada em Teresina-PI (Tabela 9), as estimativas foram de baixa a média magnitudes ($h^2 < 70\%$), variando entre 8% e 60%, sendo que o número de dias para início da floração apresentou o maior coeficiente (60%) estes resultados indicam a possibilidade de realizar seleção para as linhagens mais precoces e com altura desejável.

Tabela 8 - Estimativas dos parâmetros genéticos para número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), em 40 linhagens F_{6:8} de feijão-fava, Teresina-PI, 2023

Caracteres	σ^2_g	σ^2_e	σ^2_f	h^2	CVg	AG	AGM%
NDIF	72,21	46,51	118,73	0,60	18,24	13,65	29,31
NDM	92,96	255,79	348,76	0,26	10,52	10,25	11,19
ALT	15,26	17,87	33,16	0,46	10,10	5,46	14,12
NV	19427,18	28642,29	48069,47	0,40	39,74	182,53	52,05
CV	2,67	13,83	16,51	0,16	2,78	1,35	2,30
LV	0,41	0,60	6,96	0,40	4,44	0,85	5,85
EV	0,34	3,65	4,00	0,08	6,93	0,35	4,20
NGV	0,02	0,06	0,08	0,26	5,68	0,15	5,97
CS	0,17	0,36	0,54	0,32	3,74	3,74	6,56
LS	0,09	0,13	0,23	0,43	4,07	0,42	5,51
ES	0,06	0,16	0,22	0,28	5,29	0,28	5,86
M100S	9,61	19,31	28,92	0,33	10,37	3,68	12,32
PROD	4419,04	6439,04	10858,09	0,40	42,97	87,36	56,47

σ^2_g : variância genética; σ^2_e : variância residual; σ^2_f : variância fenotípica individual; h^2 : herdabilidade CVg%: coeficiente de variação genotípica; AG: avanço genético; AGM: avanço genético porcentagem média (%).

Em trabalhos realizados com feijão comum, foram estimados coeficientes de herdabilidade de alta magnitude para altura de planta (85,13%) e número de grãos por vagem (75%), por Santos *et al.* (2020); e de média magnitude (67%) para o número de dias para início da floração, por Rachman *et al.* (2018); permitindo inferir que seriam caracteres mais facilmente selecionados em um programa de melhoramento.

O valor do coeficiente de variação genotípico alto é um fator positivo, a sua utilização em relação ao coeficiente de variação ambiental auxilia na seleção e deve ser considerado conjuntamente com as estimativas da herdabilidade para comparar a existência da variabilidade genética entre as populações, no intuito de realizar a predição de ganhos esperados com a seleção (Santos *et al.*, 2020).

O avanço genético associado ao coeficiente de herdabilidade é um indicador útil para alcançar o resultado esperado na seleção do caráter de interesse em uma população. O avanço genético em porcentagem da média (AGM) fornece resultados

mais precisos em comparação ao avanço genético (AG). De acordo com Adhikari *et al.* (2018), tais porcentagens podem ser classificadas como baixas (0-10%), moderadas (10-20% e altas (20%).

No estudo realizado em Tianguá-CE, observou-se avanço genético para todos os caracteres avaliados (Tabela 7). Quanto ao avanço genético em porcentagem da média, verifica-se que para maioria dos caracteres avaliados as porcentagens foram inferiores a 10%, estando entre 10% a 20% para o número de dias para maturação (12,97%) e massa de 100 sementes (17,772%), e superior a 20% para altura de planta (23,91%), número de dias para o início da floração (38,12%), produtividade de grãos (42,05%) e número de vagens por parcela (45,75%), indicando que esses caracteres são controlados por genes aditivos e que a seleção será eficiente para o melhoramento dos mesmos. Carvalho *et al.* (2022) obtiveram menores ganhos para número de vagens e produtividade de grãos (8,57 e 24,44), comparados com os ganhos obtidos no presente estudo.

Quanto ao número de dias para maturação (12,97%) e a massa de 100 sementes (17,77%), o AGM foi de média magnitude. Tais estimativas foram categorizadas como baixa (0-10%), moderada (10-20% e alta (acima de 20%), segundo a proposta de Adhikari *et al.* (2018).

Na avaliação realizada em Teresina-PI (Tabela 8), quanto ao avanço genético (AG), foram observados ganhos para todos os caracteres avaliados. Contudo, quando o avanço genético em porcentagem da média (AGM) é considerado, verifica-se que para maioria dos caracteres avaliados as porcentagens foram inferiores a 10%, estando entre 10% a 20% para o número de dias para maturação (11,19%), massa de 100 sementes (12,32%) e altura de planta (14,12%), e superior a 20% para número de dias para o início da floração (29,31%), número de vagens por parcela (52,05%) e produtividade de grãos (56,47%), indicando que a seleção será eficiente para este último grupo.

Em trabalho realizado por Oliveira *et al.* (2018), com linhagens de feijão-caupi, os maiores ganhos foram obtidos para o número de grãos por vagem e massa de 100 grãos. Ribeiro *et al.* (2023), ao avaliarem linhagens de feijão-comum, obtiveram ganhos inferiores para a massa de 100 grãos, com redução de -2,91%.

Os ganhos de alta magnitude obtidos para os caracteres citados acima são bastante satisfatórios, visto que permitem selecionar linhagens com menor ciclo associado a componentes de produção, ou seja, garantem produção precoce e

menos risco, devido à estiagem e mudanças climáticas. Tais linhagens têm potencial para serem avaliadas em ensaios de VCU.

As correlações consistem em medidas de associação que mensuram a direção e o grau da relação linear entre duas variáveis quantitativas (Moore, 2007). Essa relação pode ser positiva, quando as duas variáveis aumentam, ou negativa, quando uma variável aumenta e a outra diminui (Petersen, 2020). Para os programas de melhoramento genético, a correlação entre caracteres é de suma importância, visto que a seleção de um caráter pode influenciar positiva ou negativamente o outro (Almeida, 2020).

As estimativas dos coeficientes de correlação genética na avaliação realizada em Tianguá-CE (Tabela 9) apresentaram relações lineares positivas e poucas relações negativas entre os diferentes caracteres quantitativos avaliados. Verificou-se correlação significativa positiva de alta magnitude ($r \geq 0,7$) entre os caracteres número de dias para o início da floração e número de dias para maturação (0,85), e entre altura da planta e número de dias para maturação (0,75), indicando a possibilidade da seleção de linhagens precoces com altura desejável.

Tabela 9 – Estimativas dos coeficientes de correlação genética entre 13 caracteres quantitativos em 34 linhagens F_{6:8} do feijão-fava, avaliadas em Tianguá/CE, 2023

	NDM	ALT	CV	LV	EV	NV	CS	LS	ES	NGV	P100G	PROD
NDIF	0,85**	0,53**	0,80**	0,67**	0,79**	-0,12 ^{ns}	0,59**	0,71**	0,86**	0,71**	0,49**	0,27 ^{ns}
NDM		0,75**	0,76**	0,72**	0,69**	-0,13 ^{ns}	0,57**	0,89**	0,63**	0,52**	0,63**	0,21 ^{ns}
ALT			0,69**	0,61**	0,68**	-0,39*	0,72**	1,00**	0,63**	0,31 ^{ns}	0,72**	-0,19 ^{ns}
CV				0,82**	0,77**	-0,27 ^{ns}	0,74**	0,68**	0,90**	0,45**	0,77**	0,05 ^{ns}
LV					0,55**	-0,29 ^{ns}	0,79**	0,90**	0,69**	0,28 ^{ns}	0,80**	0,01 ^{ns}
EV						-0,15 ^{ns}	0,62**	0,28 ^{ns}	0,75**	0,65**	0,76**	0,28 ^{ns}
NV							-0,62**	-1,00**	-0,29 ^{ns}	0,40*	-0,64**	0,80**
CS								1,00**	0,64**	0,13 ^{ns}	1,00**	-0,16 ^{ns}
LS									0,52**	-0,29 ^{ns}	1,00**	-0,35*
ES										0,84**	0,64**	0,23 ^{ns}
NGV											0,09 ^{ns}	0,75**
P100G												-0,31 ^{ns}

**, * = Significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

Legenda: NDIF - número de dias para o início da floração, NDM - número de dias para maturação, altura da planta, NV - número de vagens por parcela, CV - comprimento da vagem, LV - largura da vagem e EV - espessura da vagem, NGV - número de grãos por vagem, CS - comprimento da semente, LS - largura da semente, ES - espessura da semente, M100S - massa de 100 grãos e PROD - produtividade de grãos.

Coeficientes de correlação significativos, positivos e de média e alta magnitude ($r \geq 0,7$) foram observados entre altura de planta (0,72), comprimento de vagem (0,77), largura de vagem (0,80), espessura de vagem (0,76) com massa de 100 grãos (0,64). Entre produtividade de grãos, número de vagens por parcela (0,80) e número de grãos por vagens (0,75), a correlação também foi significativa, positiva e de alta magnitude. Essas correlações entre caracteres relacionados à produção de grãos permitem ao melhorista realizar seleção visando o aumento da produtividade com base em caracteres mais facilmente mensurados e menos influenciados pelo ambiente.

A correlação entre dois caracteres pode ser de natureza fenotípica, genotípica ou ambiental, mas somente as correlações genotípicas envolvem uma associação de natureza herdável, sendo de grande interesse para o melhoramento vegetal. Por isso, o conhecimento das correlações genéticas existentes entre os caracteres de interesse agrônomo é de suma importância no melhoramento vegetal, de forma que, quando a seleção é praticada para um dado caráter, podem ser feitas inferências sobre a forma pela qual este caráter afetará os demais (Falconer; Mackay, 1996).

Com base na correlação genética obtida na avaliação realizada em Teresina-PI, estimou-se coeficientes significativos para maioria dos pares de caracteres (Tabela 10). Correlações positivas, significativas, de alta magnitude ($r \geq 0,7$) foram observadas entre número de dias para o início da floração, número de dias para maturação (0,96) e altura da planta (0,74). Assunção Filho *et al* (2022), avaliando variedades crioulas de feijão-fava, encontraram correlação positiva entre o número de dias para floração e o número de dias para maturação, indicando a possibilidade de selecionar materiais mais precoces com base no florescimento.

A massa de 100 sementes se correlacionou positiva e significativamente com altura da planta (0,78), comprimento da vagem (0,70), comprimento da semente (0,71), largura da semente (0,88) e espessura da semente (0,82). Segundo Guimarães *et al.* (2023), as cultivares que apresentam plantas com elevada massa de grão, comprimento de vagem e tenham grande número de grãos por vagem possuem a tendência de serem as mais produtivas.

Tabela 10 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética entre 13 caracteres quantitativos em 40 linhagens F_{6:8} do feijão-fava avaliados em Teresina/PI, 2023

	NDM	ALT	CV	LV	EV	NV	CS	LS	ES	NGV	P100G	PROD
NDIF	0,96**	0,77**	0,22 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,36*	0,06 ^{ns}	-0,27 ^{ns}	-0,04 ^{ns}	0,68**	-0,33*	0,31*	0,14 ^{ns}
NDM		0,74**	0,11 ^{ns}	-0,50**	0,33*	-0,44**	-0,57**	-0,16 ^{ns}	0,66**	-0,44**	0,15 ^{ns}	-0,36*
ALT			0,55**	0,06 ^{ns}	0,51**	0,33*	0,04 ^{ns}	0,45**	0,93**	-0,75**	0,78**	0,41**
CV				0,54**	0,71**	0,36*	0,53**	0,51**	0,41**	-0,35*	0,70**	0,31 ^{ns}
LV					0,50**	0,96**	0,07 ^{ns}	-0,10 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,68**	0,30 ^{ns}	0,96**
EV						0,71**	0,25 ^{ns}	0,37*	0,15 ^{ns}	-0,54**	0,51**	0,61**
NV							0,36*	0,19 ^{ns}	0,23 ^{ns}	0,44**	0,35*	1,00**
CS								0,89**	0,08 ^{ns}	-0,15 ^{ns}	0,71**	0,39*
LS									0,44**	-0,42**	0,88**	0,30 ^{ns}
ES										-0,78**	0,82**	0,36*
NGV											-0,49**	0,37*
P100G												0,45**

**, * = Significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

Legenda: NDIF - número de dias para o início da floração, NDM - número de dias para maturação, altura da planta, NV - número de vagens por parcela, CV - comprimento da vagem, LV - largura da vagem e EV - espessura da vagem, NGV - número de grãos por vagem, CS - comprimento da semente, LS - largura da semente, ES - espessura da semente, M100S - massa de 100 grãos e PROD - produtividade de grãos.

Os coeficientes de correlação foram positivos e significativos entre produtividade de grãos com altura da planta (0,41), largura da vagem (0,96), espessura de vagem (0,61), número de vagens por parcela (1,00), espessura da semente da semente (0,36), número de grãos por vagem (0,37) e massa de 100 sementes (0,45), indicando a possibilidade de seleção para os caracteres relacionados, visando o aumento da produção. Oliveira *et al.* (2023) encontraram correlação significativa e positiva entre a massa de 100 sementes e a produção em cultivares feijão comum. Santos *et al.* (2020) concluíram que a característica número de vagens por planta exerceu maior influência sobre a produtividade de grãos.

Os resultados encontrados no presente estudo, quanto às estimativas de correlações positivas e significativas entre os componentes de produção estão de acordo com os obtidos por Assunção-Filho (2022), entre comprimento de vagem e largura de vagem; Pereira (2022), entre comprimento, largura e espessura de vagem e de sementes; e Guimarães *et al.* (2023), entre comprimento de vagem e número de grãos por vagem.

No melhoramento, a seleção é uma estratégia importante, pois a obtenção de genótipos superiores envolve escolha e recombinação de famílias e indivíduos (Carias *et al.*, 2017). Nesse contexto, é necessário que o material selecionado reúna, simultaneamente, uma série de atributos que lhe confira maior rendimento e

que atenda as exigências do mercado consumidor. A utilização de índices possibilita a combinação de informações, o que permite a seleção a partir de um conjunto de caracteres para a cultura (Sousa *et al.* 2021).

Explorar a combinação de diferentes caracteres por meio de índices de seleção pode facilitar a identificação de genótipos superiores, permitindo que programas de melhoramento sejam mais eficientes na obtenção de cultivares de alto desempenho (Buzello *et al.*, 2015). Contudo, com o feijão-fava, são escassos os trabalhos abordando esse tema.

No presente estudo, o índice de seleção não - paramétrico de Mulamba & Mock (1978) foi utilizado a fim de identificar linhagens promissoras com base em características agronômicas, simultaneamente.

Foram utilizados os valores dos coeficientes de variação genética como pesos econômicos (Tabela 11).

Tabela 11 - Estimativas de coeficiente de variação genotípico (CVg) para os caracteres: número de dias para o início da floração (NDIF), número de dias para maturação (NDM), altura da planta (ALT), número de vagens por parcela (NV), comprimento da vagem (CV), largura da vagem (LV) e espessura da vagem (EV), número de grãos por vagem (NGV), comprimento da semente (CS), largura da semente (LS), espessura da semente (ES), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade de grãos (PROD), avaliados em linhagens F_{6:8} de feijão-fava, em Tianguá-CE e Teresina-PI, 2023

Caracteres	Coeficiente de variação genotípico (CVg)												
	NDIF	NDM	ALT	NV	CV	LV	EV	NGV	CS	LS	ES	M100S	PROD
Tianguá/CE	21,64	10,11	16,30	36,17	5,01	5,98	5,76	5,08	4,92	2,56	5,26	13,83	35,22
Teresina/PI	18,24	10,52	10,10	39,74	2,78	4,44	6,93	5,68	3,74	4,07	5,29	10,37	42,97

Para os caracteres avaliados em 34 linhagens de feijão-fava em Tianguá-CE (Tabela 12) foi possível observar o ordenamento e os ganhos obtidos. Verificou-se que as seis primeiras linhagens apresentaram ganhos superiores a 50%, sendo elas: H81-32 (111,20%), H25-59 (82,83%), H25-56 (72,53%), H25-66 (66,10%), H25-57 (59,50%) e H81-34 (53,44).

Tabela 12 - Ranqueamento das 34 linhagens de feijão-fava avaliadas em Tianguá-CE, em 2023, com base no índice não-paramétrico de seleção de Mulamba & Mock (1978)

Ordem	Linhagem	Ganho %	Ordem	Linhagem	Ganho %
1	H81-32	111,20%	18	H46-40	25,21%
2	H25-59	82,83%	19	H46-52	23,14%
3	H25-56	72,53%	20	H81-33	21,28%
4	H25-66	66,10%	21	H94-29	19,37%
5	H25-57	59,50%	22	H25-53	17,48%
6	H81-34	53,44%	23	H46-42	15,70%
7	H50/86-38	49,13%	24	H25-63	14,13%
8	H25-58	45,83%	25	H94-31	12,55%
9	H50/86-36	42,81%	26	H46-49	11,13%
10	H25-62	40,48%	27	H46-50	9,51%
11	H94-30	38,34%	28	H46-47	8,03%
12	H25-64	36,36%	29	H46-43	6,55%
13	H50/86-35	34,50%	30	H46-48	5,15%
14	H50/86-37	32,84%	31	H46-45	3,75%
15	H25-54	31,25%	32	H25-68	2,45%
16	H25-55	29,37%	33	H46-44	1,23%
17	H46-46	27,29%	34	H46-41	0,00%

Na avaliação realizada em Teresina – PI, com as 40 linhagens de feijão-fava (Tabela 13), destacaram-se as que apresentaram ganhos superiores a 50%: H50/86-35 (99,30%), H25-64 (85,16%), H81-34 (77,16%), H25-66 (72,89%), H25-54 (68,82%), H25-60 (64,00%), H50/86-36 (59,95%), H25-58 (57,04%), H50/86-38 (54,30%) e H50/86-37 (51,21%).

A seleção com base em uma, ou poucas características, tem se mostrado ineficiente, por conduzir a um material genético superior em relação aos caracteres selecionados, mas com desempenho não tão favorável em relação aos vários outros caracteres não considerados (Cruz *et al.*, 2012). A utilização de índices de seleção possibilita a combinação de informações, que permite a seleção a partir de um conjunto de variáveis no qual o melhorista pode atribuir pesos econômicos com base nos critérios que pretende selecionar.

Tabela 13 - Ranqueamento das 40 linhagens de feijão-fava avaliadas em Teresina-PI, em 2023, com base no índice não-paramétrico de seleção de Mulamba & Mock (1978)

Ordem	População	Ganho %	Ordem	População	Ganho %
1	H50/86-35	99,30%	21	H25-55	27,85%
2	H25-64	85,16%	22	H46-52	25,82%
3	H81-34	77,16%	23	H46-41	23,93%
4	H25-66	72,89%	24	H46-45	22,21%
5	H25-54	68,82%	25	H25-65	20,66%
6	H25-60	64,00%	26	H25-59	19,01%
7	H50/86-36	59,95%	27	H46-40	17,40%
8	H25-58	57,04%	28	H46-39	15,82%
9	H50/86-38	54,30%	29	H46-42	14,26%
10	H50/86-37	51,21%	30	H81-32	12,81%
11	H25-53	48,63%	31	H46-51	11,49%
12	H25-56	45,80%	32	H94-31	10,25%
13	H46-43	42,95%	33	H46-49	9,08%
14	H25-62	40,58%	34	H46-47	7,91%
15	H25-67	38,60%	35	H46-44	6,81%
16	H25-57	36,34%	36	H94-29	5,68%
17	H81-33	34,33%	37	H94-30	4,35%
18	H46-46	32,52%	38	H25-63	3,06%
19	H25-61	30,89%	39	H46-50	1,49%
20	H46-48	29,33%	40	H25-68	0,00%

No trabalho realizado por Damas *et al.* (2023), em que 13 acessos de feijão-fava foram avaliados para produção de grãos secos e frescos, utilizando abordagem multivariada e índices não-paramétrico de seleção de Mulamba & Mock (1978) e Genótipo-Ideótipo (Schwarzbach, 1972), três acessos superiores foram selecionados. Carias *et al.* (2017), avaliando cultivares e variedades locais de feijão-comum no Espírito Santo, por meio de abordagem alternativas (índice aditivo, índice multiplicativo, índice Mulamba & Mock), observaram que o índice de Mulamba & Mock foi mais eficiente em selecionar genótipos superiores.

Em feijão-fava, um dos aspectos relevantes no mercado é o padrão de cor da semente, pois leva em consideração a preferência do consumidor, que na região Nordeste do Brasil tem predileção por grãos brancos. Nesse sentido, as 40 linhagens de feijão-fava avaliadas em Teresina – PI (Tabela 14 e Figura 10), quanto

a cor de fundo, apresentaram cor castanho claro (71,83%), branco (19,66%), vermelho púrpura (3,5%), castanho claro (1,16%), preto (0,83%), vermelho escuro (0,75%), cinza (0,58%), cor de tijolo (0,25%) e rosa (0,16%).

Em relação a cor padrão, 74,48%, das linhagens apresentaram cor padrão bicolores, sendo estas, castanho claro ou alaranjado (48,83%), vermelho (9,91%), vermelho púrpura (7,5%), preto (3,83); e 25,52%, cor padrão ausente. Para a segunda cor padrão, em 59% foi ausente, 41% com a segunda cor padrão variando entre vermelho escuro, vermelho púrpura e preto. No trabalho realizado por Jacinto-Junior *et al.* (2023), a coloração das sementes de 17 variedades de feijão-fava foi caracterizada de forma colorimétrica e biométrica, em Fortaleza – CE.

Tabela 14 - Caracterização das sementes das 40 linhagens de feijão-fava avaliadas em Teresina – PI, em 2023, quanto à cor de fundo (CORF), cor padrão (CORP) e segunda cor padrão (2CORP)

Linhagens	CORF	CORP	2CORP	Linhagens	CORF	CORP	2CORP
H94-29	2	0	0	H46-49	6	2	0
H94-30	2	0	0	H46-50	2	0	0
H94-31	6	2	2	H46-51	6	2	2
H81-32	6	2	2	H46-52	6	2	0
H81-33	6	2	2	H25-53	6	2	2
H81-34	6	5	0	H25-54	6	2	2
H50/86-35	6	2	2	H25-55	6	2	2
H50/86-36	6	2	2	H25-56	2	0	0
H50/86-37	6	2	2	H25-57	6	2	2
H50/86-38	6	2	2	H25-58	6	6	2
H46-39	6	2	2	H25-59	6	5	0
H46-40	6	2	2	H25-60	6	5	0
H46-41	6	2	2	H25-61	6	2	2
H46-42	6	2	2	H25-62	6	6	0
H46-43	6	2	2	H25-63	2	0	0
H46-44	6	2	0	H25-64	11	0	0
H46-45	6	2	2	H25-65	6	2	2
H46-46	6	2	0	H25-66	6	2	2
H46-47	6	2	0	H25-67	6	5	0
H46-48	6	2	0	H25-68	2	0	0

As sementes do feijão-fava possuem grande diversidade de cores do tegumento como: branco, marrom, cinza, amarelo, rosa, vermelho, roxo, preto, manchado e mosqueado (Moraes *et al.*, 2017). Essa característica é de grande relevância agrônômica e econômica, pois tem relação com a aceitação dos grãos

pelos consumidores. A coloração mais clara está associada a material de sabor menos amargo pelos consumidores, além de denotar colheita recente, logo de fácil cozimento (Lopes *et al.*, 2010; Lopes *et al.*, 2015).

Figura 10 – Caracterização do padrão de coloração das sementes predominante nas linhagens de feijão-fava avaliadas em Teresina – PI, 2023. (a) linhagens com padrão bicolor, (b) linhagens com padrão branco



Fonte: elaborado pela autora (2024).

5 CONCLUSÃO

As linhagens de feijão-fava apresentam variabilidade genética para o número de dias para o início da floração, indicando a possibilidade de seleção para precocidade.

Pela seleção simultânea de caracteres agronômicos desejáveis, destacam-se as linhagens: H81-32, H25-59, H25-56, H25-66, H25-57, H81-34, em Tianguá – CE; e H50/86-35, H25-64, H81-34, H25-66, H25-54, H25-60, H50/86-36, H25-58, H50/86-38, H50/86-37, em Teresina – PI. As linhagens H81-34 e H25-66 são promissoras nos dois ambientes.

As linhagens H94-29, H94-30, H94-31, H46-50, H25-56, H25-63 e H25-68 destacam-se por apresentar semente de coloração branca, que é padrão desejável pelo mercado consumidor.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADHIKARI, B. N. *et al.* Genetic variability, heritability, genetic advance and correlation among yield and yield components of rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Agriculture and Natural Resources**, [s. l], v. 1, n. 1, p. 149-160, 2018.
- AGUIAR, C. Arquitetura de plantas. **Botanical Journal of the Linnean Society**, [s. l], v. 161, p. 26-65, 2014.
- ALVES, V. A. C. **Análise genética do teor de flavonoides totais e atividade antioxidante em alface**. 2020. 76 f. Dissertação (Mestrado em Biotecnologia) – Programa de Pós-graduação em Biotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas, 2020.
- ALMEIDA, R. C. **Estabelecimento da coleção nuclear de feijão-fava do Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI**. 2020. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2020.
- ANGIOSPERM PHYLOGENY GROUP. An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants. **Botanical Journal of the Linnean Society**, [s. l], v. 161, p. 105-20, 2016.
- ASSUNÇÃO FILHO, J. R., PENHA, J. S., FERREIRA, M., LOPES, A. D. A., GOMES, R., & SILVA, K. (2012). Caracterização de subamostras de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) por meio de análise de componentes principais. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS, 2., 2012, Belém, PA. Anais... Brasília, DF: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2012.
- ASSUNÇÃO FILHO, J. R. *et al.* Selection of superior genotypes of lima bean landraces by multivariate approach. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 35, p. 87-95, 2022.
- ASSUNÇÃO NETO, W. V. *et al.* Selection of landraces of lima bean for family agriculture. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 35, n. 1, p. 137-147, 2022.
- BALDISSERA, J. N. *et al.* Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, [s. l], v. 13, p. 181-189, 2014.
- BAUDET, J. C. Taxonomic status of the cultivated types of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Tropical Grain Legume Bulletin**, [s. l], v.7, p. 29-30, 1977.
- BEM, E. M. A. **Seleção de linhagens de feijão carioca para ensaios de valor de cultivo e uso**. 2012. Dissertação (Mestrado Fitotecnia) – Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2012.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodburdy: Stemma Press, 2010.
- BEYRA, Á.; ARTILES, G. R. Revisión taxonómica de los géneros *Phaseolus* y *Vigna* (Leguminosae-Papilionoideae) en Cuba. In: Ángela Beyra & Grisel Reyes Artiles. **Anales del Jardín Botánico de Madrid**. [S. l.], v. 2, pág. 135–154, 2004.

BONIFÁCIO, E. M. *et al.* Comparative cytogenetic mapping between the lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) and the common bean (*P. vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, [s. l], v. 124, p. 1513-1520, 2012.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Pecuária. **Guia de inspeção de campos para produção de sementes**. Secretaria de Defesa Agropecuária. 3. ed. Brasília: Mapa/ACS, 2011.

BRASIL. **Tabela brasileira de composição de alimentos** – TACO. 4. ed. Campinas: NEPA-UNICAMP, 2011.

BRITO, M. V. *et al.* Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotypes. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 33, n. 2, p. 571-578, 2020.

BROUGHTON, W. J. *et al.* Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. **Plant and Soil**, [s. l], v. 252, n. 1, p. 55-128, 2003.

BUZZELLO, G. L. *et al.* Non-parametric indices estimated by combining the accumulation of biomass and other characters to evaluate soybean cultivars in environments with and without shade. **Brazilian Journal of Biometrics**, [s. l], v. 33, n. 3, p. 310-329, 2015.

CARBONELL, S. A. M. *et al.* Tamanho de grão comercial em cultivares de feijoeiro. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 10, p. 2067-2073, 2010.

CARIAS, C. M. O. M. *et al.* Parâmetros genéticos em feijão-comum via REM/BLUP. In: ENCONTRO LATINO-AMERICANO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA, 21., 2017, Vale do Paraíba. **Anais [...]**, XXI INIC. Vale do Paraíba, 2017.

CARVALHO, C. G. P. *et al.* Selection based on distances from ideotype. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l], v. 2, n. 2, p. 171-178, 2002.

CARVALHO, J. L. *et al.* Lima bean populations assessments via REML/BLUP methodology. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 35, n. 4, p. 783-790, 2022.

CAVALHEIRO, V. B. D. **Caracterização de genótipos de feijão-lima (*Phaseolus lunatus* L.) na Região de Pelotas - Rio Grande do Sul**. 2012. Dissertação (Mestrado em Ciências), Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas/RS, 2012.

CHIMENEZ-FRANZON, R. *et al.* Genetic parameters, yield adaptability and stability of common bean obtained through mixed models analyses. **Agronomy Science and Biotechnology**, [s. l], v. 8, p. 1-16, 2022.

CHIORATO, A. F. *et al.* Common bean genotypes for agronomic and market-related traits in VCU trials. **Scientia Agricola**, [s. l], v. 72, p. 34-40, 2015.

COLLICCHIO, E; RAMALHO, M. A. P; ABREU, A. F. B. Associação entre o porte da planta do feijoeiro e o tamanho dos grãos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s. l], v. 32, n. 3, p. 297-304, 1997.

COSTA-JÚNIOR, J. R. *et al.* Forma e tamanho de sementes de duas variedades de abóboras durante a secagem. **Nativa**, [s. l], v. 9, n. 1, p. 01-08, 2021.

- COSTA, G. A. L. **Estimativas de parâmetros genéticos e predição de ganhos em gerações F₃ e F₄ de feijão-fava via modelos mistos**. 2022. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2022.
- CRONQUIST, A. **The evolution and classification of flowering plants**. 2. ed. Nova York: The New York Botanical Garden, 1988.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014. 2 v.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, J. A.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 1 v.
- DAMAS, L. R. *et al.* Selection of lima bean accessions for fresh and dry production. **Brazilian Journal of Agricultural and Environmental Engineering**, [s. l], v. 27, p. 625-631, 2023.
- DINIZ, Y. B. **Densidade de semeadura e interação genótipo por ambiente de variedades crioulas de feijão-fava**. 2022. Trabalho de Conclusão de Curso (Licenciatura em Ciências Biológicas) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI, 2022.
- DIAS, P. A. S. *et al.* Effectiveness of breeding selection for grain quality in common bean. **Crop Science**, [s. l], v. 61, n. 2, p. 1127-1140, 2021.
- DUARTE, G. R. B. **Caracterização de progênies F_{4:5} de alface quanto à resistência ao *Meloidogyne incognita* e características comerciais**. 2020. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2020.
- ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, [s. l], v. 19, p. 85-97, 1963.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Longmans Green, 1996.
- FATEMA, R. *et al.* Genetic diversity and nutritional components evaluation of Bangladeshi germplasms of kidney bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of Genetic Resources**, [s. l], v. 5, n. 2, p. 83-96, 2019.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. **Faostat database gateway**. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC/visualize>. Acesso em: 11 dez. 2023.
- FRANCISCO, P. R. M. *et al.* Determinação das propriedades físicas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) com diferentes teores de água. **Estudos e Inovações na Engenharia e Agronomia**, [s. l], v. 2, 2020.
- FREIRE FILHO, F. R. *et al.* **Feijão-caupi na Embrapa Meio-Norte: melhoramento, cultivares lançadas, genealogias e base genética**. 1. ed, Embrapa Meio-Norte, 2023.
- FREIRE FILHO, F. R. *et al.* **Feijão-caupi: produção, melhoramento genético, avanços e desafios**. Teresina, PI: Embrapa Meio-Norte, 2011.

FREIRE FILHO, F. R. *et al.* **Melhoramento genético do feijão-caupi na Embrapa Amazônia Oriental: período de 2013 a 2022.** 1. ed, Embrapa Amazônia Oriental, 2023.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, [s. l], v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

GOMES, G. M. S.; REIS, R. C.; SILVA, C. A. D. T. Obtenção de farinha de feijão caupi (*Vigna unguiculata* L. Walp). **Revista Brasileira de Produtos Agroindustriais**, Campina Grande, v. 14, n. 1, p. 31-36, 2012.

GOMES, S. O. *et al.* Avaliação de componentes de produtividade de grãos em sub-amostras de feijão-fava de crescimento determinado. **Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônômica**, [s. l], v. 7, p. 312-317, 2010.

GOMES, F. de O. *et al.* **Composição Química e Valor Energético Total de Grãos Imaturos de Linhagens e Cultivares de Feijão Caupi.** Capítulo em Livro Técnico-Científico, Embrapa meio norte, v.2, n.77, p. 373-382, 2021.

GONÇALVES, G. M. C.; GONÇALVES, M. M. C.; MEDEIROS, A. M.; LOPES, Â. C. A.; GOMES, R. L. F. Genetic dissimilarities between fava bean accessions using morphoagronomic characters. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 32, n. 4, p. 1125-1132, dez. 2019.

GONÇALVES, G. M. C. *et al.* Genetic dissimilarities between fava bean accessions using morphoagronomic characters. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 32, p. 1125-1132, 2020.

GUERRA, J. V. S. *et al.* Agronomic performance of erect and semi-erect cowpea genotypes in the North of Minas Gerais, Brazil. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 30, n. 3, p. 679-686, 2017.

GUIMARÃES, C. M. *et al.* Ajustamento artificial da arquitetura de planta da cultivar de feijão-comum BRS FC104. In: CONGRESSO NACIONAL DE PESQUISA DE FEIJÃO, 13., 2021, Goiânia. **Resumos [...]**. Brasília, DF: Embrapa Arroz e Feijão, 2021.

GUIMARÃES, D. G. *et al.* Avaliação de índices hídricos e parâmetros genéticos em cultivares de feijão-caupi. **Revista Sociedade e Ambiente**, [s. l], v. 4, n. 3, p. 100-123, 2023.

GUIMARÃES, G. H. C. *et al.* **Importância das sementes tradicionais de *Phaseolus lunatus* L. para a agricultura.** Políticas públicas, agricultura familiar e sustentabilidade, 1ed. Foz do Iguaçu: CLAEC e-Books, p. 94, 2021.

GUIMARÃES, W. N. R. *et al.* Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v. 11, n. 1, p. 37-45, 2007.

HAZEL, L. N. A base genética para construção de índices de seleção. **Genética**, [s. l], v. 28, p. 476-490, 1943.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção de fava.** 2022. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/fava/br> Acesso em: 09 fev. 2024.

INSTITUTO DE PESQUISA E ESTRATÉGIA ECONÔMICA DO CEARÁ (IPECE). Disponível em: <https://www.ipece.ce.gov.br/> Acesso em: 14 de dezembro de 2023.

INSTITUTO BRASILEIRO DE FEIJÕES E PULSES (IBRAFE). Disponível em: <https://www.ibrafe.org/artigo/o-que-sao-pulses> Acesso em: 10 de dezembro de 2023.

IPGRI. **Descritores para *Phaseolus lunatus* (Feijão-espadinho)**. Roma: International Plant Genetic Resources Institute, 2007.

JACINTO JÚNIOR, S. G. et al. Respostas fisiológicas de genótipos de fava (*Phaseolus lunatus* L.) submetidas ao estresse hídrico cultivadas no Estado do Ceará. **Revista Brasileira de Meteorologia**, v. 34, p. 413-422, 2019.

JACINTO JÚNIOR, S. G.; LUCENA, E. M. P. Colorimetric and biometric characterization of broad bean seeds. **Research, Society and Development**, [s. l], v. 12, n. 1, p.12, 2023.

JESUS, J. V. M.; GAMA, A. T.; JÚNIOR, D. S. B. Diversidade genética de variedades de feijão-fava de Bancos e Casas de Sementes do Semiárido Norte Mineiro. **Cadernos de Agroecologia**, [s. l], v. 17, n. 2, p.6, 2022.

KLÄSENER, G. R.; RIBEIRO, N. D.; ARGENTA, H. S. Genetic divergence and selection of bean cultivars of different grain types based on physical traits. **Revista Ciência Agronômica**, [s. l], v. 53, p.12, 2022.

LONG, R. et al. Lima bean production in California. University of California Division of Agriculture and Natural Resources, California, 2014.

LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F. ARAÚJO, A. S. F. (Orgs.). **A cultura do feijão fava na Região Meio-Norte do Brasil**. 1. ed. Teresina: EDUFPI, 2010.

LOPES, Â. C. A. et al. Morphological characterization and study of genetic diversity in lima bean accessions. In: FERREIRA, A. S.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. *Phaseolus lunatus*. **Diversity, Growth and Production**. 1. ed. Nova York: Nova Science Publishers, 2015. p. 1-26.

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; PINHO, D. S. (2006). Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Cerne**, 12: 287-291.

MARTÍNEZ-CASTILLO, J. PERALTA IDROVO, E. **El fréjol torta o pallar *Phaseolus lunatus* L. en Ecuador**. Quito. INIAP, CONAHCYT´CICY, RED LUNATUS. Quito, 133 p. 2023.

MELO, R. C. et al. Genetic parameters in intra-gene and inter-gene pool crosses of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) for root distribution. 23 February 2023, PREPRINT (Version 1) available at Research Square.

MOORE, D. S. **The Basic Practice of Statistics**. Nova York: Freeman, 2007.

MORAES, C. S. et al. **Catálogo de fava (*Phaseolus lunatus* L.) conservada na Embrapa**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2017.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the eto blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v. 7, p. 40-51, 1978.

NAGEL, A. L. et al. Agronomic performance of common bean genotypes of the carioca group in the Cerrado-Pantanal ecotone. **Research, Society and Development**, [s. l], v. 9, n. 8, p. 24, 2020.

NOBRE, D. A. C. Qualidade física, fisiológica e morfologia externa de sementes de dez variedades de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Biociências**, Porto Alegre, v. 10, n. 4, p. 425-429, 2012.

NOBRE, D. A. C.; BRANDAO JUNIOR, D. S.; **Feijao-fava (*Phaseolus lunatus* L.)**. Disponível em: [Revista Cultivar - Notícias e Artigos Técnicos do Setor Agrícola](https://revistacultivar.com.br/artigos/feijao-fava-phaseolus-lunatus-l-) <https://revistacultivar.com.br/artigos/feijao-fava-phaseolus-lunatus-l->. Acesso em: 23 nov. 2023.

NOGUEIRA, A. P. O. *et al.* Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p.12, 2012.

OLIVEIRA, F. N.; TORRES, S. B.; BENEDITO, C. P. Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava, em Mossoró, RN. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 24, n. 1, p. 143-148, 2011.

OLIVEIRA, G. F. *et al.* Composição química e valor energético total de grãos imaturos de linhagens e cultivares de feijão caupi. **Ciência e tecnologia de alimentos: pesquisa e práticas contemporâneas**, [s. l], v. 2, n. 1, p. 373-382, 2021.

OLIVEIRA, L. M. *et al.* Estimativa de parâmetros genéticos e desempenho de cultivares de feijão-comum submetidos ao estresse salino. **Revista Sociedade e Ambiente**, [s. l], v. 4, n. 3, p. 78-99, 2023.

OLIVEIRA, M. B. *et al.* Arquitetura e valor de cultivo de linhagens de feijão-caupi de porte ereto e semi-ereto, no Norte de Minas Gerais. *In*: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 3., 2013, Recife. Anais [...] III CNFC, Recife: IPA, 2013.

OLIVEIRA, M. S.; **Predição do potencial genético de populações segregantes de feijão comum oriundas de híbridos simples e duplos**. 2003. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, 2003.

OLIVEIRA, T. R. A. *et al.* Ganho de seleção no melhoramento genético de feijão-caupi. *In*: ENCONTRO LATINO AMERICANO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA, 22., 2018, São José dos Campos, SP. **Anais [...]**. São José dos Campos, SP: Universidade do Vale do Paraíba, 2018.

PALUPI, H. T. *et al.* Characterization of nutritional and functional properties of Lima bean flour (*Phaseolus lunatus* L.). *In*: **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**. IOP Publishing, 2021. p. 012033.

PEÑA-VALDIVIA, C. B. *et al.* Variation in physical and chemical characteristics of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) grain along a domestication gradient. **Chemistry & Biodiversity**, [s. l], v. 8, n. 12, p. 2211-2225, 2011.

PENHA, J. S. *et al.* 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**, [s. l], v. 64, p. 1355-1364, 2016.

PENHA, J. S. **Diversidade genética, domesticação e plasticidade fenotípica de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.)**. 2018. Tese (Doutorado em Ciências) - Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2018.

- PEREIRA, F. D. M. **Avaliação de populações F₆ de feijão-fava de porte determinado pela metodologia REML/BLUP**. 2022. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Engenharia Agrônômica) - Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI, 2022.
- PESEK, J.; BAKER, R. J. Melhoria desejada em relação aos índices selecionados. **Jornal Canadense de Ciência Vegetal**, [s. l], v. 49, p. 803-804, 1969.
- PIMENTEL, A. J. B. *et al.* Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s. l], v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014.
- PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba, SP: FEALQ, 2009.
- POORNIMA, R. *et al.* Genetic variability studies for yield and yield components in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp]. **Mysore Journal of Agricultural Sciences**, [s. l], v. 57, n. 1, p.7, 2023.
- PÚBLIO-JÚNIOR, E. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos em genótipos de feijão-frade. **Revista de Ciências Agrárias**, [s. l], v. 41, n. 3, p. 806-814, 2018.
- RACHMAN, E. S.; SYUKUR, M.; MARWIYAH, S. Estimation of genetic parameters in the F3 population of French beans (*Phaseolus vulgaris* L.) In: [IOP Conference Series: Earth and Environmental Science](#). Publication IOP, 2018. p. 012006.
- R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Viena: R Foundation for Statistical Computing, 2023.
- RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012a.
- RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 3. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012.
- RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.37, n.3, p. 182-194, 2007.
- RESENDE, M. D. V. **Genética quantitativa e de populações**. Visconde do Rio Branco: Editora Suprema, 2015.
- RIBAS, J. L. **Avaliação dos ensaios de valores de cultivo e uso (EVCU) de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 2022. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Engenharia Agrônômica) Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, 2022.
- RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M.; ARGENTA, H. S. Genetic gain for technological traits in new cultivars developed by the Southern Brazilian common-bean network. **Ciência e Agrotecnologia**, [s. l], v. 47, p.11, 2023.
- ROCHA, M. R. **Parâmetros genéticos, métodos de condução de população segregante e estratégias de seleção de genótipos de soja**. 2018. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Programa de Pós Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, 2018.
- SÁNCHEZ-NAVARRO, V. *et al.* Comparing legumes for use in multiple cropping to enhance soil organic carbon, soil fertility, aggregates stability and vegetables yields under semi-arid conditions. **Scientia Horticulturae**, [s. l], v. 246, p. 835-841, 2019.

- SANTOS, E. R. *et al.* Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies F₂ de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, [s. l], v. 15, n. 1, p.10, 2018.
- SANTOS, C. M. G. *et al.* Parâmetros genéticos e associação entre características agronômicas em genótipos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) de grãos especiais. **Revista da Faculdade de Ciências Agrárias UNCuyo**, [s. l], v. 2, p. 1-11, 2020.
- SANTOS, S. P. *et al.* Ganho genético por meio da seleção simultânea de caracteres agronômicos em linhagens de feijão-caupi. In: CONGRESSO NACIONAL DE FEIJÃO-CAUPI, 5., 2019, Fortaleza. **Anais [...]**. V CNFC, Fortaleza: Universidade Federal do Ceará, Embrapa Meio-Norte, 2019.
- SHRIVAS, S. *et al.* Studies on genetic variability and heritability of different traits in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp). **Indian Journal of Pure and Applied Biosciences**, [s. l], v. 8, n. 6, p. 575-579, 2020.
- SILVA, R. N. O. **Diversidade genética em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) por marcadores morfoagronômicos e moleculares**. 2011. Dissertação (Mestrado Genética e Melhoramento) – Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI, 2011.
- SILVA, V. B.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A. *et al.* Genetic diversity and promising crosses indication in Lima bean (*Phaseolus lunatus*) accessions. **Seminário: Ciências Agrárias**, [s. l], v. 36, n. 2, p.11, 2015.
- SILVA, R. N. O. *et al.* Phenotypic diversity in lima bean landraces cultivated in Brazil, using the Ward-MLM strategy. **Chilean Journal of Agricultural Research**, [s. l], v.77, n. 1, p. 35-40, 2017.
- SILVA, M. B. O. *et al.* Desempenho agrônomo de genótipos de feijão-caupi. **Revista de Ciências Agrárias**, [s. l], v. 41, n. 4, p. 1059-1066, 2018.
- SILVA, R. N. O.; LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; PÁDUA, J. G.; BURLE, M. L. High diversity of cultivated lima beans (*Phaseolus lunatus*) in Brazil consisting of one Andean and two Mesoamerican groups with strong introgression between the gene pools. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 4, p. 1-12, 2019.
- SIQUEIRA, B. S. *et al.* Do enzymatic or non-enzymatic pathways drive the postharvest darkening phenomenon in carioca bean tegument? **LWT - Food Science and Technology**, [s. l], v. 69, p. 593-600, 2016.
- SMITH, H. F. Uma função discriminante para seleção de plantas. **Eugenia Anual**, [s. l], v. 7, p. 240-250, 1936.
- SNAK, C.; SALINAS, A. O. D. ***Phaseolus***. In **Flora do Brasil 2020 em construção**. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/FichaPublicaTaxonUC/FichaPublicaTaxonUC.do?id=FB79132>. Acesso em: 11 dez. 2023.
- SNAK, C.; MIOTTO, S. T. S.; GOLDENBERG, R. Phaseolinae (Leguminosae, Papilionoideae, Phaseoleae) no estado do Paraná, Brasil. **Rodriguésia**, [s. l], v. 62, p. 695-716, 2011.

SOUSA, A. M. C. B. *et al.* Prediction of grain yield, adaptability, and stability in landrace varieties of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s. l], v. 20, n. 1, p. 1-7, 2020.

SOUSA, A. M. C. B. **Predição da produtividade de grãos e adaptabilidade e estabilidade em variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.)** 2019. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - programa, Universidade Federal do Piauí, Teresina, PI, 2019.

SOUSA, V. C., LORENZI, H. **Botânica sistemática**: guia ilustrado para identificação das famílias de fanerógamas nativas e exóticas no Brasil, baseado em APG II. 2. ed. Nova Odessa, SP: Instituto Plantarum, 2008.

UNIVERSITY CORNELL. **Production Lima Beans**. Disponível em: <https://www.hort.cornell.edu/expo/proceedings/2014/Processing/Lima%20Bean%20Production%20Johnson.pdf>. Acesso em 06 de março de 2024.

UNIVERSITY OF CALIFORNIA. **UC Davis Foundation Seed Program**. Disponível em: <https://fsp.ucdavis.edu/seed-catalog/lima-varieties>. Acesso em: 13 nov. 2023.

UNIVERSITY OF DELAWARE. **Agriculture & Natural Resources**: lima bean breeding. Disponível em: <https://www.udel.edu/academics/colleges/canr/cooperative-extension/sustainable-production/commercial-crops/vegetable-crops/lima-bean-program/>. Acesso em: 24 jun. 2023.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Principal processing vegetables, area planted, harvested, production and value by Crop - United States, 2022**. Disponível em: <https://downloads.usda.library.cornell.edu/usda-esmis/files/02870v86p/hq37x121v/4b29ck28c/vegean23.pdf>. Acesso em: 25 de novembro. 2023.

VARANYA, A. *et al.* Genetic variability and genetic parameters analysis of 143 fodder cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] germplasm accessions for yield and yield attributing traits. **The Pharma Innovation. Journal**, [s. l], v. 11, n. 2, p. 2595-2600, 2022.

VIEIRA, R. F. A cultura do feijão-fava. **Informe Agropecuário**, [s. l], v. 16, n. 174, p. 30-37, 1992.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, [s. l], v. 18, p. 375-393, 1962.

ZORO BI, I.; MAQUET, A.; BAUDOIN, J.-P. Population genetic structure of wild *Phaseolus lunatus* (Fabaceae), with special reference to population sizes. **American Journal of Botany**, [s. l], v. 90, p. 897-904, 2003.

ZORO BI, I.; MAQUET, A.; BAUDOIN, J.-P. Mating system of wild *Phaseolus lunatus* L. and its relationship to population size. **Heredity**, [s. l], v. 94, n. 2, p. 153-158, 2005.