

# **PESQUISAS AGRÁRIAS E AMBIENTAIS**

## **VOLUME X**



**Alan Mario Zuffo  
Jorge González Aguilera**  
Organizadores

**Alan Mario Zuffo**  
**Jorge González Aguilera**  
Organizador

**Pesquisas agrárias e ambientais**  
**Volume X**



Pantanal Editora

2022

Copyright© Pantanal Editora

**Editor Chefe:** Prof. Dr. Alan Mario Zuffo

**Editores Executivos:** Prof. Dr. Jorge González Aguilera e Prof. Dr. Bruno Rodrigues de Oliveira

**Diagramação:** A editora. **Diagramação e Arte:** A editora. **Imagens de capa e contracapa:** Canva.com. **Revisão:** O(s) autor(es), organizador(es) e a editora.

### Conselho Editorial

#### Grau acadêmico e Nome

Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos  
Profa. Msc. Adriana Flávia Neu  
Profa. Dra. Allys Ferrer Dubois  
Prof. Dr. Antonio Gasparetto Júnior  
Profa. Msc. Aris Verdecia Peña  
Profa. Arisleidis Chapman Verdecia  
Prof. Dr. Arinaldo Pereira da Silva  
Prof. Dr. Bruno Gomes de Araújo  
Prof. Dr. Caio Cesar Enside de Abreu  
Prof. Dr. Carlos Nick  
Prof. Dr. Claudio Silveira Maia  
Prof. Dr. Cleberton Correia Santos  
Prof. Dr. Cristiano Pereira da Silva  
Profa. Ma. Dayse Rodrigues dos Santos  
Prof. Msc. David Chacon Alvarez  
Prof. Dr. Denis Silva Nogueira  
Profa. Dra. Denise Silva Nogueira  
Profa. Dra. Dennyura Oliveira Galvão  
Prof. Dr. Elias Rocha Gonçalves  
Prof. Me. Ernane Rosa Martins  
Prof. Dr. Fábio Steiner  
Prof. Dr. Fabiano dos Santos Souza  
Prof. Dr. Gabriel Andres Tafur Gomez  
Prof. Dr. Hebert Hernán Soto Gonzáles  
Prof. Dr. Hudson do Vale de Oliveira  
Prof. Msc. Javier Revilla Armesto  
Prof. Msc. João Camilo Sevilla  
Prof. Dr. José Luis Soto Gonzales  
Prof. Dr. Julio Cezar Uzinski  
Prof. Msc. Lucas R. Oliveira  
Profa. Dra. Keyla Christina Almeida Portela  
Prof. Dr. Leandro Argentel-Martínez  
Profa. Msc. Lidiene Jaqueline de Souza Costa Marchesan  
Prof. Dr. Marco Aurélio Kistemann  
Prof. Msc. Marcos Pisarski Júnior  
Prof. Dr. Marcos Pereira dos Santos  
Prof. Dr. Mario Rodrigo Esparza Mantilla  
Profa. Msc. Mary Jose Almeida Pereira  
Profa. Msc. Núbia Flávia Oliveira Mendes  
Profa. Msc. Nila Luciana Vilhena Madureira  
Profa. Dra. Patrícia Maurer  
Profa. Msc. Queila Pahim da Silva  
Prof. Dr. Rafael Chapman Auty  
Prof. Dr. Rafael Felipe Ratke  
Prof. Dr. Raphael Reis da Silva  
Prof. Dr. Renato Jaqueto Goes  
Prof. Dr. Ricardo Alves de Araújo (*In Memoriam*)  
Profa. Dra. Sylvana Karla da Silva de Lemos Santos  
Msc. Tayronne de Almeida Rodrigues  
Prof. Dr. Wéverson Lima Fonseca  
Prof. Msc. Wesclen Vilar Nogueira  
Profa. Dra. Yilan Fung Boix  
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme

#### Instituição

OAB/PB  
Mun. Faxinal Soturno e Tupanciretã  
UO (Cuba)  
IF SUDESTE MG  
Facultad de Medicina (Cuba)  
ISCM (Cuba)  
UFESSPA  
UEA  
UNEMAT  
UFV  
AJES  
UFGD  
UEMS  
IFPA  
UNICENTRO  
IFMT  
UFMG  
URCA  
ISEPAM-FAETEC  
IFG  
UEMS  
UFF  
(Colômbia)  
UNAM (Peru)  
IFRR  
UCG (México)  
Mun. Rio de Janeiro  
UNMSM (Peru)  
UFMT  
Mun. de Chap. do Sul  
IFPR  
Tec-NM (México)  
Consultório em Santa Maria  
UFJF  
UEG  
FAQ  
UNAM (Peru)  
SEDUC/PA  
IFB  
IFPA  
UNIPAMPA  
IFB  
UO (Cuba)  
UFMS  
UFPI  
UFG  
UEMA  
IFB  
  
UFPI  
FURG  
UO (Cuba)  
UFT

Conselho Técnico Científico  
- Esp. Joacir Mário Zuffo Júnior  
- Esp. Maurício Amormino Júnior  
- Lda. Rosalina Eufrausino Lustosa Zuffo

Ficha Catalográfica

<b>Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)</b> <b>(eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)</b>	
P472	Pesquisas agrárias e ambientais [livro eletrônico] : volume X / Organizadores Alan Mario Zuffo, Jorge González Aguilera. – Nova Xavantina, MT: Pantanal Editora, 2022. 177p.  Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso: World Wide Web ISBN 978-65-5872-269-4 DOI <a href="https://doi.org/10.46420/9786558722694">https://doi.org/10.46420/9786558722694</a>  1. Ciências agrárias – Pesquisa – Brasil. 2. Meio ambiente. 3. Sustentabilidade. I. Zuffo, Alan Mario. II. Aguilera, Jorge González. CDD 630
<b>Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422</b>	



Nossos e-books são de acesso público e gratuito e seu download e compartilhamento são permitidos, mas solicitamos que sejam dados os devidos créditos à Pantanal Editora e também aos organizadores e autores. Entretanto, não é permitida a utilização dos e-books para fins comerciais, exceto com autorização expressa dos autores com a concordância da Pantanal Editora.

**Pantanal Editora**

Rua Abaete, 83, Sala B, Centro. CEP: 78690-000.  
Nova Xavantina – Mato Grosso – Brasil.  
Telefone (66) 99682-4165 (Whatsapp).  
<https://www.editorapantanal.com.br>  
[contato@editorapantanal.com.br](mailto:contato@editorapantanal.com.br)

## Apresentação

As áreas de Ciências Agrárias e Ciências Ambientais são importantes para a humanidade. De um lado, a produção de alimentos e do outro a conservação do meio ambiente. Ambas, devem ser aliadas e são imprescindíveis para a sustentabilidade do planeta. A obra, vem a materializar o anseio da Editora Pantanal na divulgação de resultados, que contribuem de modo direto no desenvolvimento humano.

O e-book “Pesquisas Agrárias e Ambientais Volume X” é a continuação de uma série de volumes de e-books com trabalhos que visam otimizar a produção de alimentos, o meio ambiente e promoção de maior sustentabilidade nas técnicas aplicadas nos sistemas de produção das plantas e animais. Ao longo dos capítulos são abordados os seguintes temas:

mapeamento do estande e distribuição longitudinal de plantas de milho; variabilidade espacial da fertilidade do solo antes e após aplicação de calcário para o cultivo da soja; variabilidade espacial de micronutrientes catiônicos do solo; variabilidade espacial da fertilidade do solo e mapas de recomendação; modelagem estatística utilizando o método de heatmap para a avaliação da cultura da laranja irrigada com água residuária; água tratada magneticamente na cultura da alface e do rabanete; omissão de Nutrientes em Espécies Florestais Nativas do Brasil; água tratada magneticamente estimula a produtividade do rabanete e da alface; plantas medicinais e seu potencial controle sobre patógenos de culturas agrícolas; melhoramento genético do feijão-fava (*Phaseolus Lunatus*); seletividade de inseticidas a *Trichogramma pretiosum* Riley (Hymenoptera: Trichogrammatidae) em ovos de *Helicoverpa armigera* (Hübner) (Lepidoptera: Noctuidae), alterações morfológicas em variedades de cana-de-açúcar induzidas pela restrição hídrica. Portanto, esses conhecimentos irão agregar muito aos seus leitores que procuram promover melhorias quantitativas e qualitativas na produção de alimentos e do ambiente, ou melhorar a qualidade de vida da sociedade. Sempre em busca da sustentabilidade do planeta.

Aos autores dos capítulos, pela dedicação e esforços sem limites, que viabilizaram esta obra que retrata os recentes avanços científicos e tecnológicos na área de Ciência Agrárias e Ciências Ambientais Volume X, os agradecimentos dos Organizadores e da Pantanal Editora. Por fim, esperamos que este ebook possa colaborar e instigar mais estudantes e pesquisadores na constante busca de novas tecnologias e avanços para as áreas de Ciências Agrárias e Ciências Ambientais. Assim, garantir uma difusão de conhecimento fácil, rápido para a sociedade.

Os organizadores

## Sumário

<b>Apresentação</b>	<b>4</b>
<b>Capítulo I</b>	<b>6</b>
Plantas medicinais e seu potencial controle sobre patógenos de culturas agrícolas	6
<b>Capítulo II</b>	<b>20</b>
Melhoramento Genético do Feijão-fava ( <i>Phaseolus Lunatus</i> )	20
<b>Capítulo III</b>	<b>51</b>
Seletividade de inseticidas a <i>Trichogramma Pretiosum</i> Riley (Hymenoptera: Trichogrammatidae) em ovos de <i>Helicoverpa Armigera</i> (Hübner) (Lepidoptera: Noctuidae)	51
<b>Capítulo IV</b>	<b>66</b>
Alterações morfológicas em variedades de cana-de-açúcar induzidas pela restrição hídrica	66
<b>Capítulo V</b>	<b>88</b>
Mapeamento do estande e distribuição longitudinal de plantas de milho	88
<b>Capítulo VI</b>	<b>96</b>
Variabilidade espacial da fertilidade do solo antes e após aplicação de calcário para o cultivo da soja	96
<b>Capítulo VII</b>	<b>108</b>
Variabilidade espacial de micronutrientes catiônicos do solo	108
<b>Capítulo VIII</b>	<b>118</b>
Variabilidade espacial da fertilidade do solo e mapas de recomendação	118
<b>Capítulo IX</b>	<b>127</b>
Modelagem estatística utilizando o método de <i>heatmap</i> para a avaliação da cultura da laranja irrigada com água residuária	127
<b>Capítulo X</b>	<b>137</b>
Omissão de Nutrientes em Espécies Florestais Nativas do Brasil	137
<b>Capítulo XI</b>	<b>151</b>
Água tratada magneticamente estimula a produtividade do rabanete	151
<b>Capítulo XII</b>	<b>159</b>
Impacto da irrigação com água tratada magneticamente na alface lisa	159
<b>Capítulo XIII</b>	<b>168</b>
Produtividade da alface crespa é impactada pelo uso de água tratada magneticamente	168
<b>Índice Remissivo</b>	<b>175</b>
<b>Sobre os organizadores</b>	<b>177</b>

## Melhoramento Genético do Feijão-fava (*Phaseolus Lunatus*)

Recebido em: 15/04/2022

Aceito em: 17/04/2022

 10.46420/9786558722694cap2

Naysa Flávia Ferreira do Nascimento<sup>1\*</sup> 

Mayana Ferreira do Nascimento<sup>2</sup> 

Rubens Rangel Rolim<sup>3</sup> 

Priscila Alves Barroso<sup>4</sup> 

Meneky Prudêncio Lisboa da Silva<sup>5</sup> 

Artur Mendes Medeiros<sup>6</sup> 

### INTRODUÇÃO

O melhoramento de plantas pode ser definido como, Ciência e Arte de manejar efetivamente a variabilidade genética, de modo a atender às necessidades humanas (Borém et al., 2017). Como arte, o melhoramento, está presente na vida do homem desde a descoberta da agricultura, há milhares de anos. Como ciência, a consolidação e entendimento do melhoramento de plantas deu-se, após a contribuição dos clássicos trabalhos realizados por grandes cientistas a exemplo de Camerarius, Mendel, Johannsen, Shull e Borlaug.

Na fase inicial, para domesticação das espécies, os “primeiros melhoristas” tidos como “artistas”, selecionavam as melhores plantas fazendo uso de sua capacidade de observação e intuição. Na espécie *Phaseolus lunatus* L, os primeiros registros na arte do melhoramento datam de 2 milhões de anos na Índia, Brasil, Colômbia, Peru, América Central, México e Estados Unidos (Gutiérrez-Salgado et al., 1995). Como ciência, o melhoramento de *P. Lunatus*, não tem tido prioridade nas políticas governamentais de desenvolvimento de pesquisas e extensão, prejudicando o conhecimento das características agronômicas e potencialidades da cultura (Gomes et al., 2010). Apesar da sua importância, as variedades melhoradas de feijão-fava não foram produzidas para o Brasil e existem poucas informações no País sobre o seu potencial produtivo, frequência de polinização cruzada, variabilidade genética (Penha et al., 2017), interação genótipo x ambiente e métodos de melhoramento.

<sup>1,3</sup> Universidade Federal da Paraíba, Centro de Ciências Agrárias, Campus II, 12 Rodovia, Pb-79, Areia- PB.

<sup>2,4,5,6</sup> Universidade Federal do Piauí, Campus Professora Cinobelina Elvas, Rodovia Municipal Bom Jesus-Viana. Km 01, s/n Planalto Horizonte, Bom Jesus -PI

Autora correspondente: naysa.flavia@academico.ufpb.br

Reiterando sua importância, a espécie *Phaseolus lunatus* também conhecida como feijão-fava ou feijão de lima possui, 24.709 há sendo mais de 98% dessa produção concentrada na região Nordeste em uma área plantada de 24.307 ha (Ibge, 2018). A cultura é uma das alternativas de renda aos pequenos produtores e alimento para a população, sendo consumida na forma de grãos maduros, verdes e secos (Silva et al., 2015). Também apresenta capacidade de adaptação mais ampla em relação ao feijão-comum, entretanto, seu cultivo não tem grande relevância. Algumas limitações podem ser mencionadas tais como, tradicionalidade de consumo do feijão comum, paladar peculiar, tempo de cocção mais longo, falta de variedades recomendadas para às condições climáticas das regiões produtoras (Santos et al., 2002; Guimarães et al., 2007) e cultivo realizado de forma rústica por pequenos produtores, em hortas ou consorciados (Azevedo et al., 2003).

Tais limitações, tornam-se os principais desafios dos programas de melhoramento a serem desenvolvidos com a cultura. Um dos grandes objetivos do melhoramento genético é a adaptação de genótipos. O genótipo, para ser selecionado em um ambiente, necessita de alelos que se expressem de forma favorável, então o desafio é encontrar combinações alélicas ideais a cada região de cultivo. Este juntamente com a ausência de trabalhos que caracterizam o germoplasma disponível constituem os maiores obstáculos para o incremento da produtividade do feijão-fava, implicando em alta desuniformidade do material cultivado e, conseqüentemente, colhido (Santana et al., 2010).

Os programas de melhoramento atuais buscam a seleção de características e padrões que atendam as demandas da cadeia produtiva, no entanto é necessário que os objetivos sejam bem definidos. Independente da cultura que se está trabalhando, alguns objetivos são comuns a qualquer espécie, pois o melhorista busca alterar características que irão beneficiar tanto o agricultor (produtividade, resistência a doenças e pragas), quanto o consumidor final (qualidade do produto).

Nacionalmente, a produção de grãos de feijão-fava é limitada devido a escassez de trabalhos sobre, o germoplasma disponível, a viabilidade polínica da espécie, a capacidade geral de combinação para hibridação, bem como características presentes nas variedades cultivadas tais como: hábito de crescimento do tipo indeterminado trepador, plantio rústico e em consórcio com outras culturas, suscetibilidade a pragas e doenças (ver capítulo 6), falta de adaptação às condições adversas relacionadas a clima e manejo e diferença na época de maturação. Estes devem ser os objetivos iniciais para a condução de um programa de melhoramento de feijão-fava no País, que visa maior produtividade.

Os programas devem associar entre os critérios de seleção, a preferência do consumidor que incluem: qualidade estética e nutricional dos grãos, tempo de cozimento, diminuição dos teores de ácido cianídrico e aumento da qualidade para processamento. A alta concentração de ácido cianídrico encontrada em feijão-fava é responsável pelo sabor amargo em alguns cultivares, o que conseqüentemente diminui a preferência do mercado consumidor em relação ao feijão comum (Vieira,

1992; Azevedo et al., 2003). A redução de seus teores deve ser um dos objetivos principais para melhoramento da cultura.

Posteriormente a consolidação dos programas nacionais de melhoramento com a cultura, diversos outros objetivos devem ser incorporados, como informações bioquímicas básicas, para o aumento do teor de proteína da semente, manipulação genética dos níveis de inibidores de proteinases; obtenção de cultivares mais adaptadas a sistemas agrícolas intensivos e com fotoperíodo adequado aos vários sistemas agrícolas; genótipos tolerantes a seca, a condições de alta salinidade e a altos teores de alumínio.

O feijão-fava é uma cultura com grande potencial econômico nacional e local, entretanto faltam informações que subsidiem sua exploração e expansão produtiva, afirmando a necessidade do desenvolvimento de pesquisas principalmente nas áreas de genética e melhoramento.

## CLASSIFICAÇÃO BOTÂNICA

A família *Fabaceae*, é uma das maiores entre as dicotiledôneas com 643 gêneros e 18.000 espécies amplamente distribuídas por todo o mundo, cerca de 1.500 destas são encontradas no Brasil (Broughton et al., 2003). Economicamente, é uma das famílias mais importantes, pois apresenta ampla distribuição geográfica, sendo constituídas por espécies com alto potencial alimentar como soja (*Glycine max* L.), ervilha (*Pisum sativum*), alfafa (*Medicago sativa*) e os feijões do gênero *Phaseolus* spp. (McClellan et al., 2005)

O gênero *Phaseolus* é dividido em: *Angiospermae*, classe *Dicotyledoneae*, subclasse *Archichlamydeae/Rosidae*, ordem *Rosales/Fabales*, subordem *Leguminosae*, família *Leguminosae (Fabaceae)*, subfamília *Faboideae*, tribo *Phaseoleae* e subtribo *Phaseolineae* (Souza, 2008). Possui cerca de 70 espécies, dentre elas, apenas cinco são domesticadas: *P. vulgaris* L., *P. lunatus* L., *P. coccineus* L., *P. acutifolius* A. Gray e *P. polyanthus* Greenman. Sendo as espécies mais importantes do gênero a *P. vulgaris* L. conhecido como feijão comum, e, *P. lunatus* L. conhecido popularmente como feijão-fava ou feijão lima (Freytag e Debouck, 2002).

O feijão fava (*P. lunatus*), pertence ao grupo Lunatus e todas as demais espécies cultivadas de *Phaseolus* (isto é, *P. vulgaris*, *P. dumosus*, *P. coccineus* e *P. acutifolius*) pertencem ao grupo Vulgaris (Bitocchi et al., 2017). A figura 1 ilustra a relação entre estas espécies, com base na distribuição geográfica das formas selvagens e suas áreas de domesticação presumidas, sistemas de acasalamento, ciclos de vida, tamanhos de genoma e adaptações ecológicas.

	GEOGRAPHIC DISTRIBUTION OF WILD FORMS	PRESUMED DOMESTICATION AREAS	MATING SYSTEM	LIFE CYCLE	GENOME SIZE (Mbp)	ADAPTATION
<b><i>P. vulgaris</i></b> Common bean 	Mesoamerica and South America	Mesoamerica and Andes	Predominantly autogamous	Annual	587	Mesic and temperate
<b><i>P. dumosus</i></b> Year bean 	Mesoamerica	Mesoamerica	Predominantly allogamous	Annual / Perennial	709	Cool and humid
<b><i>P. coccineus</i></b> Runner bean 	Mesoamerica	Mesoamerica	Predominantly allogamous	Perennial	660	Cool and humid
<b><i>P. acutifolius</i></b> Tepary bean 	Southwestern USA to Central Mexico	Mesoamerica	Autogamous	Annual	734	Hot and dry
<b><i>P. lunatus</i></b> Lima bean 	Mesoamerica and South America	Mesoamerica and Andes	Predominantly autogamous	Annual / Perennial	685	Warm and humid

**Figura 1.** Relações filogenéticas das cinco espécies de *Phaseolus* domesticadas, juntamente com uma comparação de suas características. Fonte: Bitocchi et al. (2017).

O gênero também possui uma classificação baseada na morfologia floral, inicialmente proposta por Marechal et al. (1978) que reconheceu três secções para o gênero: *Phaseolus*, *Alepidocalyx* e *Minkeliersia*, quase uma década depois, Delgado Salinas (1985), sugeriu a classificação em quatro secções: *Chiapasana*, *Minkeliersia*, *Xanthotricha* e *Phaseolus* (Debouck, 1999). Silva e Costa (2003), com estudos baseados em polimorfismo de DNA cloroplastidial e nas sequências de DNA genômico confirmaram estas classificações.

Dentro da espécie (*P. lunatus*) várias classificações são encontradas na literatura. Originalmente, a classificação para a espécie foi baseada na dimensão das sementes, proposta por Linnaeus (1753), que sugeriu a denominação, *P. lunatus* para sementes pequenas e achatadas, e *P. inamoenus*, para sementes grandes (Rachie et al., 1980). Em 1926, Piper sugeriu que *P. lunatus* seria a denominação usada para todos os tipos de feijão-fava cultivados. Em concordância, Baudet (1977), admitiu a simplificação e propôs que a forma silvestre fosse denominada *P. lunatus* var. *silvester*, e a cultivada de *P. lunatus* var. *lunatus* (Silva et al., 2010). Genótipos silvestres apresentam hábito de crescimento indeterminado, período prolongado de floração e grande produção de vagens (Zoro bi et al., 2003). Enquanto os genótipos domesticados apresentam hábito de crescimento determinado e período de floração curto e uniforme.

As espécies cultivadas atualmente apresentam ciclo anual, bianual ou perene, germinação do tipo epígea, hábito de crescimento indeterminado ou determinado e folhas geralmente de coloração escura (Beyra; Artiles, 2004; Hardy et al., 1997). As vagens possuem formas diversas, compridas, delgadas, achatadas, curvas, coriáceas, pontiagudas e podem ter de três a dez sementes por vagem, e de coloração bege quando secas. A cor e tamanho do tegumento dos grãos são bastante variáveis dentro da espécie (Azevedo et al., 2003). Embora não observada facilmente em algumas variedades, a característica que distingue os grãos de *P. Lunatus* das outras espécies do gênero, são as linhas emitidas do hilo para o dorso da semente (Vieira, 1992).

## ORIGEM E DOMESTICAÇÃO

O gênero *Phaseolus* apresenta-se como modelo para estudos sobre o processo evolutivo das espécies cultivadas, auxiliando no entendimento das alterações fenotípica convergentes que ocorreram durante a origem e domesticação das espécies (Bitochi et al., 2017). O gênero é exemplo único de múltiplos eventos de domesticação paralelos, uma vez que, dentre suas cinco espécies domesticadas, duas espécies *P. Vulgaris* e *P. lunatus* passaram, cada uma, por pelo menos dois eventos independentes de domesticação (Figura 1). A singularidade nesses eventos esta relacionada a: (i) sua recente divergência, e o alto nível de colinearidade e sintenia entre seus genomas; (ii) seus diferentes, ciclos e sistemas reprodutivos que vão desde anuais e autógamias, para perenes e alógamos; e (iii) sua adaptação a diferentes ambientes, não apenas em seus centros de origem, com posterior introdução e dispersão em diferentes países.

Especificamente, a espécie *Phaseolus lunatus* L. possui, indícios do processo de domesticação, datados a mais de 2 milhões de anos (Kaplan; Kaplan, 1988). Para esta espécie o centro de origem e o processo evolutivo, tem sido bastante debatido, sendo uma questão não completamente elucidada.

O trabalho de Vavilov (1926), por meio do método fitogeográfico, e posteriormente, pelos achados arqueológicos na América Central (Zimmermann; Teixeira, 1988), forneceram os valiosos indícios para a origem Americana da espécie. Posteriormente, Mackie (1943) e Vieira (1967) indicaram a Guatemala como único centro de origem para a espécie na América Central, onde são encontradas formas silvestres, trepadeiras e, com sementes leves (5 a 14 gramas/100 sementes). Em 1983, Fornes Manera propôs o Continente Asiático como centro de origem da espécie.

O processo de domesticação de *P. Lunatus* tem início com a disseminação das sementes pelos espanhóis das Américas para as Filipinas, através do Oceano Pacífico, e de lá para a Ásia. A expansão da cultura do Brasil para a África (Evans, 1980) foi facilitada pelo comércio de escravos.

A teoria de Mackie (1943) propõe três principais rotas de dispersão para o gênero, relacionadas às rotas de comércio (Assunção Filho, 2012) corroboram com a figura 1:

- Ramificação Inca direcionada para o sul, atingindo a América Central pela Colômbia, Equador e Peru, sendo as sementes grandes e achatadas, definidas como grupo grande.

-Ramificação Hopi, é a rota que parte para o norte, atingindo os Estados Unidos por meio de Yuma no Arizona, região de clima frio, nesta ramificação as sementes são caracterizadas por serem de dimensão média e achatadas, definidas como grupo intermediário.

- Ramificação Caribe, consiste na rota que segue para o leste, atingindo as Antilhas e, parte para o norte da América do Sul, o clima desta região é seco desde Yucatán até as Antilhas, as sementes dispersadas são pequenas e globosas, definidas como grupo pequeno.

A hipótese proposta por Mackie (1943), é bastante controversa. Baseada em evidências arqueológicas, na variação das características morfológicas das sementes, em dados ecológicos e moleculares, Baudoin (1988), Debouck et al. (1989), Brink e Belay, (2006), propõem a domesticação da espécie baseada em dois processos: seleção para sementes com morfotipo “grande” (70 a 116 g para 100 sementes) pertencente ao centro de domesticação Andino, restrito às regiões dos Andes, que vai do norte do Peru até o Equador e em poucas regiões no Chile e na Bolívia enquanto os morfotipos “intermediário” (50 a 70 g para 100 sementes) e “pequeno” (35 a 50g para 100 sementes) pertencem ao centro de domesticação Mesoamericano, distribuído na região México-Guatemala, se estendendo a algumas ilhas do Caribe e em determinadas regiões no Panamá.

Outros estudos, baseados em dados de distribuição geográficas, análises bioquímicas de proteínas das sementes (Gutiérrez-Salgado et al., 1995), e polimorfismos de DNA nuclear e de cloroplasto moleculares (Caicedo et al., 1999; Fofana et al., 2001; Serrano-Serrano et al., 2010; Andrueza-Noh et al., 2013), das formas selvagens e cultivadas da espécie, corroboram com a existência dessa divisão evolutiva.

Estudos recentes de Motta-Aldana et al. (2010) baseados em análises de DNA de cloroplasto e polimorfismos ITS (espaçador interno transcrito) em uma amostra de acessos selvagens e cultivados feijão-fava, observaram uma severa redução da diversidade genética atribuída a domesticação, tanto nos reservatórios gênicos mesoamericanos como andinos; em particular, a perda de diversidade apareceu mais forte de acordo com dados de DNA de cloroplasto (100%, 92,1%), para os reservatórios genéticos mesoamericanos e andinos, respectivamente) do que para os dados de ITS (46,6%, 58,5%, respectivamente).

Além da erosão genética, como consequência do processo de domesticação as plantas cultivadas apresentam um conjunto de caracteres que as distinguem dos seus ancestrais selvagens ("síndrome de domesticação") (Harlan, 1992). As principais modificações para feijão-fava foram: produção de vagens e sementes maiores, variação no formato e coloração das sementes; redução da dormência e das substâncias tóxicas das sementes, perda do mecanismo de dispersão natural, mudanças no hábito de crescimento e redução no ciclo reprodutivo (Baudoin et al., 1988).

## CITOGENÉTICA

As espécies do gênero *Phaseolus* são todas diplóides, cujo número cromossômico predominante é  $2n=22$ , por vezes, o número cromossômico, pode variar, ocorrendo espécies com  $2n=20$ , *P. leptostachyus*, *P. micranthus*, e *P. macvaughii*, consideradas aneuplóides (Delgado-Salinas, 1998). O cariótipo do gênero tem como características, tamanho pequeno, estrutura simétrica e predominância de cromossomos metacêntricos e submetacêntricos, confirmados através de coloração convencional (Mercado-Ruaro; Delgado-Salinas, 2009; Moscone et al., 1999). As análises cariotípicas realizadas por Mercado-Ruaro e Delgado-Salinas (2000), em espécies selvagens do gênero *Phaseolus* confirmaram o número básico de cromossomos descrito acima, nas espécies que apresentam aneoploidia esses autores sugerem a ocorrência além da redução do número de cromossomos, de inversões e translocações que alteraram a posição do centrômero das espécies analisadas.

Na análise com a técnica de bandeamento C, a espécie *P. lunatus* apresentou bandas de heterocromatina nas regiões terminais (Mok;Mok, 1976; Moscone et al., 1999). Os cromossomos de *P. lunatus* revelaram regiões heterocromáticas ricas em bases GC (banda CMA) na região organizadora de nucléolo (RON) e regiões heterocromáticas ricas em bases AT (banda DAPI) nas regiões pericentroméricas, através da coloração CMA/DAPI. Uma parte dos pares cromossômicos de *P. lunatus* apresentaram tamanhos, morfologias e bandas CMA similares, e outros três pares cromossômicos se apresentaram diferentes dos demais (Moscone et al.,1999).

A análise de 17 acessos de *P. lunatus* mostrou uma variante, ocorrendo uma duplicação do sítio de rDNA 5S em apenas quatro acessos provenientes de um único município do Brasil (Almeida; Harand, 2010). Moscone et al. (1999) observou em uma cultivar da mesma espécie a presença de um sítio de rDNA 5S e um sítio de rDNA 45S. Pedrosa-Harand et al. (2006), sugere a partir destes que esses sítios se encontram praticamente estáveis, diferentemente do que foi encontrado para *P. vulgaris*.

As informações citogenéticas para espécie precisam ser melhor elucidadas, seu conhecimento é essencial para compreensão das relações filogenéticas entre os táxons, espécies e gêneros (Stebbins, 1971; Guerra, 2000), sendo uma ferramenta importante para auxílio na análise do tipo de reprodução, da estabilidade do genótipo desenvolvido, avaliação genômica em híbridos interespecíficos, introgressão de genes ou segmentos cromossômicos, mapeamento físicos dos cromossomos e análise do padrão de inserção de transgenes (Zimmermann e Teixeira, 1996), os programas de melhoramento de plantas, podem fazer uso dessas informações nas suas diferentes fases de execução.

Diante as informações até o momento obtidas para a espécie, seu pool gênico está organizado em conjuntos gênicos primário, secundário, terciário e Quaternário (Baudoín, 2001; Pathania et al., 2014)

Figura 2.

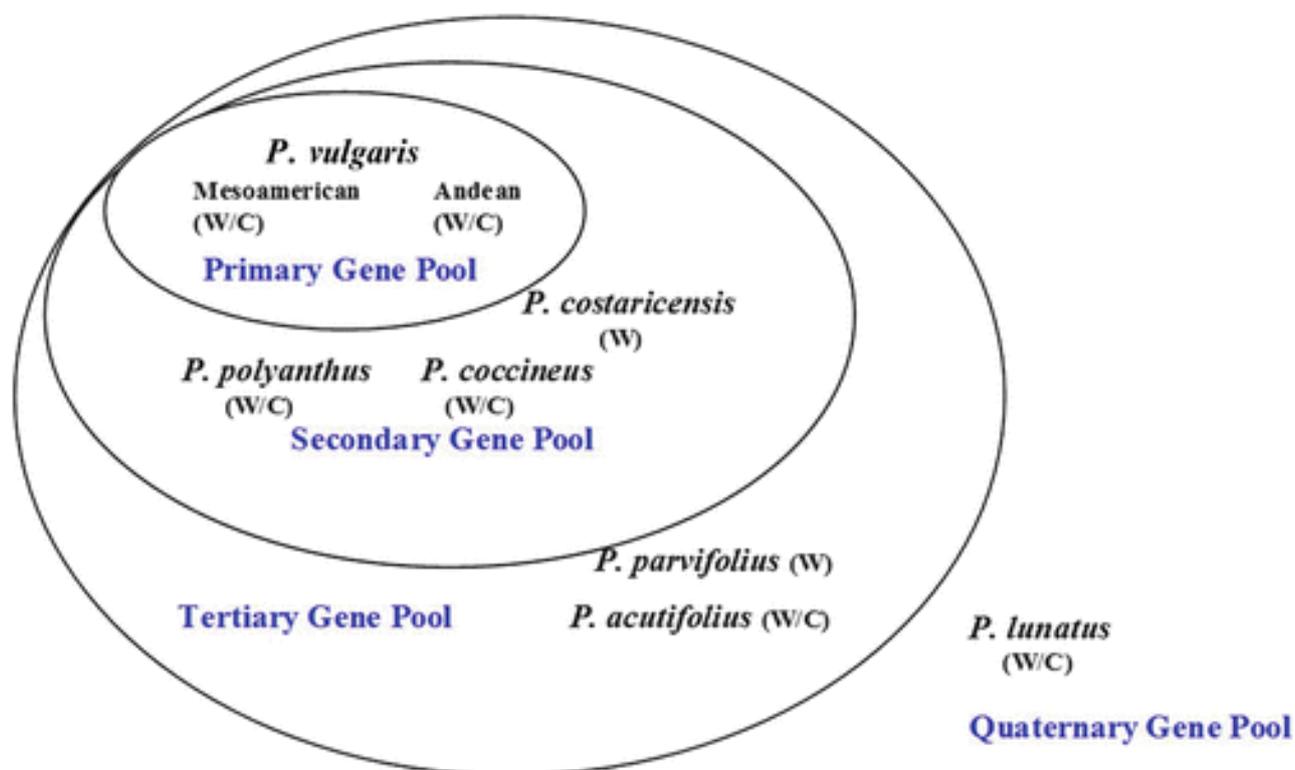


Figura 2. Organização do background genético de *Phaseolus*. Fonte: Pathania et al. (2014).

No pool gênico primário: o fluxo gênico é relativamente livre e a progênie obtida geralmente é fértil, compreende espécies silvestres e domesticadas (Baudoín et al., 2004). Pool secundário: incluem espécies em que o fluxo gênico é possível, entretanto a progênie obtida pode apresentar variação nos níveis de fertilidade e esterilidade, a compatibilidade cromossômica pode ser pouca ou inexistente, o híbrido pode ser estéril não ocorrendo gerações subsequentes, inclui as espécies da América do Sul. O pool terciário: em geral incluem espécies pouco aparentadas em outros gêneros, ou espécies pouco relacionadas do mesmo gênero, o fluxo gênico é difícil, com necessidade de restauração da fertilidade dos híbridos gerados, inclui as espécies distribuídas pelo EUA e/ou México (Debouck, 1999; Delgado-Salinas et al., 1999). O pool gênico quaternário é o mais isolado quando comparado as demais espécies do gênero, o fluxo gênico é difícil, inclui as formas silvestres e domesticadas de *P. Lunatus*.

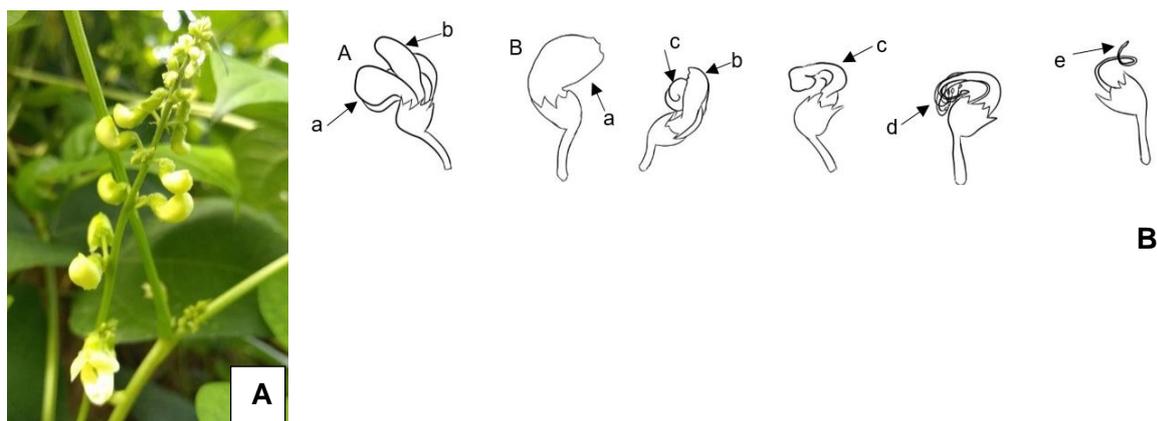
O conhecimento sobre o complexo gênico associados ao conhecimento da biologia floral da espécie, permite organizar a diversidade genética de forma a estimular a sua utilização, possibilitando a ampliação sobre o conhecimento da base genética, maximizando os ganhos de seleção, melhorando a atuação das espécies no melhoramento genético (Camarena, 2005; Silva; Costa, 2003).

## BIOLOGIA FLORAL

O conhecimento do sistema reprodutivo das espécies a serem melhoradas é de fundamental importância para determinação do método de melhoramento que será utilizado para o desenvolvimento de novas cultivares (Valls, 2007; Poehlman, 2013), a morfologia floral bem como a taxa de cruzamento deve ser estudada nas etapas iniciais dos programas de melhoramento para conhecimento de parâmetros genéticos de uma espécie a serem utilizados para sua conservação ou melhoria (Penha et al., 2017).

*P. lunatus* L. é uma espécie plurianual, autocompatível, apresentando um sistema misto de cruzamento, comportando-se alternadamente como autógama ou alógama, sendo considerada predominantemente autógama, com taxa de cruzamento natural variando entre 2% a 48% (Baudoin, 1988; Zoro Bi et al., 2005; Hardy et al., 1997). Entretanto, a produção diária de flores por planta é grande, aumentando a atratividade dos polinizadores devido a maior disponibilização de néctar. A abelha (*Apis mellifera*) é o principal agente polinizador da espécie (Hardy, 1997), a presença de agentes polinizadores associadas às variações no tamanho da população, nos genótipos avaliados, na morfologia e fenologia das flores, contribuem para alteração das taxas de cruzamentos naturais (Penha et al., 2017). Provavelmente muitas das variedades cultivadas são originadas de um processo natural de hibridação, uma vez que ao pousar nas assas florais os insetos polinizadores as pressionam, forçando o estigma e o estilete a projeta-se para fora da quilha, o estigma continua receptivo por horas (Baudoin, 1988).

A espécie apresenta algumas adaptações fenológicas que favorecem a autofecundação, a exemplo, da maturação sincronizada de grãos de pólen e estigma, a posição dessas estruturas dentro da quilha no momento da liberação do grão de pólen e abertura floral no momento da deiscência da antera (Webster et al., 1979; Silva et al., 2010). De acordo com a morfologia floral, é considerada hermafrodita, com inflorescências compostas, axilares, em flores dispostas em cachos (Figura 3 A), apresentando variação no número e tamanho dos botões (Beyra; Artiles, 2004; Silva, 2019). A cor da corola varia desde o branco até o roxo, sendo esta última coloração dominante sobre a branca. O ovário é unilocular, apresentando 2 a 3 óvulos, o androceu é formado por dez estames diadelfos com anteras do tipo bitecas, dorsifixas com deiscência longitudinal envolvidas por uma quilha (Figura 3B) (Souza et al., 2015). A viabilidade polínica é considerada alta, com cerca de 90% de grãos de pólen viáveis (Lopes et al., 2010). Entretanto, esta viabilidade pode reduzir ao longo do dia, a depender também dos acessos utilizados, chegando a menos de 80% nas horas mais quentes do dia (Souza et al., 2015; Silva, 2019).

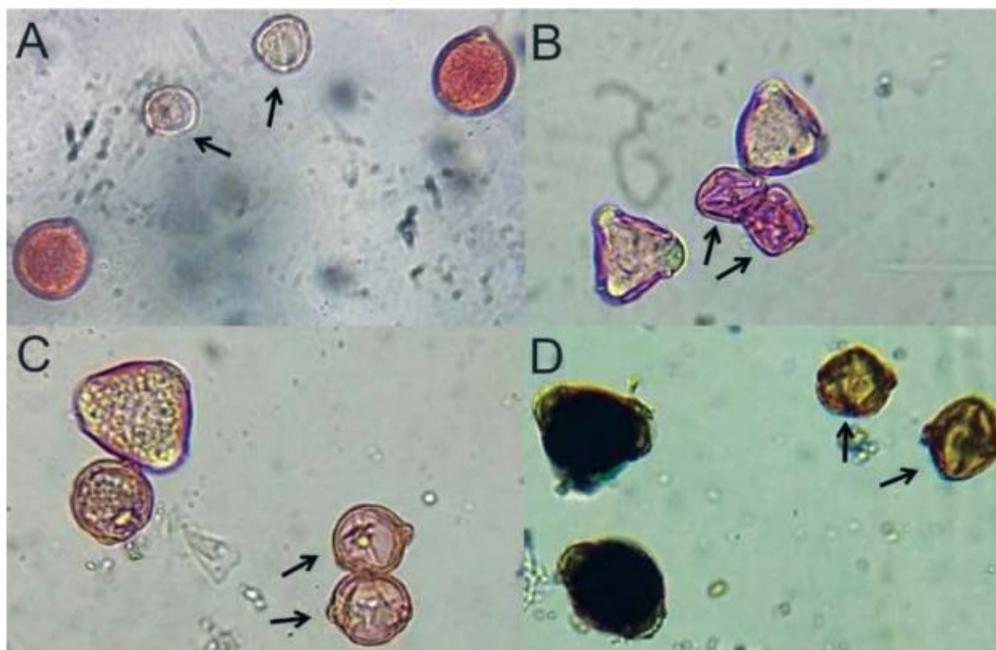


**Figura 3.** Morfologia floral de *Phaseolus lunatus*. A) Botões florais dispostos em cachos. B) Estruturas florais a: Asa, b: estandarte; B: botão floral; c: quilha; d: estruturas reprodutivas (estigmas e anteras); e: antera; e: estigma. Ilustração: Menneky Prudêncio Lisboa da Silva.

O modo de reprodução é razoavelmente bem conhecido para a maioria das espécies de importância agrícola. Esta informação é, entretanto, incompleta, em maior ou menor grau, especialmente no concernente à taxa de cruzamento natural, nas diferentes condições de ambiente (Silva et al., 2010). Para a condução eficiente de um programa de melhoramento é necessário a determinação das taxas de cruzamentos para a área em questão, na qual o programa será conduzido, possibilitando delinear estratégias de seleção, conhecer a diversidade genética para melhor aproveitamento da variabilidade disponível, estabelecendo o tamanho amostral para a conservação desta. Penha et al., (2017) analisaram 14 acessos de feijão-fava pertencentes ao Banco de Germoplasma da UFPI, por meio de dez marcadores microsatélites para estimar as taxas de cruzamento natural e diversidade genética em *P. Lunatus* no Brasil. Os autores observaram taxa de cruzamento de 38,1%, proporção de autofecundação de 61,9%, o número médio de polinizadores efetivos por plantas foi de 1,12, esses dados corroboram com a hipótese de um sistema misto de cruzamento predominantemente autógamo. No que diz respeito, a diversidade genética observou-se: o número de alelos por loco de 6,10, a porcentagem de locos polimórficos de 30%, e a heterozigosidade observada que foi de 0,077, indicando alta variabilidade genética nessas populações.

A morfologia floral do feijão-fava é bem conhecida, entretanto trabalhos sobre o sistema reprodutivo das variedades cultivadas no país são raros. Recentemente, Jesus et al. (2018) estudaram a viabilidade do pólen em 9 acessos de feijão-fava nas condições ambientais de Teresina-PI, utilizando diferentes metodologias. Os autores encontraram viabilidade do pólen entre 74 a 98% variando entre genótipos e entre os corantes utilizados (Figura 4). Nas condições ambientais do Sul do estado do Piauí, em Bom Jesus, Silva (2019), também encontraram diferenças genotípicas para dois acessos com média de 86,5% de pólen viáveis.

Além da viabilidade polínica, o sucesso da reprodução está relacionado a receptividade do estigma. Em fava, a receptividade do estigma é, em média de, 80% nas primeiras horas do dia, decrescendo com o passar do tempo podendo chegar a 40% entre 12:00 às 14:00h (Silva, 2019), o que pode comprometer o processo reprodutivo. Entretanto, o autor encontrou correlação positiva e significativa entre a viabilidade do pólen e a receptividade do estigma em feijão-fava indicando que o estigma se encontra receptível ao mesmo momento que o pólen se encontra viável. No melhoramento genético é importante considerar este efeito, pois além de facilitar a autogamia, é determinante para definir estratégias de hibridação.



**Figura 4.** Grãos de pólen submetidos a diferentes métodos de coloração. A: carmim acético 2%; B: orceína acética 2%; C: lugol; D: fucsina básica. Setas indicam grãos de pólen inviáveis. Fonte: Jesus et al., (2018).

Esses estudos auxiliam no conhecimento das barreiras genéticas e morfológicas à hibridação na espécie (Souza et al., 2015) e devem ser aprofundados em feijão-fava.

## HIBRIDAÇÃO

A hibridação é um fator importante na evolução das plantas, no desenvolvimento de combinações genéticas específicas e como mecanismo de especiação, sendo útil no cultivo de plantas como forma de inserir um atributo desejável, resultando em um novo cultivar de interesse agrônomo (Cruz et al., 2011; Nascimento et al., 2015).

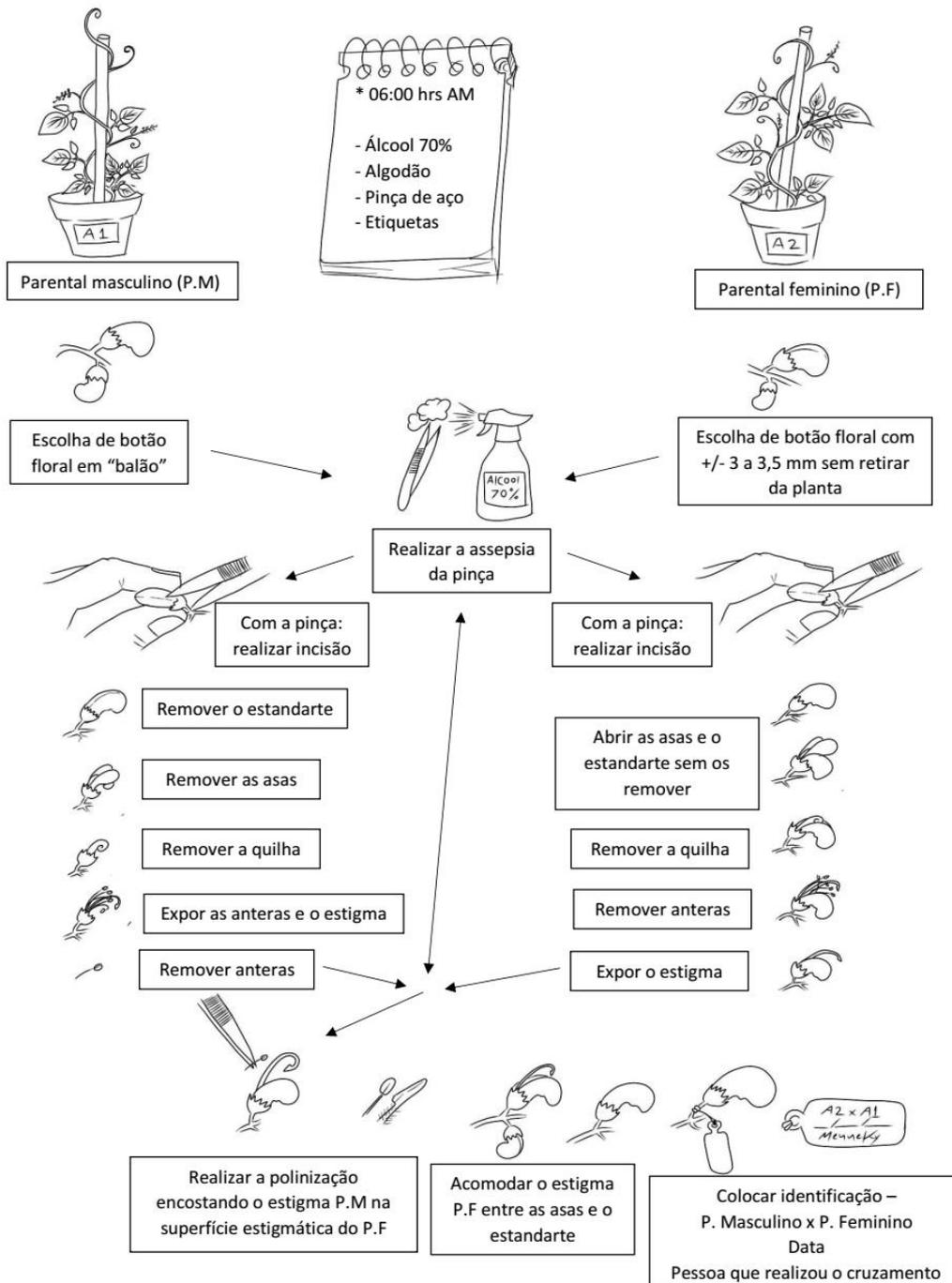
Em feijão-fava, a hibridação artificial é um processo trabalhoso e delicado (Ramalho et al., 2012) devido principalmente a morfologia floral das espécies. É importante garantir que as estruturas

reprodutivas (estigma e anteras) não sofram danos e que não haja comprometimento da fixação dos botões ao racemo (Freire Filho et al., 2005)

A hibridação deve ser realizada nas primeiras horas do dia, horário de maior viabilidade polínica e maior receptividade do estigma. Inicialmente deve-se definir os botões florais a serem emasculados, estes devem estar na fase de pré-antese, não devendo ocorrer, danos no estigma e estilete durante o manuseio do mesmo (Myer, 1996; Freire Filho et al., 2005). Para auxiliar na emasculação pode ser utilizado pinça de aço reta ou curva, com pontas finas, permitindo a abertura do botão floral. Deve-se abrir o estandarte e as outras partes florais (desenrolando a quilha), até os órgãos reprodutores masculinos e femininos serem expostos, e em seguida, retira-se todas as anteras, sempre com cuidado para não comprometer a estrutura do botão floral (Vieira, 1967). A polinização é executada conduzindo o grão de pólen da planta doadora para o estigma da flor receptora. Silva (2019), recomenda utilizar botões em pré antese como doador de pólen, pois, em estudos sobre viabilidade polínica os grãos de pólen mostraram-se mais viáveis em comparação a flores após a antese. Entretanto, existem relatos que o pólen permanece viável por 12 a 15 horas após a antese, podendo utilizar uma flor para quatro a cinco botões emasculados (Myer, 1996; Freire Filho et al., 2005) ficando a critério do melhorista. Um esquema prático, para realização de cruzamento em feijão fava, pode ser visualizado na Figura 5.

A polinização manual em *Phaseolus*, bem como na maioria das espécies autógamas, requer maior disponibilidade de mão de obra treinada, condições ambientais favoráveis e entre outros fatores que têm restringido os trabalhos e o sucesso dos programas de melhoramento com hibridação na espécie. Souza et al. (2015) testou quatro métodos de hibridação artificial na Universidade Federal do Piauí, em feijão-fava, tendo realizado 1156 cruzamentos manuais entre os genótipos G25165, G26200, provenientes do Centro Internacional de Agricultura Tropical, na Colômbia e UFPI-728 coletada na Paraíba e obteve menos de 3% de pegamento. Em outro estudo realizado na mesma universidade, 140 cruzamentos artificiais envolvendo cinco genótipos promissores e contrastantes de feijão-fava foram testados, porém nenhum cruzamento obteve sucesso, observando porcentagem de abscisão de 100%. Os mesmos cruzamentos foram realizados na Universidade Federal do Norte Fluminense -UENF, não obtendo sucesso.

Este problema é ainda maior, quando se trata de cruzamentos interespecíficos. Não tem sido reportado híbridos interespecíficos naturais envolvendo *P. lunatus* (Baldoín et al., 2004). Além disso, a tentativa de cruzamentos artificiais entre *P. lunatus* e *P. vulgaris* também não têm gerado híbridos viáveis e férteis (Mok et al., 1978; Kuboyama et al., 1991; Almeida, 2006). Algum sucesso de cruzamento artificial entre *P. lunatus*, *P. vulgaris*, *P. coccineus* e *P. acutifolius* foi descrito utilizando cultura de embriões, porém com viabilidade muito baixa (Lyman, 1980) e através de retrocruzamento utilizando como parental *P. vulgaris* (Yarnell, 1965). Este fato é explicado pela posição distinta de *P. lunatus* dentro da taxonomia do gênero conforme visto na Figura 1 e Figura 2 deste capítulo.



**Figura 5.** Esquema de cruzamentos utilizados em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) cultivadas em ambiente protegido na Universidade Federal do Piauí, Bom Jesus-PI. Ilustração: Menneky Prudêncio L. da Silva.

O uso comercial de variedades híbridas no Brasil é desconhecido, até o presente momento, existem apenas teste realizados com híbridos no programa de melhoramento da Universidade Federal do Piauí em Teresina. No exterior, porém, principalmente nos Estados Unidos, a hibridação já vem sendo utilizada em larga escala nos programas de melhoramento como será visto posteriormente neste capítulo.

Em uma tentativa mais racional para direcionar os cruzamentos e obter sucesso, estudos citogenéticos foram realizados a fim de observar e mensurar os padrões de heterocromatina constitutiva, como forma de diferenciação dos genótipos e ordenação de cruzamentos intraespecíficos (Andrade, 2018). Espera-se, que em breve a hibridação artificial seja utilizada e explorada com mais eficiência nos programas de melhoramento nacionais.

## **BANCOS DE GERMOPLASMA**

A distribuição da diversidade existente na espécie, principalmente nos países que constituem o novo mundo, também é pouco entendida (Salgado et al., 1995). O primeiro trabalho de relevância sobre a quantificação e distribuição da diversidade existente em *P. Lunatus* foi realizado por Vavilov em 1926, que indicou a América, especificamente o México e a América Central, como centro de diversidade do gênero, devido à grande variabilidade de formas (Vavilov, 1926) e cores observadas nestas regiões.

Os Bancos de germoplasma são a base física do patrimônio genético que reúnem o conjunto de materiais hereditários de uma espécie (Valois et al., 1996). O germoplasma disponível representa a matéria-prima indispensável ao melhoramento genético vegetal, para o desenvolvimento de variedades mais produtivas, resistentes a pragas e doenças, tolerantes a estresses abióticos e melhor adaptadas às regiões de cultivo (Ramalho et al., 2004). A conservação desse material tem atraído a atenção não só de melhoristas, mais dos governantes, para orientar as políticas de conservação, pois estes são os reservatórios de alelos para o desenvolvimento da agricultura, com resultados a curto, médio e longo prazo (Nass, 2007).

A conservação da diversidade genética de *P. lunatus* L., em bancos de germoplasma ocorre principalmente nos Estados Unidos (Departamento de Agricultura dos Estados Unidos - USDA), México (Instituto Nacional de Pesquisa Florestal, Agrícola e Pecuária - INIFAP) e Colômbia (Centro Internacional de Agricultura Tropical- CIAT). O CIAT, mantém maior coleção de germoplasma de feijão do mundo, com cerca de 25.000 acessos, destes, 3.305 acessos são de feijão-fava. Todos os materiais mantidos pelo CIAT estão disponíveis para consulta na plataforma *on line* <https://genebank.ciat.cgiar.org/genebank/bsearchparam2.do>, nela é possível obter informações de todos os acessos entre linhas melhoradas e variedades tradicionais. A atual política de obtenção de sementes do CIAT pode ser encontrada no site <https://genebank.ciat.cgiar.org/genebank/beancollection.do>.

No âmbito nacional, a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), em Brasília, é a detentora da principal coleção de feijão-fava. São 363 acessos conservados e cadastrados no portal Alelo (<http://alelo.cenargen.embrapa.br/>), disponibilizando dados de passaporte do material genético tais como: forma e local de obtenção, data da coleta e registro fotográfico. Essa coleção ativa está aberta para

atendimentos a intercâmbios, materiais da coleção já foram cedidos para diferentes instituições de pesquisa: University of California-Davis (2013), Universidade Federal do Rio de Janeiro - Museu Nacional (2015) e Universidade Federal do Piauí em 2016 (Moraes et al., 2017).

Na Universidade Federal do Piauí, Campus Ministro Petrônio Portela, Teresina, está instalado um Banco Ativo de Germoplasma de feijão-fava, este foi implantado em 2005, e conserva atualmente mais de 200 acessos de variedades crioulas, obtidas em comunidades agrícolas, feiras e mercados, por meio de expedições de coleta, além de acessos obtidos de Bancos de Germoplasma dos Estados Unidos e México. Recentemente, duplicatas de alguns desses acessos, além de novos materiais estão mantidos no *Campus* Cinobelina Elvas da Universidade Federal do Piauí; Na Universidade Federal de Viçosa (UFV – MG), no Banco de Germoplasma de Hortaliças, encontram-se variedades tradicionais de feijão-fava do Brasil, além de duplicatas do Cenargem; Na Universidade Federal Rural de Pernambuco, em Recife, são conservados acessos obtidos de coletas e também de intercâmbio com outras instituições; A Universidade Federal da Paraíba em Areia, por meio de coletas na região, também têm conservado variedades tradicionais.

Ainda na Paraíba, acessos de feijão-fava são encontrados na associação denominada Sementes da Paixão, famílias de todo o estado vêm criando e mantendo bancos de sementes familiares. Nesses bancos, toda a riqueza está armazenada em silos, garrafas pets ou em latões, sob a bênção dos santos prediletos. As famílias agricultoras se organizam também em bancos de sementes comunitários, trabalho coordenado pela Comissão de Sementes do Polo da Borborema, desde 1995, para preservar as sementes e garantir a autonomia no momento do plantio. Atualmente são mais de 60 bancos de sementes que envolvem mais de 1.900 famílias. Este tipo de armazenamento de sementes e conservação do germoplasma, é muito comum em todo o nordeste brasileiro.

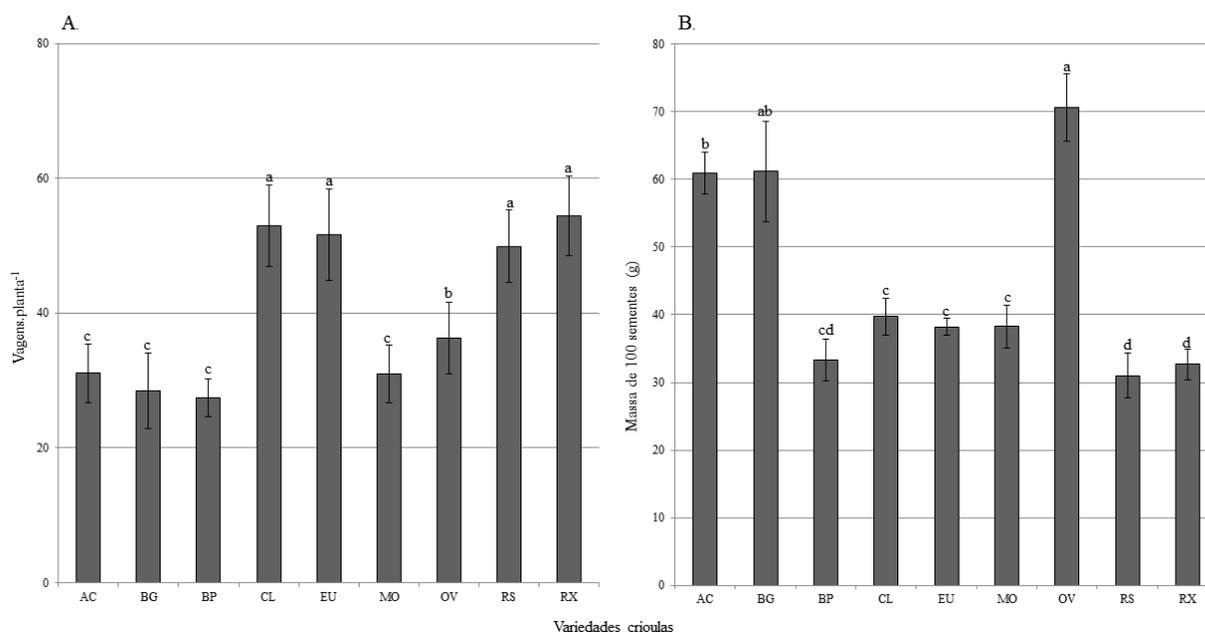
Diversidade genética de *P. Linatus* também pode ser encontrada em outros bancos nacionais e internacionais, tais como: Estação Experimental Agropecuária Salta (Argentina); Instituto de Investigação Agrícola El Vallecito e Universidade Autónoma Gabriel René Moreno (Bolívia); Faculdade de Ciências Agrárias e Universidade Austral de Chile (Chile); Centro Agronômico Tropical de Investigación e Enseñanza (CATIE) e Escola de Biología (Costa Rica); Instituto de Investigações Fundamentais em Agricultura Tropical (INIFAT) (Cuba); Estação Experimental Portoviejo, INIAP (Equador); Centro Universitário de Sur Occidente (CUNSUROC) e Universidade de San Carlos (Guatemala); Ciências Agropecuárias e Instituto de Ecología Aplicada de Guerrero (INEAGRO) (México); Estação Experimental Agropecuária La Molina, Universidade Nacional Hermilio Valdizán (UNHEVAL) e Universidade Nacional Agrária La Molina (Peru) (Knudsen, 2000); Universidade Federal de Alagoas (UFAL); Instituto Federal do Ceará (IFCE) e atual Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária (EMPAER)

Esses bancos de germoplasma de diversas Instituições de Pesquisas e Universidades do país, além das sementes armazenadas por produtores e associações, são de fundamental importância para os programas de melhoramento por serem um reservatório de recursos genéticos das espécies de interesse agrícola (Borém et al., 2017). O conhecimento da variabilidade disponível na espécie permite determinar o critério e a intensidade da seleção, para definição dos genitores a serem utilizados nos cruzamentos, podendo-se assim maximizar a heterose (Souza, 2001), definir o método de condução de populações segregantes, assim como determinar ideótipos de plantas com características desejáveis (Borém et al., 2017).

O conhecimento dessa variabilidade, passa primeiramente pela caracterização e avaliação do germoplasma disponível. A caracterização das sementes que chegam aos bancos de germoplasma, geralmente são o primeiro passo para o conhecimento do material genético a ser armazenado e muitas vezes utilizados em programas de melhoramento. O peso de 100 sementes é um dos descritores morfológicos mais importante para *P. lunatus* por estar relacionado ao grupo gênico da espécie (Moraes et al 2017), (Figura 6). Por este motivo, a caracterização de sementes de feijão fava armazenadas em bancos de germoplasma tem sido reportada por vários autores (Santos et al., 2002; Nobre et al., 2012; Souza et al., 2016; Barroso et al., 2019), além de estarem disponíveis em plataformas como a do CIAT e da EMBRAPA- Cenargen.

Recentemente, a Embrapa lançou um catálogo com vários acessos de feijão fava armazenados no GAG- Fava na EMBRAPA- Cenargen e utilizados em projetos de pesquisa e extensão envolvendo a espécie (Moraes et al., 2017). Espera-se que esta publicação seja de valia para pesquisadores e instituições que realizam pesquisas de campo, ações e projetos envolvendo a conservação e o manejo da rica diversidade de *Phaseolus lunatus* L.

A definição das características a serem avaliados devem ser capazes de descrever, identificar e diferenciar os acessos dentro de espécies, classes ou categorias (Vicente et al., 2005), além de auxiliar na seleção de genitores, a fim de explorar a heterose, e obter cultivares que atendam às necessidades de mercado (Mattos et al., 2010), e fazem parte da etapa de pré melhoramento dos programas. Em *P. Lunatus* estas informações são baseadas em características agronômicas, morfológicas, bioquímicas, citogenéticas e/ou moleculares (Nass, 2007).



**Figura 6.** Valores médios do número de vagens por planta (NVP) (A) e peso de cem sementes (M100) (B) de nove variedades crioulas de feijão-fava (AC: Amarela Cearense, BG: Branca Grande, BP: Branca Pequena, CL: Cara Larga, EU: Eucalipto, MO: Moita, OV: Orelha de Vó, RS: Rosinha e RX: Roxinha). Letras minúsculas diferentes indicam diferenças estatísticas através do teste de Bonferroni a 5% de probabilidade. Fonte: Silva et al., 2017.

## PROGRAMAS DE MELHORAMENTO

Os programas de melhoramento atuais buscam a seleção de características e padrões que atendam as demandas da cadeia produtiva. Características como: produtividade, hábito de crescimento resistência, precocidade, devem estar associadas, as preferências do mercado consumidor que incluem, a qualidade estética e nutricional dos grãos, tempo de cozimento, diminuição dos teores de ácido cianídrico e aumento da qualidade para processamento.

Por volta de 1900 nos Estados Unidos da América (EUA), foram introduzidas tecnologias mecânicas e industriais para aumentar a produtividade na agricultura, que estimularam o desenvolvimento de cultivares de feijão-fava precoces com hábito de crescimento determinado, com uniformidade produtiva (maturação, altura e tamanho de grãos), tolerantes a seca, resistentes a nematoides causadores das galhas-das-raízes, ao míldio pulverulento e também foram incorporados nos tipos hortícolas (Vieira, 1992; Silva et al., 2010).

Em 1920, 800 linhagens de feijão-fava do EUA, foram introduzidas no Egito, devido à facilidade de desenvolvimento em diferentes tipos de solo e climas, resistência a ferrugem, a insetos, além da tolerância a seca, e se adaptaram muito bem ao novo ambiente (Correa, 1969; Yayama, 1982). Cultivares originalmente desenvolvidas para os EUA, também foram utilizadas para iniciar programas de melhoramento no México, Filipinas, Zâmbia, Gana, Nigéria, entretanto, estas demonstraram baixo

desempenho, para alguns caracteres como crescimento determinado e produtividade (Baudoin, 1998). Destes, apenas o Instituto Internacional da Agricultura Tropical (IITA) Programa da Nigéria, conduzido de 1975 a 1980, obteve resultados satisfatórios. Em 1978 dez cultivares do IITA foram introduzidas na Amazônia para seleção de indivíduos com melhor desempenho (Yayama, 1982).

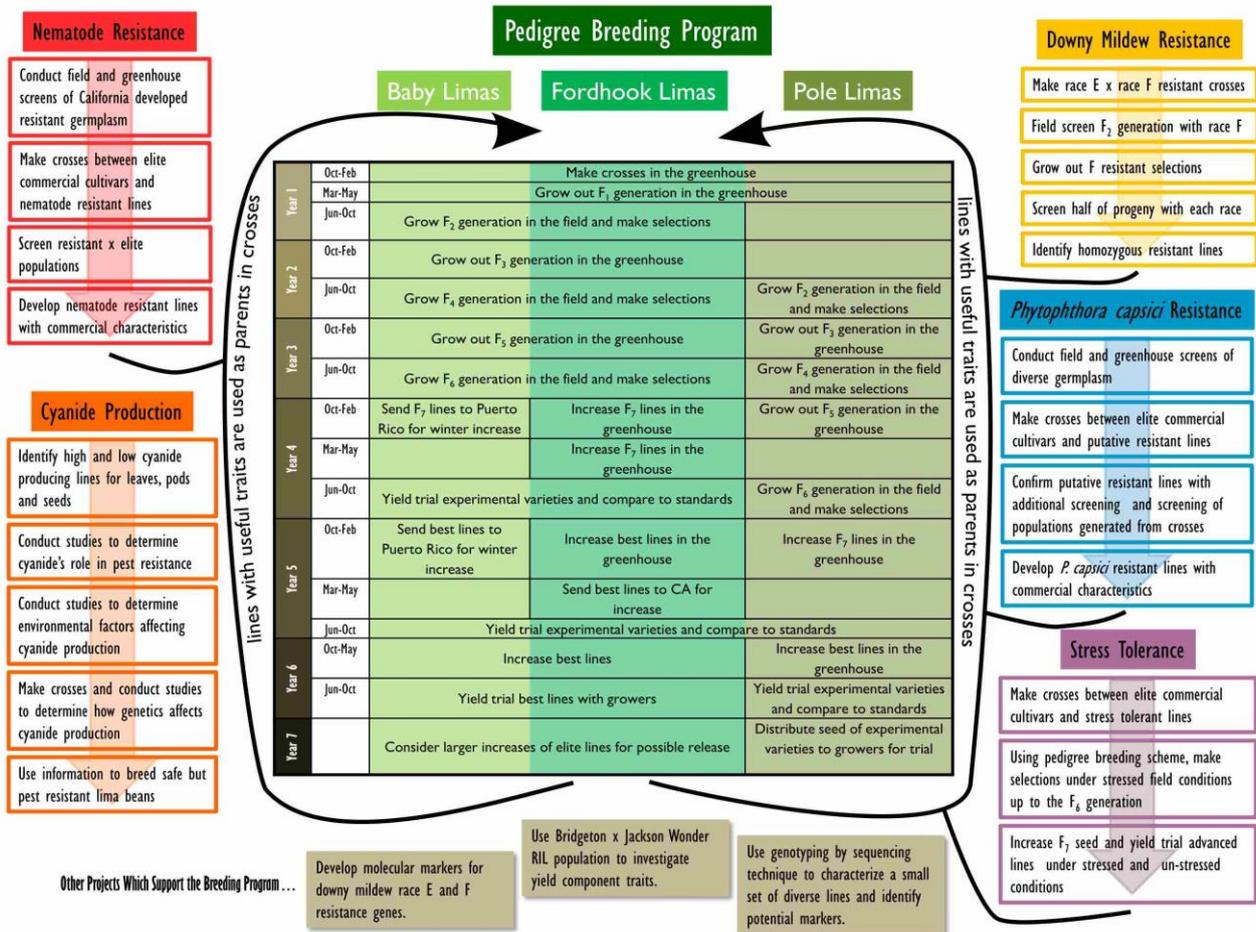
Posteriormente, programas foram iniciados em Madagáscar e no Peru, com o subgrupo de grãos maiores. Nestes o objetivo foi obter cultivares com hábito de crescimento indeterminado e com ciclo de 120 a 300 dias (Baudoin, 1998; Lioi; Galasso, 2002).

Mundialmente, os avanços continuam, em 2018, a Universidade de Delaware, localizada no Nordeste dos EUA, avaliaram mais de 80 linhagens recombinantes de feijão-fava, algumas, desenvolvidas em parceria com a empresa ADM Seedwest. O principal método de melhoramento utilizado é a hibridação e condução de populações segregantes por meio do método Genealógico, as populações segregantes avaliadas são resultados das recombinações entre os grupos comerciais conhecidos como “Baby Lima”, “Fordhook Lima” e “Pole Limas” (Figura 7). Novas cultivares estão sendo desenvolvidas principalmente buscando maior rendimento, maturidade, qualidade e resistência a doenças sob condições de cultivo do Estado de Delaware (Ernest; Johnson, 2018).

Na Universidade da Califórnia em Davis, região famosa por ser grande produtora de grão secos de feijão-fava, vários projetos têm sido desenvolvidos, envolvendo hibridação, avaliação de populações segregantes, retrocruzamentos e avaliação de linhagens endogâmicas recombinantes (RILs). Os cruzamentos atuais estão se concentrando em fenótipos com sementes grandes, de alta produtividade com resistência aos insetos pragas do gênero *Lygus* (Palkovic et al., 2016). O intercâmbio de material genético entre esse programa e o da Universidade Delaware possibilitou o desenvolvimento de variedades resistentes a nematoide.

No Brasil, os programas de melhoramento se encontram em fase inicial, conhecida como “pré-melhoramento”, sendo encontrada apenas uma variedade registrada no Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), porém ainda não disponibilizada para comercialização. A literatura Brasileira é escassa sobre o melhoramento de feijão-fava no que diz respeito a utilização e indicação de métodos de melhoramento e avaliação de populações segregantes. Os poucos estudos com melhoramento em feijão-fava têm concentrado suas pesquisas em análises de diversidade genética, por meio de caracterização morfoagrônoma, fenológica, bioquímica e/ou molecular, em coleções de

germoplasma nas diversas instituições como em Universidades Federais (UFPB, UFPI, UFAL, UFC, UFRPE, UNESP, IFCE e UFRSA) além de instituições de pesquisa como a EMBRAPA.

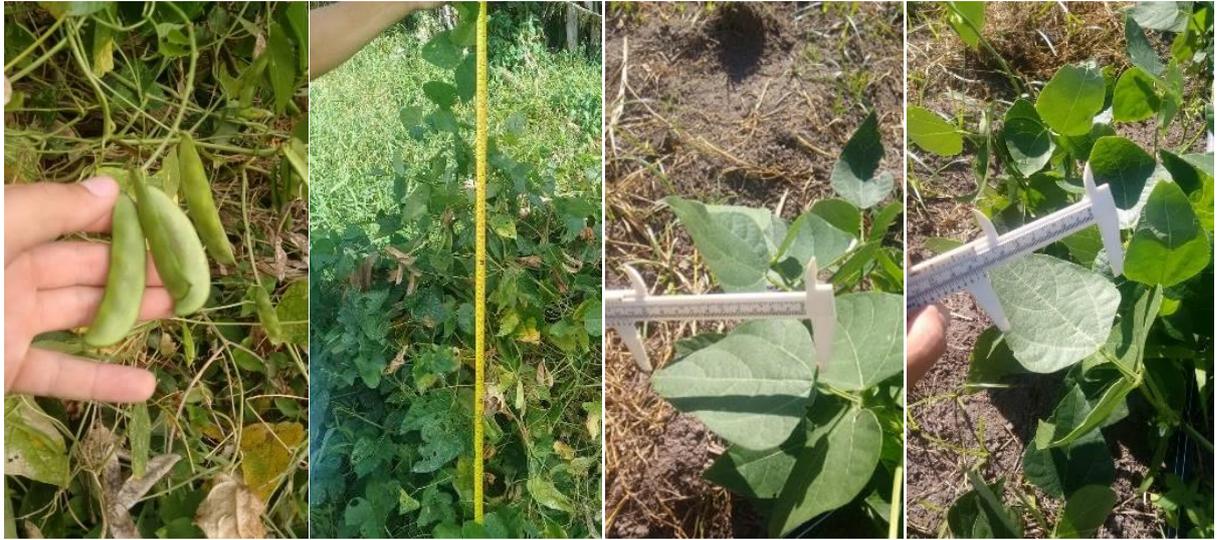


**Figura 7.** Esquema geral dos objetivos e áreas de pesquisa do programa de melhoramento de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*) da Universidade de Delaware. Fonte: Universidade de Delaware, (2019).

Com o intuito de estabelecer um programa de melhoramento para o mercado consumidor e para o produtor, Souza et al. (2016), avaliaram características dos grãos em dezessete acessos de feijão-fava, indicando a seleção dos acessos UFPB 8, UFPB 13, UFPB 14 e UFPB 10 para produção de cultivares com sementes maiores e de coloração clara. Silva et al. (2017) e Santos et al. (2017) objetivando a ampliação da variabilidade de genótipos de feijão-fava para uma maior oferta e comercialização de produtos no Estado da Paraíba, avaliaram dez e nove genótipos respectivamente, produzidos na região e indicaram a seleção dos genótipos Orelha de vó, Rosinha, Branca Grande, Cara larga, Amarelo Cearense e Eucalipto, para início e continuidade do programa de melhoramento de feijão-fava da UFPB.

Essas avaliações têm sido conduzidas principalmente com base em dados derivados de caracterização morfoagronômica (Santos et al., 2002; Yagui et al., 2003; Santos, 2008; Guimarães et al., 2007; Oliveira et al., 2011; Souza et al., 2016; Silva et al., 2017), por meio de descritores publicados em

listas pelo Bioversity International (antigo IPGRI) para as diversas culturas, a fim de facilitar e uniformizar as atividades de caracterização e avaliação dos recursos genéticos vegetais (Figura 8).



**Figura 8.** Exemplo de caracterização baseada nos descritores morfoagronômicos, avaliados no programa de melhoramento da Universidade Federal da Paraíba, da esquerda para direita- avaliação fenotípica da vagem, mensuração de altura da planta, comprimento e largura da folha— Areia (2017). Foto: José Edson L. dos Santos.

Gomes e Nascimento (2018) avaliaram os efeitos de indutores bióticos e abióticos em quinze genótipos pertencentes a coleção da Universidade Federal da Paraíba (UFPB) para resistência a antracnose, concluíram que as amostras apresentaram diferentes graus de resistência à antracnose, podendo ser explorados em futuros programas de melhoramento genético; Carmo et al. (2015) e Santos et al. (2015) avaliaram genótipos provenientes do banco de germoplasma da UFPI para resistência a antracnose (fungo *Colletotrichum truncatum*), e indicaram respectivamente os acessos UFPI 641, UFPI 644 e UFPI 645; UFPI-237, UFPI-466, UFPI-134 e UFPI-503 como promissores; Silva et al. (2014) avaliaram reação de genótipos para resistência a *Sclerotium rolfsii*, dois destes genótipos (F-2 e F-25) se comportaram como altamente resistentes, constituindo fontes promissoras de resistência à podridão do colo. O uso de cultivares resistentes é uma das estratégias mais eficientes no controle das doenças, pois além de diminuir o custo de produção, reduz os impactos negativos ao ambiente pela aplicação de agrotóxicos (Carmo et al., 2015).

A caracterização morfoagronômica dos acessos no país já identificaram variedades crioulas com características superiores para aumento de produtividade, crescimento determinado, elevado número de vagens por planta, maior número de sementes por vagem, precocidade em relação aos dias para floração, sementes grandes, alta produtividade por planta e com níveis de resistência (Guimarães et al., 2007; Oliveira et al., 2011; Assunção Filho, 2012; Barreira Neto et al., 2015; Carmo, 2015; Brito, 2017).

As características superiores já identificadas nos genótipos avaliados nas diversas instituições supracitadas, associadas a resultados de projetos como: 1) Instituto Federal do Ceara (IFCE – Tianguá), em parceria com a UFPI, que visa caracterizar favas conservadas pelos agricultores familiares, avaliando o desempenho agrônômico dessas variedades com o objetivo de selecionar as que possuam potencial de mercado para o município; 2) A avaliação de cultivares híbridas dos EUA enviadas para a Universidade Federal do Piauí (UFPI), para introdução; 3) A análise da diversidade genética com o auxílio das técnicas moleculares, realizados por meio de alguns marcadores moleculares como RAPDs (Fofana et al., 1999; CarVALHO et al., 2008; Guimarães et al., 2007), RFLPs (Becerra-Velásquez e Gepts, 1994; Fofana et al., 1999), AFLPs (Caicedo et al., 1999; Rosales-Serna et al., 2005; Castrineiras et al., 2007) ISSRs (Martínez-Castillo et al., 2008; Paniconi et al., 2010) e SSRs (Yu et al., 1999; Blair et al., 2003; Barrantes et al., 2008; González-Torres et al., 2010; Penha et al., 2017); são avanços para o melhoramento genético do feijão-fava no país.

Como avanços, podemos citar a 1ª Reunião internacional de pesquisa sobre feijão-fava, realizada em Teresina, PI, em 2016, como resultados desta, o programa de melhoramento genético de feijão-fava coordenado pela UFPI, que contará com a cooperação técnica da Embrapa e de outras instituições de pesquisa e ensino do Brasil, México e Colômbia, que se empenharão para intercâmbio e avaliação do germoplasma; treinamento de estudantes e pesquisadores; padronização de métodos e protocolos de análise genética e financiamento para pesquisas com a cultura.

É importante que o estímulo e incremento na produção de feijão-fava sejam contínuos, principalmente no que diz respeito ao desenvolvimento de cultivares, mais produtivas, adaptadas aos ambientes de cultivo, com características agrônômicas e culinárias desejadas pelos produtores e consumidores (Herrera et al., 2002), entre os critérios de seleção estão, propriedades tecnológicas, nutricionais e estéticas dos grãos; menor tempo de cocção; resistência às doenças (Yagui et al., 2003; Lopes et al., 2010), precocidade e baixo teores de ácido cianídrico. Programas de melhoramento de feijão-fava são fundamentais para promover e identificar associações alélicas que apresentem esse ideótipo.

A maioria dos programas de melhoramento leva em consideração muitas características simultaneamente, para tanto, técnicas de análise multivariada, ou associações entre elas, como as variáveis canônicas e distâncias multivariadas (Cruz et al., 2011), permitem ao melhorista fazer avaliação do material genético com um conjunto de características que combinam as múltiplas informações contidas na unidade experimental (Oliveira, 1989). Contribuindo na escolha dos procedimentos de seleção mais apropriados objetivando maximizar o ganho genético por geração (Ferreira et al., 2012).

O processo de seleção dos genótipos, com base nas informações fenotípicas (morfoagronômicas) dos indivíduos, pode ser desvantajoso principalmente para os caracteres de baixa herdabilidade. De modo geral, para o sucesso dos programas de melhoramento, é essencial obter informações sobre a diversidade genética do germoplasma disponível e ampliar os conhecimentos sobre os parâmetros genéticos que

governam as características, para escolha de métodos adequados e as afinidades genômicas entre os possíveis doadores de alelos desejáveis e a cultura a ser melhorada. Para tanto, as estratégias no início do programa de melhoramento tipicamente envolvem maior demanda de tempo e esforço na hibridação e avaliação do germoplasma, a depender do objetivo do programa.

## PARAMETROS GENÉTICOS

A maioria das características de importância agrônômica consideradas nos programas de melhoramento, tais como: porte, ciclo da planta, reação a alguns patógenos, produtividade de grãos e seus componentes primários têm expressão governada por controle poligênico, caracteres que tem muita influência do ambiente no seu fenótipo.

Por este motivo, estudos sobre os caracteres em questão são realizados adotando o modelo básico, proposto por Johansen (1903):  $F = G + E$ , para, determinar quanto do valor fenotípico (F) é oriundo de variação genética ou valor genotípico (G) e quanto é devido a influência do meio (E). A variação genética pode ser descomposta, ainda, em duas partes principais, a variância genética aditiva e variância genética não-aditiva, sendo essa última constituída pela variância genética de dominância e variância genética epistática (Cruz et al., 2012; Ramalho et al., 2012). Tais informações são utilizadas para estimação de parâmetros genéticos como herdabilidade (efeito aleatório), coeficiente de determinação genético (efeito fixo), coeficiente de variação genético (CVg), coeficiente de variação experimental (CVe) e  $CVg/CVe$  e Índice de variação ( $I_v$ ).

As estimativas desses parâmetros são fundamentais nos programas de melhoramento por fornecerem conhecimento sobre a variabilidade genética existente na população e quanto dessa variabilidade é devido a cada um dos componentes da variância genética. Com isso, o melhorista poderá fazer a seleção com base na parte herdável da variação da variação total. Além disso, tais estimativas influenciam na escolha do método de melhoramento mais apropriado para cada população a ser melhorada (Cruz et al., 2014; Ramalho et al., 2012).

A estimativa de parâmetros genéticos em *P. vulgaris* é relatada em vários trabalhos na literatura (Ribeiro et al., 2015; Martins et al., 2016; Maziero et al., 2016; Rachman et al., 2018) envolvendo vários caracteres. Para o feijão-fava (*P. lunatus*) entretanto, há poucos relatos envolvendo estudos com estimativas de parâmetros genéticos, principalmente no Brasil, em que o melhoramento da cultura ainda se encontra em fases iniciais do programa.

Na tabela abaixo, encontram-se dados de trabalhos realizados pelos programas de melhoramento da Universidade Federal da Paraíba e do Piauí, em que parâmetros genéticos foram estimados para cultura do feijão-fava. As estimativas obtidas, indicam que grande parte da variabilidade fenotípica para a maioria dos caracteres estudados em feijão-fava é de natureza genética. O peso de 100 sementes, é um dos caracteres de maior importância no melhoramento da cultura, Silva (2015) estimou herdabilidade de

99,47% para esta variável nas condições ambientais de Bom Jesus-PI, em Areia -PB, o peso do grão tem estimativa de herdabilidade de 97,74% (Tabela 1). Akande e Balogun, (2007), estimando parâmetros genéticos em feijão fava em Ibadan na Nigéria, também observaram herdabilidade alta para o caráter, o que reforça o fato que o peso de 100 sementes não é afetado por mudanças nas condições ambientais, favorecendo o melhoramento.

**Tabela 1.** Estimativa de parâmetros genéticos para caracteres avaliados em genótipos de feijão-fava, ( $\sigma^2_E$ ) Variância ambiental, ( $\sigma^2_G$ ) Variância genotípica, ( $h^2$ ) Coeficiente de herdabilidade, (CVg/CVe) Coeficiente de variação genético / coeficiente de variação ambiental. Centro de Ciências Agrárias, Areia, UFPB, 2016/2017.

FV	Características						
	CG	LG	PG	CF	AP	LF	CV
$\sigma^2_E$	0,09	0,02	0,00	0,11	28,95	0,05	0,01
$\sigma^2_G$	7,17	0,19	0,04	0,10	17,59	0,44	0,02
$h^2$	98,70	91,18	97,74	49,24	37,79	89,68	69,08
CVg/CVe (%)	2,25	0,83	1,70	0,91	0,45	1,70	1,01

CG (cm) = Comprimento do grão; LG (cm) = largura do grão; PG (g) = peso do grão; CF (cm) = comprimento do folíolo; AP (cm) = altura da planta; LF (cm) = largura do folíolo; CV (cm) = comprimento da vagem.

Essa variabilidade de origem genética associada a materiais com bom desempenho *per se* e boas estratégias de condução e seleção de populações segregantes poderão proporcionar um importante progresso genético da cultura do feijão-fava no Brasil.

É válido ressaltar, que esses parâmetros genéticos são válidos para as condições ambientais em que foram determinados, em acréscimo ao modelo básico  $F = G + E$ , tem a interação entre  $G \times E$ . O cultivo do feijão-fava ocorre das sementes oriundas de cultivares locais, as quais foram selecionadas pelos agricultores de acordo com as condições ambientais e socioeconômicas de cada microrregião (Silva, 2015), a caracterização destas gera informações importantes para a avaliação do progresso genético das populações.

Sabe-se que um fator que dificulta o progresso genético bem como a seleção de genótipos superiores, é a influência do ambiente na expressão de grande número de caracteres, a exemplo altura de planta (Tabela 1), podendo mascarar os efeitos dos genótipos. Para tais características, observar-se que a compreensão da interação  $G \times E$  é fundamental, pois, existe uma resposta diferencial dos genótipos em relação à variação ambiental. A existência da interação está associada a dois fatores: o denominado simples, que é proporcionado pela diferença de variabilidade entre genótipos nos ambientes e o segundo denominado complexo, que é dado pela inconsistência da superioridade de genótipos com a variação do ambiente.

Na prática, para que o feijão-fava possa ser selecionado e recomendado para cultivo em determinadas regiões, é necessário a avaliação dos genótipos em diferentes regiões, o que possibilitará o conhecimento da magnitude e da natureza dessa interação e contribui com o grau de confiabilidade das recomendações. No país, para feijão-fava, os estudos relacionados a interação G x E, que assegurariam a confiabilidade na recomendação (adaptação e produção) de cultivares por região, são insipientes. Faz-se necessário realizar análises de adaptabilidade e estabilidade fenotípica, pelas quais é possível a identificação de genótipos com comportamento previsível, que sejam responsivos às variações ambientais, em condições específicas ou amplas (Cruz et al., 2014).

É cada vez mais urgente a necessidade da realização de programas de melhoramentos que visem o desenvolvimento de cultivares adaptados as mais diversas regiões produtoras, não só do feijão-fava, mas de diversas outras culturas de menor importância econômica quando comparadas a *comodities* agrícolas. A falta de adaptabilidade e estabilidade nos materiais cultivados por falta de outros mais adaptados, muitas vezes inviabilizam a produção de diversas culturas principalmente em regiões semiáridas.

Um genótipo não adaptado, também é mais susceptível ao ataque de pragas e doenças e responde com menor eficiência a utilização dos insumos em geral, como é o caso da água e dos nutrientes que estão cada vez mais escassos e caros. A consequência desse conjunto de fatores atrelados a falta de adaptação das cultivares às condições edafoclimáticas por região, proporcionam uma menor eficiência na utilização dos recursos naturais, reduz a produtividade e consequentemente a rentabilidade do produtor.

## **CONSIDERAÇÕES GERAIS**

O estabelecimento de programas de melhoramento para a espécie *P. lunatus* é a principal forma de aumentar a disponibilidade de cultivares (linhagens e/ou híbrido) mais produtivos, adaptados as regiões de cultivo, com menor custo para aquisição de sementes, melhor qualidade estética e nutricional de grãos. Consequentemente ocasionará uma expansão do mercado de feijão-fava gerando oportunidades para novas demandas.

É possível que com a maior oferta de feijão-fava ocorra também a modificação do hábito de consumo, para competir com o feijão comum, gerando novas demandas para o melhoramento. A eficiência do melhoramento deverá ser dinamizada com uso da biotecnologia, a exemplo do que ocorre aos resultados já obtidos em programas de melhoramento genético do Gênero *Phaseolus*. Com procedimentos desta natureza será possível reduzir o período de obtenção de cultivares, com alteração direcionada em um ou pouco genes.

## REFERÊNCIAS

- Akande SR. et al. (2007). Evaluation and heritability studies of local Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) cultivars from south-west Nigeria. *Revista Científica UDO Agrícola*, 7(1): 22-28.
- Almeida CCS (2006) Mapeamento físico e análise evolutiva em *Phaseolus vulgaris* L. L. e *P. lunatus* L., utilizando hibridização in situ fluorescente (FISH). Tese (Doutorado em Ciências Biológicas). Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 74p.
- Almeida CCS, Harand PA (2010). Contrasting rDNA Evolution in Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L.) and Common Bean (*P. vulgaris* L., Fabaceae). *Cytogenetic and Genome Research*, 132(3): 212-217.
- Andrade TEG (2018). Caracterização citogenética e predição de cruzamentos intraespecíficos em acessos superiores de *Phaseolus lunatus* L. Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI (Dissertação) 71p.
- Andrueza-Noh RH et al. (2013). Multiple domestications of the Mesoamerican gene pool of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.): evidence from chloroplast DNA sequences. *Genetic Resources Crop Evolution*, 60(1):1069-1086.
- Assunção Filho JR (2012) Caracterização de populações da variedade Boca de moça de feijão-fava utilizando caracteres agromorfológicos e marcadores moleculares. Universidade Federal do Piauí, Teresina-PI (Dissertação), 89p.
- Azevedo JN et al. (2003). Composição química de sete variedades de feijão-fava. Teresina: Embrapa Meio-Norte *In: Comunicado Técnico*, 152(1):1-4.
- Barreira Neto M (2015). Características morfológicas e produtivas em acessos de feijão-fava consorciados. *Tecnologia & Ciência Agropecuária*, João Pessoa, 9(3): 23-27.
- Barroso PA et al. (2019). Phenotypic Dispersion of Landrace Lima Bean Varieties Using Multidimensional Scaling. *Journal of Agricultural Science*, 11(13): 178-185.
- Barrantes D et al. (2008). The impact of local extinction on genetic structure of wild populations of lima beans (*Phaseolus lunatus*) in the Central Valley of Costa Rica: consequences for the conservation of plant genetic resources. *Revista Biologia Tropical*, 56 (3): 1023-1041.
- Baudet JC (1977). The taxonomic status of the cultivated types of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). *Tropical Grain Legume*, Ibadan, 7: 29–30.
- Baudoin JP (1988). Genetic resources, domestication and evolution of lima bean, *Phaseolus lunatus*. In: GEPTS, P. (Ed.). *Genetic resources of Phaseolus bean*. Amsterdam: Kluwer Academic Publishers, 507p.
- Baudoin JP (2001). Contribuição des ressources phylogénétiques à la sélection variétale de légumineuses alimentaires tropicales. *Biotechnology, Agronomy, Society and Environment*, 5(4): 221-230.
- Baudoin JP et al. (2004). Ecogeography, demography, diversity and conservation of *Phaseolus lunatus* L in the Central Valley of Costa Rica. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.

- Beyra A (2004). Revisión taxonômica de los gêneros Phaseolus y Vigna (Leguminosae – Papilionoideae) en Cuba. *Anales Del Jardín Botánico de Madrid*, 61(2): 135-154.
- Bitocchi E et al. (2017) Beans (*Phaseolus* spp.) as a model for understanding crop evolution. *Frontiers in plant science*, 8: 722-733.
- Blair MW et al. (2003) Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 107:1362-1374.
- Borém A et al. (2007). *Melhoramento de Plantas – 7ª ed.* Viçosa: Editora UFV, 543p.
- Brink M, Belay G (2006). *Plant resources of tropical Africa 1.* Prota: Cereals and pulses, 298 p.
- Brito MV (2017) Caracterização morfoagronômica e seleção de acessos de feijão-fava resistentes ao *Colletotrichum truncatum*. Universidade Federal do Piauí, Teresina, (Dissertação) 65p.
- Broughton WJ (2003) Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. *Plant and soil*, 252(1): 55-128.
- Caicedo AL (1999) AFLP fingerprinting of *Phaseolus lunatus* L. and related wild species from South America. *Crop Science, Madison*, 39: 1497–1507.
- Camarena F (2005). Magnitud e impacto potencial de la liberación de los organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales. Hidalgo O et al., (org.) Magnitud e impacto potencial de la liberación de organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales. Consejo Nacional del Ambiente: Lima, Perú. 19-40p.
- Carmo MDS (2015). Avaliação de acessos de feijão-fava, para resistência a *Colletotrichum truncatum*, em condições de folhas destacadas e campo. *Summa Phytopathologica*, 41(4): 292-297.
- Corrêa MP (1969). *Dicionário de plantas úteis do Brasil.* IBDF - Rio de Janeiro, 646p.
- Cruz CD (2011). *Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética.* Editora UFV, 620p.
- Cruz CD (2014). *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.* 3ª ed., vol 2. Editora UFV, 668p.
- Debouk DG (1989). Biochemical evidence for two different gene pools in lima beans, *Phaseolus vulgaris* L. *Annual Report Bean Improvement Cooperative, East Lansing*, 32: 58-59.
- Debouk DG (1999). Diversity in *Phaseolus* species in relation to the common bean. In: 41 SINGH, S. P. (Ed.). *Common bean improvement in the twenty-first century.* Dordrecht: Kluwer, 25-52p.
- Delgado-Salinas A (1985). *Systematics of the genus Phaseolus (Leguminosae) in north and central America.* University of Texas, (Tese) USA.
- Delgado-Salinas A (2006). Phylogeny of the genus Phaseolus (Leguminosae): a recent diversification in an ancient landscape. *Systematic Botany*, 31(4): 779-791.
- Ernest E (2018). Lima Bean: variety trial report. Disponível em: <<https://cdn.extension.udel.edu/wpcontent/uploads/2012/03/18102513/2018BabyLimaTrialReport.pdf>>. Acesso em: 01/07/2019

- Evans AM (1980). Structure, variation, evolution and classification in *Phaseolus*. Summerfield RJ, Bunting AH (org.). Advances in legume science. Kew: Royal Botanic Gardens, 337-347p.
- Fofana B et al. (1999). Molecular evidence for an Andean origin and a secondary gene pool for the Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) using chloroplast DNA. Theoretical and Applied Genetics, Berlin, 98: 202–212.
- Fofana B et al. (2001). Genetic diversity in the Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as revealed by chloroplast DNA (cpDNA) variations. Genetic Resources and Crop Evolution, 48(5): 437-445.
- Fornes J (1983). Cultivo de habas y guisantes. Barcelona: Sintes, 143p.
- Freire Filho FR et al. (2005). Melhoramento genético. Freire Filho FR (org.) Feijão caupi: avanços tecnológicos. Brasília-DF, Embrapa Meio-Norte, 25-104p.
- Freytag GF, Debouck DG (2002). Taxonomy, Distribution, and Ecology of the Genus *Phaseolus* (Leguminosae-papilionoideae) in North America, Mexico and Central America. Botanical Research Institute of Texas (BRIT), Forth Worth, TX, USA, 298p.
- Gomes OS et al. (2010). Avaliação de componentes de produtividade de grãos em sub-amostras de feijão-fava de crescimento determinado. Anais da academia pernambucana de ciência agrônômica, 7: 312-317.
- Gomes RSS, Nascimento LC (2018). Induction of resistance to *Colletotrichum truncatum* in Lima bean. Arquivos do Instituto Biológico, 85: 1-7.
- González-Torres RI et al. (2010). Determination of gene flow events in natural—wild-weedy-cultivatedll complexes in genepools of *Phaseolus lunatus*, Cooperative, 176-177.
- Guerra M (2000). Patterns of heterochromatin distribution in plant chromosomes. Genetics and Molecular Biology, 23(4): 1029-1041.
- Guimarães WN et al. (2007). Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental, 11(1): 37-45.
- Gutiérrez-Salgado A et al. (1995). Evidence for two gene pools of the Lima beans, *Phaseolus lunatus* L., in the Americas. Genetic Resources and Crop Evolution, 42: 15–28.
- Hardy O et al. (1997) Gene dispersal and its consequences on the genetic structure of wild populations of Lima bean (*Phaseolus lunatus*) in Costa Rica. Plant Genetic Resources Newsletter, 109: 1-6.
- Herrera PP et al. (2002). Caracterización física, culinaria y nutricional de frijol del altiplano subhúmedo de México. Archivos Latinoamericanos de Nutrición, 52(2):172-180.
- IBGE (2017). Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística: produção agrícola municipal. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/Tabela/1612#resultado>>. Acesso em: 26/06/2019.
- Jesus LDGA et al. (2018). Eficiência de testes colorimétricos para determinação da viabilidade do pólen em acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável, 8(1): 2018.

- Knudsen H (2000). Directorio de Colecciones de Germoplasma en América Latina y el Caribe. Primera edición. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Roma, 381p.
- Kuboyama T (1991). Hybrid plants of *Phaseolus vulgaris* L. and *P. lunatus* L. obtained by means of embryo rescue and confirmed by restriction endonuclease analysis of rDNA. *Euphytica*, 54: 177–182.
- Linnaeus C (1753). *Species Plantarum*. Sweden, Stockholm. 1200p.
- Lioi L, Galasso I (2002). Oligonucleotide DNA fingerprinting revealing polymorphism in *Phaseolus lunatus* L. *Genetic Resources and Crop Evolution*, Holanda, 49(1): 53-58.
- Lopes ACA et al. (2010). Diversidade Genética. Araújo et al. (org.). A cultura do feijão-fava na Região Meio-Norte do Brasil. 1 ed, Teresina: EDUFPI, 1: 45-72.
- Lymam J (1980). Estudios sobre adaptacion y mejoramiento del frijol *Phaseolus lunatus*. Disponível em: <ciat library.ciat.cgiar.org/articulos\_ciat/digital/12360\_Estudios\_%20sobre\_%20adaptadon\_%20y\_%20mejoramiento\_%20del\_%20frijol\_%20Phaseolus\_%20lunatus.pdf.> Acesso em: 03/07/2019.
- Mackie WW (1943). Origin, dispersal, and variability of the lima bean, *Phaseolus lunatus*. *Hilgardia*, Berkeley, 15(1): 1-29.
- Marechal R et al. (1978). Étude taxonomique d'un group complexe d'espèces dès genres *Phaseolus* et *Vigna* (Papilionaceae) sur la base de donnes morphologiques et poliniques, traitees par l'analyse informatique. *Boissiera*, Gneve, 28: 1-273.
- Martínez-Castillo J et al. (2008). Genetic erosion and in situ conservation of Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) landraces in its Mesoamerican diversity center. *Genetic Resources and Crop Evolution*, Germany, 55(7): 1065-1077.
- Martins SM et al. (2016). Genetic parameters and breeding strategies for high levels of iron and zinc in *Phaseolus vulgaris* L.). *Genetics and Molecular Research*, 15(2): gmr15028011.
- Mattos LA et al. (2010). Agronomical and molecular characterization of banana germplasm. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 45 (2): 146-154.
- Mcclean P et al. (2005). Genomics and genetic diversity in common bean. In: *Legume Crop Genomics*, AOCS Press, Champaing, Illinois, 4: 61-82.
- Mercado-Ruaro P, Delgado-Salinas A (2000). Cytogenetics studies in *Phaseolus vulgaris* L. (Fabaceae), *Genetics and Molecular Biology*, 23(4): 985-987.
- Mercado-Ruaro P, Delgado-Salinas A (2009). Karyotypic analysis in six species of *Phaseolus* L. (Fabaceae). *Caryologia*, 62(3): 167-170.
- Mok DWS, Rabakoarihanta A (1978). Interspecific hybridization of *Phaseolus vulgaris* with *P. lunatus* and *P. acutifolius*. *Theoria Applied Genetics*, 52: 209–215.
- Moraes CS et al. (2017). Catálogo de Fava (*Phaseolus lunatus* L.) Conservada na Embrapa. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 46 p.

- Moscone EA et al. (1999). Quantitative kariotyping and dual-color FISH mapping of 5S and 18S-25S rDNA probes in the cultivated *Phaseolus* species (Leguminosae). *Genome*, 42(6): 1224-1233.
- Myer GO (1996). Hand crossing of cowpeas. Ibadan, Nigéria: IITA, 42p.
- Nascimento NFF et al. (2015). Intraspecific cross-compatibility in ornamental pepper. *Acta Horticulturae*, 1087: 339-344.
- Nass LL (2007). Pré-melhoramento de germoplasma vegetal. Nass LL (org.) Recursos genéticos vegetais. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 684-692p.
- Nobre DAC et al. (2012). Qualidade física, fisiológica e morfologia externa de sementes de dez variedades de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). *Revista Brasileira de Biociências*, 10(4): 425 -430.
- Oliveira EJDE (1989). Análise multivariada no estudo da divergência genética entre cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais (Dissertação), 91p.
- Oliveira FN et al. (2011). Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava, em Mossoró, RN. *Revista Caatinga*, 24(1): 143-148.
- Palkovic A et al. (2015) Lima Bean Breeding Report 2015-2016 in Dept. of Plant Sciences University of California, Davis. Disponível em: <[www.calbeans.org/wp-content/uploads/2016/03/Report-2015-Lima-Bean-Breeding-Paul-Gepts.pdf](http://www.calbeans.org/wp-content/uploads/2016/03/Report-2015-Lima-Bean-Breeding-Paul-Gepts.pdf). > Acesso em: 01/07/2019
- Pathania A et al. (2014) Common bean. In: *Broadening the Genetic Base of Grain Legumes*. Springer, New Delhi, 11-50.
- Pedrosa-Harand A et al. (2006). Extensive ribosomal DNA amplification during common bean (*Phaseolus vulgaris*) evolution. *Theoretical and Applied Genetics*, Nova York, 112(5): 924-933.
- Penha JS 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*, 64(6): 1355-1364.
- Poehlman JM (2013). *Breeding field crops*. Springer Science & Business Media.
- Rachie KO et al. (1980). Lima bean (*Phaseolus lunatus*) and its potential in the tropics. Summerfield RJ, Bunting AH (org.). *Advances in legume science*. Kew: Royal Botanic Gardens, 375-381p.
- Rachman ES et al. (2018). Estimation of genetic parameters on F3 French Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) population. *IOP Publishing*, 196(1): 012006.
- Ramalho MAP et al. (2004). *Genética na Agropecuária*. Lavras: UFLA, 472 p.
- Ramalho MAP et al. (2012). *Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas*. Lavras: UFLA, 522 p.
- Ribeiro EH et al. (2015). Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Ceres*, 56(5):580-590.
- Salgado AG et al. (1995). Evidence for two gee pools of the Lima bean, *Phaseolus lunatus* L., in the Americas. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 42(1):15-28.

- Santana DF (2010). Caracterização morfo-agronômicas de acessos genéticos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), no município de Rio Largo/AL. Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo (Trabalho de Conclusão de Curso).
- Santos D et al. (2002). Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. Pesquisa Agropecuária Brasileira, 37(10):1407-1412.
- Santos AR et al. (2015). Seleção de subamostras de feijão-fava para resistência à antracnose/fava beans of subsamples selection for resistance anthracnose. Revista Brasileira de Engenharia de Biosistemas, 9(3): 268-278.
- Santos JEL, Nascimento NFF (2017). Caracterização, variabilidade e seleção de genótipos de Feijão-Fava baseados em descritores uni e multivariados. Resumo Programa de Iniciação Científica Pibic.
- Serrano-Serrano et al. (2010). Gene pools in wild Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: Evidence for an Andean origin and past migrations. Molecular Phylogenetics and Evolution, Amsterdam, 54: 76-87.
- Silva HT et al. (2003) Caracterização botânica de espécies silvestres do gênero *Phaseolus* L. (Leguminosae). Embrapa Arroz e feijão: Comunicado Técnico, 156, Santo Antônio de Goiás, 40p
- Silva K et al. (2010). Recursos genéticos. A cultura do feijão-fava no Meio-Norte do Brasil. Teresina: Editora da UFPI, 272p.
- Silva MPL (2019). Viabilidade de estruturas reprodutivas e hibridação de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*). Universidade Federal do Piauí, Bom Jesus (Trabalho de conclusão de curso).
- Silva VB et al. (2015). Genetic diversity and promising crosses indication in lima bean (*Phaseolus lunatus*) accessions. Semina. Ciências Agrárias, 36(2): 683-692.
- Souza AMCB et al. (2015). Determination of ideal conditions to do artificial crosses in *Phaseolus lunatus* L.. Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, 58: 95-96.
- Souza VC (2008). Botânica sistemática: guia ilustrado para identificação das famílias de fanerógamas nativas e exóticas no Brasil, 2. ed. Nova Odessa, SP: Instituto Plantarum.
- Universty of Delaware (2019). Lima breeding program. Disponível em: <<http://extension.udel.edu/ag/vegetable-fruit-resources/vegetable-small-fruits-program/lima-breeding-program/>> Acesso em: 01/07/2019.
- Valls JFM (2007). Caracterização de recursos genéticos vegetais. Nass LL (org.) Recursos genéticos vegetais. Brasília – DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 281-342p.
- Valois ACC et al. (2001). Recursos Genéticos e Melhoramento - Plantas. Rondonópolis, MT: Fundação MT, 6: 123-149.
- Vavilov N (1926). Studies on the origin of cultivated plants. Institute of Applied Botany and Plant Breeding: Leningrad, 78 p.

- Vicente MC et al. (2005). Genetic Characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. *The Role of Biotechnology*, 121-128.
- Vieira, C. O feijão comum. *Cultura, doenças e melhoramento*. Viçosa: Imprensa Universitária da UFV, 1967. 220 p.
- Vieira RF (1992). A cultura do feijão-fava. *Informe Agropecuário*, 16(174): 30-37.
- Webster BD et al. (1979). A morphological study of the development of reproductive structures of *Phaseolus lunatus* L. [Lima beans]. *Journal American Society for Horticultural Science*.
- Yagui A et al. (2003). Grouping of Brazilian accesses of lima beans (*Phaseolus lunatus* L.) according to SDS-PAGE patterns and morphological characters. *Acta Scientiarum*, 25: 7-12.
- Zimmermann MJO, Teixeira MG (1988). Origem e evolução. Zimmermann MJO et al. (orgs.) *Cultura do feijoeiro: fatores que afetam a produtividade*. Piracicaba: Potafos, 79-85p.
- Zimmermann MJO, Teixeira MG (1996). Origem e evolução. Araújo RS et al. (orgs.) *Cultura do feijoeiro comum no Brasil*. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato, 786p.
- Zoro BII et al. (2003). Population genetic structure of wild *Phaseolus lunatus* (Fabaceae), with special reference to population sizes. *American Journal Botany*. 90(6): 897-904.
- Zoro BII et al. (2005). Mating system of wild *Phaseolus lunatus* L. and its relationship to population size. *Heredity*, 94: 153-158.

## Índice Remissivo

- A**
- água tratada magneticamente, 152, 153, 156,  
157, 158, 161, 165, 166, 167, 170, 173, 174  
alface, 169, 170, 172, 173, 174  
amarelecimento, 140  
Angico-amarelo, 145  
arborização urbana, 139  
aroeira, 144
- B**
- baru, 145  
Bignoniaceae, 139
- C**
- cálcio, 139  
cedro doce, 141  
cerejeira, 142  
clorose, 140  
Controle de patógenos, 19  
controle químico, 54  
copaíba, 140  
*Croton heliotropifolius*, 7, 8, 13, 14  
cupuaçuzeiro, 142
- D**
- deficiência de nitrogênio, 140  
desenvolvimento, 161, 165, 166
- E**
- enxofre, 139  
Exigências nutricionais, 144
- F**
- Fertilidade do solo, 108  
fitoterápicas, 145  
Fósforo, 139
- H**
- heatmap, 130, 132, 133, 134, 135  
hortaliças, 160
- I**
- ipê-amarelo, 139  
ipê-roxo, 141  
irrigação, 152, 153, 155, 157, 160, 161, 162, 163,  
164, 166
- J**
- jequitibá-branco, 146
- L**
- Lactuca sativa*, 160, 169, 172  
lodo de esgoto, 129, 130, 131, 132, 133, 134,  
135
- M**
- macronutrientes, 139  
magnésio, 139  
Mapas de recomendação, 125  
massa seca, 141  
mogno - brasileiro, 146  
Mulungu, 147
- N**
- nitrogênio, 139  
nutriente faltante, 143
- O**
- omissão, 139  
ornamental, 139
- P**
- parasitoide, 52, 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61  
paricá, 147  
pequi, 143  
pinhão-manso, 143  
pinheiro do paraná, 139  
potássio, 139  
produção, 170, 174  
produtividade, 152, 158  
propriedade medicinal, 140
- R**
- rábano, 156, 158  
raquitismo, 140  
reflorestamento, 139

**S**

seletividade, 51, 52, 53, 54, 55, 56, 57, 59, 61, 63

**T**

Trichogramma, 51, 52, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61

**V**

Variabilidade espacial, 116

## Sobre os organizadores



  **Alan Mario Zuffo**

Engenheiro Agrônomo, graduado em Agronomia (2010) na Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT). Mestre (2013) em Agronomia - Fitotecnia (Produção Vegetal) na Universidade Federal do Piauí (UFPI). Doutor (2016) em Agronomia - Fitotecnia (Produção Vegetal) na Universidade Federal de Lavras (UFLA). Pós - Doutorado (2018) em Agronomia na Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS). Atualmente, possui 165 artigos publicados/aceitos em revistas nacionais e internacionais, 127 resumos simples/expandidos, 66 organizações de e-books, 45 capítulos de e-books. É editor chefe da Pantanal editora e revisor de 18 revistas nacionais e internacionais. Professor adjunto na UEMA em Balsas. Contato: [alan\\_zuffo@hotmail.com](mailto:alan_zuffo@hotmail.com).



  **Jorge González Aguilera**

Engenheiro Agrônomo, graduado em Agronomia (1996) na Universidad de Granma (UG), Bayamo, Cuba. Especialista em Biotecnologia (2002) pela Universidad de Oriente (UO), Santiago de Cuba, Cuba. Mestre (2007) em Fitotecnia na Universidade Federal do Viçosa (UFV), Minas Gerais, Brasil. Doutor (2011) em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal do Viçosa (UFV), Minas Gerais, Brasil. Pós - Doutorado (2016) em Genética e Melhoramento de Plantas na EMBRAPA Trigo, Rio Grande do Sul, Brasil. Professor Visitante na Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS) no campus Chapadão do Sul (CPCS), MS, Brasil. Atualmente, possui 69 artigos publicados/aceitos em revistas nacionais e internacionais, 29 resumos simples/expandidos, 48 organizações de e-books, 32 capítulos de e-books. É editor da Pantanal Editora e da Revista Agrária Acadêmica, e revisor de 19 revistas nacionais e internacionais. Contato: [j51173@yahoo.com](mailto:j51173@yahoo.com), [jorge.aguilera@ufms.br](mailto:jorge.aguilera@ufms.br).



**Pantanal Editora**

Rua Abaete, 83, Sala B, Centro. CEP: 78690-000

Nova Xavantina – Mato Grosso – Brasil

Telefone (66) 99682-4165 (Whatsapp)

<https://www.editorapantanal.com.br>

[contato@editorapantanal.com.br](mailto:contato@editorapantanal.com.br)