

ESTUDOS GENÉTICOS EM FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)
VISANDO O MELHORAMENTO GENÉTICO DA CULTURA.

RAIMUNDO NONATO OLIVEIRA SILVA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY
RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO – 2015

ESTUDOS GENÉTICOS EM FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)
VISANDO O MELHORAMENTO GENÉTICO DA CULTURA.

RAIMUNDO NONATO OLIVEIRA SILVA

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias da Universidade
Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte das exigências para obtenção do
título de Doutor em Genética e Melhoramento
de Plantas”

Orientadora: Prof^a. Telma Nair Santana Pereira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
MARÇO – 2015

ESTUDOS GENÉTICOS EM FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)
VISANDO O MELHORAMENTO GENÉTICO DA CULTURA.

RAIMUNDO NONATO OLIVEIRA SILVA

“Tese apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas”

Aprovada em 30 de março de 2015

Comissão Examinadora:

Prof. Pedro Corrêa Damasceno Júnior (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) UFRRJ

Prof. Geraldo de Amaral Gravina (D.Sc., Fitotecnia) - UENF

Prof. Messias Gonzaga Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) –UENF

Prof^a. Telma Nair Santana Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) – UENF
(Orientadora)

A Deus,

fonte inesgotável de misericórdia, bondade e amor, por todas as graças alcançadas

OFEREÇO

Aos meus familiares Maria dos Prazeres,
João Araújo, Francisco das Chagas,
Cícera, Assis, Jorge, Rafael e David,
cujas amizade e paciência foram
indispensáveis nessa caminhada de
“estrangeiro”

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A Jesus, o Cristo, rosto divino do homem e rosto humano de Deus, pelo amor incondicional e pela força necessária em todos os momentos;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da UENF, por todo o crescimento acadêmico e auxílio para execução da pesquisa;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão da bolsa de estudo;

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Rio de Janeiro (Faperj), pelos recursos financeiros;

À Universidade Federal do Piauí (UFPI) e à Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), pela doação de sementes representantes dos acessos;

À orientadora, professora e pesquisadora Dra. Telma Nair Santana Pereira, pela orientação, paciência, confiança, disponibilidade, conselhos e exemplo profissional, a quem tenho imensa gratidão e admiração.

Ao professor Dr. Messias Gonzaga Pereira, exemplo de motivação e dedicação ao ensino e à pesquisa científica, além dos valiosos conhecimentos transmitidos, pelo apoio e ensinamentos transmitidos e exemplo de conduta;

À professora Dra. Rosana Rodrigues, pelo apoio, incentivo e valiosos ensinamentos transmitidos durante o curso;

Às professoras Ângela Celis de Almeida Lopes e Regina Lúcia Ferreira Gomes, por proporcionarem “primeiros passos” na pesquisa, sendo exemplos de motivação e referência de excelente conduta profissional;

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelos ensinamentos transmitidos para minha formação profissional;

À Dra. Elba Honorato Ribeiro e José Manoel, pela dedicação na condução do experimento e amizade.

Ao secretário do Programa, José Daniel Valle de Almeida, pela ajuda e disponibilidade;

Aos amigos José Ribamar, Larissa, Leane, Leonardo e Verônica, pelos bons momentos e excelente convívio;

Ao grupo “Deus é +”, Andréa Barros, Alinne, Claudia Lougon, Claudia Roberta, Diego, Gerbeli, Gislanne Brito, Lígia e Suelen, pelo apoio e palavras de encorajamento;

Aos meus amigos Diego Marmolejo e Carlos Misael, pela paciência, momentos de descontração e ajuda durante o curso;

Aos amigos de laboratório, pelos bons momentos e agradável convívio;

Aos amigos do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, em especial Arlysson, Artur, Bianca, Cintia, Eileen, Hellen, Hérica, Higino, Jacinto, Luciano, Maurício, Marilene, Monique Moulin, Pakizza, Pedro, Samy e Suzane, pela amizade e por tantas emoções vividas durante todo este tempo;

À Dra. Cláudia Pombo Sudré e Vitória, sempre dispostas a ajudar;

Aos funcionários da Pesagro-Rio, Enildo, João, Jocimar e Marcos, pela ajuda durante a condução do experimento; e

A todos que, mesmo não citados aqui, colaboraram de alguma forma para a realização desta conquista.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo geral.....	4
2.2. Objetivos específicos	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	5
3.1. Gênero Phaseolus	5
3.2. Feijão-fava (Phaseolus lunatus L.).....	6
3.3. Conservação da espécie - coleções de germoplasma.....	8
3.4. Métodos de melhoramento	9
3.5. Correlação entre caracteres	13
3.6. Interação Genótipo x Ambiente.....	14
4. MATERIAL E MÉTODOS	16
4.1. Caracterização Morfológica	16
4.1.1. Material genético, condições de cultivo e delineamento experimental....	16
4.1.2. Caracteres avaliados	16

4.1.3. Análise estatística	20
4.2. Avaliação Agronômica dos acessos	20
4.2.1. Material genético.....	20
4.2.2. Locais e condução dos experimentos	21
4.2.3. Caracteres avaliados	22
4.2.4. Análise Estatística das variáveis.....	23
4.2.4.1. Análise individual	23
4.2.4.2. – Análise conjunta	24
4.2.4.3. Estimadores de Parâmetros Genéticos	25
4.2.4.4. Estimadores das Correlações.....	28
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
5.1. Caracterização morfológica	30
5.2. Avaliação agronômica.....	37
5.2.1. Ambiente 01 Pesagro – Campos dos Goytacazes.....	37
5.2.2. Ambiente 02 Estação Experimental - Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus - PI	47
5.3. Análise conjunta.....	56
6. CONCLUSÕES	64
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	66
APÊNDICE.....	77
ANEXO	85

RESUMO

SILVA, Raimundo Nonato Oliveira; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março de 2015; ESTUDOS GENÉTICOS EM FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.) VISANDO O MELHORAMENTO GENÉTICO DA CULTURA. Orientadora: Prof^a. Telma Nair Santana Pereira; Conselheiros: Prof. Messias Gonzaga Pereira e Prof^a. Rosana Rodrigues.

Os objetivos dessa pesquisa foram caracterizar e avaliar acessos de feijão-fava, estimar parâmetros genéticos para as características agronômicas importantes e identificar que componentes estão relacionados ao rendimento de grãos. Foram caracterizados 33 acessos de feijão-fava, 29 de crescimento indeterminado e 4 de crescimento determinado, utilizando caracteres relacionados à fase vegetativa, à fase floral e às sementes. Na avaliação agronômica, foram utilizados 28 acessos, todos de crescimento indeterminado, em delineamento em blocos ao acaso, com cinco repetições e cinco plantas por parcela. Foram avaliados os seguintes caracteres: Comprimento médio da vagem (CompVg – mm); Largura média da vagem (LargVg – mm); Número de dias para floração (NDF - dias); Número de dias para maturação (NDM - dias); Massa de 100 sementes (M100S - g); e Rendimento de grãos (REND - t.ha⁻¹). Foram conduzidos experimentos em dois ambientes: Campos dos Goytacazes, Estado do Rio de Janeiro, e em Bom Jesus, Estado do Piauí. Foi verificada significância a 1% de probabilidade para todas as características avaliadas nos dois ambientes de cultivo, indicando existir variabilidade genética entre os acessos estudados, podendo-se selecionar aqueles com características desejáveis, como alta produtividade, precocidade e

grãos com boa qualidade. No ambiente de Campos dos Goytacazes, destacaram-se os acessos UENF-FV13, UENF-FV26, UENF-FV07, UENF-FV21 e UENF-FV22, por apresentarem produtividades elevadas. Considerando também a característica rendimento de grãos, no ambiente de Bom Jesus, destacaram-se os acessos UENF-FV20, UENF-FV07 e UENF-FV08. Em relação à análise de variância conjunta, houve interação significativa para genótipos por ambientes a 1 % de probabilidade pelo teste F, para a maioria das características, com exceção da massa de 100 sementes (M100S). As estimativas do índice de variação genético foram superiores à unidade para todas as características em avaliação individual e conjunta. Em geral, para todos os caracteres, foi verificado elevado valor para coeficiente de determinação do genotípico, indicando que a expressão do caráter na população avaliada é altamente herdável, com destaque para o caráter M100S. Para todos os caracteres avaliados, foi verificada alta magnitude de componente genético na expressão fenotípica, havendo grande probabilidade de ganhos genéticos, considerando a seleção com base no fenótipo. Os resultados indicam possibilidades de identificação de genótipos superiores, e métodos simples de seleção podem ser suficientes para conseguir ganhos nas gerações seguintes. Os caracteres com maior correlação genotípica com o rendimento foram comprimento de vagem, largura de vagem e número de dias para maturação.

ABSTRACT

SILVA, Raimundo Nonato Oliveira; D.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; March 2015; GENETIC STUDIES ON LIMA BEAN (*Phaseolus lunatus* L.) AIMING THE CROP BREEDING. Adviser: Telma Nair Santana Pereira; Committee members: Messias Gonzaga Pereira and R. Rodrigues.

The objectives of this research were to characterize and to evaluate lima bean accesses, to estimate genetic parameters for important agronomic traits and to identify components related to grain yield. Thirty-three lima bean accesses, 29 indeterminate and 4 determinate habits, were characterized using characters related to the vegetative phase, the floral stage, and seeds. In the agronomic evaluation, 28 accesses were evaluated, all of indeterminate growth, in randomized blocks, with five replications and five plants per plot. The following characters were measured: Average pod length (PodLg - mm); Average pod width (PodW - mm); Number of days to flowering (NDF - days); Number of days to maturity (NDM - days); Weight of 100 seeds (W100S - g); and grain yield (YIELD - t.ha⁻¹). The experiments were carried out in two environments: Campos dos Goytacazes, State of Rio de Janeiro, and in Bom Jesus, State of Piauí. It was verified significance at 1% of probability for all traits evaluated in both environments, indicating the existence of genetic variability among accessions, which allow selecting accesses with desirable characteristics such as high yield, early maturity and grain with good quality. In Campos dos Goytacazes

environment, the accessions UENF-FV13, UENF-FV26, FV07-UENF, UENF-FV21 and FV22-UENF exhibit high productivity. Also considering grain yield, in the Bom Jesus environment, stood out the accessions UENF-FV20 access, UENF-FV07 and FV08-UENF. Based on analysis of variance, there was a significant interaction for genotype by environment at 1% probability by F test for most characteristics, except for the weight of 100 seeds (W100S). Genetic variation index estimates were higher than the unit for all characteristics in both, individual and joint analysis. In general, for all characters, it was verified high value for coefficient of genotypic determination, indicating that the trait expression in this population is highly inheritable, especially the W100S character. For all traits, it was found high genetic component in the phenotypic expression, with high probability of genetic gains, considering the selection based on the phenotype. Based on the results, there are possibilities to indicate superior genotypes, and to suggest simple selection methods in order to achieve genetic gains in subsequent generations. High genotypic correlation was estimated for yield with the pod length, pod width and number of days to maturity.

1. INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é a segunda espécie de maior importância do gênero *Phaseolus* (Maquet *et al.*, 1999), sendo cultivada em muitos países tropicais. É uma importante fonte de proteína para populações rurais da América do Sul e África (Lioi *et al.*, 1998), e no México está entre as principais culturas tradicionais do país (Martínez-Castillo *et al.*, 2008). É importante também no Brasil, onde tem grande relevância, sendo alternativa alimentar e de renda para a população (Oliveira *et al.*, 2004; Santos *et al.*, 2008).

O consumo de feijão-fava no Brasil é feito preferencialmente sob a forma de grãos verdes cozidos, sendo cultivado em consórcio com milho, mandioca, ou mamona, servindo as plantas dessas culturas como suporte ou tutor. Seus grãos têm teores de proteína superiores aos relatados para o feijão comum (Azevedo *et al.*, 2003), fornecendo todos os aminoácidos essenciais à dieta alimentar humana (Chel-Guerrero *et al.*, 2012).

O feijão-fava é considerado mais tolerante à seca, ao excesso de umidade e ao calor quando comparado ao feijão comum (*P. vulgaris* L.), adaptando-se às mais diversas condições ambientais (Vieira, 1992). Isso é importante, principalmente considerando como as mudanças climáticas irão afetar o desenvolvimento e a produtividade. Essas mudanças vão interagir com a agricultura em duas frentes principais: a demanda crescente de alimentos e o

cenário de aquecimento global e alteração dos padrões de precipitação pluviométrica (Borém e Ramalho, 2011).

Estudos relacionados à cultura do feijão-fava são ainda incipientes no Brasil, principalmente na área de genética e melhoramento, resultando em um limitado conhecimento de suas características agronômicas e potencialidades, o que faz com que seu cultivo seja limitado. Entre as razões para a carência de informações sobre essa espécie, estão a maior tradição de consumo dos feijões comuns (*Phaseolus vulgaris* L.) e caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) e o sabor amargo do feijão-fava, conferido pela presença de toxinas (HCN). Além disso, não há variedades desenvolvidas e recomendadas para as regiões produtoras (Guimarães *et al.*, 2007; Lemos *et al.*, 2004; Dominguez *et al.*, 2002; Santos *et al.*, 2002). O produtor cultiva variedades tradicionais ou raças locais, que apresentam variabilidade, podendo ser utilizadas como germoplasma inicial de um programa de melhoramento visando ao desenvolvimento de novas variedades.

Sabe-se que um dos principais objetivos dos programas de melhoramento de leguminosas é o aumento da produtividade. Sendo esse caráter controlado por muitos genes, espera-se que seja bastante influenciado pelo ambiente e que o desempenho de produção de um genótipo em um ambiente possa não ser o mesmo em outro ambiente. Além disso, como o fenótipo produtividade de grãos depende do genótipo, do ambiente e da interação genótipos por ambientes, é necessário que sejam conduzidos experimentos em mais de um ambiente para que essa interação seja estimada. Dessa forma, o desenvolvimento de cultivares de feijão-fava altamente produtivas e com características importantes será de grande contribuição para a renda familiar, haja vista que se trata de uma cultura considerada de subsistência e de considerável valor socioeconômico. Entretanto, vale ressaltar que há poucos ou quase nenhum estudo genético e de melhoramento com o feijão-fava.

Por ser uma espécie rústica, com ampla faixa de adaptação, menos exigente em fertilidade do solo e podendo ser cultivada em consórcio com outras culturas, o feijão-fava representa uma alternativa agrícola para as regiões Norte e Noroeste Fluminense, considerando que essas regiões apresentam altos índices de pobreza e têm sua economia alicerçada, em grande proporção, na atividade

agropecuária (Souza *et al.*, 2009), o que ocorre também na região nordeste do Brasil, a exemplo do estado do Piauí.

Acredita-se também que esta cultura possa trazer impactos positivos ao desenvolvimento da agricultura da região Norte Fluminense. Contudo, para que tal aconteça, é necessário que sejam introduzidos genótipos e avaliados seu comportamento agrônomo, visando ao desenvolvimento de cultivares adaptadas à região.

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Fazer a introdução, caracterização e avaliação de genótipos de feijão-fava visando à seleção de materiais promissores a serem utilizados em programa de melhoramento, nas regiões Norte Fluminense (RJ) e sul do Piauí.

2.2. Objetivos específicos

- a. Caracterizar genótipos de feijão-fava com base em descritores morfológicos;
- b. Avaliar os genótipos com base em características agronômicas importantes;
- c. Estimar parâmetros genéticos para as características agronômicas avaliadas;
- d. Estimar as correlações simples entre o rendimento de grãos e caracteres agromorfológicos de interesse na seleção de genótipos de feijão-fava; e
- e. Avaliar os efeitos da interação genótipo x ambiente de caracteres agronômicos em acessos de feijão-fava.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Gênero *Phaseolus*

Cronquist (1988) afirma que o gênero *Phaseolus* pertence à subclasse Rosidae, ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília *Papilionoideae* e à tribo *Phaseoleae*. Economicamente, essa é uma das tribos mais importantes, pois além de incluir o gênero *Phaseolus*, inclui também as espécies *Glycine max* L. (soja) e *Vigna unguiculata* (L.) Walp. (feijão-caupi). Com relação à família Fabaceae, Broughton *et al.* (2003) afirmaram ser uma das maiores entre as dicotiledôneas, com 643 gêneros e 18.000 espécies distribuídas por todo o mundo, especialmente nas regiões tropicais e subtropicais.

O gênero *Phaseolus* tem sua origem na América Central (Baudoin *et al.*, 2004) e suas espécies estão amplamente distribuídas no mundo, sendo cultivadas nos trópicos e subtropicais, desenvolvendo-se também em zonas temperadas dos hemisférios Norte e Sul. Freytag e Debouck (2002) relacionaram ao gênero cerca de 70 espécies, entre as quais apenas cinco são cultivadas: *P. coccineus* L. (feijãoayocote), *P. acutifolius* A. Gray (feijãotepari), *P. polyanthus* Greeman (feijão de toda uma vida), *P. vulgaris* L. (feijãocomum) e *P. lunatus* L. (feijão-fava). Entre essas espécies, *P. vulgaris* L. e *P. lunatus* L. são as que têm maior importância econômica (Mercado-Ruaro; Delgado Salinas, 2000).

Quanto à classificação com base na morfologia floral, Debouck (1999) sugeriu quatro secções para o gênero *Phaseolus*: *Chiapasana*, *Minkeliersia*, *Xanthotricha* e *Phaseolus*. Estes agrupamentos foram posteriormente, confirmados por estudos embasados em polimorfismo de DNA cloroplastídico e nas sequências de DNA (Silva e Costa, 2003).

As espécies do gênero *Phaseolus*, tanto as cultivadas quanto as silvestres, estão distribuídas em três centros localizados na América Latina, definidos como centro Mesoamericano, Norte e Sul Andino. O centro Mesoamericano compreende variadas espécies, entre as quais estão as cinco cultivadas; o centro Norte dos Andes contém somente quatro das espécies cultivadas e algumas espécies silvestres; e o centro Sul Andino comporta duas espécies cultivadas, *P. vulgaris* L. e *P. lunatus* L., seus respectivos ancestrais silvestres e poucas espécies silvestres (Debouck, 1991).

As espécies do gênero *Phaseolus* são todas diploides, cujo número cromossômico predominante é $2n=2x=22$ (Zimmermann; Teixeira, 1996). Entretanto, esse número cromossômico pode variar, ocorrendo $2n=2x=20$ nas espécies *P. leptostachyus*, *P. micranthus* e *P. macvaughii*, consideradas aneuploides (Mercado-Ruaro e Delgado Salinas, 1998).

3.2. Feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.)

O feijão-fava é a segunda espécie mais importante do gênero, caracterizada por apresentar diversidade genética e potencial para produção (Maquet *et al.*, 1999) bem como valor nutricional e econômico, sendo considerada alternativa alimentar e de renda (Chel-Guerrero *et al.*, 2012; Santos *et al.*, 2008). Além disso, pode ser utilizado também como adubo verde (Pegado *et al.*, 2008), adaptando-se às mais diversas condições ambientais, desenvolvendo-se melhor nos trópicos úmidos e quentes (Vieira, 1992).

O feijão-fava pode ser anual, bianual ou perene (Beyra e Artiles, 2004). Seus cromossomos são pequenos, com tamanho variando de 1,7 a 3,5 μm , todos do tipo metacêntrico (Moscone *et al.*, 1999). A espécie apresenta germinação epígea, hábito de crescimento indeterminado ou trepador, com o desenvolvimento

da gema terminal em uma guia e hábito determinado com desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência. Aqueles de hábito de crescimento determinado têm pouca variação quanto ao tipo de planta e ciclo biológico (Santos *et al.*, 2002).

A inflorescência é em forma de racemo e, algumas vezes de diferentes tamanhos, mas geralmente, maiores que as folhas e com muitas flores. As flores podem ser brancas, branco-amareladas, róseas, púrpura e violeta ou com tonalidades intermediárias entre essas duas últimas, sendo menores que 10 mm. As brácteas podem ser oblongo-ovaladas e seu comprimento pode variar de 1 a 2 mm (Beyra e Artilles, 2004).

As folhas são trifoliadas e, em geral, mais escuras que as encontradas em outras espécies do mesmo gênero, mesmo depois do amadurecimento da vagem (Santos *et al.*, 2002). As vagens são compridas, achatadas, recurvadas, coriáceas, pontiagudas, às vezes, deiscentes, apresentando, em média, de duas a quatro sementes.

As sementes dessa espécie exibem grande variação de coloração e tamanho e, conforme Vargas *et al.* (2003), são utilizadas como critério para explicar a origem e a diversidade genética dessa espécie. Uma característica marcante do feijão-fava que o distingue facilmente de outros feijões é a presença de linhas que se irradiam do hilo para a região dorsal das sementes, apesar de que em algumas variedades essas linhas podem não ser tão facilmente observadas (Vieira, 1992).

A espécie pode ser classificada em duas variedades botânicas: var. *silvester* para as variedades silvestres e var. *lunatus* para as variedades cultivadas (Baudet, 1977). A variedade botânica *lunatus* inclui os cultigrupos “Batata”, “Sieva” e “Lima grande”, definidos por Mackie (1943). O conjunto gênico primário dessa espécie compreende tanto populações silvestres quanto variedades tradicionais (Baudoin *et al.*, 2004). Estudos com esta espécie têm mostrado que seu conjunto gênico primário é dividido em dois grupos: grupo Mesoamericano e grupo Andino (Gutiérrez-Salgado *et al.*, 1995; Maquet *et al.*, 1997; Fofana *et al.*, 1997; Lioi *et al.*, 1998; Lioi *et al.*, 1999), cada grupo incluindo variedades silvestres e cultivadas (Fofana *et al.*, 1999). Com base na forma e

peso das sementes, os genótipos dessa cultura podem ser classificados em três tipos: tipo “Batata”, que apresenta sementes pequenas, cujo peso varia de 35 a 50 g por 100 sementes; e tipo “Sieva”, cujas sementes são de tamanho médio e planas, com peso variando de 50 a 70 g por 100 sementes; e o tipo “Lima grande”, cujo peso varia de 70 a 110 g por 100 sementes (Castineiras *et al.*, 1991). O grupo “Lima Grande” representa o conjunto gênico Andino, enquanto que os grupos “Sieva” e “Batata” representam o conjunto gênico Mesoamericano (Martinez-Castilho *et al.*, 2008).

3.3. Conservação da espécie - coleções de germoplasma

Os recursos genéticos representam a matéria-prima para criar variedades mais produtivas, resistentes às pragas e doenças e mais bem adaptadas às regiões de cultivo. Conforme Valois *et al.* (1996), entende-se como recurso genético vegetal a variabilidade de plantas, integrantes da biodiversidade, de interesse socioeconômico atual e potencial para utilização em programas de melhoramento genético, biotecnologia e outras ciências afins. Por essa razão, a conservação dos recursos genéticos é considerada uma das questões mais importantes para a sobrevivência da humanidade (Ramalho *et al.*, 2004).

Há duas estratégias de conservação dos recursos genéticos: a conservação *in situ*, caracterizada pela conservação no ecossistema e habitat natural, e a conservação *ex situ*, referindo-se à conservação fora do habitat natural da espécie. Como exemplo deste último tipo de conservação, podem ser citados os bancos de germoplasma. A conservação da diversidade genética de *Phaseolus 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), (Camarena, 2005).

Além disso, conforme Knudsen (2000), as coleções de germoplasma de *P. lunatus* L. podem ser encontradas em outras instituições como: Estação Experimental Agropecuária Salta, Argentina; Instituto de Investigação Agrícola El Vallecito e Universidade Autônoma 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 Investigaciones Fundamentales en Agricultura Tropical (INIFAT), Cuba; Estación Experimental Portoviejo, INIAP, Equador; Centro Universitario de Sur Occidente (CUNSUROC) e Universidade de San Carlos, Guatemala; Ciências Agropecuárias e Instituto de Ecología Aplicada de Guerrero (INEAGRO), México; Estación Experimental Agropecuária La Molina, Universidade Nacional Hermilio Valdizan (UNHEVAL) e Universidade Nacional Agrária La Molina, Peru.

No Brasil, conforme Silva et al. (2009), a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, localizada em Brasília, DF, conserva uma vasta coleção de acessos em sua Coleção de Base (Colbase), com aproximadamente 980 subamostras coletadas principalmente no Brasil, desde a década de 80, apresentando uma grande diversidade morfológica. De acordo com Knudsen (2000), na Universidade Federal de Viçosa (UFV), MG, no Banco de Germoplasma de Hortaliças, encontram-se variedades tradicionais de feijão-fava do Brasil. Na Universidade Federal Rural de Pernambuco, em Recife, e na Universidade Federal do Piauí, em Teresina, são conservados acessos obtidos de coletas e também de intercâmbio com outras instituições.

Na Universidade Federal do Piauí (UFPI), vários estudos utilizando descritores morfológicos têm sido conduzidos com acessos presentes no banco de germoplasma dessa instituição, os quais detectaram grande variabilidade entre as subamostras estudadas. Segundo Lopes et al. (2010), existe variabilidade genética entre as cultivares crioulas de feijão-fava no estado do Piauí, com tendência de regionalização, ou seja, há pouco intercâmbio de materiais entre grupos das áreas estudadas. Embora a pesquisa com feijão-fava na UFPI tenha se iniciado em 2005, não existem estudos com parâmetros genéticos e fenotípicos, o que poderia auxiliar na definição das estratégias de melhoramento a serem utilizadas com a cultura no Brasil.

3.4. Métodos de melhoramento

No que concerne às etapas de um programa de melhoramento genético de plantas, o conhecimento com relação à frequência de polinização cruzada que ocorre na espécie em estudo é de fundamental importância. As espécies

consideradas autógamas, por exemplo, são aquelas cuja taxa de fecundação cruzada é inferior a 5% (Allard, 1971). Inúmeras espécies cultivadas de importância econômica pertencem a esse grupo, tais como cereais (trigo, arroz, cevada e aveia) e leguminosas (soja, feijoeiro comum, feijão caupi, ervilha e amendoim).

A taxa de cruzamentos naturais esperada em espécies autógamas varia com o local, condições ambientais e variedades, sendo relatada ocorrência de variações nas quantidades relativas de polinização cruzada dentro da mesma espécie. Um exemplo disso são as altas taxas de cruzamento natural em feijão comum, registradas por Antunes *et al.* (1973), que observaram valores de 6,2 a 10,6% em Pelotas, RS.

O feijão-fava é uma espécie predominantemente autógama (Serrano-Serrano *et al.*, 2010), embora haja diferenças em suas taxas de fecundação cruzada. Zoro Bi *et al.* (2005) estudaram dez populações silvestres de feijão-fava, com uso de marcadores isoenzimáticos, tendo observado que oito populações apresentaram taxa de cruzamento variando de 2% a 10%.

Nesse contexto, pode-se inferir que os métodos de melhoramento aplicáveis às espécies autógamas são viáveis para o feijão-fava, apesar de variações em seu comportamento quanto à taxa de cruzamento natural e de terem sido relatados em alguns casos valores de aproximadamente 10% (Hardy, *et al.*, 1997).

No que se refere às espécies autógamas, há métodos de melhoramento que exploram a variabilidade genética existente, tais como introdução de plantas, seleção massal e seleção individual com teste de progênie, e aqueles que utilizam a variabilidade gerada existente através das hibridações, como, por exemplo, o método genealógico, o método da população e o “*Single Seed Descent*” (SSD) (Fehr, 1987), entre outros.

Neste trabalho, em virtude do seu escopo, os métodos de melhoramento não serão abordados com mais detalhes. Vale ressaltar que a descrição detalhada desses métodos pode ser verificada em vários livros texto.

A introdução de plantas pode ser considerada o método mais simples e rápido no melhoramento genético. Após a introdução do material vegetal,

procede-se à sua avaliação, seleção e posterior recomendação dos genótipos superiores aos produtores. Esse método de melhoramento pode ser indicado quando o objetivo é introduzir uma cultura em determinada área, o que poderá contribuir para melhorar a economia da região. Esse é o caso da cultura nas regiões Norte e Noroeste Fluminense, nas quais ainda não existe um programa de melhoramento genético.

No método massal, uma população original é submetida à seleção, havendo eliminação de plantas com caracteres indesejados. As sementes das plantas com caracteres de interesse são colhidas, misturadas e semeadas para compor a nova população, repetindo-se o procedimento de seleção. Esse tipo de método é indicado para caracteres de alta herdabilidade.

A seleção individual com teste de progênie consiste em selecionar visualmente dentro de uma população heterogênea plantas com superior valor agrônomico, avaliar suas progênies e escolher aquelas com características de interesse. Nesse método, os melhores genótipos são isolados e aqueles considerados superiores são selecionados para se iniciar um novo ciclo.

O método genealógico consiste na seleção das plantas a partir da geração F_2 . Nessa geração, as melhores plantas são selecionadas e colhidas individualmente. As sementes destas plantas são semeadas em linhas, progênies $F_{2:3}$. Das melhores progênies $F_{2:3}$, são selecionados os melhores indivíduos. O processo se repete até $F_{4:5}$ ou $F_{5:6}$, quando a variação dentro das progênies for pequena. As sementes de cada progênie são então colhidas, agora linhagens, para serem mais intensivamente avaliadas nos experimentos regionais de avaliação (Ramalho *et al.*, 2012)

No método da população, ou bulk, a condução da população segregante inicia-se a partir da geração F_2 . As sementes destas plantas são colhidas em conjunto e, então, uma amostra de sementes é retirada para a obtenção da população na geração F_3 . Este processo é repetido normalmente até a geração F_5 ou F_6 . Nessa geração, ocorre o que se denomina “abertura do bulk”, isto é, é feita a seleção de plantas individuais que darão origem às progênies $F_{5:6}$ ou $F_{6:7}$ para serem avaliadas em experimentos com repetição e identificadas as melhores linhagens.

No método SSD, o avanço da população segregante pode ser feito sob condições de campo ou em casa de vegetação, consistindo em um avanço rápido das gerações (normalmente de F_2 a F_5) sem que haja seleção. Nesse método, colhe-se uma semente de cada planta F_2 , sendo o mesmo procedimento feito nas gerações seguintes. Quando a maioria dos locos já estiver em homozigose, são obtidas as progênies e, a partir daí, o procedimento é semelhante aos demais métodos.

Pode-se considerar que os métodos que exploram a variabilidade natural existente são alternativas para serem utilizadas em feijão-fava, visto que as espécies do gênero *Phaseolus* exibem grande diversidade genética (Rodrigues *et al.*, 2002).

Um programa de melhoramento de feijão-fava pode se dedicar, entre outros fatores, a elevar o rendimento da cultura, desenvolvendo variedades precoces, com grãos de boa qualidade e de hábito de crescimento indeterminado, o que é comumente utilizado pelos pequenos agricultores. É interessante também que sejam mantidos, em uma coleção de germoplasma, genótipos com hábito de crescimento determinado para serem utilizados na transferência de genes para precocidade.

Para o desenvolvimento de cultivares com características desejadas, é necessário o estabelecimento de um programa de melhoramento genético e de etapas como introdução de germoplasma, bem como sua caracterização e avaliação, que são fundamentais.

A caracterização tem por finalidade descrever, identificar e diferenciar acessos dentro de espécies, classes ou categorias (Vicente *et al.*, 2005), possibilitando a quantificação e a utilização da variabilidade genética de modo eficiente. Essa etapa consiste no registro de caracteres de alta herdabilidade, facilmente observáveis e que se expressam de maneira consistente em diversos ambientes. A avaliação, por sua vez, consiste na descrição do potencial de uso por meio de descritores quantitativos, ou seja, das características agronômicas de interesse (Nick *et al.*, 2010).

A caracterização pode ser feita por diferentes métodos, desde práticas tradicionais, como, por exemplo, através de análises morfológicas e agronômicas, até aquelas que envolvem o uso de análises bioquímicas, citogenéticas e

moleculares. Estudos com feijão-fava têm sido conduzidos principalmente com base em dados derivados de caracterização morfológica e agrônômica (Santos *et al.*, 2002; Guimarães *et al.*, 2007; Oliveira *et al.*, 2011).

3.5. Correlação entre caracteres

De maneira geral, um dos principais objetivos dos programas de melhoramento é atuar de maneira a identificar boas combinações e proceder à seleção de genótipos mais produtivos e com características agrônômicas desejáveis, tais como aquelas relacionadas à produção e qualidade de grãos, no caso das leguminosas. Entretanto, sendo a produtividade uma característica complexa e altamente influenciada pelo ambiente, selecionar variedades com boas combinações genotípicas, baseando-se diretamente nessa característica, é uma tarefa bastante difícil, isto porque, sendo considerada uma característica de baixa herdabilidade, o fenótipo é um pobre indicativo do genótipo.

Nesse sentido, conforme Cruz *et al.* (2012), o conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção em um deles apresentar dificuldades em razão da baixa herdabilidade, como ocorre com a produtividade. Dessa forma, segundo Lopes *et al.* (2001), o conhecimento da associação da produtividade e de caracteres de rendimento é importante para seleção de parentais e populações segregantes. Também Silva *et al.* (2007), reforçando o uso dessas associações, comentam que o estudo de tais correlações pode auxiliar na escolha da estratégia de seleção, sendo uma ferramenta importante para o melhor entendimento das relações genéticas entre os diferentes componentes que contribuem para a produtividade.

A importância das correlações reside no fato de que quantificam a possibilidade de ganhos indiretos por seleção em características correlacionadas e de que características de baixa herdabilidade têm a seleção mais eficiente quando feita com base em características que lhe são correlacionadas (Cruz *et al.*, 2012).

O grau genético e não genético de associação entre duas ou mais características pode ser estimado pelo coeficiente de correlação (Hallauer e Miranda Filho 1981). Essa correlação pode ser diretamente mensurada pelas medidas entre duas características, em determinado número de indivíduos que representam a população, sendo denominada correlação fenotípica, que é proveniente de duas causas: uma genética e outra ambiental. Somente a correlação genética envolve associações de natureza herdável e, por isso, é a que realmente interessa a um programa de melhoramento (Falconer, 1987).

3.6. Interação Genótipo x Ambiente

O objetivo de programas de melhoramento é identificar e selecionar materiais que associem as melhores combinações genotípicas. Entretanto, sabe-se que, no melhoramento de plantas, em experimentos de campo com repetições, o que se avalia é o fenótipo e este, por sua vez, conforme Ramalho *et al.* (2012), é influenciado pelo genótipo, que é a constituição genética de um indivíduo, e pelo ambiente que pode ser definido como o conjunto das condições que afetam o crescimento e o desenvolvimento do organismo.

Entretanto, quando se considera a avaliação de genótipos em mais de um ambiente, verifica-se um efeito adicional, proporcionado pela interação entre os genótipos e os ambientes em que são cultivados. Essa interação é caracterizada quando o comportamento dos genótipos não é consistente nos diferentes ambientes, isto é, as respostas são diferentes às alterações que ocorrem nos ambientes (Ramalho *et al.*, 2004). Assim, o valor fenotípico é resultado do efeito do genótipo somado ao ambiente, mais o efeito da interação, que influenciam conjuntamente na manifestação das características dos indivíduos. Pode-se concluir que para um dado genótipo podem ocorrer diferentes fenótipos, dependendo do efeito do ambiente.

Sabendo-se que a seleção de indivíduos superiores, com características favoráveis, como boa adaptação e alta produtividade em vários ambientes, é um dos objetivos básicos dos programas de melhoramento, o conhecimento das relações entre genótipo em diferentes ambientes é de suma importância, porque,

segundo Ramalho *et al.* (2004), a interação genótipos x ambientes é o principal complicador do trabalho dos melhoristas, exigindo que o melhoramento seja conduzido nas condições em que o genótipo será utilizado. E a existência de tal interação pode significar que o melhor genótipo em um ambiente não será necessariamente o melhor em outro ambiente (Falconer, 1987).

Dessa forma, é de suma importância a estimativa dessa interação, devendo ser avaliada sua importância na seleção de genótipos, isso porque, no melhoramento, o processo de seleção depende também da estimação dessa interação, para que não ocorra queda inesperada de desempenho de um material testado (Yamamoto, 2006).

Conforme Medina (1992), a interação genótipos x ambientes é de grande importância para o melhorista no desenvolvimento de cultivares, pois a ordem dos genótipos avaliados em uma série de ambientes pode diferir estatisticamente, gerando problemas para a seleção. Com isso, o melhorista poderia, erroneamente, selecionar determinado genótipo que não tivesse bom desempenho em um ambiente diferente daquele utilizado para a seleção. De modo inverso, determinado genótipo poderia ser descartado por não ser adaptado ao ambiente em que foi avaliado, mas poderia apresentar bom desempenho em outro ambiente.

Pela importância dessa interação, cabe ao melhorista avaliar sua magnitude e significância, quantificar seus efeitos e fornecer subsídios que possibilitem adotar procedimentos para sua minimização e/ou seu aproveitamento (Cruz *et al.*, 2012).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Caracterização Morfológica

4.1.1. Material genético, condições de cultivo e delineamento experimental

Foram utilizados 35 acessos doados pela Universidade Federal do Piauí (UFPI) e pela Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) (Tabela 1 – Apêndice). A semeadura foi feita em vasos de cinco litros, sendo utilizadas duas sementes de cada genótipo por vaso. O desbaste foi feito cerca de duas semanas após a emergência, tendo as plantas sido tutoradas com uma estaca de bambu. A adubação e demais tratamentos culturais foram feitos conforme recomendações de manejo usuais para a cultura (Gomes e Lopes, 2006).

O experimento foi conduzido em casa de vegetação no Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, Pesagro-RJ, na região Norte Fluminense, em Campos dos Goytacazes-RJ. Foi utilizado o delineamento inteiramente ao acaso com cinco repetições, sendo cada parcela constituída por um vaso contendo uma planta. O controle de insetos e doenças foi efetuado conforme necessário.

4.1.2. Caracteres avaliados

Para a caracterização morfológica, foram utilizados descritores recomendados para a espécie conforme o *Internacional Institute of Plant Genetic Resources* (IPGRI, 2001), hoje *Bioversity International* (www.bioversityinternational.org).

Os descritores qualitativos utilizados foram:

1. Hábito de crescimento (HC):

a. Determinado – caracteriza-se pelo desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência;

b. Indeterminado – caracteriza-se pelo desenvolvimento da gema terminal em uma guia;

2. Cor Hipocótilo (CH)

a. Verde

b. Vermelho

c. Vermelho-púrpura

d. Púrpura

3. Cor das asas (CA):

a. Branca

b. Rosa Claro

c. Rosa escuro a púrpura

d. Violeta

4. Cor da quilha (CQ):

a. Esverdeada

b. Tingida

5. Pubescência da vagem (PVg) - em vagens imaturas completamente desenvolvidas:

a. Glabra

b. Pubescente

6. Curvatura da vagem (CrVg) - Observada em 10 vagens imaturas, mas completamente desenvolvidas:
 - a. Direita
 - b. Ligeiramente Curva
 - c. Curva

7. Cor de fundo da Semente (CFS) – Cor mais clara:
 - c. Verde
 - d. Branco
 - e. Cinzento
 - f. Amarelo
 - g. Cor de tijolo
 - h. Castanho claro
 - i. Castanho
 - j. Rosa
 - k. Vermelho
 - l. Vermelho escuro
 - m. Vermelho-púrpura
 - n. Preto

8. Cor padrão da semente (CPS) - Incluindo o auréolo; se o padrão for bicolor, apenas a cor mais clara do padrão é considerada:
 - a. Ausente
 - b. Verde
 - c. Castanho claro ou laranja
 - d. Castanho-escuro
 - e. Vermelho
 - f. Vermelho-púrpura
 - g. Preto

9. Padrão do tegumento da semente (PTS) (Figura 1 – anexo) – As diferentes formas e localização dos pigmentos observadas na testa da semente formam a base para esta classificação em vários padrões:

- a. Ausente
- b. Padrão apenas à volta do auréolo
- c. Auréolo distinto com poucos sinais no corpo
- d. Auréolo distinto com muitos sinais no corpo
- e. Auréolo distinto com manchas em menos de 50% do corpo
- f. Auréolo distinto com manchas em mais de 50% do corpo
- g. Auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo (mais desenvolvidas próximo do micrópilo), presença de alguns sinais
- h. Auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, lado frontal, possível presença de alguns sinais
- i. Auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, lado frontal, lado de trás e lado de baixo
- j. Auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, corpo com bandas radiadas a partir da região do hilo
- k. Auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, corpo com manchas orientadas radialmente e transversalmente
- l. Corpo dispersamente marmoreado
- m. Corpo moderadamente marmoreado, formando algumas manchas
- n. Corpo intensamente marmoreado, fundo da semente quase invisível

10. Forma da Semente (FS) – A classificação das sementes foi feita em função do índice J, obtido pela relação entre comprimento e largura (C/L), em:

- a. Esférica (1,16 a 1,42 mm)
- b. Elíptica (1,43 a 1,65 mm)
- c. Oblonga/reniforme curta (1,66 a 1,85 mm)

11. Perfil da Semente (PS) – A classificação quanto ao perfil ocorreu em função do índice H, com base na relação espessura/largura (E/L), em:

- d. Achatada (menor que 0,69 mm)
- e. Semiachatada (0,70 a 0,79 mm)
- f. Cheia (>0,80 mm)

Em relação aos caracteres quantitativos, foram utilizados: comprimento da semente (CS); largura da semente (LS); espessura da semente (ES); índice J, obtido pela relação entre comprimento e largura (CS/LS); e índice H, relação espessura/largura (ES/LS).

Todos os caracteres foram mensurados em milímetros, com auxílio de paquímetro digital, e obtidas as médias com base em 10 sementes tomadas ao acaso.

4.1.3. Análise estatística

A estimação da matriz de distância genética, feita por meio da análise conjunta das variáveis qualitativas e quantitativas, foi obtida com base no algoritmo de Gower, e o agrupamento dos genótipos foi obtido pelo método UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average*). Os dados foram analisados pelo programa R ([http:// www.r-project.org/](http://www.r-project.org/)), utilizando o pacote *clusters* e o procedimento proposto por Daisy (Maechler, 2007).

4.2. Avaliação Agronômica dos acessos

4.2.1. Material genético

Foram selecionados, com base na quantidade de sementes disponíveis, 28 acessos de feijão-fava, Tabela 2, para serem utilizados na avaliação agronômica. Todos os acessos de hábito de crescimento indeterminado.

Tabela 2: Relação dos acessos introduzidos, selecionados para avaliação.

Acesso	Tamanho da semente	Acesso	Tamanho da semente
UENF-FV01	Pequena	UENF-FV15	Média
UENF-FV02	Pequena	UENF-FV16	Grande
UENF-FV03	Média	UENF-FV17	Média
UENF-FV04	Pequena	UENF-FV18	Média
UENF-FV05	Média	UENF-FV19	Grande
UENF-FV06	Média	UENF-FV20	Grande
UENF-FV07	Grande	UENF-FV21	Grande
UENF-FV08	Grande	UENF-FV22	Pequena
UENF-FV09	Pequena	UENF-FV23	Média
UENF-FV10	Grande	UENF-FV24	Pequena
UENF-FV11	Grande	UENF-FV25	Pequena
UENF-FV12	Pequena	UENF-FV26	Pequena
UENF-FV13	Pequena	UENF-FV27	Pequena
UENF-FV14	Pequena	UENF-FV28	Grande

Universidade Estadual do Norte Fluminense - Darcy Ribeiro, 2014.

4.2.2. Locais e condução dos experimentos

Os acessos foram cultivados em dois ambientes. Um dos ensaios foi conduzido em campo experimental do Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, na região Norte Fluminense, em Campos dos Goytacazes-RJ (21°19'23" de latitude sul e 41°19'40" de longitude oeste), cujo clima é classificado como do tipo Aw de Köppen. O solo é classificado como argissolo distrófico (EMBRAPA, 2006). O outro ensaio foi conduzido em área experimental da Universidade Federal do Piauí, *Campus* Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, PI (09°04'28" de latitude Sul, 44°21'31" de longitude Oeste e com altitude média de 277 m), cujo clima é classificado como do tipo Aw de Köppen.

Os dois ensaios foram conduzidos em delineamento experimental em blocos ao acaso com cinco repetições. A parcela foi constituída por uma linha de 5,0 m, sendo cinco plantas por unidade experimental. O espaçamento entre plantas e entre parcelas foi de 1,0 m x 1,0 m, sendo utilizadas três sementes por cova, deixando-se uma planta por cova após desbaste. As plantas foram tutoradas com estaca de madeira.

Duas semanas antes da semeadura, foi feita uma aração, seguida de gradagem. O plantio foi feito em covas de 5,0 cm de profundidade, sendo aplicados 20 kg de N (sulfato de amônio), 40 kg de P_2O_5 (superfosfato simples) e 30 kg de K_2O (cloreto de potássio) por hectare. O controle das plantas invasoras foi feito por capina manual durante o ciclo da cultura. A irrigação foi feita por aspersão e os tratos culturais foram os recomendados para a cultura (Gomes e Lopes, 2006).

4.2.3. Caracteres avaliados

1. Comprimento médio da vagem (CompVg – mm) – Mensurado, com auxílio de paquímetro, o comprimento de 20 vagens maduras tomadas ao acaso;
2. Largura média de vagem (LargVg - mm) – Mensurada, com auxílio de paquímetro, o comprimento de 20 vagens maduras tomadas ao acaso;
3. Número de dias para o florescimento (NDF) – Número de dias desde a emergência até ao estágio em que 50% das plantas estivessem em floração;
4. Número de dias até a maturação (NDM) – Número de dias desde a emergência até que 90% das plantas da parcela tivessem vagens maduras;
5. Massa de 100 sementes (M100S) – Massa, em gramas, de cem sementes tomadas ao acaso;
6. Rendimento de grãos (REND – $t.ha^{-1}$) – Estimado em função do rendimento da área total de cada parcela experimental, convertido em $t.ha^{-1}$.

4.2.4. Análise Estatística das variáveis

4.2.4.1. Análise individual

Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e, em seguida, foi feito, pelo teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade, o agrupamento de médias para as variáveis.

A análise de variância individual relacionada a cada um dos caracteres agronômicos, considerando os efeitos de tratamentos (genótipos) como aleatórios, foi feita conforme o modelo estatístico:

$$y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} = valor fenotípico da ij -ésima observação referente ao i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco;

μ = média geral do caráter;

G_i = efeito do i -ésimo genótipo;

B_j = efeito do j -ésimo bloco; e

ε_{ij} = erro aleatório.

Conforme o modelo estatístico citado anteriormente, foram obtidas as esperanças dos quadrados médios das fontes de variação relativas ao modelo (Tabela 3).

Tabela 3. Esquema da análise de variância para o delineamento de blocos ao acaso, envolvendo g genótipos avaliados em um ambiente, em r repetições, considerando as fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL) e esperança de quadrados médios (E(QM))

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

4.2.4.2. – Análise conjunta

Após a análise de variância individual para cada local, foi feito o teste de homogeneidade de variâncias, obedecendo ao critério de relação máxima igual a 7 para o quociente entre o maior e menor quadrado médio do erro (Gomes, 1990).

Em seguida, foi feita uma análise de variância conjunta, considerando os dois ambientes. Para efeito da análise de variância conjunta, foram considerados o efeito de genótipos como aleatório e o ambiente como sendo de efeito fixo. O modelo estatístico utilizado foi:

$$y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B/A_{j(k)} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} = valor fenotípico da ij-ésima observação referente ao i-ésimo tratamento no j-ésimo bloco;

μ = média geral do caráter;

G_i = efeito do i-ésimo genótipo;

A_j = efeito do j-ésimo ambiente;

GA_{ij} = efeito da interação do i-ésimo genótipo com o j-ésimo ambiente;

$B/A_{j(k)}$ = efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente; e

ε_{ijk} = erro aleatório.

Conforme o modelo estatístico aplicado à análise de variância conjunta, foram obtidas as esperanças dos quadrados médios das fontes de variação relativas ao modelo (Tabela 4).

Tabela 4. Esquema da análise de variância para o delineamento de blocos ao acaso, envolvendo de g genótipos avaliados em l locais e r repetições, considerando as fontes de variação (FV), graus de liberdade (GL) e esperança de quadrados médios (E(QM))

FV	GL	QM	E(QM)
Repetição/Locais (R/L)	$l(r - 1)$	QMR	$\sigma^2 + g\sigma_{r/l}^2$
Locais (L)	$(l-1)$	QML	$\sigma^2 + g\sigma_{r/l}^2 + rg\phi_l$
Genótipos (G)	$(g-1)$	QMG	$\sigma^2 + rl\phi_g$
L x G	$(l-1)(g-1)$	QMI	$\sigma^2 + r\phi_{gl}$
Erro	$l(r-1)(g-1)$	QME	σ^2

4.2.4.3. Estimadores de Parâmetros Genéticos

Foram obtidos, considerando cada ambiente, os estimadores dos componentes de variância, como se segue:

- Variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$)

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QMG}{r}$$

Variabilidade genotípica ($\hat{\phi}_G$)

$$\hat{\phi}_G = \frac{QMG - QME}{r}$$

- Variância experimental ($\hat{\sigma}_E^2$)

$$\hat{\sigma}_E^2 = QME$$

- Coeficiente de determinação genotípico das análises individuais, com base na média das parcelas

$$H^2 = \frac{\frac{QMG - QME}{r}}{\frac{QMG}{r}} = \frac{\hat{\phi}_G}{\sigma_F^2}$$

- Coeficiente de variação genérica ($C\hat{V}_g$)

$$C\hat{V}_g = \frac{100 \sqrt{\hat{\phi}_G}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação experimental ($C\hat{V}_e$)

$$C\hat{V}_e = \frac{100 \sqrt{QME}}{\hat{m}}$$

- Índice de variação (I_v)

$$I_v = \frac{C\hat{V}_g}{C\hat{V}_e} = \sqrt{\frac{\hat{\phi}_G}{QME}}$$

em que:

QMG = quadrado médio do genótipo;

QMR = quadrado médio do erro; e

r = número de repetições.

Ganho na seleção (GS)

$$GS = H^2 \cdot DS$$

Em que:

H^2 = Coeficiente de determinação genotípico; e

D_s = diferencial de seleção, isto é, a diferença entre a média selecionada e a média original.

Considerando as esperanças de quadrados médios na análise conjunta, Tabela 4, foram obtidas as estimativas dos componentes de variância:

- Variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$)

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QMG}{rl}$$

- Variabilidade genotípica ($\hat{\phi}_G$)

$$\hat{\phi}_G = \frac{QMG - QME}{rl}$$

- Variabilidade de ambiente (local) ($\hat{\phi}_L$)

$$\hat{\phi}_L = \frac{QML + QMR}{rg}$$

- Componente quadrático da interação ($\hat{\phi}_I$)

$$\hat{\phi}_I = \frac{QMI - QME}{r}$$

- Variância experimental ($\hat{\sigma}_E^2$)

$$\hat{\sigma}_E^2 = QME$$

- Coeficiente de determinação genotípico

$$H^2 = \frac{\hat{\phi}_G}{\sigma_F^2}$$

- Coeficiente de variação genética ($C\hat{V}_g$)

$$C\hat{V}_g = \frac{100\sqrt{\hat{\phi}_G}}{\hat{m}}$$

- Coeficiente de variação experimental ($C\hat{V}_e$)

$$C\hat{V}_e = \frac{100\sqrt{QME}}{\hat{m}}$$

- Índice de variação (I_v)

$$I_v = \frac{C\hat{V}_g}{C\hat{V}_e} = \sqrt{\frac{\hat{\phi}_G}{QME}}$$

Em que:

QMG = quadrado médio do genótipo;

QME = quadrado médio do erro;

QML = quadrado médio do ambiente (local);

QMI = quadrado médio da interação genótipos por ambientes (GXA);

QMR = quadrado médio do bloco (repetição);

r = número de repetições; e

l = número de locais (ambientes).

4.2.4.4. Estimadores das Correlações

Os coeficientes de correlação fenotípica (r_f), genotípica (r_g) e ambiental (r_a) entre os pares de características foram estimados conforme as expressões (Cruz *et al.*, 2012):

$$r_F = \frac{COV_{F(X,Y)}}{\sqrt{\sigma_{FX}^2 \cdot \sigma_{FY}^2}}$$

$$r_A = \frac{COV_{A(X,Y)}}{\sqrt{\sigma_{AX}^2 \cdot \sigma_{AY}^2}}$$

$$r_G = \frac{COV_{G(X,Y)}}{\sqrt{\sigma_{GX}^2 \cdot \sigma_{GY}^2}}$$

Em que:

$COV_{F(X,Y)}$, $COV_{A(X,Y)}$ e $COV_{G(X,Y)}$ correspondem, respectivamente, às estimativas das covariâncias fenotípicas, ambientais e genotípicas entre as características;

σ_{FX}^2 , σ_{AX}^2 e σ_{GX}^2 correspondem às estimativas das variâncias fenotípicas, ambientais e genotípicas entre as característica X; e

σ_{FY}^2 , σ_{AY}^2 e σ_{GY}^2 correspondem às estimativas das variâncias fenotípicas, genotípicas e de ambiente da característica Y; e

A significância dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente foi avaliada pelo teste t, em 5% e 1% de probabilidade.

As análises estatísticas das variáveis foram feitas utilizando os recursos computacionais dos programas Genes (Cruz, 2013) e R (R Development Core Team, 2014/[http:// www.r-project.org/](http://www.r-project.org/)).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Caracterização morfológica

A caracterização foi feita em 33 dos 35 acessos de feijão-fava, pois durante o cultivo, em casa de vegetação, dois dos acessos foram identificados como *P. vulgaris*. Com relação aos caracteres da fase vegetativa, observou-se que quatro acessos são de hábito de crescimento determinado (UENF-FV30, UENF-FV31, UENF-FV32 e UENF-FV33), todos oriundos da Universidade Federal do Piauí (Tabela 5), os demais são de crescimento indeterminado.

Os acessos de hábito de crescimento determinado, apesar de terem menor potencial produtivo, podem ser incorporados aos programas de melhoramento com a finalidade de transferência de genes para precocidade e porte ereto. Além disso, genótipos de hábito de crescimento indeterminado exigem maiores cuidados, pois com um ciclo mais longo há maiores riscos de incidência de pragas e doenças, por exemplo.

Tabela 5. Caracteres qualitativos utilizados na caracterização dos 33 acessos de feijão-fava. Campos dos Goytacazes, UENF, 2013

Acesso	Cor do hipocótilo	Cor dos cotilédones	Hábito de crescimento	Cor das asas	Cor da quilha	Cor do estandarte	Pubescência da vagem	Curvatura da vagem
UENF-FV01	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Direita
UENF-FV02	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Direita
UENF-FV03	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV04	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV05	Vermelho	purpura	Indeterminado trepadeira	Rosa claro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV06	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Rosa claro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV07	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Rosa escuro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV08	vermelho-purpura	purpura	Indeterminado trepadeira	Rosa escuro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV09	vermelho-purpura	purpura	Indeterminado trepadeira	Rosa claro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV10	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Rosa claro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV11	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Rosa claro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV12	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Direita
UENF-FV13	Verde	Verde	Indeterminado semitrepadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV14	Verde	Verde	Indeterminado trepadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV15	Vermelho	purpura	Indeterminado trepadeira	Violeta	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV16	Verde	Verde	Indeterminado semitrepadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Direita
UENF-FV17	vermelho-purpura	purpura	Indeterminado semitrepadeira	Rosa escuro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva

Cont. Tabela 5

Acesso	Cor do hipocótilo	Cor dos cotilédones	Hábito de crescimento	Cor das asas	Cor da quilha	Cor do estandarte	Pubescência da vagem	Curvatura da vagem
UENF-FV18	Verde	verde	Indeterminado semitrepeadeira	Violeta	Tingida	Rosa escuro a púrpura	Piloso	Direita
UENF-FV19	Verde	Verde	Indeterminado semitrepeadeira	Rosa claro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV20	Verde	Verde	Indeterminado semitrepeadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV21	Verde	Verde	Indeterminado trepeadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV29	Verde	Verde	Indeterminado trepeadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV22	Verde	Verde	Indeterminado semitrepeadeira	Rosa claro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV23	Verde	Verde	Indeterminado trepeadeira	Rosa claro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Curva
UENF-FV24	Verde	Verde	Indeterminado trepeadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Direita
UENF-FV25	Verde	Verde	Indeterminado trepeadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Direita
UENF-FV26	Verde	Verde	Indeterminado semitrepeadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV27	Verde	Verde	Indeterminado semitrepeadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Direita
UENF-FV28	Vermelho	purpura	Indeterminado semitrepeadeira	Rosa escuro	Tingida	Rosa claro	Ausente	Curva
UENF-FV29	Verde	Verde	Indeterminado trepeadeira	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV30	Verde	verde	Determinado	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV31	Verde	verde	Determinado	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Direita
UENF-FV32	Verde	verde	Determinado	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva
UENF-FV33	Verde	verde	Determinado	Branca	Esverdeada	Branco	Ausente	Ligeiramente curva

Entretanto, conforme constataram Oliveira *et al.* (2004) e Guimarães *et al.* (2007), os pequenos produtores utilizam principalmente cultivares de crescimento indeterminado, isso se devendo, principalmente, ao potencial produtivo desses genótipos, quando comparados aos de hábito de crescimento determinado. Esse potencial produtivo está associado ao fato de o desenvolvimento vegetativo das plantas com hábito de crescimento indeterminado prosseguir com a emissão de novos nós, onde são emitidas novas florações (Oliveira *et al.*, 2011).

Verificou-se que 84,85% dos genótipos têm a mesma coloração para cor dos cotilédones (verde) e cor do hipocótilo (verde), indicando ser este um caso de pleiotropia, em que um gene controla duas ou mais características. Essas características são importantes visto terem relação com a coloração das sementes. Conforme Vilhordo *et al.* (1996), cotilédones verdes se originam de sementes brancas e cotilédones avermelhados, de sementes com coloração mais escura. Os consumidores de feijão-fava preferem aqueles com coloração de semente mais clara.

Com relação aos caracteres de inflorescência, 60,61% dos genótipos têm flor com asas e estandarte de cor branca e quilha de cor esverdeada (Tabela 5). Em nossos estudos, houve relação direta entre esses caracteres, pois quando foram observadas cores das asas como rosa claro, rosa escuro ou violeta, observou-se pigmentação na quilha e que o estandarte tinha coloração de rosa claro a púrpura. Em algumas ocasiões, diferenças entre variedades ou cultivares podem ser observadas na coloração das flores.

Com relação à pubescência da vagem, somente um genótipo (UENF-FV18) não tem vagens glabras e 72,73% dos genótipos têm vagens com algum tipo de curvatura (Tabela 5). Essas características são importantes, considerando a época de colheita do material, sendo preferidas as vagens glabras e sem curvatura.

Um dos principais critérios utilizados para explicar a origem e a diversidade genética nessa espécie são os caracteres de sementes (Vargas *et al.* 2003), e com base nesses caracteres, verificou-se variabilidade fenotípica entre os acessos estudados referentes a tamanho, formato e coloração de sementes (Tabela 6).

Tabela 6. Caracteres qualitativos e quantitativos referentes a sementes, utilizados na caracterização dos 33 acessos de feijão-fava. Campos dos Goytacazes, UENF, 2013

Acesso	Cor de fundo	Cor Padrão	Comprimento (mm)	Largura (mm)	Espessura (mm)	Forma	Perfil
UENF-FV01	Castanho	Ausente	8,90	7,27	5,70	Esférica	Semiachatada
UENF-FV02	Vermelho	Ausente	10,70	7,68	5,72	Esférica	Semiachatada
UENF-FV03	Cinza	Preto	13,82	8,63	5,12	Elíptica	Achatada
UENF-FV04	Cinza	Preto	8,33	7,56	6,12	Elíptica	Achatada
UENF-FV05	Preto	Ausente	15,14	10,51	6,25	Elíptica	Achatada
UENF-FV06	Branco	Ausente	15,12	10,57	6,05	Elíptica	Achatada
UENF-FV07	Cinza	Castanho claro	16,72	11,18	6,19	Elíptica	Achatada
UENF-FV08	Cinza	Castanho claro	16,80	11,49	6,39	Elíptica	Achatada
UENF-FV09	Castanho	Castanho claro	10,65	9,38	8,11	Esférica	Cheia
UENF-FV10	Creme	Castanho claro	19,80	13,07	6,98	Elíptica	Achatada
UENF-FV11	Creme	Castanho claro	19,18	13,05	7,04	Elíptica	Achatada
UENF-FV12	Castanho	Ausente	10,70	8,21	5,35	Esférica	Achatada
UENF-FV13	Cinza	Castanho escuro	11,17	8,48	6,29	Esférica	Semiachatada
UENF-FV14	Branco	Castanho claro	9,98	8,70	7,10	Esférica	Cheia
UENF-FV15	Preto	Ausente	12,40	9,42	5,19	Esférica	Achatada
UENF-FV16	Creme	Vermelho	20,72	13,65	7,25	Elíptica	Achatada
UENF-FV17	Castanho	Ausente	12,53	10,70	6,72	Esférica	Achatada
UENF-FV18	Castanho	Preto	13,70	9,95	4,97	Esférica	Achatada
UENF-FV19	Branco	Preto	18,40	13,11	6,34	Esférica	Achatada
UENF-FV20	Creme	Castanho claro	17,11	11,40	6,08	Elíptica	Achatada
UENF-FV21	Branco	Ausente	16,13	11,25	6,12	Elíptica	Achatada
UENF-FV22	Castanho	Ausente	10,05	8,18	6,14	Esférica	Semiachatada
UENF-FV23	Cinza	Castanho claro	12,04	7,05	5,29	Oblonga	Semiachatada
UENF-FV24	Branco	Ausente	9,39	8,32	7,04	Esférica	Cheia
UENF-FV25	Creme	Vermelho	9,67	8,35	7,12	Esférica	Cheia
UENF-FV26	Castanho	Castanho claro	10,43	9,10	6,00	Esférica	Achatada
UENF-FV27	Castanho	Ausente	9,38	8,27	6,53	Esférica	Semiachatada
UENF-FV28	Castanho	Ausente	15,67	9,51	6,05	Elíptica	Achatada
UENF-FV29	Branco	Ausente	18,87	11,32	6,78	Elíptica	Achatada
UENF-FV30	Castanho	Castanho escuro	10,37	8,22	5,38	Esférica	Achatada
UENF-FV31	Castanho	Castanho claro	13,07	8,56	5,36	Elíptica	Achatada
UENF-FV32	Vermelho	Preto	14,26	10,73	4,24	Esférica	Achatada
UENF-FV33	Branco	Ausente	12,90	9,85	4,90	Esférica	Achatada
Média			13,46	9,78	6,12		
Limite Superior			20,72	13,65	8,11		
Limite inferior			8,33	7,05	4,24		

O tamanho das sementes variou de 8,33 a 20,72 mm, enquanto a largura variou de 7,05 a 13,65 mm, sendo a forma esférica e o perfil achatado predominantes em 69,69 % e 54,54 % dos acessos, respectivamente. Santos *et al.* (2010) caracterizaram sementes de 27 acessos de feijão-fava, do Banco de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí, e encontraram médias de comprimento e largura da semente variando de 9,66 a 18,52 mm e de 7,41 a 11,83 mm, respectivamente, menores, portanto, que os verificados no presente estudo.

Resultados menores também foram encontrados por Santos *et al.* (2002), que, estudando a morfologia de vagens e sementes de oito variedades locais de feijão-fava do Estado da Paraíba, encontraram valores para o descritor comprimento da semente variando de 7,8 a 17,5 mm e para largura da semente, de 5,8 a 11,7 mm.

Foi feita a análise simultânea de dados quantitativos e qualitativos, proposta por Gower (1971), por meio de um algoritmo que estima a similaridade genética entre os indivíduos caracterizados. A estimativa dessa similaridade genética é importante, podendo auxiliar na utilização de acessos em programas de melhoramento, principalmente nas etapas iniciais, como, por exemplo, na escolha de genótipos promissores para a formação de populações segregantes.

O método de agrupamento UPGMA, com um ponto de corte correspondendo à mudança abrupta no gráfico, possibilitou a formação de oito grupos (Figura 2). Os acessos UENF-FV07 e UENF-FV08, que formaram o grupo I, apresentam comprimento de semente mediano e características peculiares, considerando os caracteres cor padrão do tegumento da semente (cor cinza e auréolo semelhante ao padrão com manchas em menos de 50% do corpo).

No grupo II, ficaram alocados os acessos com tamanhos medianos de sementes, todas com forma elíptica e de colorações variadas. No grupo III, foram alocados os acessos com as maiores médias para os caracteres comprimento e largura de sementes (com exceção do acesso UENF 29, que ficou alocado no grupo II), todos com sementes achatadas e quase todos de coloração clara.

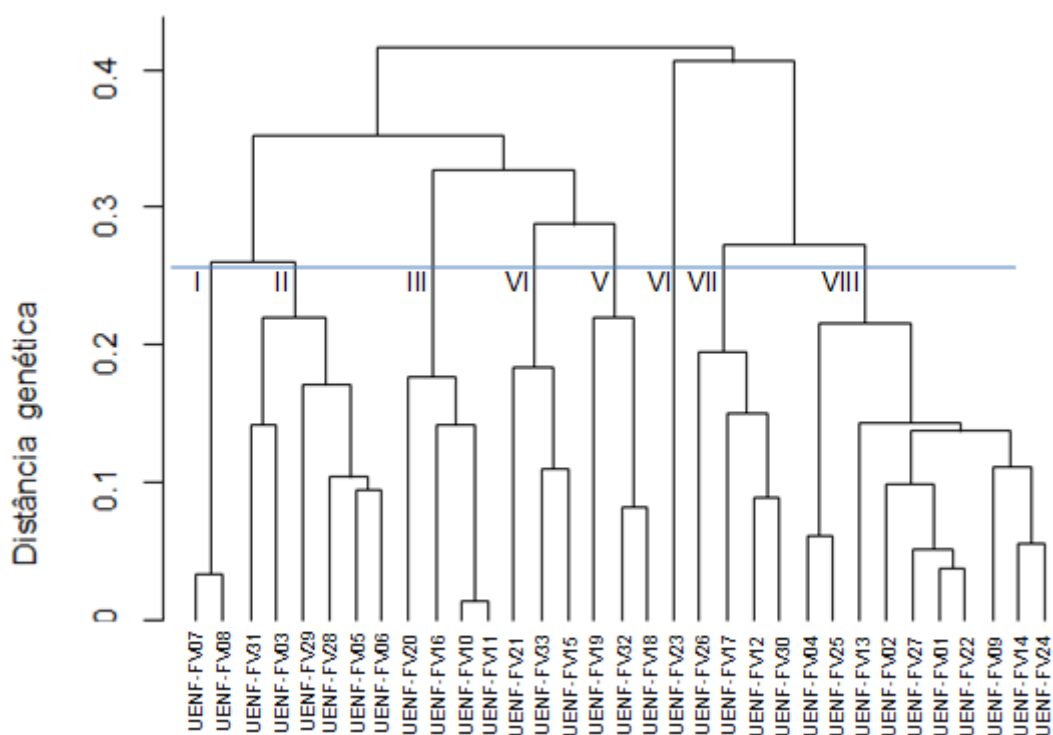


Figura 2. Dendrograma de dissimilaridades genéticas entre 33 acessos de feijão-fava, obtido pelo UPGMA, utilizando a distância de Gower para as variáveis conjuntas (qualitativa + quantitativa). Campos dos Goytacazes, UENF, 2013.

Vale ressaltar que genótipos de feijão-fava com sementes grandes e achatadas são considerados pertencentes à rota Caribenha, definidos como grupo Lima Grande, de acordo com Mackie (1943). Entretanto, esse autor propõe a ideia de um único centro de origem, que foi contestada por autores como Gutiérrez-Salgado *et al.* (1995), que sugeriram a existência de dois centros de domesticação: um para genótipos com sementes grandes e achatadas, conjunto gênico Andino, e outro para genótipos com sementes pequenas, conjunto gênico Mesoamericano.

Neste estudo, considerando acessos alocados no grupo VII, infere-se a existência de acessos representantes do conjunto gênico Mesoamericano, com sementes pequenas, de forma elíptica e perfil semicheio.

Entretanto, outros autores consideram a existência de três conjuntos gênicos: um Andino (AI) e dois Mesoamericanos (MI e MII) (Serrano-Serrano *et al.*, 2010; Serrano-Serrano *et al.*, 2012; Andueza-Noh *et al.*, 2013). Estudos

desenvolvidos no México têm mostrado presença de três conjuntos gênicos Mesoamericanos (MI, MII e MIII), indicando a complexidade da estrutura genética desta espécie (Martinez-Castilho *et al.* 2014).

5.2. Avaliação agrônômica

5.2.1. Ambiente 01 Pesagro – Campos dos Goytacazes

Foi verificada significância a 1% de probabilidade para todas as características avaliadas, Tabela 7, indicando variabilidade genética entre os acessos estudados, podendo ser selecionados aqueles com características desejáveis para o melhoramento genético.

Considerando que o coeficiente de variação experimental (CVe) seja uma das medidas mais empregadas entre os pesquisadores para avaliar a precisão dos ensaios de experimentos agrícolas, foi utilizado esse coeficiente para inferir sobre a precisão experimental. Geralmente, existem magnitudes dessa medida consideradas mínimas, levando em consideração a cultura e a característica utilizadas.

Tabela 7. Resumo da análise de variância para seis características avaliadas em um ambiente, utilizando 28 acessos de feijão-fava. PESAGRO-RJ, Campos dos Goytacazes, 2014.

FV	GL	QM ^{1/}					
		CompVg	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
Repetição	4	2,44	0,29	77,97	93,38	7,66	0,26
Genótipos	27	1086,46**	35,01**	327,23**	1490,65**	3288,37**	0,92**
Erro	108	13,38	0,66	14,92	35,66	21,07	0,10
Média		72,42	16,37	61,53	117,74	59,87	1,86
CVe (%) ^{2/}		5,05	4,97	6,28	5,07	7,67	17,36

^{1/} CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹). ** = Significativo no nível de 1 % de probabilidade pelo teste F. ^{2/} Coeficiente de variação experimental.

Em feijão-fava não há referencial de valores adequados, tendo sido considerados neste estudo os valores sugeridos por Gomes (1990). Esse autor considera baixo CVe inferior a 10%, médio entre 10 e 20%, alto entre 20 e 30% e muito alto quando superior a 30%. Dessa forma, nesse experimento, os coeficientes de variação foram considerados baixos para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para o caráter produtividade de grãos, cujo coeficiente de variação foi superior a 17% (Tabela 7). O caráter em que se verificou o menor valor de CVe foi Largura de Vagem (LargVg), com valor de 4,97. Silva *et al.* (2011), em estudos com 166 acessos do Banco de Germoplasma da Embrapa Cenargen, também verificaram que o caráter com menor valor de CVe foi a largura da vagem. Isso demonstra não apenas a boa condução experimental, mas também a alta herdabilidade do caráter.

Os CVe de baixa magnitude neste experimento refletem a boa condução experimental, favorecida pela utilização do delineamento com cinco repetições, pois um adequado número de repetições possibilita diminuição do erro e aumento da precisão experimental. Isso é de fundamental importância para a experimentação agrícola, pois quanto maior a estimativa do coeficiente de variação ambiental, maior a probabilidade de ocorrência do erro tipo II, que consiste em aceitar como iguais as médias dos tratamentos que, na verdade, são diferentes, o que pode prejudicar a seleção dos melhores tratamentos por considerá-los não diferentes estatisticamente.

Com relação à característica comprimento de vagem (CompVg), houve formação de cinco grupos, evidenciando a alta variabilidade para essa característica, com destaque para o genótipo UENF-FV10, com valor médio de 103.36 mm (Tabela 8).

Quanto à característica número de dias para floração (NDF), houve formação de quatro grupos, com destaque para o genótipo UENF-FV04, com média de 43,8 dias, Tabela 8, sendo interessante para programas de melhoramento por ter época de floração anterior à época dos demais genótipos. Isso é de fundamental importância para a cultura do feijão-fava no Brasil, pois há poucos relatos de genótipos de hábito de crescimento indeterminado com floração inferior a 50 dias.

Estudos envolvendo avaliação de genótipos de feijão-fava no Brasil são escassos e aqueles encontrados na literatura mostram a importância de selecionar genótipos que possam atingir 50% da floração em período inferior a 50 dias. Santos *et al.* (2002), avaliando a produtividade de feijão-fava utilizando oito acessos, identificaram como mais precoces as variedades Amarela-cearense e Orelha-de-vó, com floração aos 49 dias. Silva *et al.* (2011), avaliando 24 genótipos de feijão-fava em campo experimental do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, verificaram que todos os genótipos avaliados atingiam 50% da floração após os 89 dias. Dessa forma, considerando que são poucos os relatos de germoplasma brasileiro, de hábito de crescimento indeterminado com característica de precocidade, fica evidenciada a importância da manutenção de genótipos com essa característica.

Tabela 8. Agrupamento Scott-Knott^{1/} para seis características^{2/} avaliadas em um ambiente, em 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes, 2014.

Acesso	CompVg	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
UENF-FV01	51,80 e	14,14 b	56,20 c	168,00 a	29,52 g	1,86 b
UENF-FV02	64,38 d	13,44 b	51,60 d	160,20 a	35,85 g	1,88 b
UENF-FV03	67,16 d	14,17 b	59,20 c	138,20 b	49,70 f	1,94 b
UENF-FV04	51,72 e	14,84 b	43,80 d	128,40 c	36,87 g	1,24 d
UENF-FV05	89,56 b	18,33 a	60,40 c	125,80 c	94,82 b	1,40 d
UENF-FV06	72,89 d	15,43 b	60,40 c	123,00 c	61,96 c	1,35 d
UENF-FV07	89,35 b	18,91 a	66,20 b	122,60 c	77,78 c	2,45 a
UENF-FV08	72,82 d	14,94 b	55,20 c	122,20 c	59,24 e	1,93 b
UENF-FV09	72,39 d	18,07 a	68,40 b	122,20 c	77,83 c	1,92 b
UENF-FV10	103,36 a	20,45 a	65,00 b	122,00 c	94,86 b	2,00 b
UENF-FV11	93,24 b	19,30 a	66,40 b	121,80 c	89,01 b	0,92 d
UENF-FV12	57,06 e	13,71 b	50,40 d	120,20 c	35,77 g	1,38 d
UENF-FV13	67,81 d	15,92 b	60,60 c	119,60 c	44,17 g	2,60 a
UENF-FV14	74,01 d	18,30 a	69,60 b	118,00 c	46,91 f	1,54 c
UENF-FV15	72,72 d	14,12 b	56,40 c	115,40 c	41,73 g	1,81 b
UENF-FV16	93,54 b	19,19 a	73,80 a	113,40 c	122,50 a	1,64 c
UENF-FV17	68,10 d	18,11 a	66,60 b	113,00 c	65,97 d	2,12 b
UENF-FV18	84,12 c	17,98 a	68,00 b	109,20 c	51,84 f	2,07 b
UENF-FV19	78,34 c	19,11 a	81,20 a	102,80 d	95,33 b	2,09 b
UENF-FV20	83,53 c	19,29 a	64,40 b	102,80 d	86,63 b	1,95 b
UENF-FV21	84,22 c	19,65 a	61,60 c	102,60 d	77,34 c	2,27 a
UENF-FV22	56,05 e	14,01 b	56,20 c	102,40 d	32,68 g	2,23 a
UENF-FV23	49,56 e	9,84 c	63,00 b	102,20 d	37,93 g	1,57 c
UENF-FV24	60,84 e	15,28 b	59,60 c	101,60 d	33,89 g	2,18 b
UENF-FV25	60,27 e	14,91 b	48,20 d	100,20 d	36,51 g	1,40 d
UENF-FV26	64,68 d	13,86 b	56,00 c	98,40 d	35,92 g	2,55 a
UENF-FV27	53,92 e	15,16 b	53,80 c	97,60 d	35,04 g	1,72 c
UENF-FV28	72,87 d	13,79 b	67,80 b	96,40 d	70,15 d	1,64 c

^{1/}Médias seguidas pela mesma letra, em cada coluna, pertencem a um mesmo grupo, de acordo com o método de Scott-Knott, em nível de 5 % de probabilidade. ^{2/} CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹).

Para a característica massa de 100 sementes, foram identificados sete grupos, com destaque para o acesso UENF-FV16, com massa média superior a 122 gramas (Tabela 8). Houve ampla variação para essa característica, com

valores entre 29,52 gramas (UENF-FV01) e 122,50 gramas (UENF-FV16). A massa de 100 sementes está diretamente relacionada ao tamanho da semente, que, por sua vez, tem relação direta com o tipo de domesticação e o conjunto gênico (Andino e Mesoamericano) de cada genótipo de feijão-fava. Isto porque o conjunto gênico Andino é caracterizado por genótipos com sementes grandes e achatadas, enquanto o conjunto gênico Mesoamericano é caracterizado por genótipos com sementes pequenas, achatadas ou arredondadas (Fofana *et al.*, 1997). Nesse estudo, verifica-se, considerando as médias de comprimento, largura, coeficientes (índices J e H) e massa de 100 sementes, que os acessos UENF-FV07, UENF-FV08, UENF-FV10, UENF-FV11, UENF-FV16, UENF-FV19, UENF-FV20 e UENF-FV21 podem ser considerados Andinos e os demais acessos, Mesoamericanos.

Com relação à característica produtividade de grãos, observou-se formação de quatro grupos, com destaque para os genótipos UENF-FV07, UENF-FV13, UENF-FV21, UENF-FV22 e UENF-FV26, com médias superiores a 2,2 t.ha⁻¹. Produtividades elevadas foram obtidas por Vieira e Vieira (1996) em estudos com leguminosas do gênero *Vigna* e *Phaseolus*, em Viçosa, Minas Gerais, alcançando produtividade de 3,527 t.ha⁻¹ no plantio em monocultivo. Produtividade mais elevada ainda foi obtida nos Estados Unidos em sistema completamente irrigado, com valores de 3,6 t.ha⁻¹ (Sirait *et al.* 1994).

Os menores valores de produtividade deste estudo, inferiores aos encontrados pelos autores anteriormente citados, podem estar relacionados ao menor número de plantas por unidade de área e espaçamento relativamente maior. Vale ressaltar que este experimento foi desenvolvido à semelhança de como é regularmente feito pelo pequeno produtor, com espaçamento de um metro entre plantas e fileiras e sem uso de muita tecnologia.

Entretanto, os valores de produtividade encontrados neste estudo foram superiores à maior média do Brasil, registrados no Estado do Rio Grande do Sul, de 2,037 t.ha⁻¹ (IBGE, 2014). Foram maiores também que os valores reportados por Santos *et al.* (2002), obtidos pela variedade Olho-de-ovelha (0,852 t.ha⁻¹). Do exposto, pode-se verificar o alto potencial produtivo dos acessos avaliados neste estudo, o que é bastante interessante para a continuidade das atividades de

melhoramento por meio da seleção dos melhores genótipos aqui descritos (UENF-FV07, UENF-FV13, UENF-FV21, UENF-FV22 e UENF-FV26), considerando o caráter rendimento de grãos.

Considerando o índice de variação (I_v), pode-se verificar ampla variabilidade para todas as características avaliadas, haja vista que todos os valores do I_v foram superiores à unidade. De acordo com Torres *et al.* (2006), características que apresentam ampla variabilidade genotípica, associadas a elevados índices de variação, indicam boas possibilidades de identificação de genótipos superiores, sugerindo que métodos simples de seleção podem ser suficientes para conseguir ganhos nas gerações seguintes.

Ganhos satisfatórios são possíveis quando as estimativas de herdabilidade forem superiores a 80% e quando o índice de variação for superior à unidade (Falconer, 1987). Vale ressaltar que quando se considera fixo o efeito dos genótipos, por não considerar que se esteja utilizando uma amostra de uma população, não é justificável estimar a herdabilidade, por considerar que as inferências feitas são inerentes apenas àqueles genótipos avaliados no experimento, ou seja, apenas aos resultados da avaliação. Dessa forma, neste estudo foi estimado o coeficiente de determinação genotípico (H^2). Essa estimativa é considerada semelhante à herdabilidade, fornecendo informações relevantes sobre a possibilidade de sucesso com a seleção para uma determinada característica (Vencovsky; Barriga, 1992). Isso é importante, visto que o sucesso de um esquema seletivo de plantas vai depender da quantidade de variação genética e, sobretudo, do seu valor relativo em relação ao valor fenotípico total (Vencovsky, 1987).

A obtenção das estimativas dos parâmetros genéticos é de grande importância em programas de melhoramento genético por possibilitar a tomada de decisão relacionada com a escolha do método de melhoramento mais apropriado, orientando o melhorista sobre a estratégia mais adequada de seleção (Cruz *et al.*, 2012).

Tabela 9. Estimativas da Variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), Variabilidade genotípica ($\hat{\phi}_G$), Variância experimental ($\hat{\sigma}_E^2$), Coeficiente de determinação genotípico com base na média das parcelas (H^2), coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) e o índice de variação (I_v) para seis características^{1/} avaliadas em um ambiente, utilizando 28 acessos de feijão-fava. PESAGRO-RJ, Campos dos Goytacazes, 2014.

Parâmetros	Características ^{2/}					
	CompVg	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
$\hat{\sigma}_F^2$	217,29	7,00	65,45	298,13	657,67	0,18
$\hat{\phi}_G$	214,61	6,87	62,46	290,99	653,46	0,16
$\hat{\sigma}_E^2$	13,38	0,66	14,92	35,66	21,07	0,10
$H^2(\%)$	98,77	98,11	95,44	97,61	99,36	88,68
\hat{CV}_g	20,55	16,01	12,84	14,49	42,69	21,74
I_v	4,00	3,22	2,05	2,86	5,57	1,25

^{1/} CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹).

Observa-se que todos os valores de variabilidade genotípica foram superiores aos valores de variância ambiental, indicando a possibilidade de seleção de genótipos superiores de feijão-fava, possibilitando sucesso no melhoramento genético da cultura na região.

Os valores do coeficiente de determinação genotípico com base na média das parcelas (H^2) foram considerados altos para a maioria dos caracteres avaliados, com estimativas acima de 90%, exceto para a característica rendimento de grãos (Tabela 9). Considerando essa estimativa similar à herdabilidade, podemos destacar que, conforme Falconer (1987), esse é um dos mais importantes parâmetros, pois expressa a proporção da variância total atribuída ao efeito médio dos genes. O conhecimento dessa proporção é de fundamental importância no melhoramento genético de plantas, para definir, por exemplo, o método de melhoramento a que a população será submetida para seleção de genitores e predição de ganhos genéticos.

Dessa forma, o alto valor das estimativas de H^2 observados neste estudo é função, principalmente, da grande variabilidade genética dos acessos estudados bem como do cuidado na experimentação. Além da ampla variabilidade genética, os acessos avaliados têm como vantagem a rusticidade e a alta capacidade adaptativa, apresentando-se como alternativa de cultivo em ambientes menos favoráveis.

Esses resultados indicam possibilidade de sucesso no melhoramento genético com os acessos avaliados, sendo possível a obtenção de ganhos expressivos com a seleção desses genótipos. Isso corrobora Vencovsky (1987), que considera o sucesso da seleção dependente da quantidade de variação genética na população estudada e, sobretudo, do seu valor relativo em relação ao valor fenotípico total.

Com base na produtividade, poderão ser selecionados os acessos UENF-FV13, UENF-FV26, UENF-FV07, UENF-FV21, UENF-FV22, UENF-FV24 e UENF-FV17, como os mais produtivos. Considerando a média selecionada de $2,32 \text{ t.ha}^{-1}$, superior à média da população avaliada ($1,86 \text{ t.ha}^{-1}$), e o diferencial de seleção de $0,37 \text{ t.ha}^{-1}$, poder-se-ia obter ganho de $0,3268 \text{ t.ha}^{-1}$, considerando o alto valor do coeficiente de determinação genotípico (88,86). Dessa forma, é possível verificar que os acessos avaliados formariam novo conjunto de acessos com média geral de $2,19 \text{ t.ha}^{-1}$, o que corresponderia a um incremento de 17,57%. Além da característica de produtividade, uma característica interessante desse conjunto de acessos é o número de dias para floração. Os acessos UENF-FV26, UENF-FV22 e UENF-FV24, por exemplo, têm valores abaixo de 60 dias, com média de número de dias para maturação de aproximadamente 100 dias (Tabela 8).

Verificou-se que as correlações genotípicas (r_{ge}), em sua maioria, foram superiores às fenotípicas (r_{fe}) e ambientais (r_a) entre os seis caracteres avaliados em 28 acessos de feijão-fava, em Campos dos Goytacazes, no estado do Rio de Janeiro (Tabela 10).

Tabela 10. Estimativas de correlações fenotípicas (rfe), genotípicas (rge) e de ambiente (ra) entre seis caracteres agronômicos⁽¹⁾, avaliando 28 acessos de feijão-fava. Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes, 2014

Característica	Correlação	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
	rfe	0,8278**	0,5870**	0,6033**	0,8642**	0,2386
CompVg	rge	0,8232**	0,6165**	0,5995*	0,8727**	0,8568**
	ra	0,8875**	0,2085	0,5411**	0,1768	-0,0887
	rfe		0,2565	0,5925**	0,7881**	0,1961
LargVg	rge		0,6708**	0,5979**	0,7988**	0,5872*
	ra		-0,7929**	0,5624**	0,0652	0,1128
	rfe			0,8865**	0,7238**	0,1971
NDF	rge			0,9194**	0,7444**	0,2239
	ra			0,6240**	0,0437	-0,1903
	rfe				0,7949**	0,1973
NDM	rge				0,8056**	0,4040
	ra				0,4614**	-0,0778
	rfe					-0,0229
M100S	rge					-0,0281
	ra					-0,0260

⁽¹⁾ CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); NVgP: número de vagens por planta; M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹). * e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

As correlações genotípicas e fenotípicas da característica CompVg foram positivas e significativas para a maioria dos caracteres, exceto para o caráter rendimento de grãos. Entretanto, verifica-se correlação genotípica positiva e significativa entre CompVg e REND (0,86), resultado bastante relevante, haja vista que a correlação genotípica é responsável pela fração herdável dos

genitores para a progênie (Coimbra *et al.*, 2000), ao passo que a correlação fenotípica está relacionada com o grau de associação de dois caracteres provenientes dos efeitos genético e ambiental (Falconer, 1987).

Os resultados deste estudo indicam que o comprimento da vagem é de grande importância para o melhoramento de feijão-fava, considerando, por exemplo, o aumento de rendimento de grãos pela seleção indireta. Esses resultados estão em consonância com os obtidos por Assunção Filho (2012), que verificou correlação positiva e significativa do caráter CompVg com todos esses caracteres. Vale ressaltar que há poucos relatos considerando a utilização de correlações em feijão-fava. Resultado similar ao deste estudo foi reportado por Akande e Balogun (2007), que estimaram correlações de Pearson entre nove caracteres em feijão-fava, tendo verificado correlação significativa a 1% e de alta magnitude (0,71) entre comprimento de vagem e rendimento de grãos.

As correlações genóticas mais elevadas associadas ao caráter REND foram com CompVg (0,8568) e LargVg (0,5872). Isso indica que esses caracteres são os de maior importância quando se deseja selecionar genótipos de feijão-fava mais produtivos, através da utilização da seleção indireta, pois, conforme Ribeiro *et al.* (2001), caso dois ou mais caracteres apresentem correlação genotípica favorável, é possível alcançar ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro.

Verifica-se correlação positiva, significativa e de alta magnitude entre NDF e NDM, o que já era esperado, haja vista que esses dois caracteres participam direta e conjuntamente na determinação do ciclo da cultura. Dessa forma, pode-se considerar que estes dois caracteres representam a mesma medida, só que em estádios diferentes, podendo-se utilizar apenas uma dessas medidas para a seleção de genótipos promissores, conforme o objetivo do melhorista.

Foi observada correlação positiva e significativa entre a M100S e os caracteres CompVg e LargVg (Tabela 10). Isso evidencia que quanto maior o comprimento da vagem espera-se que maior seja o tamanho da semente e, conseqüentemente, maiores valores para o caráter massa de 100 sementes, o que parece bastante lógico, uma vez que com o aumento da vagem poderá ocorrer também o aumento do tamanho da semente ou do número de sementes

por vagem. A vantagem da correlação entre esses caracteres é a possibilidade de auxiliar o melhorista na seleção de genótipos com grãos maiores por meio da seleção indireta com base no tamanho da vagem, que é um caráter de fácil mensuração.

Correlações negativas só ocorreram, praticamente, entre os componentes de rendimento de grãos e foram causadas, principalmente, por fatores ambientais (Tabela 10). As correlações negativas constituem grande dificuldade para o melhorista, porque a melhoria de determinado caráter frequentemente implica a redução do outro, e todos são importantes componentes de produtividade (Lopes *et al.*, 2001).

5.2.2. Ambiente 02 Estação Experimental - Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus – PI

Diferenças significativas ($p < 0.01$), pelo teste F, foram verificadas para todas as características avaliadas (Tabela 11). Isso indica existir variabilidade genética entre os 28 acessos avaliados em Bom Jesus, PI, podendo-se selecionar aqueles com características desejáveis para o melhoramento. Dessa forma, um programa de melhoramento genético da cultura, utilizando os acessos avaliados, poderá atender satisfatoriamente a região, considerada produtora de feijão-fava.

Os coeficientes de variação foram considerados baixos para quase todos os caracteres avaliados, exceto para rendimento de grãos. Para os caracteres número de dias para maturação (NDM) e rendimento de grãos (REND), foram verificados o menor (4,16%) e o maior valor (23,66%), respectivamente (Tabela 11). Como a maioria dos CVs verificados, Tabela 11, foi inferior a 10%, o experimento foi considerado como tendo ótima precisão experimental, conforme a classificação de Gomes (1990). Vale ressaltar que, embora não haja valores de referência para o caráter rendimento de grãos em feijão-fava, têm sido verificados altos valores de CV para essa característica em leguminosas (Lopes *et al.*, 2001; Ribeiro *et al.*, 2001; Coelho *et al.*, 2007).

Tabela 11. Resumo da análise de variância para seis características avaliadas em um ambiente, utilizando 28 acessos de feijão-fava. Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, Piauí, 2014.

FV	GL	QM ^{1/}					
		CompVg	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
Repetição	4	98,53	0,33	20,67	58,69	5,11	0,02
Genótipos	27	1107,13**	46,57**	469,35**	1329,12**	3340,20**	0,30**
Erro	108	26,3515	0,72	24,60	34,43	17,38	0,03
Média		68,42	16,44	80,60	140,89	57,78	0,65
CVe (%) ^{2/}		7,50	5,15	6,15	4,16	7,21	23,66

^{1/} CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹). ** = Significativo no nível de 1 % de probabilidade pelo teste F. ^{2/} Coeficiente de variação experimental.

Além da característica NDM, baixos valores de CVe foram verificados nas características LargVg e NDF, 5,15 e 6,15, respectivamente. Silva *et al.* (2011), avaliando 24 acessos de feijão-fava no campo experimental do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí (CCA-UFPI), também encontraram valores baixos de CVe para o caráter NDF (CVe = 5,94%). Oliveira *et al.* (2011), objetivando de avaliar oito acessos de feijão-fava em Mossoró, RN, também verificaram baixos valores de CVe para essa característica (2,55%).

No município de Bom Jesus (PI), constatou-se ampla variabilidade entre os acessos (Tabela 12). Para o caráter comprimento de vagem (CompVg), houve formação de oito grupos, evidenciando variabilidade para essa característica, com destaque para UENF-FV11, UENF-FV08 e UENF-FV10, com valores médios de 92,63, 89,87 e 87,53 mm, respectivamente.

Tabela 12. Agrupamento Scott-Knott^{1/} para seis características^{2/} avaliadas em um ambiente, em 28 acessos de feijão-fava. Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, Piauí, 2014.

Acesso	CompVg	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
UENF-FV01	48,43 h	13,52 f	84,80 c	141,20 c	31,17 i	0,84 b
UENF-FV02	55,48 g	13,20 f	85,60 c	141,80 c	36,58 i	0,84 b
UENF-FV03	59,37 f	13,52 f	89,80 b	159,20 a	50,64 g	0,58 c
UENF-FV04	46,95 h	13,78 f	79,20 c	143,40 c	40,03 h	0,73 c
UENF-FV05	79,66 c	18,14 c	97,60 a	135,80 c	99,00 b	0,67 c
UENF-FV06	75,45 d	15,56 e	84,60 c	143,40 c	61,51 f	0,96 b
UENF-FV07	85,81 b	19,56 b	80,20 c	138,00 c	76,48 d	1,15 a
UENF-FV08	89,87 a	19,85 b	70,00 d	141,40 c	77,89 d	1,06 a
UENF-FV09	75,00 b	18,50 c	94,80 a	160,60 a	78,64 d	0,37 d
UENF-FV10	87,53 a	20,46 a	83,20 c	146,60 c	95,16 b	0,43 d
UENF-FV11	92,63 a	20,74 a	89,20 b	155,00 b	89,36 c	0,65 c
UENF-FV12	50,91 g	13,56 f	80,00 c	144,00 c	35,54 i	0,46 d
UENF-FV13	65,68 e	15,66 e	83,00 c	152,20 b	43,64 h	0,55 c
UENF-FV14	71,38 d	17,50 d	80,20 c	145,60 c	45,28 h	0,58 c
UENF-FV15	64,97 e	13,63 f	93,40 a	166,80 a	41,51 h	0,53 c
UENF-FV16	85,42 b	20,57 a	96,80 a	165,20 a	123,19 a	0,43 d
UENF-FV17	64,78 e	17,05 d	87,20 c	153,40 b	66,97 e	0,55 c
UENF-FV18	83,67 b	19,11 b	82,60 c	152,20 b	52,40 g	0,39 d
UENF-FV19	80,06 c	20,28 a	90,00 b	162,40 a	96,26 b	0,51 d
UENF-FV20	81,72 b	20,35 a	73,00 d	132,80 d	87,18 c	1,23 a
UENF-FV21	81,59 b	19,75 b	82,60 c	142,60 c	76,24 d	0,89 b
UENF-FV22	52,46 g	13,54 f	67,20 e	117,40 e	32,17 i	0,86 b
UENF-FV23	43,92 h	9,99 g	70,60 d	115,40 e	38,70 h	0,48 d
UENF-FV24	52,40 g	14,27 f	62,00 e	115,20 e	33,44 i	0,43 d
UENF-FV25	58,20 f	14,76 e	66,20 e	121,80 e	36,54 i	0,38 d
UENF-FV26	58,74 f	13,76 f	74,40 d	115,40 e	35,62 i	0,44 d
UENF-FV27	52,26 g	14,83 e	67,40 e	114,80 e	35,66 i	0,45 d
UENF-FV28	71,54 d	14,98 e	74,60 d	121,40 e	70,07 e	0,61 c

^{1/}Médias seguidas pela mesma letra, em cada coluna, pertencem a um mesmo grupo, de acordo com o método de Scott-knott, em nível de 5 % de probabilidade. ^{2/} CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹).

Houve formação de cinco grupos considerando o NDF. Para esse caráter, destacaram-se UENF-FV24, UENF-FV25, UENF-FV22 e UENF-FV27, com valores abaixo de 68 dias (Tabela 12). Vale ressaltar que, em acessos de hábito de crescimento indeterminado, raramente são encontrados valores abaixo de 70 dias. Oliveira *et al.* (2011), em estudos com acessos de hábito de crescimento

determinado e indeterminado, encontraram valores médios acima de 92 dias para esses acessos de hábito de crescimento indeterminado. Silva *et al.* (2011), em estudos com variedades tradicionais de feijão-fava de hábito de crescimento indeterminado, verificaram valores médios de 92,60 dias.

Dessa forma, os acessos UENF-FV24, UENF-FV25, UENF-FV22 e UENF-FV27, avaliados nesse estudo, são de interesse para inserção em programas de melhoramento na região. Além disso, esses acessos se destacam também pelos seus baixos valores médios para o número de dias para maturação (Tabela 12).

Acessos precoces são importantes fontes de genes para serem incorporados em programas de melhoramento genético de feijão-fava, haja vista a escassez de relatos na literatura de acessos precoces de hábito de crescimento indeterminado. Além disso, a precocidade apresenta vantagens como escape em relação ao estresse climático e ocorrência de doenças, menor consumo de água e de tempo de uso do solo em cultivos irrigados, favorecendo a rotação de culturas (Buratto *et al.*, 2007).

Com relação ao caráter rendimento de grãos, foi verificada formação de quatro grupos. Os acessos de maior destaque foram UENF-FV20, UENF-FV08 e UENF-FV07, com rendimentos médios superiores a $1,0 \text{ t.ha}^{-1}$. O acesso UENF-FV07, por ter mostrado desempenho satisfatório também em Campos dos Goytacazes, merece ainda mais destaque pela sua capacidade de adaptação, sendo possível indicá-lo para cultivo nos dois ambientes.

O acesso UENF-FV20, conhecida como variedade boca-de-moça, também merece destaque, sendo a variedade mais consumida nos Estados do Piauí e Maranhão. Seu rendimento elevado mostra sua rusticidade e sua adaptação aos ambientes do nordeste do Brasil. Em estudos de Oliveira *et al.* (2011), o acesso mais produtivo (BSF 01) não atingiu rendimento de $1,0 \text{ t.ha}^{-1}$. Santos *et al.* (2002), em avaliação da produtividade de acessos de feijão-fava na Paraíba, verificaram que os maiores valores de rendimentos de grãos foram das variedades Olho-de-ovelha e Branquinha, com médias de $0,852 \text{ t.ha}^{-1}$ e $0,780 \text{ t.ha}^{-1}$, respectivamente. Isso mostra a importância da variedade boca-de-moça para programas de melhoramento de feijão-fava no Nordeste do País.

Para o caráter M100S, foram verificados nove grupos (Tabela 12). Destaca-se o acesso UENF-FV16 com valores acima de 123 gramas. Esse genótipo obteve, juntamente com o UENF-FV18, um dos menores valores de rendimento de grãos (Tabela 12).

Foi verificada alta variabilidade genética nos acessos avaliados, associada a altos valores para o parâmetro índice de variação (I_v) superiores a 1,0 para todas as características estudadas (Tabela 13).

Todos os valores de variabilidade genotípica foram superiores aos valores de variância ambiental, indicando existência de diferenças genéticas entre os acessos estudados. Isso é de grande relevância, pois indica a possibilidade de seleção de genótipos superiores de feijão-fava e sucesso no melhoramento genético da cultura, haja vista que o valor do coeficiente de determinação genotípico é função da variabilidade existente e o quanto dessa variabilidade é de natureza genética.

Os valores do coeficiente de determinação genotípico (H^2) com base na média das parcelas foram superiores a 90%, sendo o maior valor encontrado para a característica Massa de 100 sementes (Tabela 13).

Com relação à cultura do feijão-fava, há poucos relatos envolvendo estudos com estimativas de parâmetros genéticos. No Brasil, não há relatos de estudos com essa abordagem na referida espécie. Na Nigéria, por exemplo, Akande e Balogun (2007), objetivando avaliar sete variedades locais de feijão-fava, estimaram valores de herdabilidade no sentido amplo para 10 caracteres agrônômicos em feijão-fava e verificaram valores entre 0,2% e 98%.

Para o caráter M100S, foi observado o maior valor de variabilidade genotípica ($\hat{\phi}_G$). Conforme Cruz *et al.* (2012), o conhecimento destas estimativas proporciona ao melhorista subsídios de grande utilidade a respeito das diferentes características avaliadas nos acessos com as quais se trabalha, orientando sobre a estratégia mais apropriada de seleção e na predição de êxito em programas de melhoramento.

Tabela 13. Estimativas da Variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), Variabilidade genética ($\hat{\phi}_G$), Variância experimental ($\hat{\sigma}_E^2$), Coeficiente de determinação genotípico com base na média das parcelas (H^2), coeficiente de variação genética ($C\hat{V}_g$) e o índice de variação (I_v) para seis características^{1/} avaliadas em um ambiente, utilizando 28 acessos de feijão-fava. Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, Piauí, 2014.

Parâmetros	Características ^{2/}					
	CompVg	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
$\hat{\sigma}_F^2$	221,43	9,31	93,87	265,82	668,04	0,20
$\hat{\phi}_G$	216,16	9,17	88,95	258,93	664,56	0,19
$\hat{\sigma}_E^2$	26,35	0,72	24,60	34,43	17,38	0,03
$H^2(\%)$	97,62	98,46	94,76	97,40	99,47	92,38
$C\hat{V}_g$	21,49	18,42	11,70	11,42	44,62	36,65
I_v	2,86	3,58	1,90	2,74	6,18	1,55

^{1/} CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹).

Os altos valores de H^2 , similares à estimativa da herdabilidade no sentido amplo, indicam que grande parte da variabilidade fenotípica é de natureza genética. Isso é importante para o progresso genético da cultura do feijão-fava, visto que altos valores de coeficiente de determinação genotípico sugerem grandes possibilidades de progresso genético.

Considerando que os valores de coeficiente de determinação genotípico neste estudo foram estimados com base na média da parcela, admite-se que seus valores possam ser considerados superestimados quando comparados aos estimados com base em plantas individuais. No referente estudo, não haverá maiores problemas, pois não utilizaremos as médias individuais de cada planta para a seleção dos melhores genótipos, mas as médias de cada acesso, considerando a parcela experimental.

Além disso, pode-se considerar que o alto valor das estimativas do coeficiente de determinação genotípico observado neste estudo, Tabela 13, é

devido, em grande parte, ao tipo de material genético estudado, pois os acessos utilizados são variedades tradicionais, ou seja, materiais não melhorados. Dessa forma, considerando os resultados deste estudo, admite-se que, para o ambiente de Bom Jesus, há grandes chances de identificar genótipos superiores para as características avaliadas.

Com base nas avaliações de produtividade de grãos, foram identificados os acessos UENF-FV20, UENF-FV07, UENF-FV08, UENF-FV06, UENF-FV21, UENF-FV22 e UENF-FV01, como os mais produtivos. Considerando a média selecionada de $0,99 \text{ t.ha}^{-1}$, superior à média do conjunto de acessos avaliados ($0,65 \text{ t.ha}^{-1}$), e o diferencial de seleção de $0,34 \text{ t.ha}^{-1}$, poder-se-ia obter ganho de $0,3141 \text{ t.ha}^{-1}$, em vista do alto valor do coeficiente de determinação genotípico (92,38). Dessa forma, é possível considerar que os acessos avaliados formariam um novo conjunto de acessos com média geral de $0,96 \text{ t.ha}^{-1}$, o que corresponderia a um incremento de 48,32%. Além de satisfatórios valores de rendimento de grãos, esses acessos têm sementes de coloração clara e perfil achatado (UENF-FV20, UENF-FV07, UENF-FV08, UENF-FV06 e UENF-FV21). Esses tipos de acessos são os preferidos pelos consumidores de feijão-fava, sendo interessantes para iniciar um programa de melhoramento na região.

Foram estimadas as correlações fenotípicas (r_{fe}), (r_a) genotípicas (r_{ge}) e ambientais entre seis caracteres avaliados em feijão-fava, Tabela 14.

Tabela 14. Estimativas de correlações fenotípicas (rfe), genotípicas (rge) e de ambiente (ra) entre seis caracteres agronômicos⁽¹⁾ em 28 acessos de feijão-fava. Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, Piauí, 2014

Característica	Correlação	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
	rfe	0,9218**	0,3283	0,4611*	0,8484**	0,2773
CompVg	Rge	0,9250**	0,3429	0,4556*	0,8619**	0,9001**
	Ra	0,8863**	0,0785	0,5550**	0,1412	-0,1396
	rfe		0,3811*	0,3982*	0,8471**	0,2436
LargVg	Rge		0,3485*	0,4149*	0,8609**	0,9743*
	Ra		0,7039**	-0,1059	-0,0383	0,1120
	rfe			0,8746**	0,3449**	-0,1208
NDF	Rge			0,9087**	0,5146**	-0,1805
	Ra			0,5751**	0,0450	0,3771*
	rfe				0,4444*	-0,3312
NDM	Rge				0,4314*	-0,1373
	Ra				0,6330	-0,8977**
	rfe					0,1317
M100S	Rge					0,1391
	Ra					-0,0193

⁽¹⁾CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹). * e **Significativo a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente.

Foi verificado que, em 11 dos 15 pares de caracteres avaliados, as correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas, o que corresponde a 73,33% dos pares. Isso indica que os componentes genéticos, quando comparados com os componentes ambientais, determinam com maior influência as correlações.

De acordo com Cruz *et al.* (2012), isso é de grande ajuda na orientação de programas de melhoramento, pois somente as correlações genéticas envolvem associação de natureza herdável.

Verificou-se alta magnitude das correlações genotípicas e fenotípicas entre NDF e NDM, sendo essas correlações positivas e significativas (Tabela 14). Isso mostra, como já era esperado, que de fato esses dois caracteres participam conjuntamente para a determinação do ciclo da cultura. A correlação genotípica entre esses caracteres é provavelmente função de efeito pleiotrópico, ou seja, um único gene tem efeito sobre as duas características (Ramalho *et al.*, 1993).

Foram observadas correlações genotípicas e fenotípicas positivas e significativas entre a M100S e os caracteres CompVg e LargVg. Isso evidencia que quanto maior o comprimento da vagem espera-se que maior seja o tamanho da semente e, conseqüentemente, maior o valor médio da característica massa de 100 sementes. Dessa forma, podem ser selecionadas variedades com tamanho de semente maior (maior massa) pela seleção daquelas com maior comprimento de vagem. Isso é particularmente importante para o consumidor de feijão-fava, que tem preferência por variedades de sementes grandes.

Foi verificada alta correção ambiental, negativa e significativa, entre o REND e NDF, evidenciando, conforme Cruz *et al.* (2012), que esses caracteres não são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais. Vale ressaltar que valores negativos de correlação ambiental indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, o que ocorreu neste estudo com os caracteres NDM e REND, por exemplo. Isso indica que condições de ambiente favoráveis ao aumento no número de dias maturação proporcionam menores rendimentos. Isso pode ser devido ao fato de os genótipos que têm maturação tardia, ou seja, com um ciclo mais longo, estarem sujeitos a maiores riscos de incidência de pragas e doenças, diminuindo assim seu desempenho com relação ao rendimento de grãos.

Em consonância com os resultados verificados neste estudo, Cabral *et al.* (2011), avaliando 58 genótipos de feijoeiro, também verificaram correlação negativa entre NDF e REND. Coimbra *et al.* (2000) estimaram a intensidade de

associação entre sete caracteres em genótipos de feijão comum e também observaram coeficiente de correlação negativa entre os caracteres NDF e REND.

As correlações genotípicas do caráter rendimento de grãos foram positivas e significativas com os caracteres CompVg e LargVg (Tabela 14). A correlação genotípica entre comprimento de vagem e rendimento é particularmente importante, pois sendo um caráter de fácil mensuração, pode ser considerado um caráter de grande importância para ser utilizado no melhoramento de feijão-fava visando à obtenção de genótipos mais produtivos, via seleção indireta.

Essa informação é de grande importância para programas de melhoramento com a cultura, indicando a possibilidade de seleção de variedades com altos rendimentos de grãos, pela seleção de variedades com grande comprimento de vagem. O caráter rendimento de grãos, sendo uma característica quantitativa, é considerado de baixa herdabilidade, sendo vantajoso estar associado a um caráter auxiliar que apresenta alta herdabilidade, porquanto caracteres com baixa herdabilidade tendem a dificultar o processo de seleção, pela grande influência do ambiente (Kurek *et al.* 2001).

5.3. Análise conjunta.

Os valores da relação entre o maior e menor quadrado médio do resíduo dos dois ambientes não foram superiores a sete, obedecendo assim aos critérios de homogeneidade dos quadrados médios residuais para a análise de variância conjunta (Tabela 15).

Como abordado anteriormente, nas análises individuais, o coeficiente de variação experimental (CVe) foi considerado como medida de avaliação da qualidade experimental. Verifica-se que a maioria das características teve CVes considerados baixos, exceto o caráter rendimento de grãos (CVe = 20,70%). Vale ressaltar que esse valor pode ser justificado pelo fato de o caráter rendimento ser controlado por muitos genes, ou seja, uma característica quantitativa, tornando-o bastante afetado pelo ambiente. Os demais valores de CVe foram inferiores a 8%, Tabela 15, considerados baixos, indicando boa condução experimental e que

essas são características menos influenciáveis por variações ambientais nos acessos avaliados.

A análise de variância conjunta, Tabela 15, mostra que o efeito isolado dos acessos foi significativo a 1% de probabilidade para todas as características avaliadas, confirmando a variabilidade detectada nas análises individuais. Diferenças significativas ($p < 0.01$) também foram encontradas entre os locais para a maioria dos caracteres, exceto para o caráter LargVg.

Tabela 15. Resumo da análise de variância para seis características avaliadas em dois ambientes, utilizando 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes; Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus-PI, 2014.

FV	GL	QM ^{1/}					
		CompVg	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
Repetição/Locais (R/L)	8	50,49	0,33	60,36	75,95	3,93	0,141
Locais (L)	1	1116,08**	0,51 ^{ns}	24979,30**	37190,67**	304,92**	104,188**
Genótipos (G)	27	2139,52**	80,00**	527,19**	2251,65**	6714,02**	0,719**
L x G	27	42,8**	1,53**	266,97**	567,81**	7,96 ^{ns}	0,511**
Erro	216	21,27	0,69	16,36	35,08	18,01	0,064
Média		70,42	16,4	71,01	129,32	58,82	1,258
CVe (%) ^{2/}		6,55	5,08	5,69	4,58	7,21	20,70
QMr ⁺ /QMr ^{-3/}		1,85	1,04	1,19	1,01	1,29	4,44

^{1/} CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹).^{2/} coeficiente de variação experimental.^{3/} razão entre o maior e menor quadrado médio residual ^{ns} = Não significativo no nível de 5 % e 1 % de probabilidade pelo teste F; ** = Significativo no nível de 1 % de probabilidade.

Dessa forma, há evidências de variações entre os dois locais utilizados para a condução dos experimentos. Tais variações entre os ambientes podem ser explicadas pelas diferenças ecológicas e climáticas, tipo e fertilidade do solo entre os locais dos ensaios e por pequenas diferenças nas práticas agrícolas que possam ter ocorrido desde o início da implantação do experimento até a colheita, entre outros fatores. Isso indica a necessidade de ensaios em diferentes locais, envolvendo os acessos avaliados.

Diferenças significativas foram observadas para a interação genótipos por ambientes para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para o caráter Massa de cem sementes. Isso evidencia que os acessos tiveram respostas diferenciadas nos dois ambientes em que foram cultivados. De acordo com Ramalho *et al.* (2004), a significância da interação genótipos por ambientes indica a necessidade de se identificarem cultivares com adaptação mais específica, ou que sejam menos afetadas pela variação dos ambientes. Essa interação indica que o desempenho dos genótipos não foi consistente nos dois locais avaliados, refletindo as diferentes sensibilidades dos genótipos às diversas condições ambientais a que foram submetidos.

Dessa forma, seriam necessários mais estudos em um número suficiente de ambientes para a realização da análise de adaptabilidade e estabilidade, análise esta adequada para a identificação de genótipos com comportamento previsível e que sejam mais responsivos às variações de ambiente.

Em relação às médias, agrupadas pelo método Scott-Knott, e considerando os dois ambientes utilizados, a maior variabilidade foi verificada no caráter M100S (Tabela 16; Figura 3 E- Apêndice) com o maior número de grupos formados (10). O acesso UENF-FV16 foi aquele com maior valor médio para esse caráter.

Tabela 16. Agrupamento Scott-Knott^{1/} para seis características^{2/} avaliadas em dois ambientes, em 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes; Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, 2014

Acesso	CompVg	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
UENF-FV01	50,11 i	13,83 e	71,10 d	121,80 e	28,98 j	1,35 c
UENF-FV02	59,93 g	13,32 e	69,30 e	122,30 e	32,20 j	1,36 c
UENF-FV03	63,27 g	13,85 e	74,50 c	134,20 d	49,00 g	1,26 c
UENF-FV04	49,33 i	14,31 e	60,50 g	119,90 e	37,28 i	0,98 d
UENF-FV05	84,61 c	18,23 b	79,30 b	128,80 d	96,80 b	1,04 d
UENF-FV06	74,17 e	15,49 c	71,80 d	132,80 d	60,56 f	1,16 c
UENF-FV07	87,58 c	19,24 a	72,30 d	130,00 d	75,96 d	1,80 a
UENF-FV08	90,04 b	19,40 a	69,30 e	135,40 d	76,66 d	1,81 a
UENF-FV09	73,69 e	18,28 b	80,90 b	149,40 b	77,07 d	1,15 c
UENF-FV10	95,44 a	20,45 a	74,10 c	133,10 d	93,84 b	1,21 c
UENF-FV11	92,93 a	20,02 a	77,80 c	139,00 c	88,01 c	0,78 d
UENF-FV12	53,99 h	13,64 e	65,20 f	121,20 e	34,49 j	0,99 d
UENF-FV13	66,74 f	15,79 c	71,80 d	135,10 d	42,73 h	1,57 b
UENF-FV14	72,69 e	17,90 b	75,10 c	132,90 d	44,92 h	1,06 d
UENF-FV15	68,85 f	13,87 e	73,90 c	141,10 c	40,45 i	1,17 c
UENF-FV16	89,48 b	19,88 a	85,30 a	162,70 a	121,67 a	1,04 d
UENF-FV17	66,44 f	17,58 b	74,70 c	140,90 c	65,30 e	1,24 c
UENF-FV18	83,90 c	18,55 b	75,30 c	139,00 c	50,95 g	1,23 c
UENF-FV19	79,20 d	19,70 a	85,60 a	165,20 a	94,63 b	1,30 c
UENF-FV20	82,62 c	19,82 a	66,70 f	122,90 e	85,74 c	1,59 b
UENF-FV21	82,91 c	19,70 a	72,10 d	132,40 d	75,62 d	1,58 b
UENF-FV22	54,25 h	13,77 e	60,90 g	108,80 f	31,51 j	1,60 b
UENF-FV23	46,74 i	9,91 f	66,90 f	114,40 f	37,14 i	1,03 d
UENF-FV24	56,62 h	14,77 d	60,80 g	108,90 f	32,49 i	1,31 c
UENF-FV25	59,24 g	14,83 d	57,20 g	109,70 f	35,35 j	0,89 d
UENF-FV26	61,71 g	13,81 e	65,20 f	108,80 f	34,60 j	1,50 b
UENF-FV27	53,09 h	15,00 d	60,60 g	108,20 f	34,18 j	1,08 d
UENF-FV28	72,20 e	14,39 e	71,60 d	122,00 e	68,94 e	1,12 c

Com relação ao caráter produtividade de grãos, o de maior interesse em feijão-fava, destacaram-se os acessos UENF-FV08 e UENF-FV07, com rendimentos médios acima de 1,79 t.ha⁻¹. Vale ressaltar que, com relação ao caráter rendimento de grãos, esses acessos se destacaram tanto nas avaliações individuais quanto na avaliação conjunta. Além de rendimentos elevados, eles têm sementes de coloração clara e perfil achatado. Isso é particularmente importante para o melhoramento dessa espécie, visto que a qualidade dos grãos é característica importante para melhor aceitação pelo mercado consumidor de

feijão-fava. Podemos destacar também o acesso UENF-FV22, por associar altos rendimentos e baixo número médio de dias para floração (Tabela 16; Figura 3 C - Apêndice).

Para a característica NDF, foram formados sete grupos, com destaque para UENF-FV22, mencionada anteriormente, tendo UENF-FV24, UENF-FV27, UENF-FV04 e UENF-FV25 apresentado os menores valores médios, inferiores a 61 dias. Valores médios para variedades de hábito de crescimento indeterminado têm sido reportados como acima de 90 dias (Oliveira *et al.*, 2011; Silva *et al.*, 2011), fato que evidencia a importância dos genótipos avaliados neste estudo como fontes de genes a serem inseridos em programas de melhoramento genético da cultura.

As estimativas da variabilidade genotípica ($\hat{\phi}_G$) entre os acessos avaliados foram superiores às estimativas da variância experimental ($\hat{\sigma}_E^2$) para todas as características estudadas (Tabela 17). Essas estimativas elevadas, associadas a valores altos de coeficiente de determinação genotípico (H^2), indicam a possibilidade de identificação de genótipos superiores de feijão-fava. Segundo Resende (2002), a estimativa de variação genética é um parâmetro relevante nos estudos de genética quantitativa, uma vez que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente nas populações e em diferentes caracteres.

Todas as estimativas do coeficiente de determinação genotípico foram superiores a 90%, e os valores do índice de variação (I_v), superiores a 1,0 para todas as características avaliadas (Tabela 17). Isso é importante para o melhoramento da cultura do feijão-fava no Brasil, pois, segundo Vencovsky e Barriga (1992), valores do parâmetro I_v , quando superiores a 1,0, indicam alta possibilidade de ganhos genéticos. As informações sobre a predição de ganhos torna possível orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento (Cruz; Carneiro 2006).

Tabela 17. Estimativas da Variância fenotípica ($\hat{\sigma}_F^2$), Variabilidade genotípica ($\hat{\phi}_G$), Variabilidade de ambiente (local) ($\hat{\phi}_L$), Componente quadrático da interação ($\hat{\phi}_I$), Variância experimental ($\hat{\sigma}_E^2$), Coeficiente de determinação genotípico (H^2), coeficiente de variação genética (CV_g) e o índice de variação (I_v) para seis características^{1/} avaliadas em dois ambientes, utilizando 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes; Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, 2014

Parâmetros	Características ^{2/}					
	CompVg	LargVg	NDF	NDM	M100S	REND
$\hat{\sigma}_F^2$	213,952	8,000	52,719	225,165	671,402	0,072
$\hat{\phi}_G$	211,835	7,931	51,083	221,657	669,601	0,065
$\hat{\phi}_L^2$	7,458	0,004	176,202	261,300	2,222	0,74
$\hat{\phi}_I$	4,306	0,167	50,123	106,546	0,000	0,131
$\hat{\sigma}_E^2$	21,270	0,693	16,358	35,085	18,006	0,064
$H^2(\%)$	99,000	99,13	96,90	98,44	99,730	91,09
CV_g	20,668	17,172	10,065	11,513	43,990	20,344
I_v	3,156	3,382	1,767	2,514	6,098	1,011

^{1/} CompVg: comprimento médio da vagem (mm); LargVg: largura média de vagem (mm); NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias até a maturação (dias); M100S: massa de 100 sementes (g); REND: produtividade de grãos (t.ha⁻¹).

Cruz e Carneiro (2006) destacam a importância das estimativas de parâmetros genéticos em programas de melhoramento, por auxiliarem o melhorista na tomada de decisões a respeito da adequação do método de melhoramento e do modo de condução e seleção.

Os resultados desse estudo mostram grandes possibilidades de identificação de genótipos superiores de feijão-fava, sugerindo que métodos simples de seleção podem ser suficientes para conseguir ganhos nos primeiros ciclos de seleção. Segundo Falconer (1987), ganhos satisfatórios são possíveis quando a estimativa do índice de variação for superior à unidade, corroborando os resultados deste estudo, sendo função também do quanto a variabilidade fenotípica é devida à natureza genética.

Verifica-se que, para a maioria dos caracteres, exceto para o caráter rendimento de grãos, as estimativas do componente quadrático da interação genótipos por ambientes ($\hat{\phi}_I$) foram menores que as estimativas da variância genética (Tabela 17). Para o caráter NDF, as estimativas $\hat{\phi}_I$ e $\hat{\phi}_G$ têm magnitudes semelhantes, e para o caráter REND, a magnitude da estimativa de $\hat{\phi}_I$ é maior que $\hat{\phi}_G$, indicando que os caracteres NDF e principalmente REND são mais influenciados pelas mudanças ambientais decorrentes do cultivo nos dois locais, sendo caracteres mais complexos para o melhoramento da cultura.

6. CONCLUSÕES

Existe variabilidade genética entre os acessos de feijão-fava utilizados neste estudo.

Em relação às análises individuais e à análise conjunta, houve significância para todas as características estudadas.

A avaliação possibilitou indicar, para a região Norte Fluminense, os acessos UENF-FV13, UENF-FV26, UENF-FV07, UENF-FV21 e UENF-FV22 por suas produtividades elevadas e UENF-FV04 por sua precocidade, podendo esses acessos ser utilizados para o desenvolvimento de novas cultivares.

A avaliação em Bom Jesus (PI) permitiu recomendar UENF-FV20, UENF-FV07 e UENF-FV08, com rendimentos satisfatórios, sendo considerados os mais adaptados.

A interação genótipos por ambientes foi significativa para a maioria dos caracteres, exceto para Massa de 100 sementes, indicando que as variedades apresentam respostas diferenciadas às mudanças de ambiente.

Faz-se necessária a condução de novos ensaios e em número de ambientes adequados para a análise de adaptabilidade e estabilidade, sendo esta análise adequada para a identificação de variedades com comportamento previsível mais responsivas às variações ambientais.

As estimativas dos parâmetros genéticos para todas as características avaliadas, considerando tanto avaliação individual quanto a conjunta, mostram

alto componente genético na expressão fenotípica, havendo grande probabilidade de ganhos genéticos considerando a seleção com base no fenótipo.

Há grandes possibilidades de identificação de genótipos superiores, e métodos simples de seleção podem ser suficientes para conseguir ganhos nas gerações seguintes.

Considerando os dados obtidos, sugere-se que o uso da seleção massal pode proporcionar ganhos satisfatórios nos dois locais de experimentação, nos ciclos iniciais de seleção.

Os caracteres com maior correlação genotípica com o rendimento foram comprimento de vagem, largura de vagem e número de dias para maturação.

Houve correlação significativa entre rendimento de grãos e comprimento de vagem e entre rendimento de grãos e largura de vagem.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Akande, S.R.; Balogun, M.O. (2007) Evaluation and heritability studies of local Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) cultivars from South-West Nigeria. *Revista UDO Agrícola*, 7: 22-28.
- Allard, R.W. (1971) Princípios do melhoramento genético de plantas. São Paulo: Edgard Blucher, 381p.
- Antunes, I.F.; da Costa, J.G.C.; Oliveira, E.A. (1973) Natural hybridization in *Phaseolus vulgaris* L. in Pelotas (Brasil). *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative*, 16: 61–62.
- Andueza-Noh, R. H.; Serrano-Serrano, M.L.; Chacón Sánchez, M.I.; Sánchez del Pino, I.; Camacho-Pérez, L.; Coello-Coello, J.; Mijangos Cortes, J.; Debouck, D.G.; Martínez-Castillo, J. (2013) Multiple domestications of the Mesoamerican gene pool of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.): evidence from chloroplast DNA sequences. *Genetic Resources and Crop Evolution* v. 60: 1069-1086.
- Assunção Filho, J. R. (2012) Caracterização de populações da variedade crioula Boca de moça de feijão-fava, utilizando caracteres agromorfológicos e marcadores moleculares. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – UFPI, Teresina-PI.

- Azevedo, J. de N.; Franco, L.J.D.; Araújo, R.O.C. (2003) Composição química de sete variedades de feijão-fava. Teresina, 4p. (Embrapa Meio-Norte: Comunicado Técnico, 152).
- Baudet, J .C., (1977) The taxonomic status of the cultivated types of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) . Tropical Grain Legume Bulletin, v.7 p.29-30.
- Baudoin, J.P.; Rocha O., Degreef J.; Maquet, A.; Guarino L. (2004) Ecogeography, demography, diversity and conservation of *Phaseolus lunatus* L in the Central Valley of Costa Rica. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy.
- Beyra, A.; Artilles, G. R. (2004) Revisión taxonômica de los gêneros *Phaseolus* y *Vigna* (Leguminosae – Papilionoideae) en Cuba. Anales Del Jardín Botánico de Madrid. v.61, n.2, p.135-154.
- Borém, A.; Ramalho, M.A.P. (2011) Estresses abióticos: desafios do melhoramento de plantas nas próximas décadas. In: Fritsche-Neto R & Borém A (Eds.) Melhoramento de plantas para condições de estresses abióticos. Visconde do Rio Branco, Editora Suprema, p. 09-28.
- Broughton, W.J.; Hernández, G.; Blair, M.; Beebe, S.; Gepts, P.; Anderleyden, J. (2003) Beans (*Phaseolus* spp.) - model food legumes. Plant and soil, v.252, n.1, p.55-128.
- Buratto, J. S.; Moda-Cirino, V.; Fonseca Júnior, N. S.; Prete, C. E. C.; Faria, R. T. (2007) Adaptabilidade e estabilidade produtiva em genótipos precoces de feijão no Estado do Paraná. Semina: Ciências Agrárias, v. 28, n. 3, p. 373-380.
- Cabral, P. D. S., Soares, T. C. B., Lima, A. B. P., Soares, Y. J. B., Silva, J. (2011) A Análise de trilha do rendimento de grãos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) e seus componentes. Revista Ciência Agronômica, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 132-138.
- Camarena, F. (2005) Magnitud e impacto potencial de la liberación de los organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales. Caso: Leguminosas de grano. p. 19-40. En: O. Hidalgo; W. Roca; E.N. Fernández

- Northcote (eds.). Magnitud e impacto potencial de la liberación de organismos genéticamente modificados y sus productos comerciales: Casos Algodón, Leguminosas de grano, Maíz y Papa. Consejo Nacional del Ambiente. Lima, Perú.
- Carvalho, F.I.F; Lorencetti, C.; Benin, G. (2004) Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal. Pelotas: UFPel, 142p.
- Castineiras, L.; Esquivel, M. ; Rivero, N. ; Marino, A. (1991) Variabilidad de la semilla de *Phaseolus lunatus* L. en Cuba. Revista Del Jardin Botanico Nacional. v.12, p. 109-114.
- Chel-Guerrero, L.; Domínguez-Magaña, M.; Martínez-Ayala, A.; Dávila-Ortiz, G.; Betancur-Ancona, D.. (2012) Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L) Protein Hydrolysates with ACE-I Inhibitory Activity. Food and Nutrition v. 3: p. 511-521.
- Coelho, C.M.M.; Coimbra, J.L.M.; Souza, C.A.; Bogo, A.; Guidolin, A.F. (2007) Diversidade genética em acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). Ciência Rural, v. 37, n. 05, p. 1241-1247.
- Coimbra, J.L.M.; Guidolin, A.F.; Carvalho, F.I.F.; Azevedo, R. (2000). Correlações canônicas: II – Análise do rendimento de grãos de feijão e seus componentes. Ciência Rural, Santa Maria, v.30, n.1, p.31-35.
- Cronquist, A. (1988) Devolution and classification of flowering plants. New York: New York Botanical Garden, 555 p.
- Cruz C.D.; Carneiro P.C. S. (2006). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa – UFV. Vol. 2 585p.
- Cruz, C.D.; Regazzi, A.J.; Carneiro, P.C.S. (2012) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: UFV, 514 p.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. Acta Scientiarum. v.35, n.3, p.271-276.

- Debouck, D.G. (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, p.25-52.
- Debouck, D.G. (1991) Systematics and morphology. In: Schoonhoven, A. Van; Voysest, O. (Ed.) Common beans: research for crop improvement. Cali: CIAT. p. 55-181.
- Domínguez, R.; Jacobo, J.; Alemán, R. (2002) El uso del frijol reina o chilipuca (*Phaseolus lunatus* L.) em la región occidental de Honduras. Tegucigalpa: Notícias sobre cultivo de cobertura, 8 p. (Boletín, 13).
- EMBRAPA - (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. (2006) Sistema brasileiro de classificação de solos, Rio de Janeiro: EMBRAPA. 412p.
- Falconer, D.S. (1987) Introdução à genética quantitativa. Viçosa, MG: UFV. 279p.
- Fehr, W.R. (1987) Principles of cultivar development. New York: Macmillan. 525p.
- Fofana, B.; Baudoin, J. P.; Vekemans, X.; Debouck, D. G.; Jardin P. (1999) Molecular evidence for an Andean origin and a secondary gene pool for the Lima bean (*Phaseolus lunatus*) using chloroplast DNA. Theoretical and Applied Genetics, v.98, p.202–212.
- Fofana, B.; Vekemans, X.; Jardin, P.; Baudoin, J.P. (1997) Genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as revealed by RAPD markers. Euphytica, 95, p.157-165.
- Freytag, G.F.; Debouck, D.G. (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, F. P. (1990) Curso de estatística experimental. 13 ed. Piracicaba: São Paulo, USP/ESALQ, 468p.
- Gomes, R. L. F.; Lopes, A. C. A. (2006) A cultura da fava. Teresina: Universidade Federal do Piauí, (Comunicado Técnico, 07). 2p.

- Gower JC. (1971) A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics* 27: 857-874.
- Guimarães, W.N.; Martins, L.S.; Silva, E.F.; Ferraz, G.M.G.; Oliveira, F.J. (2007) Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). *Revista Brasileira de Engenharia. Agrícola e Ambiental*, v.11, n.1, p.37-45.
- Gutiérrez-Salgado A.; Gepts, P.; Debouck, D.G. (1995) Evidence for two gene pools of the lima bean, *Phaseolus lunatus* L., in the Americas. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v.42, p.15-28.
- Hallauer, A. R.; Miranda Filho, J. B. (1981) Quantitative genetics in maize breeding. Ames: Iowa State University Press, 468 p.
- Hardy O.; Dubois, S.; Zoro Bi, I.; Baudoin, J.P. (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*, n.109, p.1-6.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Banco de dados agregados: pesquisa: produção agrícola municipal. Rio de Janeiro, 2014. Disponível em: <<http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/tabela/protabl.asp?c=1612ez=teo=1ei=P>> Acesso em 10 de setembro de 2014.
- IPGRI. (2001) Descritores para *Phaseolus lunatus* (feijão-espadinho). International Plant Genetic Resources Institute, Rome. 51p.
- Jacquard, A. (1983) Heritability: one word, three concepts. *Biometrics*, 39: 465-477.
- Knudsen, H. (2000) Directorio de Colecciones de Germoplasma en América Latina y el Caribe. Primera edición. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), Roma, 381p.
- Kurek, A. J.; Carvalho, F. I. F. de; Assmann, I. C.; Marchioro, V. S.; Cruz, P. J. (2001) Análise de trilha como critério de seleção indireta para rendimento de grãos em feijão. *Revista Brasileira de Agrociência*, v.7, n.1, p.29-32.

- Lemos, L.B.; Oliveira, R.S. de; Palomino, E.C.; Silva, T.R.B. (2004) Características agronômicas e tecnológicas de genótipos de feijão do grupo comercial Carioca. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.39, n.4, p.319-326.
- Lioi, L.; Lotti, C.; Galasso I. (1998) Isozyme diversity, RFLP of the rDNA and phylogenetic affinities among cultivated Lima beans, *Phaseolus lunatus* L. (Fabaceae). *Plant Systematics and Evolution*. v.213, p.153–164.
- Lioi, L.; Sparvoli, F.; Bollini, R. (1999) Variation and genomic polymorphism of lectin-related protein in Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L.) seeds. *Genetic Resources and Crops Evaluation*, v.46, n.2, p.157-182.
- Lopes, A. C. A.; Freire Filho, F. R.; Silva, R. Q. B.; Campos, F. L.; Rocha, M. M. (2001) Variabilidade e correlações entre caracteres agronômicos em caupi (*Vigna unguiculata*). *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 36, n.2, p. 515-20.
- Lopes, A. C. A.; Gomes, R. L. F. ; Silva, R.N.O.; Costa, E. M. R.; Sousa, I. F. S.; Santos, J. O.; Sousa, T.H.P.; Silva, K. J. D. (2010) Diversidade Genética. In: Ademir Sérgio Ferreira de Araújo; Ângela Celis de Almeida Lopes; Regina Lucia Ferreira Gomes. (Org.). *A cultura do feijão-fava na Região Meio-Norte do Brasil*. 1 ed. Teresina: EDUFPI, v.1, p.45-72.
- Mackie, W.W. (1943) Origin dispersal and variability of the Lima bean (*Phaseolus lunatus*). *Hilgardia*, v.15, n.1, p.1-29.
- MAEHLER M. (2007). Acessado em 22 de janeiro de 2014. The cluster package. Disponível em <http://www.r-project.org/>
- Maquet, A.; Vekemans, X.Z.; Baudoin, J.P. (1999) Phylogenetic study on wild allies of lima bean, *Phaseolus lunatus* L. (Fabaceae), and implications on its origin. *Plant Systematics and Evolution*, v.218, n.1-2, p.43-54.
- Maquet, A.; Zoro BI, I.; Delvaux, M.; Wathelet, B.; Baudoin, J. P. (1997) Genetic structure of a Lima bean base collection using allozyme markers. *Theoretical and Applied Genetics*, v.95, p.980-991.

- Martínez-Castillo, J.; Camacho-Pérez, L.; Villanueva-Viramontes, S.; Andueza-Noh, R.H.; Chacón-Sánchez, M.I. (2014) Genetic structure within the Mesoamerican gene pool of wild *Phaseolus lunatus* (Fabaceae) from Mexico as revealed by microsatellite markers: Implications for conservation and the domestication of the species. *American Journal of Botany* 101(5): 851-864.
- Martínez-Castillo, J.; Colunga-Garcíaamarín, P.; Zizumbo Villarreal, D. (2008) Genetic erosion and in situ conservation of Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) landraces in its Mesoamerican diversity center. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v.55, n.7, p.1065-1077.
- Medina, R.C (1992) Some exact conditional tests for the multiplicative model to explain genotype-environment interaction. *Heredity*, v.69, p.128-132.
- Mercado-Ruaro, P.; Deldado-Salinas, A. (2000) Cytogenetics studies in *Phaseolus vulgaris* L. (Fabaceae) *Genetics and Molecular Biology*, 23: 985-987
- Mercado-Ruaro, P.; (1998) Delgado-Salinas. Karyotypic studies on species of *Phaseolus* (Fabaceae: Phaseolinae). *American Journal of Botany*, v.85, n.1, p.1-9.
- Moscone, E., Klein, F., Lambrou, M., Fuchs, J., e Schweizer, D. (1999) Quantitative karyotyping and dual-color FISH mapping of 5S and 18S-25S rDNA probes in the cultivated *Phaseolus* species (Leguminosae). *Genome*, v. 42, n.6, p. 1224-33. 1999.
- Nick, C.; Silva, D. J. H; Mattedi, A. P.; Pedrosa, D. A. (2010) Conservação ex situ dos recursos fitogenéticos. In: Telma Nair Santana Pereira (Ed. Tec.). (Org.). *Germoplasma: Conservação, Manejo e Uso no Melhoramento de Plantas*. 1 ed. Viçosa: Arka, v. 1, p. 59-87.
- Oliveira, A.P.; Alves, E.U.; Alves, A.U.; Dornelas, C.S.M.; Silva, J.A.; Porto, M.L.; Alves, A.V. (2004) Produção de feijão-fava em função do uso de doses de fósforo em um Neossolo Regolítico. *Horticultura Brasileira*, v.22, n.3, p.543-546.

- Oliveira, F.N.; Torres, S.B. ; Benedito, C.P. (2011) Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava, em Mossoró, RN. Revista Caatinga, v. 24, p. 143-148.
- Pegado, C.M.A.; Barbosa, L.J.N.; Mendes, J.E.M.F.; Souto, P.C.; Souto, J.S. (2008) Decomposição superficial e sub superficial de folhas de fava (*Phaseolus lunatus*L.) na região do Brejo da Paraíba, Brasil. Revista Caatinga, Mossoró, v. 21, n. 1, p. 218-223.
- Ramalho, M.A.P.; Abreu, A.F.B.; Santos, J.B.; Nunes, J.A.R (2012) Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras: UFLA, 522 p.
- Ramalho, M.A.P.; Santos, J.B.; Pinto, C.A. B. P. (2004) Genética na agropecuária. 4 ed. Lavras: UFLA, 472 p.
- Ramalho, M.A.P.; Santos, J.B.; Zimmermann, M.J.O. (1993) Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia: UFG, . 271p.
- Resende, M.D.V. (2002) Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantasperenes. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 975 p.
- Ribeiro, N.D.; Mello, R.M.; Dalla Costa, R.; Slussz, T. (2001) Correlações genéticas de caracteres agromorfológicos e suas implicações na seleção de genótipos de feijão carioca. Revista Brasileira de Agrociência, v.7, p.93-99.
- Rodrigues, L. S., Antunes, I. F., Teixeira, M. G. (2002) Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão. Pesquisa Agropecuária Brasileira, vol.37, n.9, p.1285-12.
- Santos, D.; Corlett, F.M.F.; Mendes, J.E.M.F.; Wanderley Júnior, J.S.A. (2002) Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v.37, n.10, p.1407-1412.
- Santos, J.O. ; Araujo, A. S. F.; Gomes, R. L. F. ; Lopes, A. C. A. ; Figueiredo, M. V. B. (2008) . Rhizobia-*Phaseolus lunatus* Symbiosis: Importance and Diversity

in Tropical Soils A Review. Dynamic Soil, Dynamic Plant, v. 2, p. 56-60.

- Santos, J.O.; Gomes, R. L.F.; Lopes, A.C.A. ; Silva, S.C.C.C. ; Bastos, E.M.; Costa, E.M.R.; Silva, K. J. D. (2010) Genetic divergence for physical and chemical characters of seeds in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, v. 53, p. 178-179.
- Serrano-Serrano, M.L.; Andueza-Noh, R.H.; Martínez-Castillo, J.; Debouck, D.G.; Chacón, M.I. (2012) Evolution and domestication of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Mexico: evidence from ribosomal DNA. Crop Science 52 : 1698 – 1712 .
- Serrano-Serrano, M.L.; Hernández-Torres, J.; Castillo-Villamizar, G.; Debouck, D.G.; Sánchez, M.I. (2010) Gene pools in wild Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the americas: evidences for an Andean origin and past migrations. Molecular Phylogenetics and Evolution, v.54, p.76-87.
- Silva, G.O.; Pereira, A.S.; Souza, V.Q.; Carvalho, F.I.F.; Fritsche Neto, R. (2007) Correlações entre caracteres de aparência e rendimento e análise de trilha para aparência de batata. Bragantia, v.66, n.3, p. 381-388.
- Silva, H.T.; Costa, A.O. (2003) Caracterização botânica de espécies silvestres do gênero *Phaseolus* L. (*Leguminosae*). Santo Antônio de Goiás. 40p. (Embrapa Arroz e feijão: Comunicado Técnico, 156).
- Silva, R.N.O.; Lopes, A.C.A.; Gomes, R. L. F.; Burle, M. L.; Padua, J. G.; Dias, T. A. B.; Silva, K. J. D. E. (2011) Genetic divergence by morphoagronomic traits in lima bean. Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, v.54, p.200 - 201.
- Silva, L.G.; Pádua, J.G.; Burle, M.L. (2009) Avaliação Morfológica do Banco Ativo de Germoplasma (Bag) de Feijão-Fava (*Phaseolus lunatus* L.) do CENARGEN (Morphological evaluation of the lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) gene bank of CENARGEN). Resumo publicado nos Anais do XIV Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília.
- Silva, K. F.; Sartori, L.; Denardi, S.; Steinhäuser, N. S.; Lara-Fioreze, A. C. C..

(2014) Caracterização de variedades locais de feijão para uso em Programas de Melhoramento Genético. In: 11 CONAFE Congresso Nacional de Pesquisa de Feijão, 2014, Londrina. 11 CONAFE Congresso Nacional de Pesquisa de Feijão.

Silva, V.B.; Silva, R.N.O.; Rodrigues, L.L.; Gomes, R.L.F.; Lopes, A.C.A.; Silva, K.J.D. (2011) Genetic diversity for lima bean samples. Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, v.54, p.202-203.

Sirait, Y.; Pill, W. G.; Kee Junior, W. E. (1994) Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) response to irrigation regime and plant population density. HortScience, Alexandria, v. 29, n. 2, p. 71-73.

Souza, P.M.; Ponciano, N.J.; Mata, H.T.C.; Brito, M.N.; Golinski, J. (2009) Padrão de desenvolvimento tecnológico dos municípios das regiões Norte e Noroeste do Rio de Janeiro. RESR, vol. 47, n.4. p. 945-969.

Torres, F. E.; Abreu, F. B.; Sagrilo, E.; Santin, T.; Moraes, S. C. F. C.; Damasceno J. E.; Bertoncello, V.; Freire Filho, F. R.; Rocha, M. M. (2006) Estimativas de parâmetros genéticos em linhagens de porte prostrado avaliadas em Aquidauana, MS. In: Congresso Nacional de Feijão-Caupi, 2006, Teresina. Anais eletrônicos. Teresina: Embrapa Meio- Norte.

Valois, A.C.C.; Salomão, A.N.; Allem, A.C. (1996) Glossário de recursos genéticos vegetais. Brasília: Embrapa SPI, 62 p.

Vargas, E.M.; Castro, E.; Macaya, G.; Rocha, O. J. (2003) Variación del tamaño de frutos y semillas en 38 poblaciones silvestres de *Phaseolus lunatus* (Fabaceae) del Valle Central de Costa Rica. Revista de Biología Tropical, v.51, n.3, p.707-724.

Vencovsky, R. (1987) Herança quantitativa. In: Paterniani, E.; Viegas, G. P. (Eds.). Melhoramento e produção do milho. 2. ed. Campinas: Fundação Cargil, p. 137-214.

Vencovsky, R.; Barriga, P. (1992) Genética biométrica aplicada no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Melhoramento, 409p.

- Vicente, M.C. de; Guzmán, F.A.; Engels, J.; Ramanatha RAO, V. Genetic (2005) Characterization and its use in decision making for the conservation of crop germplasm. In: The Role of Biotechnology, 2005, Turin. Proceedings. Turin, p.121-128.
- Vieira, R. F. (1992) A cultura do feijão-fava. Informe Agropecuário, Belo Horizonte, v.16, n.174, p.30 -37.
- Vieira, R. F.; Vieira, C. (1996) Comportamento de feijões dos gêneros *Vigna* e *Phaseolus* no consórcio com milho plantado simultaneamente. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 31, n. 11, p. 781-787, nov. 1996.
- Vilhordo, B.W.; Araújo, R.S.; Rava, C.A.; Stone, L.F.; Zimmerman, M.J.O. Morfologia. In: Araújo, R.S.; Rava, C.A.; Stone, L.F.; Zimmerman, M.J.O. (1996) Cultura do feijoeiro comum no Brasil. Piracicaba: Potafos, p.71-99.
- Yamamoto, P. Y. (2006) Interação genótipo x ambiente na produção e composição de óleos essenciais de *Lippia alba* (Mill.) N.E.Br. 2006. Dissertação (Mestrado) - Instituto Agronômico de Campinas, Campinas.
- Zimmermann, M.J.O; Teixeira, M.G. (1996) Origem e evolução. In: ARAÚJO, R.S.; RAVA, C.A.; STONE, L.F.; ZIMMERMANN, M.J.O. eds. Cultura do feijoeiro comum no Brasil. Piracicaba: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato (POTAFOS), 786p.
- Zoro BI, I; Maquet, A.; Baudoin, J. P. (2005) Mating system of wild *Phaseolus lunatus* L. and its relationship to population size . Heredity, v. 94, p. 153-158.

APÉNDICE

Tabela 1: Relação dos acessos introduzidos para posterior caracterização e avaliação – Universidade Estadual do Norte Fluminense - Darcy Ribeiro, 2013.

Acesso – Procedência (UFPI/UFRRJ)	Acesso – BAG- UENF	Acesso – Procedência (UFPI/UFRRJ)	Acesso – BAG- UENF
UFPI-220	UENF-FV01	UFPI-626	UENF-FV19
UFPI-230	UENF-FV02	UFPI-666	UENF-FV20
UFPI-251	UENF-FV03	UFPI-704	UENF-FV21
UFPI-290	UENF-FV04	UFRRJ-G04	UENF-FV22
UFPI-463	UENF-FV05	UFRRJ-G06	UENF-FV23
UFPI-465	UENF-FV06	UFRRJ-G11	UENF-FV24
UFPI-471	UENF-FV07	UFRRJ-G14	UENF-FV25
UFPI-472	UENF-FV08	UFRRJ-G16	UENF-FV26
UFPI-494	UENF-FV09	UFRRJ-G19	UENF-FV27
UFPI-504	UENF-FV10	UFRRJ-G20	UENF-FV28
UFPI-508	UENF-FV11	UFPI-187	UENF-FV29
UFPI-537	UENF-FV12	UFP3-628	UENF-FV30
UFPI-595	UENF-FV13	Fava-moita	UENF-FV31
UFPI-597	UENF-FV14	G25165	UENF-FV32
UFPI-599	UENF-FV15	G26200	UENF-FV33
UFPI-622	UENF-FV16	UFPI-503	UENF-FC01
UFPI-623	UENF-FV17	UFPI-585	UENF-FC02
UFPI-624	UENF-FV18		

Identificação UFPI - acessos oriundos da Universidade Federal do Piauí; Identificação UFRRJ - acessos oriundos da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.

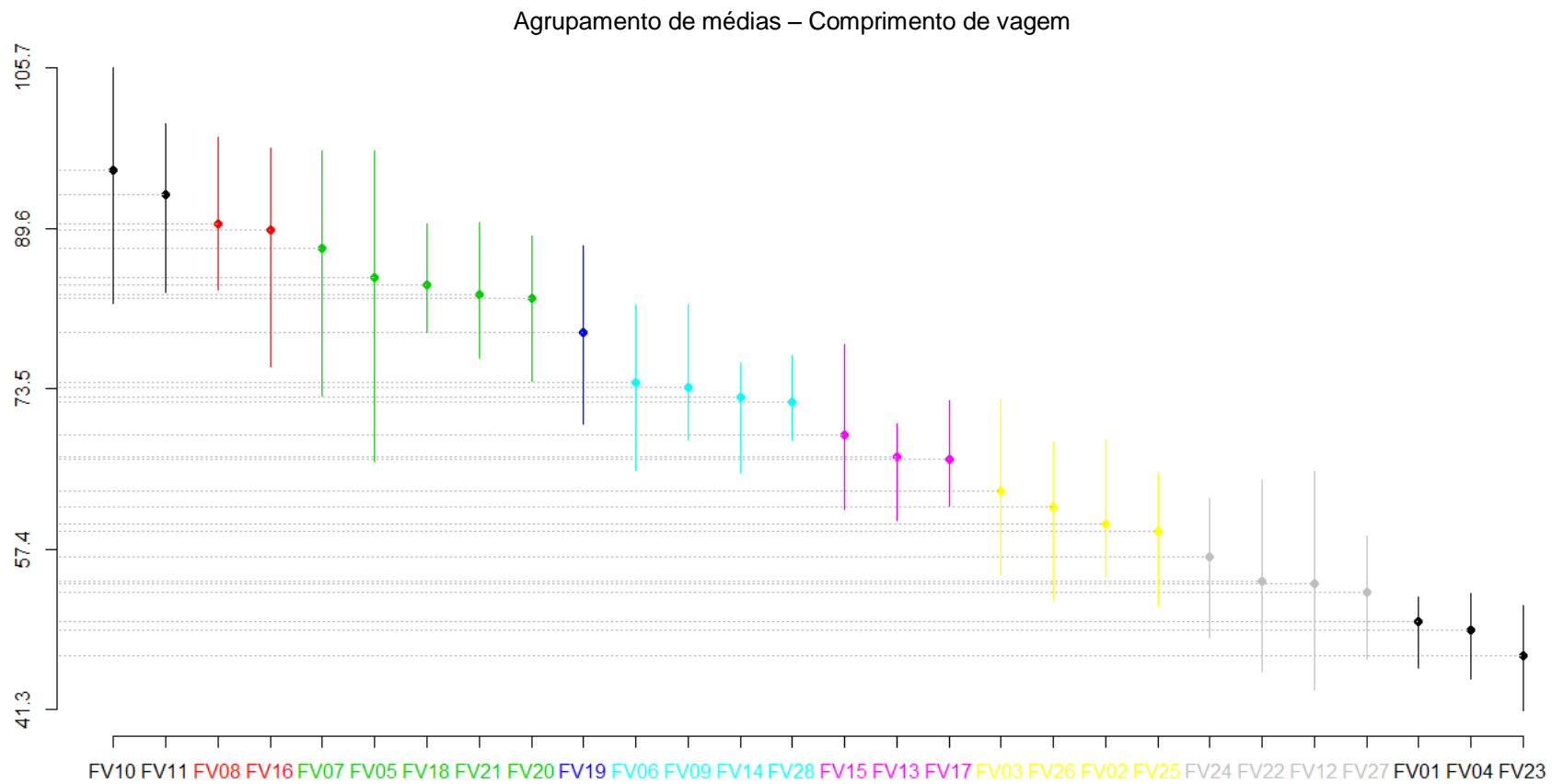


Figura 3 - A. Agrupamento Scott-Knott para característica comprimento de vagem, avaliada em dois ambientes, em 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes; Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, 2014.

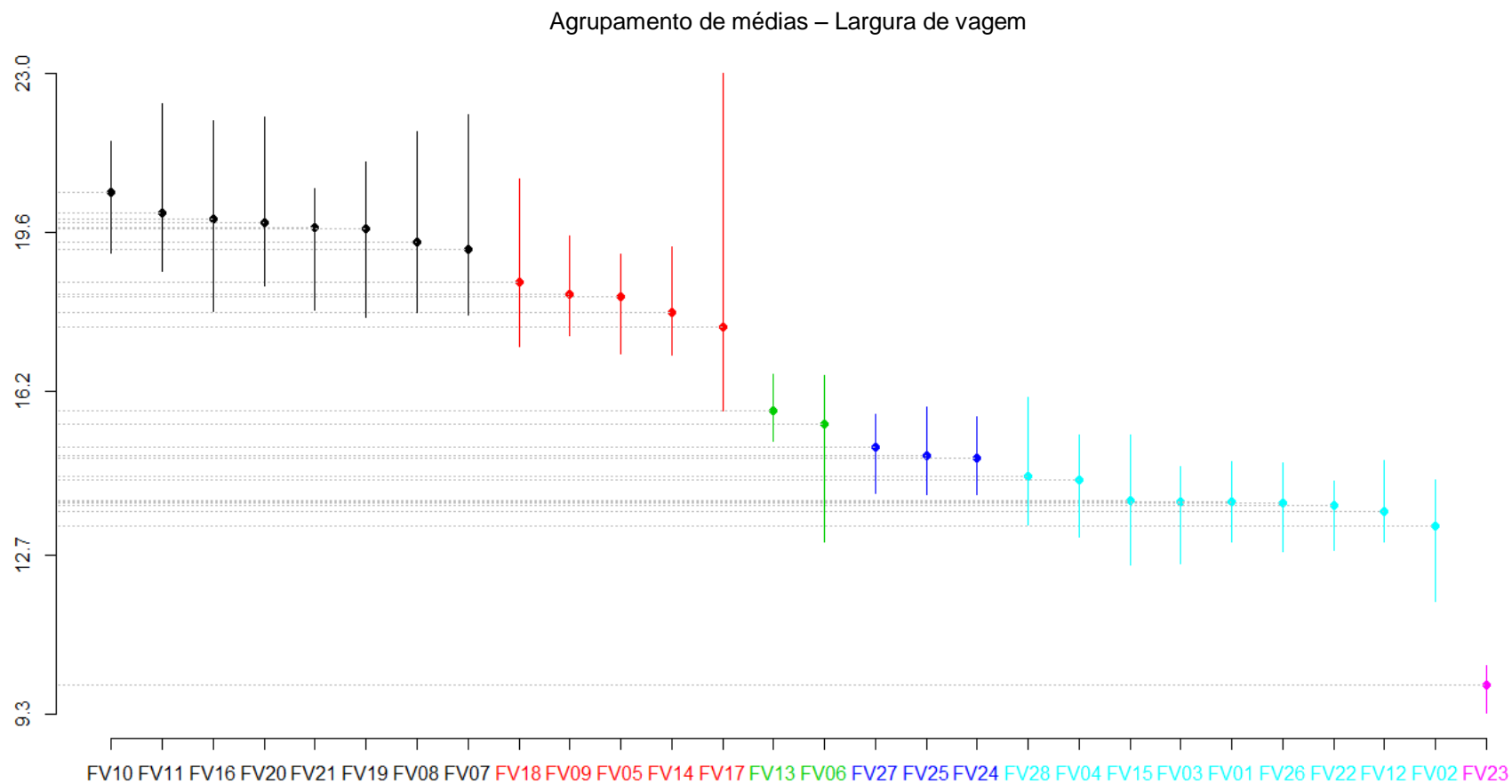


Figura 3 - B. Agrupamento Scott-Knott para característica largura de vagem, avaliada em dois ambientes, em 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes; Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, 2014.

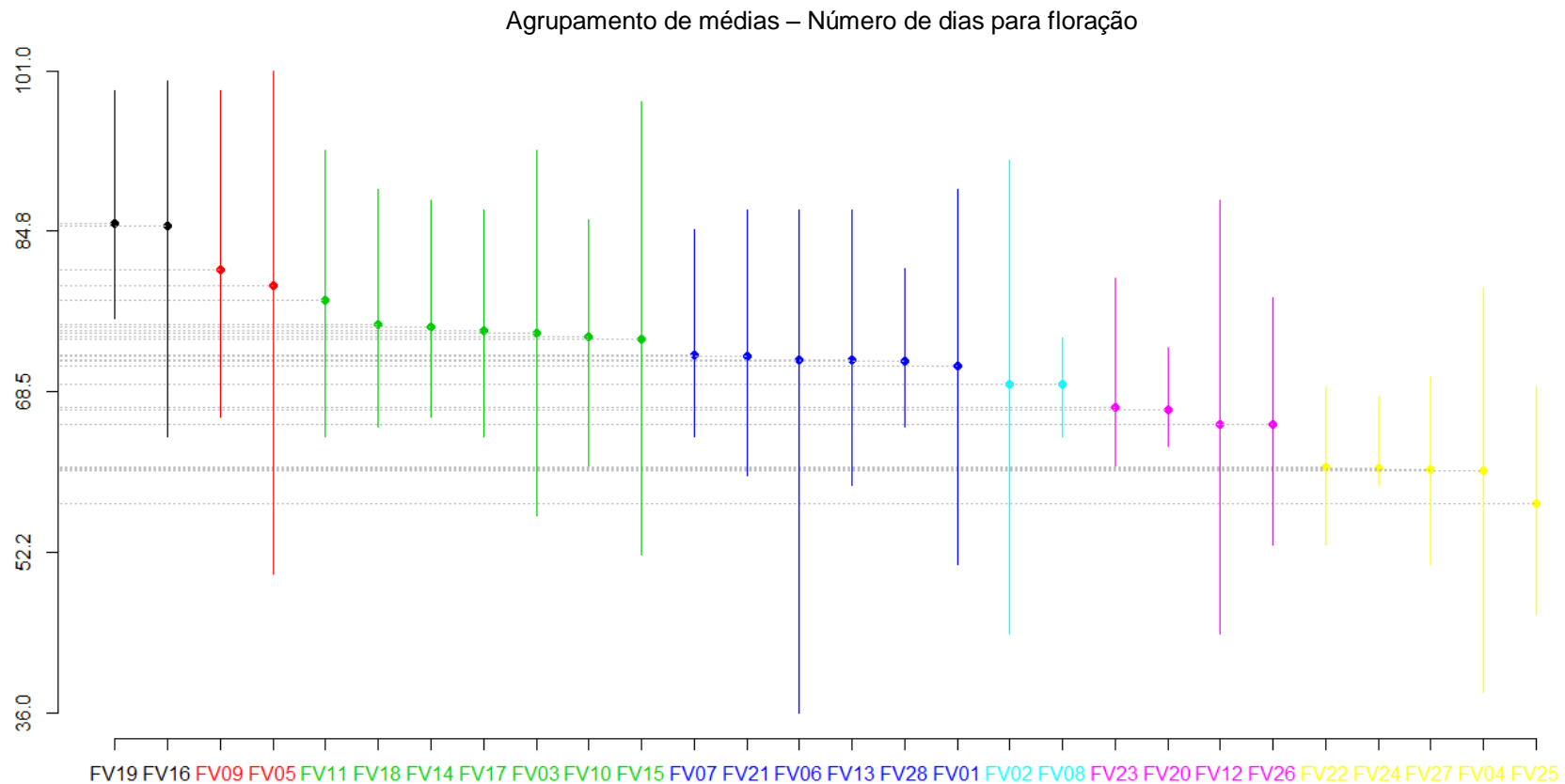


Figura 3 - C. Agrupamento Scott-Knott para característica número de dias para floração, avaliada em dois ambientes, em 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes; Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, 2014.

Agrupamento de médias – Número de dias para maturação

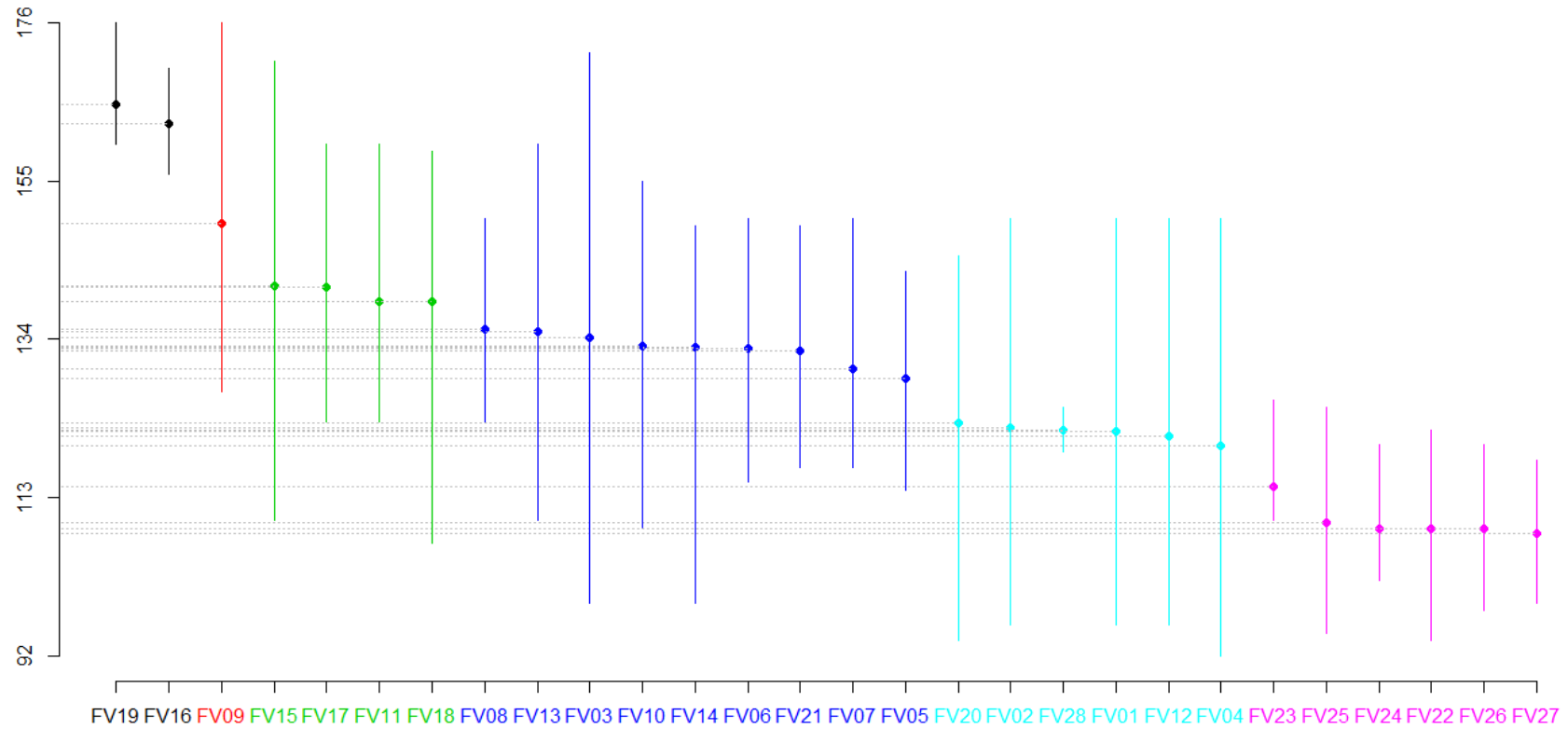


Figura 3 - D. Agrupamento Scott-Knott para característica número de dias para maturação, avaliada em dois ambientes, em 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes; Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, 2014.

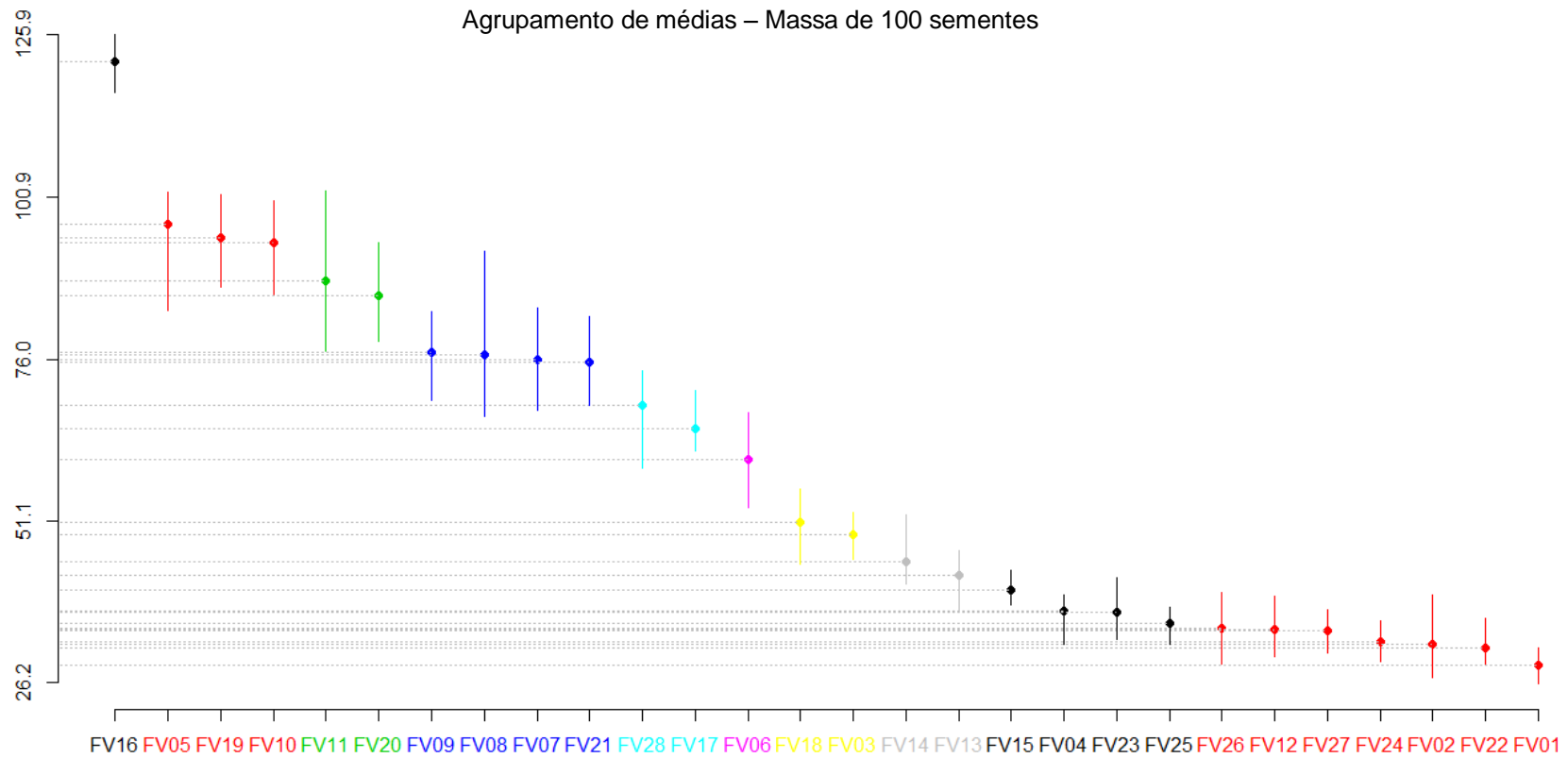


Figura 3 - E. Agrupamento Scott-Knott para característica massa de 100 sementes, avaliada em dois ambientes, em 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes; Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, 2014

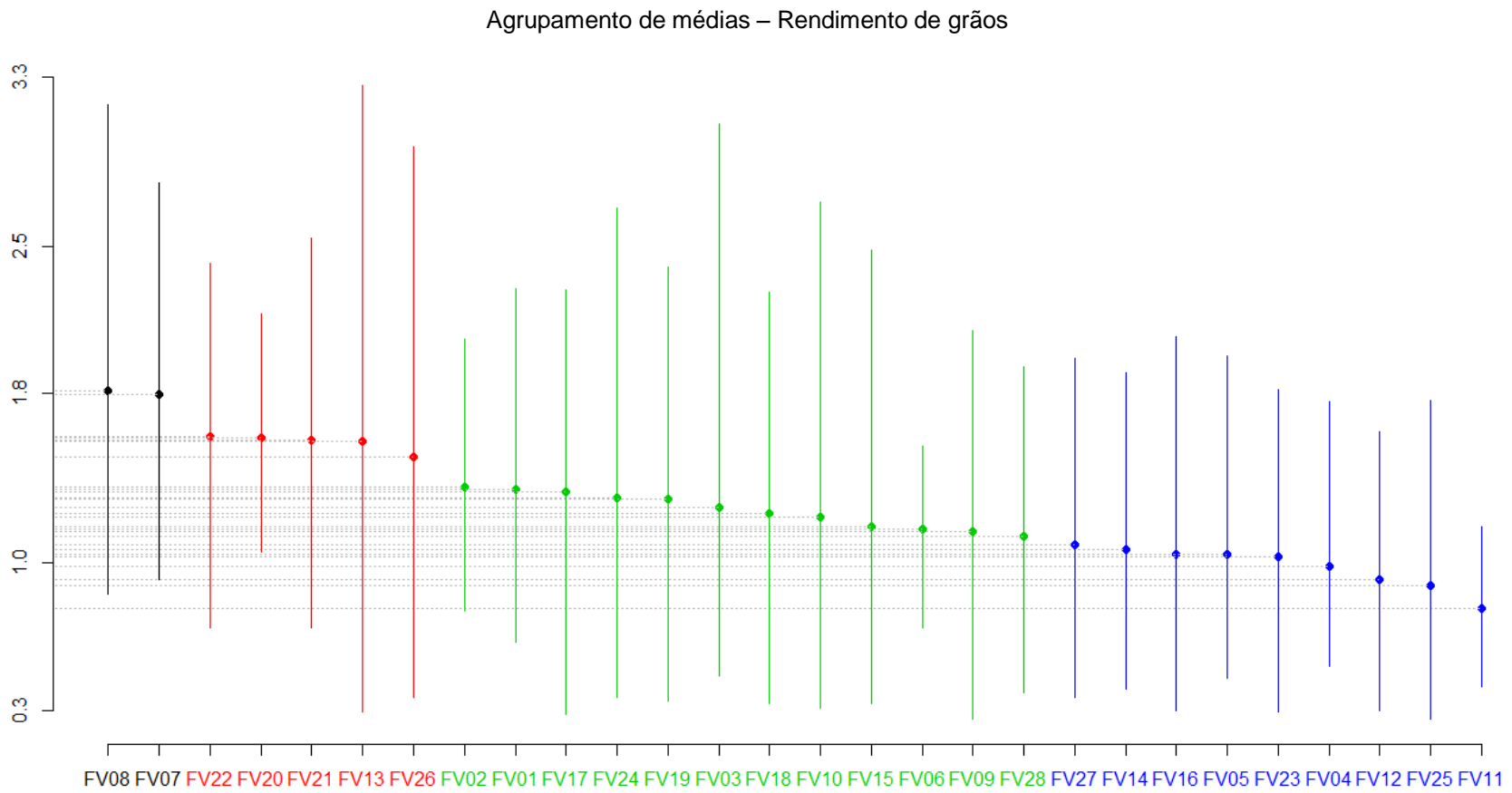


Figura 3 - F. Agrupamento Scott-Knott para característica rendimento de grãos, avaliada em dois ambientes, em 28 acessos de feijão-fava. Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos, da Pesagro-RJ, Campos dos Goytacazes; Campus Universitário Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus, 2014

ANEXO

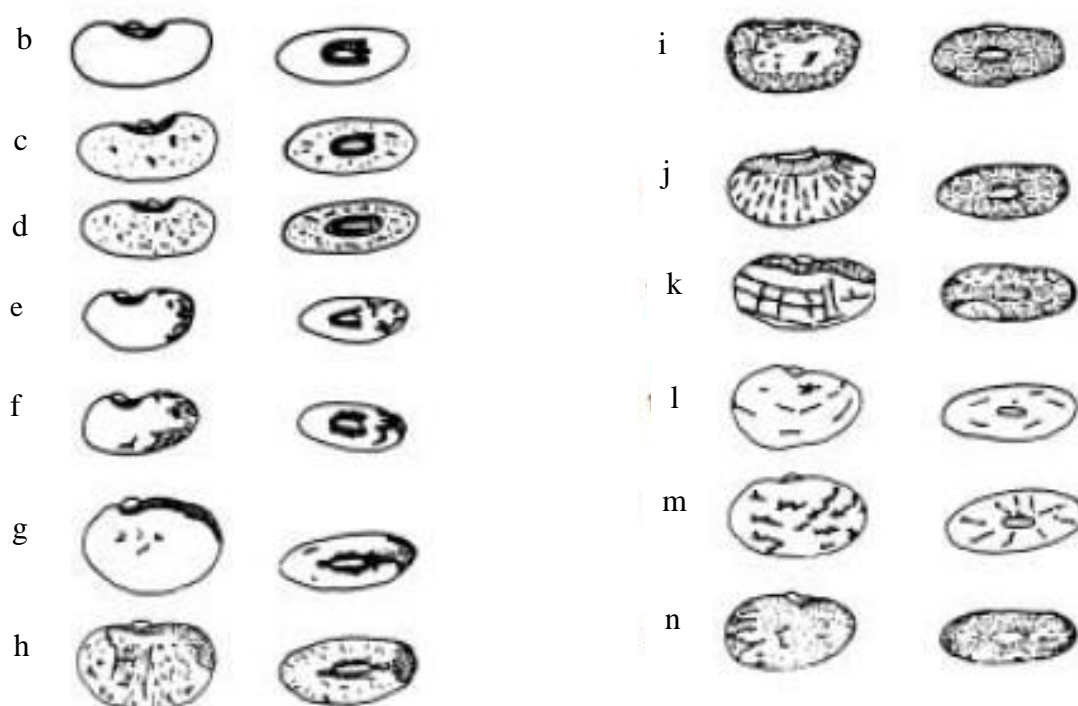


Figura 1 - Padrão do tegumento da semente. *Internacional Institute of Plant Genetic Resources* (IPGRI, 2001). *Bioversity International*. Letras de *b* a *n* correspondem às diferentes formas e localização dos pigmentos, como descrito em material e métodos