

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

DIVERSIDADE GENO-FENOTÍPICA DE SEMENTES DE
VARIEDADES DE *Phaseolus lunatus* L.

Saulo de Jesus Dantas

Engenheiro Agrônomo

2022

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL

DIVERSIDADE GENO-FENOTÍPICA DE SEMENTES DE
VARIEDADES DE *Phaseolus lunatus* L.

Saulo de Jesus Dantas

Orientador: Prof. Dr. Pablo Forlan Vargas

Coorientadora: Prof^a. Dr^a. Renata Silva Mann

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2022

D192d

Dantas, Saulo de Jesus

Diversidade geno-fenotípica de sementes de variedades de
Phaseolus lunatus L. / Saulo de Jesus Dantas. -- Jaboticabal, 2022
67 p. : il., tabs.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp),
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientador: Pablo Forlan Vargas

Coorientadora: Renata Silva Mann

1. Feijão-fava. 2. Recursos genéticos vegetais. 3. Análise
multivariada. 4. Variabilidade genética. 5. Melhoramento vegetal. I.
Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: DIVERSIDADE GENO-FENOTÍPICA DE SEMENTES DE VARIEDADES DE
Phaseolus lunatus L.

AUTOR: SAULO DE JESUS DANTAS

ORIENTADOR: PABLO FORLAN VARGAS

COORDINADORA: RENATA SILVA MANN

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Comissão Examinadora:

Profa. Dra. RENATA SILVA MANN (Participação Virtual)
Universidade Federal de Sergipe / São Cristóvão/SE

Documento assinado digitalmente
 RENATA SILVA MANN
Data: 13/12/2022 17:25:43-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Prof. Dr. PAULO ROBERTO GAGLIARDI (Participação Virtual)
Universidade Federal de Sergipe / São Cristóvão/SE

Documento assinado digitalmente
 PAULO ROBERTO GAGLIARDI
Data: 13/12/2022 19:13:49-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Dra. JULIANA LOPES SOUZA (Participação Virtual)
Programa de pós-graduação em Fitotecnia/UFLA / Lavras/MG

Documento assinado digitalmente
 JULIANA LOPES SOUZA
Data: 13/12/2022 17:34:58-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Jaboticabal, 12 de dezembro de 2022

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

SAULO DE JESUS DANTAS – filho de Maria Gilvânia de Jesus Dantas e José de Matos Dantas, nasceu em 07 de março de 1995, natural de Frei Paulo, estado de Sergipe. Graduado no ano de 2020 em Engenharia Agrônômica na Universidade Federal de Sergipe, UFS, São Cristóvão – SE. Foi bolsista de Iniciação científica PICVOL/UFS no período 2017 a 2018 e PIBIC/CNPq no ano de 2018 a 2019. Em março de 2020 ingressou no curso de Pós-graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), nível de mestrado, pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal (UNESP/FCAV), sendo bolsista CAPES, tendo como orientador o Prof. Dr. Pablo Forlan Vargas e coorientadora a Prof^a. Dr^a. Renata Silva Mann.

“O sucesso nasce do querer, da determinação e persistência em se chegar a um objetivo. Mesmo não atingindo o alvo, quem busca e vence obstáculos, no mínimo fará coisas admiráveis.”

José de Alencar

Aos meus pais, Maria e José.

Dedico

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo dom da vida, pelas bênçãos e por tudo que colocou no meu caminho.

À minha família, pelo amor, carinho e incentivo aos meus estudos e por sempre acreditar em mim, em especial as minhas irmãs Sara, Samara e Cintia, pelo apoio incondicional.

Ao meu orientador Dr. Pablo Forlan Vargas e coorientadora Dr^a. Renata Silva Mann, pela oportunidade do recomeço, pela confiança, pelos conselhos, pelos seus valiosos ensinamentos e por nunca deixarem de acreditar no êxito deste projeto.

À Universidade Estadual Paulista (UNESP) e a Universidade Federal de Sergipe (UFS), por me acolher e dar todo o suporte necessário durante a minha formação.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudo.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Ao Laboratório de tecnologia de sementes (LABSEM) do Departamento de Ciências Florestais da UFS, pela instalação do experimento e concessão dos equipamentos utilizados na obtenção dos dados.

A todo o corpo docente da Pós-graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) pelos ensinamentos.

A todos os amigos do mestrado que contribuíram direta ou indiretamente para a realização desta conquista, em especial Maricélio, Igor, Hortência, Aline, Jessica, Aparecida, Juliana, Alyce, Alice, Thayná e Dardania.

Aos amigos de longa data, que mesmo distantes permaneciam presentes em minha vida, em especial Genilza, Ana Gabriela, Marisa, Werlisson e Matheus.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	iii
ABSTRACT	iv
CAPÍTULO 1 – Considerações gerais.....	1
1. Introdução	1
2. Revisão de Literatura	2
2.1. <i>Phaseolus lunatus</i> L.....	2
2.1.1. Origem e Características botânicas	2
2.1.2 Aspectos socioeconômicos da cultura	4
2.2. Caracterização morfoagronômica.....	7
2.3. Análise de sementes por imagem.....	8
2.4. Meta-análise	10
3. Referências	12
CAPÍTULO 2 – Caracteres morfoagronômicos em <i>Phaseolus lunatus</i> L.: revisão sistemática e meta-análise como ferramenta na seleção de genótipos.	16
RESUMO.....	16
ABSTRACT	17
1. Introdução	18
2. Material e Métodos.....	19
2.1. Revisão sistemática: compilação e estruturação do banco de dados....	19
2.2. Procedimento estatístico da meta-análise	23
3. Resultados e Discussão	24
4. Conclusão	33
5. Referências	33
CAPÍTULO 3 - Sementes crioulas de <i>Phaseolus lunatus</i> : fenotipagem por análise de imagem.	37
RESUMO.....	37
ABSTRACT	38
1. Introdução.....	39
2. Material e Métodos	40
3. Resultados e Discussão	41
4. Conclusão	54

5. Referências	54
----------------------	----

DIVERSIDADE GENO-FENOTÍPICA DE SEMENTES DE VARIEDADES DE *Phaseolus lunatus* L.

RESUMO – Com este estudo buscou-se obter estimativas de valores médios de características morfoagronômicas de *P. lunatus*, por meio de estatística meta-analítica, e analisar imagens, de variações morfológicas e de cor do tegumento das sementes da espécie. Para a diversidade fenotípica em sementes, foram utilizados 13 genótipos, advindos de três estados: Sergipe (G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7 e G8), Bahia (G9 e G10) e Alagoas (G11, G12 e G13). As variáveis obtidas foram peso de 100 sementes e, por meio da análise de imagens (Groundeye TBit®), a morfometria, cor dominante e cor pelo método RGB. Os dados morfométricos foram submetidos à análise de variância pelo teste F e as médias agrupadas pelo teste de Skott-Knott a 5%. As variáveis foram analisadas por correlação de Pearson (t-Student a 5%) e obtido por meio das dissimilaridades um dendrograma pelo Método UPGMA. Todos os caracteres avaliados foram submetidos a análise de componentes principais (ACP) visando identificar a contribuição das variáveis para as variâncias. Para o estudo meta-analítico foram selecionados 7 trabalhos com as variáveis: comprimento e largura de vagem; número de sementes por vagem; produtividade e peso de 100 sementes. Para os resultados de diversidade fenotípica em sementes, a cor dominante em 9 genótipos foi laranja. Para o sistema de cores RGB, para o genótipo G1 houve maiores valores. Para as variáveis morfométricas, G7 foi superior aos demais, com exceção do peso de 100 sementes. Houve associação positiva e significativa entre todas as variáveis morfométricas, as quais foram agrupadas em dendrograma de dissimilaridade em dois grupos. Na ACP, os dois primeiros componentes principais foram responsáveis por 86,80% da variação total, com seis variáveis. Na meta-análise, a largura de vagem não apresentou *outliers*, nas demais variáveis foi necessário removê-los. Em todas as características avaliadas, os dados exibiram distribuição normal e o quantil-quantil expressou ausência de vício de publicação, tendo entre -1 e 1: 71,07%, 72,12%, 73,93%, 71,83% e 71,30% das estimativas, respectivamente. As estimativas das variáveis comprimento, largura, número de sementes por vagem, produtividade e peso de 100 sementes foram 69,80mm, 16,29mm, 2,69, 395,97kg/ha e 48,61g, respectivamente. Quanto à diversidade fenotípica em sementes, os genótipos G1, G3, G7, G9 e G10, apresentam características morfológicas e visuais desejáveis para seleção em programas de melhoramento. No estudo meta-analítico, houve similaridade das médias (estimativa e aritmética), logo os valores obtidos foram precisos, sendo assim a metodologia é adequada para gerar valores médios para variáveis de interesse agrônomo na cultura.

Palavras-chave: feijão-fava, recursos genéticos vegetais, análise multivariada, variabilidade genética, melhoramento vegetal

GENO-PHENOTYPIC DIVERSITY OF SEEDS OF VARIETIES OF
Phaseolus lunatus L.

ABSTRACT - With this study, we obtained estimates of mean values of morphoagronomic characteristics of *P. lunatus*, using meta-analytical statistics, and analyzing images of morphological variations and color of the tegument of the species' seeds. For phenotypic diversity were used 13 genotypes from three states were: Sergipe (G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, and G8), Bahia (G9 and G10) and Alagoas (G11, G12, and G13). The variables obtained were weight of 100 seeds and, through image analysis (Groundeye TBit®), morphometry, dominant color, and color by RGB method. Morphometric data were grouped and submitted to variance analysis by the F test and the means by the Skott-Knott test at 5%. The variables were analyzed by Pearson correlation (t-Student to 5%) and obtained through dissimilarities in a dendrogram by the UPGMA Method. All the evaluated characters were submitted to principal component analysis (PCA) to identify the variables' contribution to variances. For the meta-analytical study, seven studies with the variables: length and pod width; the number of seeds per pod; productivity, and weight of 100 seeds. For the results of phenotypic diversity in seeds, the dominant color in 9 genotypes was orange. There were higher values for the RGB color system for genotype G1. For morphometric variables, G7 was higher than the others, except for the weight of 100 seeds. There was a positive and significant association among all morphometric variables, which grouped into dendrograms in two groups. PCA's first two principal components accounted for 86.80% of the total variation, with six variables. In the meta-analysis, the pod width did not present outliers, and in the other variables, it was necessary to remove them. In all traits evaluated, the data showed normal distribution, and quantile-quantile expressed no publication bias, having between -1 and 1: 71.07%, 72.12%, 73.93%, 71.83%, and 71.30% of estimates, respectively. The estimates of the variable's length, width, the number of seeds per pod, productivity, and weight of 100 seeds were 69.80mm, 16.29mm, 2.69, 395.97kg/ha, and 48.61g, respectively. Regarding phenotypic diversity in seeds, genotypes G1, G3, G7, G9, and G10 present desirable morphological and visual characteristics for selection in breeding programs. In the meta-analytical study, the means (estimate and arithmetic) were similar, so the values obtained were accurate. The methodology is adequate to generate mean values for variables of agronomic interest in the crop.

Keywords: fava beans, plant genetic resources, multivariate analysis, genetic variability, plant breeding

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1. Introdução

Phaseolus lunatus L., popularmente conhecido como feijão-fava ou simplesmente fava, é uma espécie de grande relevância socioeconômica. Essa leguminosa é considerada a segunda espécie de maior importância econômica do gênero *Phaseolus*, sendo cultivada em diversas regiões do mundo (Purwanti e Fauzi, 2019).

No Brasil, especialmente na região Nordeste, sua relevância se dá pela questão social e econômica. Seu valor cultural é atribuído a seu cultivo associado, predominantemente, a agricultura familiar. A espécie é cultivada de maneira tradicional e suas sementes são armazenadas para serem usadas na safra seguinte. Dessa maneira, há uma maior autonomia produtiva do agricultor, o que contribui com a geração de renda e segurança alimentar (Lustosa-Silva et al., 2022).

A fava é tradicionalmente comercializada em feiras livres, sendo uma fonte de alimento rica em nutrientes, que faz parte da base alimentar dos agricultores familiares e comunidades rurais (Moraes et al., 2017). No entanto, observa-se uma amplitude em relação aos tipos de feijões-fava distribuídos nestas comunidades, os quais recebem a mesma nomenclatura popular.

Isso ocorre porque a espécie apresenta alta variabilidade fenotípica quanto ao hábito de crescimento (determinado ou indeterminado), cor das flores (branca, branco-amarelada, rosácea, púrpura e violeta ou com tons intermediários), cor do tegumento da semente (branco, cinza, amarelo, róseo, marrom, preto, entre outras), formato da semente (rombóide, redondo ou reniforme), tamanho e peso, entre outras variações morfoagronômicas (Lopes et al., 2015).

Essa distinção dos caracteres morfológicos evidencia a alta diversidade genética da espécie. Contudo, ainda é pouco explorada para benefício do pequeno agricultor, visto que existem poucos trabalhos voltados para o melhoramento genético da cultura. Devido a isso, a maior parte dos materiais cultivados pelos agricultores são misturas varietais. Estas possuem baixa produtividade e não se adequam ao interesse do mercado consumidor, tendo

como consequência, perdas econômicas e inviabilização do seu cultivo de maneira intensiva (Lopes et al., 2017).

Dessa forma, trabalhos voltados para a caracterização morfoagronômica são de extrema importância para auxiliar no desenvolvimento de atividades de identificação, conservação e seleção de caracteres. Esses, por sua vez, devem atender as demandas do agricultor e, conseqüentemente, do mercado consumidor (Lustosa-Silva et al., 2022; Lopes et al., 2015).

Diante disso, buscou-se com este trabalho expandir os conhecimentos sobre as variações fenotípicas das variedades de *Phaseolus lunatus*, por estimativas de valores médios de características morfoagronômica, por estatística meta-analítica e realizar análise de imagens de variações morfológicas e de cor do tegumento das sementes.

2. Revisão de Literatura

2.1. *Phaseolus lunatus* L.

2.1.1. Origem e Características botânicas

O gênero *Phaseolus* pertence a Classe Eudicotyledoneae, Ordem Fabales, Família Leguminosae/Fabaceae – Papilionoideae (APG IV, 2016). O seu centro de diversidade está localizado em três regiões situadas na América Latina, sendo identificados como centro Mesoamericano, Norte e Sul Andino (Luciano, 2017). Quanto ao centro de domesticação sugere a ocorrência de dois centros independentes, o Andino para genótipos com sementes grandes e achatadas e o Mesoamericano para genótipos com sementes pequenas (Silva et al., 2019).

Esse gênero tem um grande destaque devido a sua importância econômica para o homem, sendo ele composto por aproximadamente 50 espécies. Contudo, desse total apenas cinco delas são cultivadas: *P. vulgaris* L. (feijão-comum), *P. lunatus* L. (feijão-fava), *P. coccineus* L. (feijão-ayocote), *P. acutifolius* A. Gray (feijão-tapiri) e *P. polyanthus* Greeman (Silva, 2015).

Dentre essas, *Phaseolus lunatus*, conhecido popularmente por feijão-fava, feijão-de-lima ou simplesmente fava, é uma espécie de interesse econômico. Esta é cultivada em diversas regiões do mundo como América do Norte, Central e do Sul, Europa, leste e oeste da África e sudeste da Ásia, devido a uma série de características botânicas de interesse agrícola (Lopes et al., 2010).

A fava é uma planta herbácea que apresenta grande variabilidade nas suas características, tais como ciclo de desenvolvimento, anual, bianual ou perene (Lopes et al., 2015); ou diferença no hábito de crescimento. Este por sua vez pode ser classificado em dois, indeterminado trepador, no qual há o desenvolvimento da gema terminal em uma guia, ou determinado anão, para as plantas que possuem desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência (Oliveira et al, 2014).

Suas folhas, são classificadas como trifoliadas, normalmente possuem coloração escura, persistindo mesmo depois do amadurecimento das vagens, diferentemente das demais espécies do gênero *Phaseolus* (Silva, 2010). Quanto aos folíolos, podem ser encontrados em formatos do tipo lanceolados, ovais ou acuminados (Silva, 2015).

A inflorescência do feijão-fava é do tipo racemo, podendo ocorrer variação de tamanho. Em grande parte dos casos, essa estrutura é maior que as folhas e apresenta muitas flores (Guimarães, 2007). Essa espécie é considerada autógama com frequente alogamia, apresentando uma taxa de fecundação cruzada intermediária em relação às autógamas e alógamas, sendo maior que 25%, devido a estrutura floral e porque a antese floral ocorrer após os grãos de pólen atingir o estigma (Borém, 2009).

Suas flores podem ser encontradas em diferentes tonalidades variando do branco, branco-amarelado, rosáceo, púrpura e violeta ou com tons intermediários. Suas estruturas são pequenas, sendo menores que 10 mm, com brácteas que podem ser de formato oblongo-ovaladas, com comprimento entre 1 a 2 mm e menores que o cálice (López-Alcocer et al., 2016).

Os frutos do tipo vagem podendo ser compridos, achatados ou recurvados, além disso, possuem aspecto coriáceo e são pontiagudos. Quando secos apresentam coloração bege e podem ser deiscentes ou não e são

polispérmicos com uma média de duas a quatro sementes por fruto (Neto, 2016; Lustosa-Silva et al., 2022).

As sementes possuem uma variação expressiva de cor, tamanho e formato, com forma rombóide, redonda ou reniforme (Carvalho, 2012). O seu tegumento é encontrado nas cores: branco, verde, cinza, amarelo, marrom, róseo, vermelho, púrpuro, preto, manchado e sarapintado (Sandrine et al., 2020). Quanto a germinação, dura em média de 6 a 9 dias, sendo classificada como epígea, caracterizada pelos cotilédones se elevarem acima do solo (Carvalho, 2012).

A fava possui algumas características que a distingue facilmente das demais espécies de feijão. Uma delas consiste na presença de listras no tegumento da semente, que saem do hilo em direção à região dorsal da semente, porém em algumas variedades podem não ser observadas. Outro meio de distinção está na coloração do seu cotilédone, que ser branco ou verde. Além disso, o sistema radicular da fava é mais desenvolvido que o do feijão comum (*P. vulgaris*) (Silva, 2015).

2.1.2 Aspectos socioeconômicos da cultura

A cultura da fava detém uma série de características que a permite ser cultivada em regiões com as mais variadas condições ambientais, como tolerância à seca, a elevada umidade e altas temperaturas (Moraes et al., 2017). Essas características dão-lhe vantagens em relação às demais espécies do gênero, como a possibilidade de realizar mais de uma colheita ao longo dos períodos de estiagem (Purwanti et al., 2019).

O cultivo dessa leguminosa na maior parte dos casos é realizado por agricultores, em solos que apresentam condições de baixa fertilidade. Esses por sua vez, realizam o plantio de maneira tradicional, em covas (Luciano, 2017), utilizando principalmente variedades crioulas de crescimento indeterminado (Lopes et al., 2017).

Essas variedades proporcionam um ciclo tardio e de maturação desuniforme, concedendo ao agricultor a oportunidade de realizar duas ou mais colheitas no decorrer da safra. Devido a isso, as cultivares com hábito de

crescimento indeterminado possuem um maior potencial produtivo, quando comparado aos de crescimento determinado (Oliveira et al., 2011).

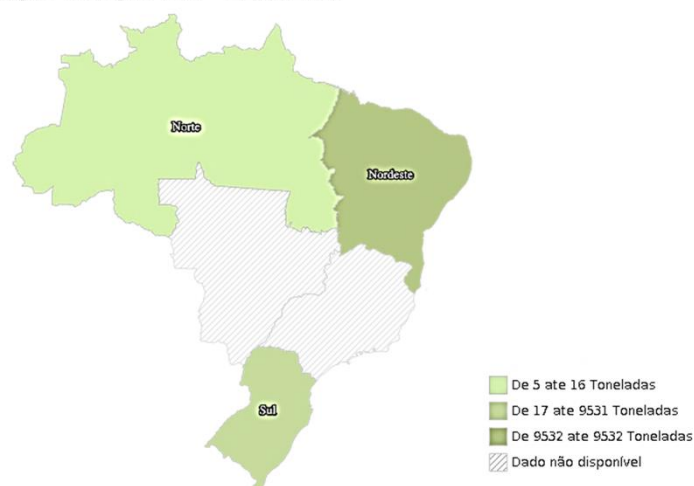
Em busca de maximizar o uso de suas áreas, os pequenos agricultores, adotam a técnica de plantio em consórcio com outra cultura como o milho, que funciona como suporte para tutorar a fava no decorrer do seu desenvolvimento (Lopes et al., 2017). Além disso, o plantio em consórcio traz como benefício, para a planta consorciada, a fixação biológica de nitrogênio, visto que a fava é capaz de associar se, simbioticamente, com bactérias fixadoras de nitrogênio (Neto, 2016).

Nesse processo de fixação biológica de nitrogênio realizado pela leguminosa, parte da necessidade de adubação nitrogenada acaba sendo suprida, resultando na redução dos custos com compra de adubo e aumento na produtividade (Antunes et al., 2011). A fava também é usada como adubo verde e na cobertura do solo (Pegado et al., 2008).

No Brasil, devido a sua ampla capacidade de adaptação, essa espécie é cultivada em toda a sua ocupação territorial, tendo assim uma função importante para a agricultura brasileira (Guimarães et al., 2007). O grão da fava tem um papel relevante em relação aos benefícios nutricionais, visto que eles são ricos em proteínas, fibras, ferro, manganês, ácido fólico e vitaminas A, B e C (Kouonon et al., 2020; Moraes et al., 2017). Por esse motivo, a leguminosa encontra-se presente na alimentação de muitas comunidades rurais, servindo como fonte de proteínas (Moraes et al., 2017).

No ano de 2021, foram produzidos no Brasil, 9.554 toneladas de grãos secos de fava (Figura 1A), numa área cultivada de 30.316 ha, com um rendimento médio de 315 Kg/ha. Desse total a região Nordeste foi responsável por 9.532 toneladas produzidas, em 30.299 hectares plantados, tendo rendimento médio de 396.75 Kg/ha (IBGE - SIDRA, 2021).

(A) Produção de feijão-fava – Brasil/2021



(B) Produção de feijão-fava – Nordeste/2021

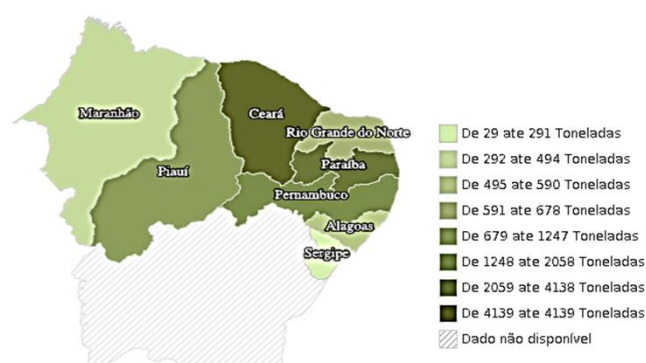


Figura 1. Produção de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) em grão em toneladas, nas cinco grandes regiões do Brasil (A) e por estados do Nordeste (B), safra de 2021 (IBGE - SIDRA, 2021).

Na região Nordeste, os estados do Ceará e da Paraíba são os maiores produtores do grão (Figura 1B), concentrando mais da metade da produção nacional. O estado de Sergipe, no ano de 2021, obteve uma área plantada de 52 ha, uma produção de 29 toneladas e um rendimento médio de 558 Kg/ha, sendo os municípios de Pacatuba e Aquidabã os maiores produtores de grãos de fava (IBGE - SIDRA, 2021).

Diante disso, nota-se que a maior parte da produção de feijão-fava, está concentrada na região nordeste. Fatores como tolerância a seca, altas temperaturas e desenvolvimento em solos com baixa fertilidade, fazem com que a cultural seja atrativa para os pequenos agricultores da região, visto que são condições comuns e bastante prolongadas ao longo do ano (Lopes et al., 2017). Logo, o desenvolvimento de estudos voltados para a caracterização

morfoagronômica dessas matérias são de extrema importância, para seleção de caracteres em programas de melhoramento genético.

2.2. Caracterização morfoagronômica

Para uma grande parte das espécies cultivadas ainda existe uma lacuna a ser preenchida entre as atividades com recursos genéticos vegetais e os programas de melhoramento. Essa ausência de estudos faz com que a exploração desses recursos seja ineficiente, podendo acarretar em perdas da variabilidade genética, ou seja, erosão genética. Deste modo, é imprescindível estudar a diversidade genética existente antes de iniciar atividades de melhoramento de plantas (Koten, 2022).

Assim, a realização de estudos a partir da caracterização morfológica possibilitam a obtenção de um grande número de dados ligados à variabilidade genética de uma amostra, fornecendo uma identidade para cada genótipo. Essas informações ajudam na descrição do germoplasma, proporcionando maiores avanços na identificação da divergência genética entre genótipos (Kouonon et al., 2020; López-Alcocer et al., 2016).

É importante salientar que a variabilidade genética é expressa por meio de variações nas combinações alélicas. Estas por sua vez, podem ser descobertas em um dado conjunto de indivíduos, como em um Banco/ Coleção de Germoplasma ou em populações naturais. A partir disso, é possível conseguir estimativas da diversidade genética através da avaliação de dados fenotípicos, sejam eles qualitativos ou quantitativos (Pires et al., 2022).

Ao realizar a coleta de dados, tanto de caracterização quanto para avaliação, é essencial definir antecipadamente quais os descritores que serão utilizados pelos pesquisadores/programas envolvidos com cada espécie. No caso dos descritores do *International Plant Genetic Resources Institute* (IPGRI) para *P. lunatus*, são divididos em cinco grupos: dados de passaporte (identificadores da amostra e informação registrada pelos coletores), caracterização, avaliação preliminar, avaliação posterior e gestão (informações dos acessos no germoplasma e das atividades de multiplicação/regeneração) (IPGRI, 2001).

No Brasil, a caracterização dos genótipos de *P. lunatus* advindos de pequenos agricultores, comunidades tradicionais e presentes em bancos de germoplasma é realizada, majoritariamente, com base em descritores morfológicos e agrônômicos. Nesses descritores estão inclusas características como: habito de crescimento, diâmetro do caule, formato da folha, cor da flor, cor da vagem, número de vagem por planta, comprimento da vagem, espessura da vagem, número de sementes por vagem, entre outras (Souza et al., 2016; Lopes et al., 2015).

Além disso, de maneira geral, há também as características intrínsecas as sementes, que estão diretamente ligadas a parâmetros como a produtividade: comprimento, tamanho, espessura e peso, ou a atributos qualitativos como formato e cor do tegumento (Purwanti e Fauzi, 2019; Souza et al., 2016).

2.3. Análise de sementes por imagem

A semente é o meio de reprodução predominante no reino vegetal. O uso de materiais com maior potencial produtivo, resistentes e com alta qualidade é imprescindível para evitar ou reduzir uma série de problemas que afetam o desenvolvimento da cultura. Desta forma, é possível produzir mais e reduzir custos de produção. Para isto, é necessário o desenvolvimento de trabalhos que busquem selecionar variedades que atendam esses interesses agrônômico (Parra Filho et al., 2018).

O desenvolvimento de novas técnicas para avaliação de componentes físicos e fisiológicos das sementes, como o uso de análise por imagens digitais, vem sendo estudada com mais frequência. Isso, devido a nova tecnologia apresentar alta performance na avaliação dos caracteres de interesse econômico, como tamanho, peso e cor (Antunes Neto et al., 2020; Ferreira et al., 2020).

Além disto, a técnica de análise de imagens, tratar-se de um método não destrutivo, logo, permite que as sementes utilizadas, sejam avaliadas em outro teste. Desta forma, é possível relacionar as informações quantitativas e qualitativas de uma mesma amostra, o que reduz o erro amostral e o número de sementes que seriam empregadas no teste (Pinheiro et al., 2020).

Essa análise é realizada mediante captura de imagens que produzem dados dimensionais, como comprimento, largura e área, ou propriedades qualitativas, como cor e textura da semente (Figura 1). A produção desses dados ocorre por meio de métodos de contagem ou frequência. Dessa forma, a avaliação dos descritores, por meio da análise de imagens, constitui-se um método objetivo, econômico e prático. Além disso, os resultados são obtidos com maior rapidez quando comparado aos testes convencionais (Pereira et al., 2020; Ferreira et al., 2020).

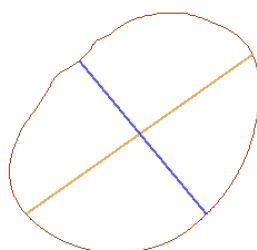


Figura 2. Representação das medidas de *Phaseolus lunatus* L., analisados pelo equipamento e software *GroundEye* (TBit ®). Área: medida de toda a superfície da semente, diâmetro maior: representado pela linha amarela, diâmetro menor: representado pela linha azul e o perímetro: contorno marrom.

O uso de imagens como ferramenta para diferenciar variedades de sementes, por meio da cor do tegumento, é uma ferramenta promissora e de grande utilidade, visto que é possível realizar uma classificação objetiva, quando comparada a realizada através da visão humana (Moreira et al., 2022).

Dentre os sistemas de cores, o modelo RGB, bastante utilizado em monitores de TV, computadores, câmeras digitais, entres outros, vêm sendo bastante aplicados na agricultura de precisão, para análise de imagens. Isso devido a sua versatilidade e eficiência (Silva et al., 2022; Ribeiro et al., 2016).

Esse modelo proposto por Young-Helmholtz, baseia-se no princípio do estímulo de três cores: vermelho (red - R), verde (green - G) e azul (blue - B). A partir da combinação do RGB, cores primárias, são formadas outras cores, também conhecidas por cor secundária, composta ou subtrativas (Figura 2), como a cor magenta (vermelho mais azul), ciano (verde mais azul) e amarelo (vermelho mais verde) (Ferreira e Rodrigues, 2021).

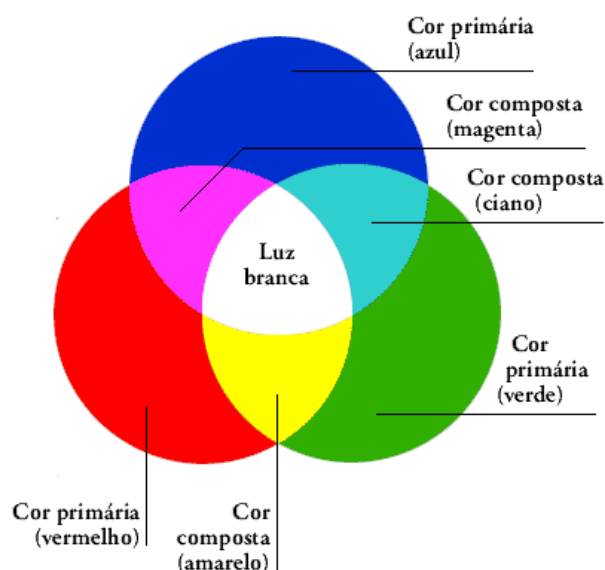


Figura 3. Sistema de cores RGB, proposto por Young-Helmholtz.

A cores primárias, vermelho, verde e azul, recebem valores que variam de 0 a 255 ou de 0 a 1. No sistema de cores RGB, o valor 0, 0, 0 significa que a cor é preta, enquanto que o valor 255, 255, 255 ou 1, 1, 1, equivalente à cor branca. Dentro deste intervalo, existe uma combinação capaz de produzir cerca de 16,7 milhões de valores de cores $256 \times 256 \times 256$ (Monteiro Junior, 2015).

2.4. Meta-análise

A meta-análise é definida como uma técnica estatística criada com o objetivo de integrar os resultados de dois ou mais estudos científicos, sobre um mesmo fato analisado. Essa técnica é uma ferramenta que permite agregar e reduzir os dados a uma unidade de síntese. Para que os dados obtidos nos trabalhos sejam integrados a análise, é feita uma revisão sistemática de publicações, na análise dos métodos adotados, nos subtemas estudados e nas conclusões geradas (Gurevitch et al., 2018).

Essa ferramenta está apoiada no entendimento de que a relação entre diversas pesquisas independentes proporcionam melhor embasamento para estudos posteriores, demarcando formas de avaliar os eventos de forma precisa, visto que em sua maior parte apresentam um padrão (Wetterslev et al., 2017).

No campo do melhoramento genético, essa ferramenta estatística busca reunir os resultados de vários trabalhos, com o objetivo de produzir modelos para predição e resumo de dados. Isso permite aumentar o poder estatístico dos estudos em relação aos efeitos das variáveis, além de melhorar a acurácia das estimativas e tamanho do efeito (Lenaerts, 2018).

Isso decorre do fato da comparação de dados dos diversos estudos, acabar reunindo um significativo número de genótipos, características e ambientes avaliados, o que torna mais amplo. Desta forma, é possível analisar a diversidade genética de uma espécie de maneira abrangente, considerando as informações mais relevantes para serem utilizadas na seleção de genótipos superiores e também empregando no desenvolvimento de novos recombinantes (Wang et al., 2016).

Os resultados proporcionados pela meta-análise proporcionam um direcionamento no processo de escolha sobre as melhores alternativas a serem selecionadas, aponta quais os tratamentos que possuem ou não evidência sobre sua eficácia e auxilia na identificação de erros metodológicos no estudo. Desta forma, é possível direcionar as pesquisas futuras evitando custos desnecessários, além de propiciar maior eficiência dos estudos (Jackson e Turner, 2017; Veroniki et al., 2016).

3. Referências

Antunes Neto A, Matias FI, Passos AMA, Rocha NM (2020) Determinação de sementes de soja esverdeadas por meio de análise de imagens. **Embrapa Milho e Sorgo - Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento** (INFOTECA-E). 21 p.

APG (2016) The angiosperm phylogeny group. An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. **Botanical Journal of the Linnean Society** 181:1–20.

Antunes JL, Gomes RLF, Lopes ACA, Araújo ASF, Lyra M CCP, Figueiredo MB (2011) Eficiência Simbiótica de Isolados de Rizóbio Nodulares de Feijão-Fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista de Ciências do Solo** 35:751-757.

Wetterslev J, Jakobsen JC, Gluud C (2017) Trial sequential analysis in systematic reviews with meta-analysis. **BMC medical research methodology** 17:1-18.

Borém A, Miranda GV (2009) **Melhoramento de Plantas**. 5 ed. Viçosa: Editora UFV, 529 p.

CARVALHO, MG (2012). **Produção de feijão-fava em função de diferentes doses de adubação orgânica e mineral**. 61 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal do Piauí, Teresina.

Ferreira LO, Rodrigues WM (2021) Funções lineares no estudo do sistema de cores RGB. **Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)** p. 55.

Ferreira OJM, Rocha LAS, Silva-Mann R, Torres MFO, Souza JL, Dantas, SJ, Santos, JPF (2020) Tecnologia de análise de imagens para a seleção de sementes crioulas de milho. **Global Science and Technology** 13:28-38.

Gurevitch J, Koricheva J, Nakagawa S, Stewart G (2018) Meta-analysis and the science of research synthesis. **Nature** 555:175-182.

Guimarães WN, Martins LS, Silva EF, Ferraz GMG, Oliveira FJ (2007) Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental** 11:37-45.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção Agrícola Municipal - Sidra/IBGE**. Rio de Janeiro: IBGE, 2021. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612>. Acesso em: 20 dez. 2022.

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

Jackson D, Turner R (2017) Power analysis for random-effects meta-analysis. **Research synthesis methods**, 8:290-302.

Koten, BB, Natal E, Wea R, Randu MD, Aoetpah A, Sabuna C (2022) Identification Of Weight And Size Diversity Of Arbila (*Phaseolus lunatus* L.) Seed As Feed In Amabi Oefeto District, Kupang Regency. In: **6th International Seminar of Animal Nutrition and Feed Science (ISANFS 2021)**. Atlantis Press 1:118-122.

Kouonon LC, Koffi KA, Yao YEP, Goba KAE, Koffi KG, Adjoumani K, Sie RS (2020) Morphological and Agronomical Characterisation of Variability among a Collection of *Phaseolus lunatus* (L.) Local Morphotypes from Cote d'Ivoire. **International Journal of Agriculture Innovations and Research** 9:2319-1473.

Lustosa-Silva JD, Ferreira-Gomes RL, Martínez-Castillo J, Carvalho LCB, de Oliveira LF, Ortiz-García MM, Lopes ÂCDA (2022). Genetic diversity and erosion in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Northeast Brazil. **Genetic Resources and Crop Evolution** 1:1-14.

Lenaerts B, de Mey y, Demont M (2018) Global impact of accelerated plant breeding: evidence from a meta-analysis on rice breeding. **PLoS One** 13: e0199016.

Luciano, KMF (2017) **Análise e modelagem do processo de criocongelamento de sementes de feijão-fava**. 103 f. Dissertação (Mestrado em Engenharia e Gestão de Processos e Sistemas) - Instituto de Educação Tecnológica, Belo Horizonte, 2017.

López-Alcocer JDJ, Lépiz-Ildefonso R, González-Eguiarte DR, Rodríguez-Macías R, López-Alcocer E (2016) Morphological variability of wild *Phaseolus lunatus* L. from the western region of México. **Revista fitotecnia mexicana** 39:49-58.

Lopes SN, Silva FE, Costa MNF, Rodrigues WAD, Camara FT (2017) Produtividade de Fava e Milho em Função do Sistema de Consórcio em Regime de Sequeiro na Região do Cariri-Ce. **Centro Científico Conhecer**, 4:1-8.

Lopes ACA, Gomes RLF, Araujo ASF (2015) *Phaseolus lunatus*: **Diversity, Growth and Production**. Hauppauge NY: Nova Science Publishers. 163 p.

Lopes ACA, Gomes RLF, Araújo ASF (2010) Diversidade genética. In: Lopes ACA, Gomes RLF, Araújo ASF. **A cultura do Feijão-fava no Meio-Norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, p.9-44.

Moreira IB, Monteiro RDCM, Silva RNOD, Hornke NF, Araújo ÁDS, Gadotti GI (2022) Separação de sementes de coentro por processamento de imagens Red, Green e Blue. **Ciência Rural** 52:e20210384.

Medeiros AD, Pereira MD, Silva JA (2018) Processamento digital de imagens na determinação do vigor de sementes de milho. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias** 13:1-7.

Moraes CS, Dias TAB, Costa S, Vieira RDC, Noronha SE, Burle M (2017) **Catálogo de fava (*Phaseolus lunatus* L.) conservada na Embrapa**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 46 p.

Monteiro Junior M (2015) **Método de cálculo de trajetória de máquinas agrícolas utilizando processamento de imagens em smartphones**. 61 f. Dissertação (Mestrado em Computação para Tecnologias em Agricultura) - UNIVERSIDADE ESTADUAL DE PONTA GROSSA, Ponta Grossa, 2015.

Neto VPC (2016) **Nodulação e fixação biológica de nitrogênio em feijão-fava inoculado com rizóbios isolados de solos da microrregião do médio parnaíba piauiense**. 59 f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Piauí, Teresina.

Oliveira AES, Simeão M, Mousinho FEP, Gomes RLF (2014) Desenvolvimento do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) sob déficit hídrico cultivado em ambiente protegido. **HOLOS** 1:1-9.

Oliveira FD, Torres SB, Bebedito CP (2011) Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava, em mossoró, RN. **Revista Caatinga** 24:143-148.

Pires CJ, Costa MF, Zucchi MI, Ferreira-Gomes RL, Pinheiro JB, Viana JPG, Lopes ÁCA (2022) Genetic diversity in accessions of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) determined from agro-morphological descriptors and SSR markers for use in breeding programs in Brazil. **Genetic Resources and Crop Evolution** 69:973-986.

Pinheiro DT, Capobianco NP, Medeiros ADD, Caiafa KF, Dias DCFDS, Pinheiro AL (2020) Avaliação da qualidade física e fisiológica de sementes de *Piptadenia gonoacantha* (mart.) jf macbr. utilizando análise de imagens. **Revista Árvore**, 44:e4426.

Pereira MD, Reis JAD, Ferrari CDS, Vale AMPG (2020) Processamento digital de imagens de plântulas na avaliação do vigor de sementes de *Moringa oleifera* Lam. **Ciência Florestal** 30:291-306.

Purwanti E, Fauzi A (2019) The morphological characteristics of *Phaseolus lunatus* L. in different areas of East Java, Indonesia. In: **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**. IOP Publishing 276:012017.

Parra Filho ACM, Norder LAC, Jovchelevich P, Kinjo S (2018) A convencionalização na produção de sementes na agricultura orgânica brasileira. **Revista de Economia e Sociologia Rural** 56:565-582.

Pegado CMA, Barbosa LJN, Mendes JEMFM, Souto PC, Souto JS (2008) Decomposição superficial e sub superficial de folhas de fava (*Phaseolus lunatus* L.) na região do Brejo da Paraíba, Brasil. **Revista Caatinga** 21:218-223.

Sandrine MAD, Kevin KK, Clémence KL (2020) Preliminary Diversity Assessment of Lima Beans (*Phaseolus lunatus*) Cultivated in Côte D'Ivoire. **American Journal of Plant Sciences** 11:2059-2065.

Souza J, Rodrigues LN, Souza J, Sales L, Nascimento N (2016) Caracterização morfoagronômica de feijão fava. In: **3º Congresso técnico científico da Engenharia e da Agronomia** 73:1-5.

Silva, MH, Elias AR, Rosário LL (2022) Análise da cultura da soja a partir de índices de vegetação (ExG–GLI–TGI–VEG) advindos de imagens RGB obtidas com ARP. **Revista Brasileira de Geomática** 10:140-154.

Silva RNO, Lopes ACA, Gomes, RLF, Pádua, JG, Burle ML (2019) High diversity of cultivated lima beans (*Phaseolus lunatus*) in Brazil consisting of one Andean and two Mesoamerican groups with strong introgression between the gene pools. **Genetics and Molecular Research** 18:gmr18441.

Silva, RNO (2015) **Estudos genéticos em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) visando o melhoramento genético da cultura**. 98 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2015.

Silva KJD, Lpoes ACA, Gomes RLF, Sousa FM, Rocha MM. Recursos genéticos. In: Lopes ACA, Gomes RLF, Araújo ASF (2010) **A cultura do Feijão-fava no Meio-Norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI, p.9-44.

Ribeiro BG, Abraão CP, Nery MC, Nascimento RM, Rezende JC, Fialho CMT (2016) Análise de imagens de sementes de café submetidas ao Teste LERCAFÉ. **Acta Scientiarum Agronomy** 38:355-361.

Veroniki AA, Jackson D, Viechtbauer W, Bender R, Bowden J, Knapp G, Salanti G (2016) Methods to estimate the between-study variance and its uncertainty in meta-analysis. **Research synthesis methods**, 7:55-79.

Wang Y, Xu J, Deng D, Ding H, Bian Y, Yin Z, Zhao Y (2016) A comprehensive meta-analysis of plant morphology, yield, stay-green, and virus disease resistance QTL in maize (*Zea mays* L.). **Planta** 243:459-471.

CAPÍTULO 2 – Caracteres morfoagronômicos em *Phaseolus lunatus* L.: revisão sistemática e meta-análise como ferramenta na seleção de genótipos.

RESUMO - Esse trabalho foi realizado com o objetivo de estimar os efeitos combinados dos dados, por meio de estatística meta-analítica, para gerar resultados precisos quanto aos valores médios reais de características morfoagronômicas de *P. lunatus*. Foi realizada uma análise exploratória do conjunto de dados para avaliar a normalidade, principais parâmetros da estatística descritiva, plotagem de gráfico box-plot e quantil-quantil. Foram selecionados, mediante revisão sistemática, sete trabalhos que atenderam aos critérios exigidos, os quais reuniram um total de 104 genótipos conduzidos em 10 ambientes distintos. As características morfoagronômicas selecionadas foram: comprimento, largura de vagem, número de sementes por vagem, produtividade de grãos e peso de 100 sementes. Das características avaliadas a variável largura de vagem não apresentou *outliers*, nos demais foi necessário removê-los. Em todas as características avaliadas, os dados exibiram distribuição normal e o quantil-quantil expressou ausência de vício de publicação, tendo entre -1 e 1: 71,07%, 72,12%, 73,93%, 71,83% e 71,30% das estimativas, respectivamente. Os valores de Q foram altos para a maior parte das características, com exceção do número de sementes por vagem. Os estudos não são homogêneos, justificando a adoção do modelo de efeito aleatório e descartando-se o de efeito fixo na análise de dados. Com relação a proporção da variação total devido à heterogeneidade, notou-se para a produtividade de grãos maior porcentagem (99,92%) e número de sementes por vagem a menor (0,00%). As estimativas combinadas das variáveis comprimento de vagem, largura de vagem, número de sementes por vagem, produtividade de grãos e peso de 100 sementes foram 69,80mm, 16,29mm, 2,69, 395,97kg/ha e 48,61g, respectivamente. Diante das similaridades das médias (estimativa e aritmética), infere-se que os valores obtidos pela meta-análise foram precisos, pois não houve grandes divergências entre as médias. Assim, essas informações podem ser utilizadas como valores comparativos em programas de melhoramento. Portanto, a meta-análise é uma metodologia adequada para gerar valores médios para variáveis de interesse agrônomo na cultura da fava, sendo a produtividade o de maior amplitude de variação, o que tende a proporcionar maiores progressos genéticos no processo de melhoramento da cultura.

Palavras-chave: feijão-fava, estudo meta-analítico, análise de dados, modelos de efeito combinado, melhoramento vegetal

CHAPTER 2 - Morphoagronomic characters in *Phaseolus lunatus* L.: review and meta-analysis as a tool in genotype selection

ABSTRACT – This work was carried out to estimate the combined effects of the data through meta-analytical statistics to generate more accurate results regarding the actual mean values of morphoagronomic characteristics of *P. lunatus*. An exploratory analysis of the data set to evaluate normality, main parameters of descriptive statistics, box-plot, and quantile chart plotting. Seven studies were selected that met the required criteria through a systematic review, which gathered 104 genotypes conducted in 10 different environments. The morphoagronomic characteristics of *P. lunatus* selected were: pod length, pod width, number of seeds per pod, grain yield, and weight of 100 seeds. Of the evaluated characteristics, the variable pod width did not present outliers. In the other patients, it was necessary to remove them. The data showed normal distribution in all traits evaluated, and the quantile-quantile graph expressed no publication bias, having between -1 and 1: 71.07%, 72.12%, 73.93%, 71.83%, and 71.30% of the estimates, respectively. Q values were high for most characteristics, except for the number of seeds per pod, it was inferred that the studies are not homogeneous, justifying the adoption of the random effect model and discarding the fixed effect in the data analysis. Regarding the proportion of the total variation due to heterogeneity, it was observed that grain yield was a higher percentage (99.92%) and the number of seeds per pod the lowest (0.00%). The combined estimates of the variables pod length, pod width, number of seeds per pod, grain yield, and weight of 100 seeds were 69.80mm, 16.29mm, 2.69, 395.97kg/ha, and 48.61g, respectively. Given the similarities of the means (estimation and arithmetic), it is inferable that the values obtained by the meta-analysis were accurate because there were no significant divergences between the means, since this information can be used as comparative values in breeding programs. Therefore, the meta-analysis is an adequate methodology to generate average values for agronomic interest variables in the fava culture. Productivity is the one with the most significant amplitude of variation, which tends to provide more remarkable genetic progress in crop improvement.

Keywords: lima bean, meta-analytical study, data analysis, combined effect models, plant breeding

1. Introdução

Phaseolus lunatus conhecida como feijão-fava, feijão de lima ou somente fava, é uma hortaliça nutritiva, cultivada e consumida em várias partes do mundo. Essa leguminosa desempenha um papel importante na dieta humana, visto que é uma fonte rica em proteínas, ferro, manganês, fósforo, isoleucina, triptofano, valina, vitaminas do complexo B, vitamina C e vitamina K (Khan et al., 2018). Além disso, possui elevada tolerância a condições adversas como altas temperaturas e períodos de estiagem mais prolongados, apresentando melhor desempenho agrônomo relação ao feijão comum, nessas condições edafoclimáticas (Santos et al., 2021).

O feijão-fava é a segunda leguminosa de maior importância do gênero *Phaseolus*, sendo uma espécie economicamente significativa, visto que está entre as 12 leguminosas mais utilizadas no mundo (Ogechukwu e Ikehukwu, 2017). No entanto, apesar da sua importância econômica, ainda são escassos na literatura trabalhos voltados para o melhoramento genético.

Estudos que tem por finalidade, o melhoramento genético de espécies agrônomicas requer grande quantidade de tempo para obtenção de plantas com características desejáveis, sendo essencial o uso de técnicas que busquem otimizar o uso das informações disponibilizadas na literatura. A capacidade de estabelecer diagnósticos precisos, a partir de realidades conhecidas e utilizar adequadamente os bancos de informações, é uma perspectiva promissora e vem sendo adotada por pesquisadores (Lovatto et al., 2006).

Os resultados dessas avaliações podem servir como direcionamento para a tomada de decisão sobre as melhores ações a serem praticadas (Canellas, 2015). Além disso, podem apontar áreas, nas quais não há evidência suficiente que comprove a eficácia de alguma intervenção ou identificar falhas metodológicas nos estudos disponíveis. Assim, orientam pesquisas futuras evitando gastos desnecessários além de aumentar a eficiência dos estudos (Costa, 2018).

Uma alternativa para isso é a meta-análise, uma ferramenta estatística que combinada com uma revisão sistemática, permite sintetizar um grande volume de informações relevantes para facilitar na tomada de decisão (Glass,

1976). A técnica consiste em unir diferentes estudos em um mesmo banco de dados, que posteriormente é submetido à análise estatística a fim de explicar a variância dos resultados utilizando fatores comuns aos estudos (Roscoe e Jenkins, 2005). Por sintetizar uma determinada quantidade de conclusões num campo de pesquisa específico, a meta-análise tem a vantagem de elevar a objetividade das revisões de literatura, minimizar possíveis vieses, além de permitir que novas conclusões sejam tomadas, diferentes daquelas que podem ser feitas analisando trabalhos isolados (Fisher, 2015; Toler et al., 2019).

No âmbito agrícola, o número de meta-análises publicadas tem aumentado substancialmente (Carvalho et al., 2012; Peluco, 2016; Martins, 2017; Vilela, 2017; Costa, 2018; Oliveira, 2018). Isso é consequência dos benefícios da técnica para os estudos na área agrícola (Carvalho et al., 2012), visto que a sua aplicação reduz custos e tempo com experimentação agronômica, além de aumentar a eficiência dos estudos (Costa, 2018). Em programas de melhoramento de plantas, a meta-análise pode ser empregada na análise combinada de dados experimentais específicos e restritos, pois contribui para uma maior precisão das avaliações dos efeitos do tratamento e ajudam a consolidar resultados isolados (Eloy et al., 2018), principalmente com culturas pouco estudadas, como é o caso do feijão-fava.

Portanto, a compilação desses estudos, mediante revisão sistemática e validação estatística por meio de meta-análise, é uma alternativa interessante para a compreensão da diversidade genética envolvendo *P. lunatus*. Diante disso, o objetivo deste estudo foi estimar os efeitos combinados dos dados, por meio de estatística meta-analítica, para gerar resultados precisos quanto aos valores médios reais de características morfoagronômicas de *P. lunatus*.

2. Material e Métodos

2.1. Revisão sistemática: compilação e estruturação do banco de dados

Para a seleção dos artigos utilizados na composição do banco de dados, foi realizada revisão sistemática de trabalhos científicos nas plataformas “Periódico CAPES”, Scopus, Scielo e “Google Acadêmico” entre os anos de 2002 a 2022. Todas as consultas foram realizadas até julho de 2022, sendo

aplicado o uso das palavras-chave “Caracterização morfoagronômica”, “Caracterização agronômica”, “Morfometria”, “Melhoramento genético”, “Diversidade genética”, “*Phaseolus lunatus* L.”, “Fava”, “Feijão-fava”, “Feijão de lima” e em inglês com as palavras “morphoagronomic characterization”, “agronomic characterization”, “Morphometry”, “Breeding Fava”, “Genetic diversity”, “*Phaseolus lunatus* L.”, “Fava”, “Fava beans”, “Lima beans”. Avaliou-se os estudos que continham estas palavras-chave em qualquer parte do texto.

A pesquisa nas plataformas resultou num total de 183 publicações, descartando-se aquelas que não tratavam de melhoramento vegetal. Em seguida, 51 foram qualificadas para passar pelos filtros de seleção (Figura 1).

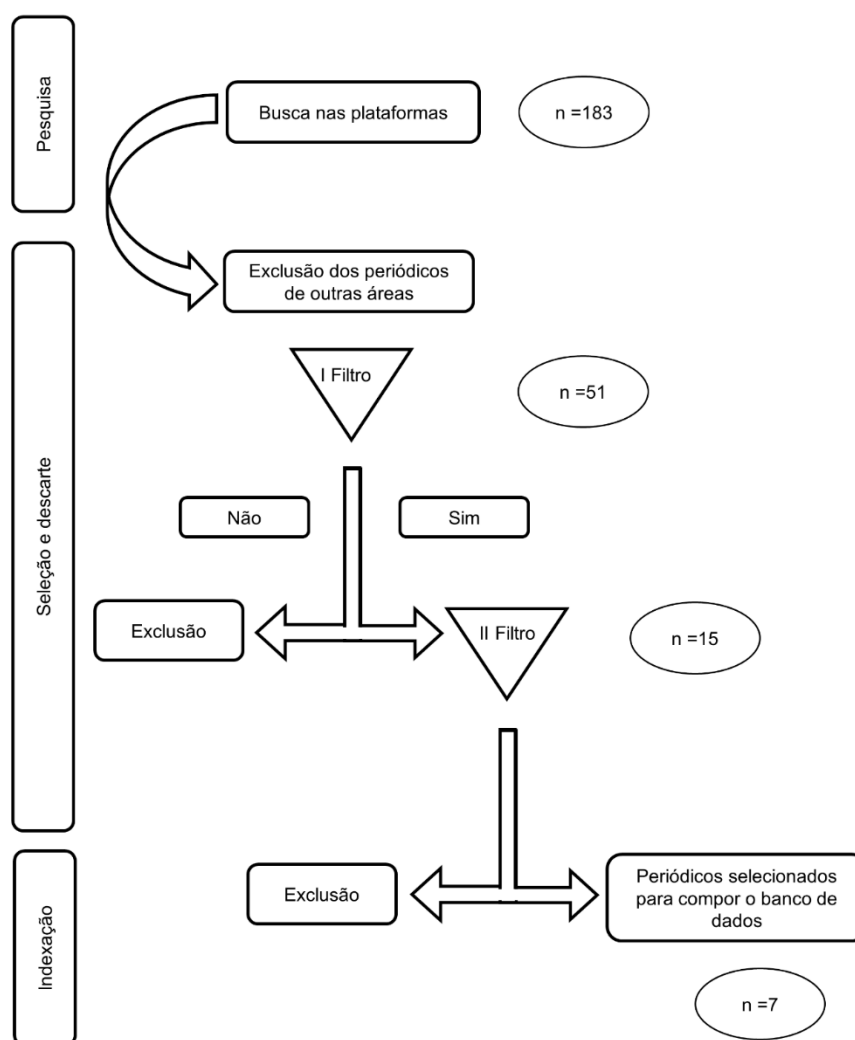


Figura 1. Fluxograma do processo de seleção dos artigos encontrados com uso das palavras-chave em busca sistemática de trabalhos científicos nas plataformas de pesquisas para composição do banco de dados.

No primeiro filtro foram excluídos todos os artigos que continham as seguintes condições: estudo realizado em casa de vegetação, consórcio, condições de estresse, resposta a tratamentos como adubação, exposição a patógenos, pragas, entre outros. No segundo filtro foram selecionadas todas as publicações que tinham o maior número de variáveis em comum entre os trabalhos de melhoramento de feijão-fava, para compor o banco de dados.

Ao fim da seleção, um total de sete publicações foram reunidas, sendo estas indexadas ao banco de dados, em planilha eletrônica. O conjunto de dados reunidos contém informações referentes a cinco características morfoagronômicas: comprimento de vagem (CV), largura de vagem (LV), número de sementes por vagem (NSV), produtividade de grãos (PD) e peso de 100 sementes (PCS) de 104 genótipos de *P. lunatus*, conduzidos em 10 ambientes distintos (Tabela 1).

Tabela 1. Estudos indexados no banco de dados por meio de busca e seleção nas plataformas de pesquisa.

Referência	Natureza da publicação	Fonte	Local do estudo
Assunção Neto et al. (2022)	Artigo científico	Revista Caatinga	São Domingos -MA; Teresina – PI; Bom Jesus – PI; Tanguá - CE
Silva et al., (2019)	Artigo científico	Revista de Ciências Agrárias	Areia - PB
Gonçalves et al., (2019)	Artigo científico	Revista Caatinga	Teresina - PI
Oliveira et al., (2011)	Artigo científico	Revista Caatinga	Mossoró - RN
Akande e Balogun, 2007	Artigo científico	Revista Científica UDO Agrícola	Lle-lfe -Nigéria
Guimarães et al., (2007)	Artigo científico	Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental	Recife - PE
Santos et al., 2002	Artigo científico	Pesquisa Agropecuária Brasileira	Bananeiras - PB

2.2. Procedimento estatístico da meta-análise

Inicialmente foi feita uma análise exploratória do conjunto de dados dentro de cada variável para avaliar a normalidade, principais parâmetros da estatística descritiva, plotagem de gráfico box-plot e quantil-quantil, para verificação de *outliers* e vício de publicação, respectivamente (Larson e Farber, 2016).

Após as análises iniciais foi verificada a heterogeneidade da meta-análise, mediante teste Q proposto por Cochran (1954), dado por:

$$Q = \sum_{j=1}^J W_j (Y_j - \theta_m)^2$$

Onde:

W_j é o peso do estudo j

Y_j é a medida de efeito do estudo j

θ_m é a estimativa para a medida meta-analítica.

Para quantificar a proporção da variação total devida à heterogeneidade foi utilizado a estatística I^2 (Higgins e Thompson, 2002). Esta é obtida por meio da estatística Q do teste de Cochran e do número J de estudos envolvidos na meta-análise e dada por:

$$I^2 = \frac{Q - (J-1)}{Q} \times 100\%$$

Em seguida foram testados modelos de efeito combinado, modelos de efeitos fixos e efeitos aleatórios, para verificar qual o mais apropriado para a estimativa meta-analítica do banco de dados.

Os modelos de efeitos fixos têm por finalidade avaliar a estimativa combinada θ_m , ou seja, em um estudo meta-analítico, formado por um determinado número (n) de experimentos, sua medida de efeito para o j -ésimo estudo é dada por θ_j , responsável por resumir os resultados do número de experimentos envolvidos (Borenstein, 2022). O modelo de efeitos fixos é dado por:

$$\theta_j = \theta_m + \varepsilon_j$$

Sendo:

$j = 1, 2, \dots, n$;

ε_j : são os resíduos do modelo, com distribuição normal, média zero e variância σ^2_j .

Os modelos de efeitos aleatórios abordam o tamanho do efeito real dos estudos abrangidos na meta-análise, como uma amostra aleatória da distribuição do tamanho do efeito populacional. Assim, cada grupo contribui com um efeito diferente (Borenstein, 2022). O modelo de efeitos aleatórios é dado é descrito da seguinte forma:

$$\theta_j = \theta_m + \delta_j + \varepsilon_j$$

Sendo:

δ_j : são os efeitos aleatórios

ε_j : são os resíduos, com $j = 1, 2, \dots, k$.

Os softwares Genes (Cruz, 2016) e R (Versão 4.1.3) foram utilizados para auxiliar nas análises.

3. Resultados e Discussão

Ao realizar a análise exploratória para remoção dos *outliers*, antes da meta-análise, observou-se que somente a variável largura de vagem não apresentou valores discrepantes (Figura 2A). Esses *outliers* foram retirados, pois acarretam maiores erros nos resíduos, visto que é uma observação que está em uma distância atípica dos demais valores da amostra aleatória da população (Larson e Farber, 2016). A presença desse tipo de dado pode mascarar resultados relevantes e distorcer as inferências finais (Auer et al., 2016).

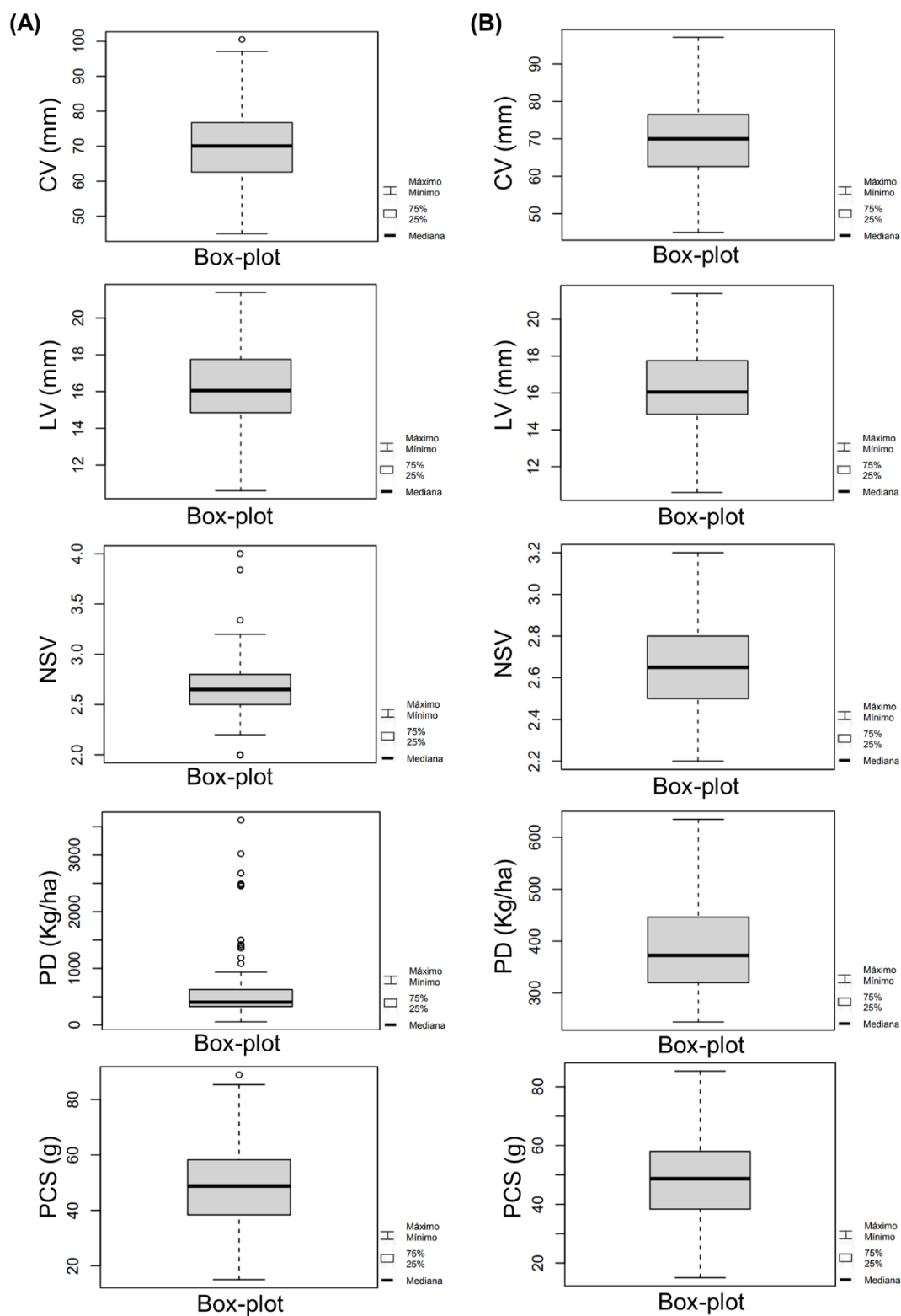


Figura 2. A - Box-plot dos dados originais das variáveis comprimento de vagem (CV), largura de vagem (LV), número de sementes por vagem (NSV), produtividade de grãos (PD) e peso de 100 sementes (PCS). B - Box-plot das variáveis excluindo os *outliers*.

Nota-se que a variável produtividade de grãos apresentou a maior amplitude de valores dentre as demais características morfo-agronômicas, principalmente no conjunto de dados incluindo *outliers*, enquanto o comprimento de vagem não apresentou valores discrepantes, ou seja, ausência de *outliers* (Figura 2A). Portanto, há uma alta variabilidade genética entre as variedades, quanto a produtividade de grãos. Assim, há um potencial para seleção de materiais mais produtivos, o que é de bastante interessante para os programas de melhoramento vegetal. Ao remover os *outliers*, as respectivas amplitudes das estimativas diminuíram consideravelmente (Figura 2B), eliminando possíveis vieses.

Nota-se que a exclusão dos *outliers* da variável produtividade de grãos, reduziu a amplitude de variação em cerca 80% (Figura 1). Entretanto, sem os *outliers*, o banco de dados continuou representativo para todas as características selecionadas, devido a amplitude dos valores e a quantidade de genótipos reunidos (Silva et al., 2015; Medeiros et al., 2016; Soares, 2019; Penha, 2018; Costa et al., 2022). Isso demonstra que há uma grande variabilidade genética entre os genótipos estudados, sendo assim, faz-se necessário o uso de meta-análises para determinar as estimativas das variáveis combinadas.

Costa et al. (2022) trabalhando com arroz (*Oryza sativa* L.) encontrou outliers na revisão de estimativas de herdabilidade, coeficiente de variação e média para produtividade de grãos, altura de planta e dias para floração. Entretanto, Custódio et al. (2012) e Carvalho et al. (2012) em estudos com café *Coffea canéfora* e *Coffea arabica* L., respectivamente, não acharam outliers na revisão de estimativas de herdabilidade para diversas características estudadas, logo, não foi preciso realizar a exclusão de dados discrepantes das análises.

Para as características, CV(a), LV (b), NSV (c), PD (d) e PCS (e), no gráfico de quantil-quantil obtiveram entre os intervalos de -1 e 1: 71,07%, 72,12%, 73,93%, 71,83% e 71,30% das estimativas, respectivamente, sendo os pontos distribuídos ao longo da reta que passa pela origem.

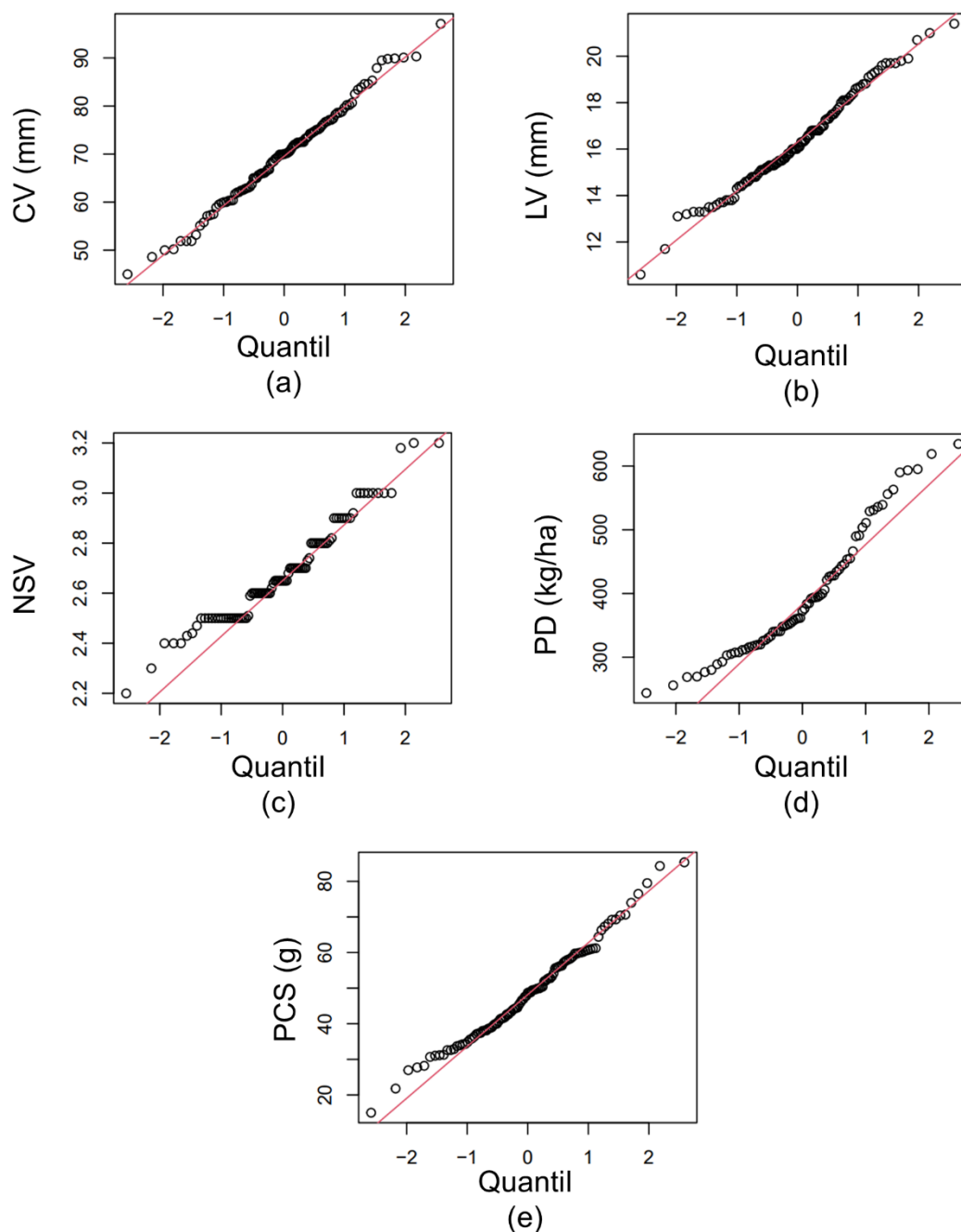


Figura 3. Quantil-quantil das variáveis: (a) comprimento de vagem (CV), (b) largura de vagem (LV), (c) número de sementes por vagem (NSV), (d) produtividade de grãos (PD) e (e) peso de 100 sementes (PSC).

Em face do exposto é possível afirmar que os dados não apresentaram vício de publicação. A ausência do vício é considerada quando os pontos se distribuem ao longo da reta que passa pela origem e cerca de 68% deles estão entre 1 e -1 (Wang e Bushman, 1999).

A independência entre as variáveis aleatórias é uma condição para a análise, visto que os dados são oriundos de experimentos distintos. Os valores de CV, LV, NSV, PD e PCS não rejeitaram a hipótese nula do teste de Shapiro Wilk e Kolmogorov-Smirnov (D), indicando que possuem uma distribuição de probabilidades normal dos seus dados (Tabela 2).

Tabela 2. Valores das estatísticas dos testes de Shapiro-Wilk (W) e Kolmogorov-Smirnov (D) para normalidade, heterogeneidade (Q), heterogeneidade em porcentagem (I^2) e a variabilidade de amostragem (H^2). Comprimento de vagem (CV), largura de vagem (LV), número de sementes por vagem (NSV), produtividade de grãos (PG) e peso de 100 sementes (PCS).

Variáveis	W	D	Q	(I^2)	(H^2)
CV	0,99	1	3940.11	97.13	34.86
LV	0,98	1	702.09	91.78	12.17
NSV	0.96	0.99	20.32	0.00	1.00
PG	0.93	1	83531.26	99.92	1183.50
PCS	0.99	1	5219.61	97.89	47.42

A meta-análise de efeitos combinados obtêm a estimativa combinada das variáveis, mediante o conjunto de dados formados por diversos estudos, os quais não possuem relação cronológica. No entanto, foram executados em condições comuns de experimentação para a cultura de interesse (Costa et al., 2022). Desta forma, no decorrer da revisão sistemática foi levado em consideração a diferença dos valores adquiridos relacionados a uma medida de precisão que reflita as condições experimentais, delineamentos utilizados, dimensionamento do experimento, dentre outros.

Os resultados de Q foram altos para quase todas as características CV, LV, PD e PCS, inclusive NSV, mesmo apresentando o menor valor (Tabela 1). Diante disso, assume-se que as características não são homogêneas e que existe variação entre elas (Borenstein, 2022). Desta forma, justifica-se a utilização das estimativas combinadas adotando o modelo de efeito aleatório, sendo descartada a necessidade da utilização do modelo de efeito fixo.

É importante salientar que no modelo de efeito fixo presume-se que há homogeneidade entre as estimativas dos parâmetros. Esse modelo é apropriado quando o efeito de tratamento é idêntico entre os estudos, visto que a sua finalidade é avaliar um efeito de tratamento para uma população

específica, não estendendo para outras populações (Rodrigues e Ziegelmann, 2010).

Em contrapartida, o modelo de efeito aleatório considera que existe variabilidade entre as estimativas. Esse modelo é indicado para ser aplicado quando há a combinação de vários estudos que possuem a mesma finalidade, porém foram realizados de maneira independente. Desse modo, é possível estender para outras populações, devido a isso a análise torna-se mais abrangente (Roever, 2020).

Com relação a proporção da variação total devido à heterogeneidade (I^2), observa-se que PD obteve a maior porcentagem (99,92%) e NSV a menor (0,00%). Essa medida é responsável por quantificar a proporção de variância observada que reflete diferenças reais no tamanho do efeito, sendo expressa numa porcentagem com um intervalo de 0 a 100% (Estrela, 2018).

No melhoramento vegetal há poucos estudos referentes à meta-análise, devido a isso ainda não foi estabelecida uma escala para I^2 na área. Entretanto, para trabalhos na área da medicina, sugere-se que valores próximos a 0% não são heterogêneos, como pode ser observado na variável NSV. No caso de valores próximos ou acima de 75% indica uma alta heterogeneidade entre os estudos, fato observado para as demais variáveis (CV, LV, PD e PCS) (Higgins e Thompson, 2002).

Em trabalhos realizados com as culturas do café (Custódio et al., 2012; Carvalho et al., 2012) e do arroz (Costa et al., 2022) para avaliar as estimativas combinadas de efeito aleatório quanto a proporção da variação total devida à heterogeneidade (I^2) e a variabilidade total sobre a variabilidade de amostragem (H^2). Assim, observou-se que a característica produtividade apresentou a maior heterogeneidade, dentre as demais avaliadas. Isso corrobora com os resultados encontrados neste trabalho onde os valores de PD tiveram a maior heterogeneidade para I^2 (99,90%) e H^2 (1.183,50).

Essa elevada heterogeneidade, na maior parte das características, pode ser explicada pela grande diversidade geno-fenotípica da espécie. Em trabalho desenvolvido a partir de DNA cloroplastídico de 109 acessos de feijão-fava, identificou-se a formação de dois grandes centros de domesticação. O germoplasma andino, localizado no Equador e região norte do Peru, com variedades que apresentam sementes grandes e adaptadas a elevadas

altitudes; e o germoplasma mesoamericano, tendo como abrangência o centro-oeste do México a Honduras, com variedades que possuem sementes pequenas em locais com baixas altitudes (Motta-Aldana et al., 2010).

Essa variação das características morfoagronômicas e sua relação com a distribuição geográfica do germoplasma de feijão-fava, também é confirmada por pesquisa realizada com 262 acessos em que se utilizou DNA de cloroplasto (Andrueza-Noh et al. 2013). Portanto, justifica-se os valores de heterogeneidade serem bastantes elevados, visto que essas características são diretamente influenciadas pelas condições edafoclimáticas, genética e morfofisiológica das variedades, tais como ciclo de desenvolvimento (anual, bianual ou perene) e hábito de crescimento (Souza et al., 2019; Lopes et al., 2015).

As estimativas combinadas das variáveis (t^2) (Figura 4A) comprimento de vagem (69,80 mm), largura de vagem (16,29 mm), número de sementes por vagem (2,69), produtividade de grãos (395,97 kg/ha) e peso de 100 sementes (48,61 g), foram semelhantes as obtidas pela média aritmética: 69,84 mm, 16,31 mm, 2,68, 395,97 kg/ha e 48,65g, respectivamente.

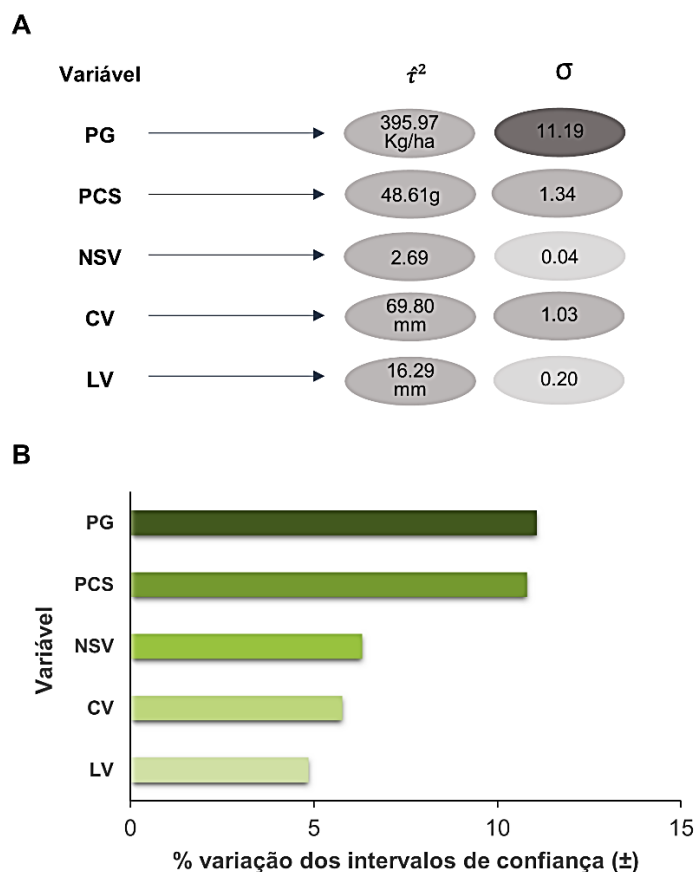


Figura 4. A - Estimativas combinadas das variáveis (t^2) e o desvio padrão (σ). B – Variação dos Intervalos de confiança (95%), em proporção. Comprimento de vagem (CV), largura de vagem (LV), número de sementes por vagem (NSV), produtividade de grãos (PG) e peso de 100 sementes (PCS).

Conforme os resultados observados anteriormente, é possível inferir que a similaridade das médias (estimativa e aritmética) demonstram que os valores obtidos na meta-análise são precisos, visto que não houve grandes divergências entre as médias (Borenstein, 2022). Este resultado é importante, pois contribui para evitar vieses e, assim averiguar se a metodologia e a execução da análise foram adequadas. Deste modo, é possível afirmar que a utilização do gráfico Box-Plot, quantil-quantil e de testes de normalidade (Shapiro-Wilk e Kolmogorov-Smirnov) são indispensáveis para este tipo de análise, pois garantem uma melhor representação do conjunto de dados.

Os resultados obtidos com as estimativas combinadas das variáveis são uma síntese, altamente representativa, dos valores presentes no banco de dados produzido mediante revisão sistemática. Essas informações podem ser

utilizadas como valores comparativos em programas de melhoramento de *P. lunatus*, para seleção de variedades mais produtivas, visto que há poucos matérias comerciais para empregar como comparativo (Assunção Neto et al., 2022; Gonçalves et al., 2020; Souza et al., 2019).

Conforme dados do IBGE - SIDRA (2021), nos últimos 19 anos (2002-2021), a produtividade média de grão de feijão-fava no Brasil foi em torno de 359,9 Kg/ha. Este valor médio, quando comparado ao obtido mediante uso da meta-análise (395.97 kg/ha), apresenta resultado aproximado. Portanto, infere-se que essa ferramenta estatística auxilia o melhorista na obtenção de informações comparativas que possam nortear no momento da tomada de decisão sobre as melhores alternativas a serem adotadas.

Diante disso, é possível apontar quais as atividades desenvolvidas que não tem evidência o suficiente, que comprovem a eficácia de um determinado tratamento. Além do mais, também contribui para a identificação de falhas metodológicas na pesquisa. Isso, permite às pesquisas futuras evitar trabalhos onerosos e aumentar a eficiência dos seus estudos (Roever, 2020; Costa et al., 2018).

O desvio padrão das estimativas foram baixos, inclusive para a característica PD, a qual frequentemente apresenta valores elevados (Akande e Balogun, 2007; Gonçalves et al., 2020; Silva et al., 2019). Assim, a estimativa obtida pela meta-análise é precisa e retrata bem o valor médio dos genótipos em relação aos estudos avaliados. Esse fato ocorre, principalmente, devido ao aumento do número de eventos, que eleva o poder estatístico e pela possibilidade de analisar a variabilidade entre os trabalhos, o que não acontece quando realizado somente com a média dos resultados publicados (Weir et al., 2018).

Os limites dos intervalos de confiança (95%) calculados para cada variável foram: CV $69,80 \pm 2,02$; LV $16,29 \pm 0,4$; NSV $2,69 \pm 0,09$; PD $395,97 \pm 21,93$ e PCS $48,61 \pm 2,62$. Esses resultados apontam que as características com as maiores porcentagens quanto a amplitude de valores dos intervalos de confiança foram PD e PSC, respectivamente, enquanto que NSV, CV e LV obtiveram as menores amplitudes (Figura 4B).

Diante disso, nota-se que as características de maior amplitude devem receber maior atenção durante a seleção de genótipos, visto que apresentam

uma maior variação. Isso permite que a diversidade genética seja melhor explorada em programas de melhoramento de *P. lunatus*, principalmente a produtividade de grãos que apresentou alta variação entre as variedades. Entretanto, essa variável quando comparada com a média (Kg/ha) de outras espécies de feijão, como o feijão comum (*P. vulgaris*), é considerada baixíssima (Mambrin et al., 2015; Dique, 2019), sendo assim, faz-se necessário mais trabalhos voltados para o melhoramento da cultura.

4. Conclusão

Por meio da revisão sistemática gerou-se um banco de dados representativo. Por meio de estatística meta-analítica, obteve-se resultados que retratam de forma precisa os valores médios real das características morfoagronômicas selecionadas para a espécie *P. lunatus*.

A produtividade de grãos, o peso de 100 sementes e o comprimento de vagem apresentaram melhor ajuste com a análise, visto que obtiveram as maiores variações dos valores, sendo a produtividade de grãos a variável que apresenta maior potencial de ganho com seleção. Entretanto, é importante destacar que cada caractere deve ser analisado de forma singular, com conhecimentos prévios quanto ao estudo realizado, a fim de evitar interpretações enviesadas.

Além disso, é necessário que mais trabalhos voltados para este tipo de análise sejam desenvolvidos para composição de um banco de dados adequado e que venha a ser utilizado como base comparativa entre os programas de melhoramento genético vegetal.

5. Referências

Assunção Neto WVD, Medeiros AM, Carvalho LCB, Ferreira CDS, Lopes ACDA, Gomes RLF (2022) Selection of landraces of lima bean for family agriculture. **Revista Caatinga** 35:137-147.

Auer P, Reiner A, Leal S (2016) The effect of phenotypic outliers and non-normality on rare-variant association testing. **European Journal of Human Genetics** 24:1188-1194.

Andueza-noh RH, Serrano-serrano MI, Chacón-sánchez MJ, Sánchez del pino I, Camacho-pérez I, Coello-coello J, Mijangos corte J, Debouck DG, 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** 60:1069-1086.

Akande SR, Balogun MO (2007) Evaluation and heritability studies of local Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) cultivars from south-west Nigeria. **Revista Científica UDO Agrícola** 7:22–28.

Borenstein, M (2002) Comprehensive meta-analysis software. **Systematic Reviews in Health Research: Meta-Analysis in Context**, 535-548 p.

Bussab WO, Morettin PA (2017) **Estatística Básica**. Saraiva, São Paulo, 9ed.

Costa WGD, Oliveira, ABD, Cruz CD, Rosado RDS, Soares PC (2020) Dynamics, diversity and experimental precision in final irrigated rice testing: a time meta-analysis. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 4:e30032042-10.

Carvalho SP, Custódio TN, Baliza DP, Rezende TT (2012) Meta-análise para estimativas de herdabilidade de caracteres vegetativos e reprodutivos de *Coffea arabica* L. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, 33:1291-1298.

Cochran WG (1954) The combination of estimates from different experiments. **Biometrics**, 10:101-129.

Dique J (2019) **Potencial de linhagens e populações de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) de grãos especiais**. 37 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2019.

Estrela C (2018) **Metodologia científica: ciência, ensino, pesquisa**. Artes Médicas.

Gonçalves GDMC, Gonçalves MDMC, Medeiros AM, Lopes ÂCDA, Gomes RLF (2020) Genetic dissimilarities between fava bean accessions using morphoagronomic characters. **Revista Caatinga** 32:1125-1132.

Guimarães WN, Martins LS, Silva EFD, Ferraz GDM, Oliveira FJD (2007) Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental* 11:37-45.

Higgins JPT, Thompson SG. Quantifying heterogeneity in a meta- analysis. **Statistics in medicine** 21:1539-1558.

IBGE – INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Produção Agrícola Municipal - Sidra/IBGE**. Rio de Janeiro: IBGE, 2021. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612>. Acesso em: 20 dez. 2022.

Khan W U, Yasin N A, Ahmad S R, Ali A, Ahmad A, Akram W, Faisal M (2018) Role of *Burkholderia cepacia* CS8 in Cd-stress alleviation and phytoremediation by *Catharanthus roseus*. **International journal of phytoremediation** 20:581-592.

Larson R, Farber B (2016) **Estatística Aplicada**. 6. ed. São Paulo: Pearson. 221p.

Medeiros VSS, Almeida LA, Paula AC, Marini FS, Arriel NH (2016) Caracterização morfoagronômica de fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Cadernos de Agroecologia** 10.

Mambrin RB, Ribeiro ND, Storck L, Domingues LDS, Barkert KA (2015) Seleção de linhagens de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) baseada em caracteres morfológicos, fenológicos e de produção. **Revista de Agricultura** 90:141-155.

Motta-aldana J, Serrano-serrano ML, Torres HJ, Villamizar CG, Debouck GD, Chacón MI (2010) Multiple origins of lima bean landraces in the Americas: evidence from chloroplast and nuclear DNA polymorphisms. **Crop Science** 50:1773–1787.

Ogechukwu CO, Ikechukwu JO (2017) Effect of heat processing treatments on the chemical composition and functional properties of lima bean (*Phaseolus lunatus*) flour. **American Journal of Food Sciences and Nutrition** 1:14-24.

Oliveira FN, Torres SB, Benedito CP (2011) Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava, em Mossoró, RN. **Revista Caatinga** 24:143–148.

Penha J (2018) **Diversidade genética, domesticação e plasticidade fenotípica de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.)**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, University of São Paulo, Piracicaba, 2018.

Roever L (2020) **Guia prático de revisão sistemática e metanálise**. Rio de Janeiro, RJ: Thieme Revinter.

Roever L (2017) Compreendendo os estudos de revisão sistemática. **Revista da Sociedade Brasileira de Clínica Médica** 15:127-130.

Rodrigues C L, Ziegelmann P K (2010) Metanálise: um guia prático. **Revista HCPA** 30:435-447.

Santos CM, Moraes Nunes B, Gastl Filho J, Silva A A (2021) Qualidade fisiológica de sementes crioulas de milho e feijão de pequenos agricultores de Ituiutaba-MG. **Research, Society and Development** 10:e47101320857.

Souza TP, Abboud ACS, Dias A, Silva BS (2019) Divergência genética e caracterização agrônômica de 14 acessos de feijão-fava. **Revista de Ciências Agroambientais** 17:57-65.

Soares V (2019) **Avaliação da resistência à antracnose em etnovariedades de *Phaseolus lunatus* L.** 132 f. Dissertação (Mestrado em Proteção de Plantas) – Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Proteção de Plantas - Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, 2019.

Silva SIA, Souza T, Santos D, Silva Souza RF (2019) Avaliação dos componentes de produção em variedades crioulas de fava cultivadas no Agreste da Paraíba. **Revista de Ciências Agrárias** 42:731-742.

Silva VB, Gomes RLF, Almeida Lopes ÂC, Santos Dias CT, Silva RNO (2015) Genetic diversity and promising crosses indication in lima bean (*Phaseolus lunatus*) accessions. **Semina: Ciências Agrárias** 36:683-692.

Santos D, Corlett FMF, Mendes JEMF, Wanderley Júnior JSA (2002) Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 37:1407-1412.

Weir CJ, Butcher I, Assi V, Lewis SC, Murray GD, Langhorne P, Brady MC (2018) Dealing with missing standard deviation and mean values in meta-analysis of continuous outcomes: a systematic review. **BMC medical research methodology** 18:1-14.

CAPÍTULO 3 - Sementes crioulas de *Phaseolus lunatus*: fenotipagem por análise de imagem.

RESUMO - *Phaseolus lunatus* L. é uma espécie cultivada que possui uma grande diversidade geno-fenotípicas, a qual quando adequadamente caracterizada pode ser explorada em programas de melhoramento genético. Este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar as variações fenotípicas de sementes de *P. lunatus* mediante análise de imagens. Para isto, foram usadas sementes de 13 genótipos, de três estados: Sergipe (G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7 e G8), Bahia (G9 e G10) e Alagoas (G11, G12 e G13). Para as análises foram coletados o peso de 100 sementes e, no equipamento Groundeye (TBit®) as informações referentes a morfometria: área (mm²), diâmetro máximo (mm) e mínimo (mm), e dos descritores cor dominante e sistema de cor RGB. Os dados das as variáveis morfométricas foram submetidos à análise de variância pelo teste F e as médias agrupadas pelo teste de Skott-Knott a 5%. Os dados foram submetidos a análise de correlação de Pearson (t-Student a 5%) e agrupados de acordo com a dissimilaridade pelo Método UPGMA e representados na forma de dendrograma. Em seguida, os caracteres avaliados foram submetidos a análise de componentes principais (ACP). Em relação a cor dominante houve predominância da cor laranja em nove genótipos. Quanto ao sistema de cores RGB o genótipo G1 obteve os maiores valores e G11 os menores. Para as variáveis morfométricas, o genótipo G7 foi superior aos demais, com exceção do peso de 100 sementes. Na correlação Pearson houve associação positiva e significativa entre todas as variáveis morfométricas. Por meio do dendrograma de dissimilaridade foram formados dois grupos homogêneos e distintos entre eles. Na ACP, os dois primeiros componentes principais foram responsáveis por 86,80% da variação total, sobre as variáveis (morfológica e cor) dos genótipos. Portanto, a aplicação de imagens de alta resolução na avaliação de características fenotípicas de sementes fava crioula, é uma ferramenta não destrutiva promissora.

Palavras-chave: feijão-fava, diversidade genética, biometria de sementes, germoplasma, melhoramento genético

CHAPTER 3 – Creole seeds of *Phaseolus lunatus*: phenotyping by image analysis.

ABSTRACT – *Phaseolus lunatus* L. is a cultivated species that has a high geno-phenotypic diversity, which, when adequately characterized, can be explored in breeding programs. This work was developed to evaluate the phenotypic variations of *P. lunatus* seeds by image analysis. Seeds from 13 genotypes from three states were used: Sergipe (G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7, and G8), Bahia (G9 and G10), and Alagoas (G11, G12, and G13). For the analyses, the weight of 100 seeds were collected and, in the Groundeye equipment (TBit®), the information referring to morphometry: area (mm²), maximum diameter (mm) and minimum diameter (mm), and the descriptors dominant color and RGB color system. Morphometric data were submitted to variance analysis by the F test, and the means were grouped by the Skott-Knott test at 5%. The data were submitted to Pearson correlation analysis (t-Student at 5%), grouped according to dissimilarity by the UPGMA Method, and represented in the form of the dendrogram. Then, the evaluated characters were submitted to principal component analysis (PCA). Concerning the dominant color, there was a predominance of orange in nine genotypes. As for the RGB color system, genotype G1 obtained the highest values and G11 the lowest. For morphometric variables, genotype G7 was superior to the others, except for the weight of 100 seeds. The Pearson correlation showed a positive and significant association between all morphometric variables. The dissimilarity dendrogram formed two homogeneous and distinct groups. The first two principal components in PCA were responsible for 86.80% of the genotypes' total variation in the variables (morphological and color). Therefore, applying high-resolution images in evaluating phenotypic characteristics of creole bean seeds is a promising nondestructive tool.

Keywords: Lima beans, genetical diversity, seed biometrics, germplasm, plant breeding

1. Introdução

A fava (*Phaseolus lunatus*) é uma cultura agrícola de grande interesse econômico. Essa leguminosa é considerada a segunda espécie mais importante do gênero *Phaseolus*, sendo cultivada em vários locais do mundo, devido à sua tolerância a condições edafoclimáticas desfavoráveis (Noh; Castilho; Sánchez, 2015). Em análise filogenética realizada com *P. lunatus* notou-se que a espécie está mais intimamente relacionada com as espécies de feijões *P. vulgaris*, *Vigna unguiculata* e *Vigna radiata* (Tian et al., 2021).

No Brasil, o seu cultivo está concentrado na região Nordeste, onde é realizado majoritariamente pela agricultura familiar, devido a sua adaptação as condições de escassez de água, elevada temperatura e solos de baixa fertilidade (Soares et al., 2021; Lopes; Gomes; Araujo, 2015). A principal forma de conservação é *on farm*, na qual a espécie é cultivada por pequenos agricultores que armazenam suas próprias sementes, preservando a diversidade genética. A conservação *on farm* é uma alternativa para diversificar a agricultura, mas requer apoio governamental e privado para estimular e melhorar a interação agrícola entre os pequenos agricultores (Soares et al., 2021).

A fava, comumente vendida em feiras livres, faz parte da base alimentar de muitas comunidades. No entanto, há considerável heterogeneidade nas características dos grãos produzidos nessas comunidades, que recebem nomenclaturas diferentes, dependendo da região (Félix; Coello; Castillo, 2014). A espécie apresenta alta variabilidade fenotípica quanto ao hábito de crescimento (determinado ou indeterminado), cor da flor (branca, branco-amarelado, rosa, roxo e violeta e/ou com tons intermediários) e cor do tegumento da semente (branco, cinza, amarelo, rosa, marrom, preto, entre outros). Além disso, há variações na forma (rombóide, redonda ou reniforme), tamanho e peso das sementes, entre outras características morfométricas (Lopes; Gomes; Araujo, 2015).

No entanto, observa-se que essas características ainda são pouco exploradas pelos agricultores, visto que há poucos trabalhos voltados para a seleção de caracteres de interesse em programas de melhoramento genético participativo. Devido a isso, nota-se que os materiais disponíveis para o cultivo

dos pequenos agricultores são uma mistura varietal. Estes possuem baixa produtividade e caracteres desuniformes como cor do tegumento e tamanho, o que não é adequado para a comercialização do grão (Silva et al., 2015).

A diversidade genética de variedades crioulas acessadas no Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (PGB-UFPI, Brasil) identificou 26 caracteres qualitativos e 11 quantitativos, seguindo os descritores da *Biodiversity International*. Além disso, marcadores moleculares SSR (*Simple Sequence Repeats*) foram usados para determinar polimorfismo genético e diferenciação. Foi identificada considerável diversidade genotípica entre os acessos para o número de vagens por planta, número de sementes por vagem e peso de 100 sementes (Pires et al., 2021).

Assim, trabalhos utilizando caracterização morfométrica são uma importante estratégia para selecionar traços de interesse econômico e de acordo com a demanda do mercado consumidor. Aliado a isso, o uso de equipamentos de análise de imagens resulta numa maior acurácia dos caracteres avaliados, consequentemente maior progresso genético no processo de seleção. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a morfometria e a coloração do tegumento de sementes de fava crioula, mediante análise de imagens.

2. Material e Métodos

As sementes usadas nos experimentos são oriundas de três estados: Sergipe (G1, G2, G3, G4, G5, G6, G7 e G8), Bahia (G9 e G10) e Alagoas (G11, G12 e G13). Os genótipos dos estados de Sergipe e Bahia foram adquiridos de agricultores familiares, nos municípios de Frei Paulo-SE e Pedro Alexandre-BA, e estavam armazenados em garrafas do tipo pet. Os materiais oriundos do estado de Alagoas, foram doados pela Universidade Federal de Alagoas (UFAL) - Rio Largo-AL, e estavam armazenados em câmara fria a $8^{\circ}\text{C} \pm 2$.

Inicialmente foram pesadas 100 sementes de cada genótipo, em balança de precisão, conforme recomendação do *International Plant Genetic Resources Institute* - IPGRI (2001) e assim obtido o peso de 100 sementes (PSC).

A análise morfométrica foi realizada com auxílio do equipamento Groundeye (TBit®), o qual foi calibrado antes da captura das imagens. Para a morfometria foram utilizadas quatro repetições de 25 sementes por genótipo. A partir das imagens capturas foram avaliadas as variáveis: área (mm²), diâmetro máximo (mm) e mínimo (mm). Empregou-se o software para a classificação mais detalhada das sementes quanto à cor, utilizando os descritores cor dominante e sistema de cores RGB (vermelho, verde e azul).

Foram testadas a normalidade e a homocedasticidade dos dados morfométricos, e em seguida foram avaliados pelo teste F e as médias agrupadas pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. A correlação de Pearson foi realizada por meio do teste t ao nível de significância de 5% para verificar o grau de dependência dos caracteres morfométricos. Usando os dados de dissimilaridade, utilizando o Método de ligação média entre grupos (UPGMA) a partir da média dos genótipos realizou-se o agrupamento na forma de dendrograma. Para auxiliar na apresentação das informações sobre a cor dominante e o sistema RGB, foi plotado um gráfico de colunas, mediante uso do *software* EXCEL®.

A análise de componentes principais (ACP) foi realizada utilizando os descritores: área (mm²), diâmetro máximo (mm) e mínimo (mm) e cor RGB (Manly, 2008), com a padronização Z-score (Regazzi, 2000). As análises estatísticas foram realizadas no *software* GENES® (Cruz, 2013) e R® versão 4.1.3.

3. Resultados e Discussão

Mediante captura de imagens de alta resolução (Figura 1), realizada no equipamento Groundeye (TBit®), obteve-se a proporção de cor dominante no tegumento dos genótipos, representado na Figura 2, e a variação desses dados, apresentados no gráfico box-plot, na Figura 3.

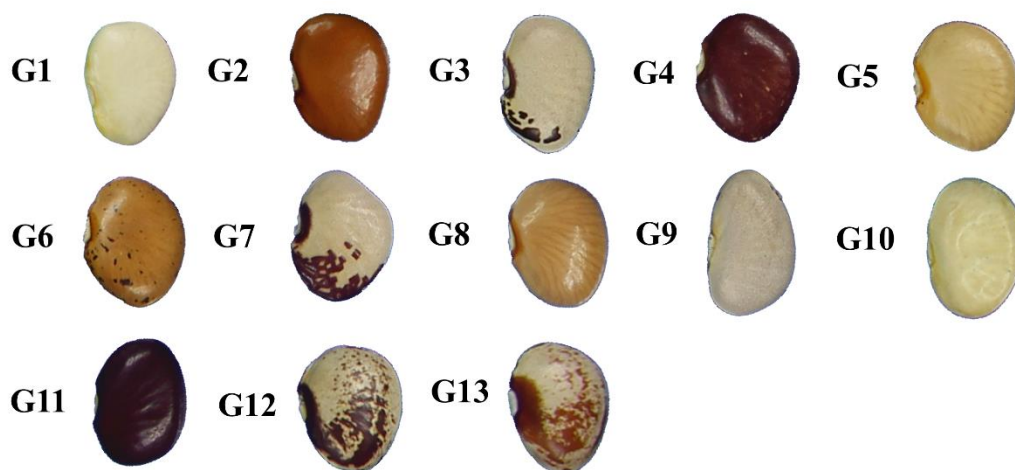


Figura 1. Imagem dos 13 genótipos de *Phaseolus lunatus* L., obtida no Groundeye (TBit®). Genótipo 1 (G1), Genótipo 2 (G2), Genótipo 3 (G3), Genótipo 4 (G4), Genótipo 5 (G5), Genótipo 6 (G6), Genótipo 7 (G7), Genótipo 8 (G8), Genótipo 9 (G9), Genótipo 10 (G10), Genótipo 11 (G11), Genótipo 12 (G12), Genótipo 13 (G13).

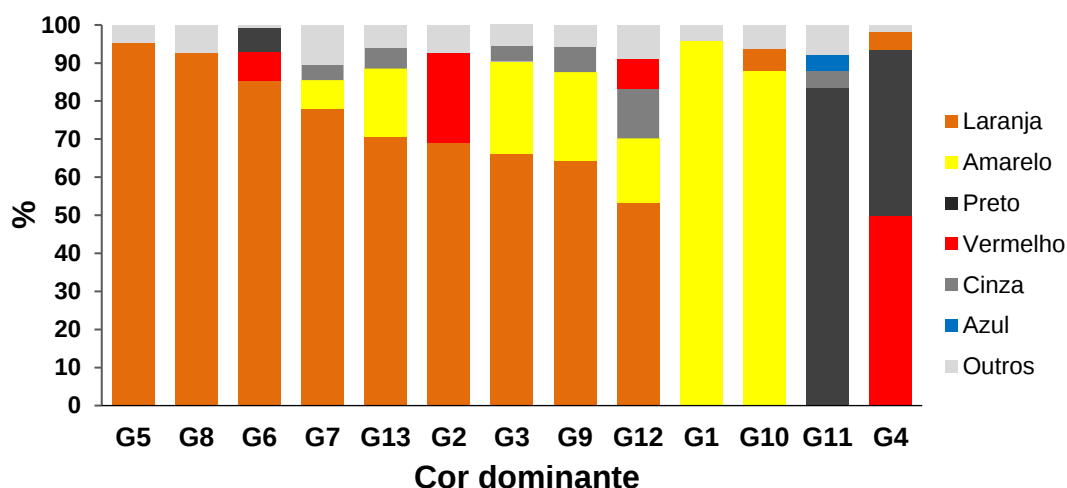


Figura 2. Cor dominante do tegumento, valor em porcentagem (%) de 13 genótipos de *Phaseolus lunatus* L., obtidas no GroundEye (TBit®). *Cores com percentual menor que 4% foram incluídos na categoria "outros".

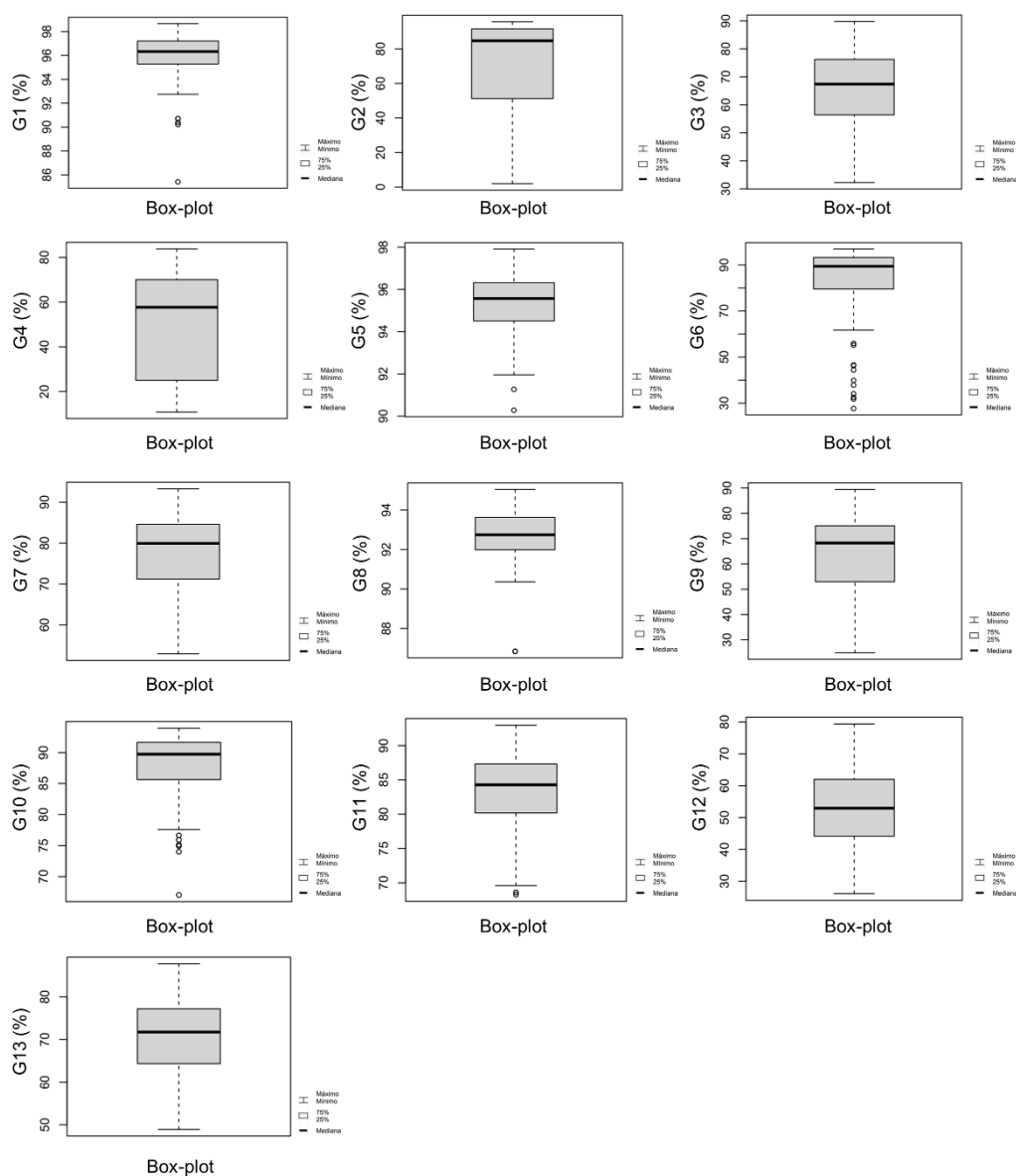


Figura 3. Box-plot dos dados de cor dominante do tegumento (%), dos 13 genótipos de *Phaseolus lunatus* L. obtidos por meio do GroundEye (TBit ®).

A captura das imagens permitiu verificar visualmente que os genótipos apresentam alta variação fenotípica, em relação a cor do tegumento. Em G6, foram observadas pequenas pontuações pretas distintas entre as sementes, sugerindo expressividade variável e penetrância incompleta. Isso pode ser explicado pelo fato desse genótipo apresentar o maior número de *outliers* (Figura 3), visto que as pontuações distribuídas no tegumento de cada semente, apresentam formas e tamanhos. Além do G6, G1 e G10 também tiveram um quantitativo maior de *outliers*, esses podem estar relacionados a presença de sujeira e danos físicos no tegumento, visto que são brancos

(visualmente) o que leva a gerar valores mais discrepantes, caso haja a presença desses fatores.

Conforme a análise no Groundeye (TBit®), houve predominância das cores laranja (G2, G3, G5, G6, G7, G8, G9, G12 e G13), amarelo (G1 e G10), preto (G13) e vermelho (G4) (Figura 2). A câmera do equipamento permitiu captar a cor predominante no tegumento das sementes de cada genótipo. Essa por sua vez, na maior parte dos genótipos, é distinta da cor observada pelo olho humano. Isso ocorre porque o equipamento utiliza algoritmos complexos para diferenciar as cores, sendo o olho humano incapaz de fazer essa distinção.

De acordo os dados da Figura 2, nove categorias apresentaram predominância da cor laranja, sendo que G5 apresentou o maior valor (95,4%) e G12 o menor (53,36%). No G1 obteve a maior dominância de amarelo (95,98) e G10 a menor (87,96%), enquanto no G4 e G11, o tom dominante é o vermelho (49,77%) e preto (83,44%), respectivamente.

Diante disso, nota-se que o uso da análise de imagens na fenotipagem de sementes possibilitou realizar a transformação de características qualitativas em quantitativas. O conhecimento dessas informações é uma ferramenta valiosa para se trabalhar com caracterização, registro e identificação de variações (Lopes et al., 2010), visto que é eliminada a subjetividade da determinação da cor. Além do mais, permite, através de valores, quantificar fenômenos como a expressão gênica, a partir de características qualitativas como a cor.

Essa característica está diretamente relacionada a comercialização das sementes de fava, visto que a preferência do mercado consumido é por materiais de tegumento branco, os quais apresentaram dominância de amarelo, conforme análise no equipamento. A cor do tegumento é uma característica importante para distinção de variedades, sendo utilizada pelos agricultores no momento da seleção empírica (Soares et al., 2021).

As sementes de fava possuem uma grande diversidade de cores do tegumento como: branco, marrom, cinza, amarelo, rosa, vermelho, roxo, preto, manchado e mosqueado (Moraes et al., 2017). Essa característica qualitativa é de grande importância econômica, pois está ligada à aceitação dos grãos pelos consumidores, visto que a coloração mais clara é associada pelos

consumidores a um material de sabor menos amargo, além de estar relacionado a colheita recente, logo de fácil cozimento (Lopes et al., 2010; Lopes et al., 2015). Dessa forma, é necessário pensar em diferentes estratégias que contribuam para a conservação de variedades crioulas de favas (Soares et al., 2021), e ações que possibilitem uma melhor orientação dos agricultores na obtenção de sementes comercializáveis.

Por meio do software, a classificação objetiva da cor das sementes foi realizada usando o sistema de cores RGB, mediante os componentes vermelho (R), verde (G) e azul (Figura 3).

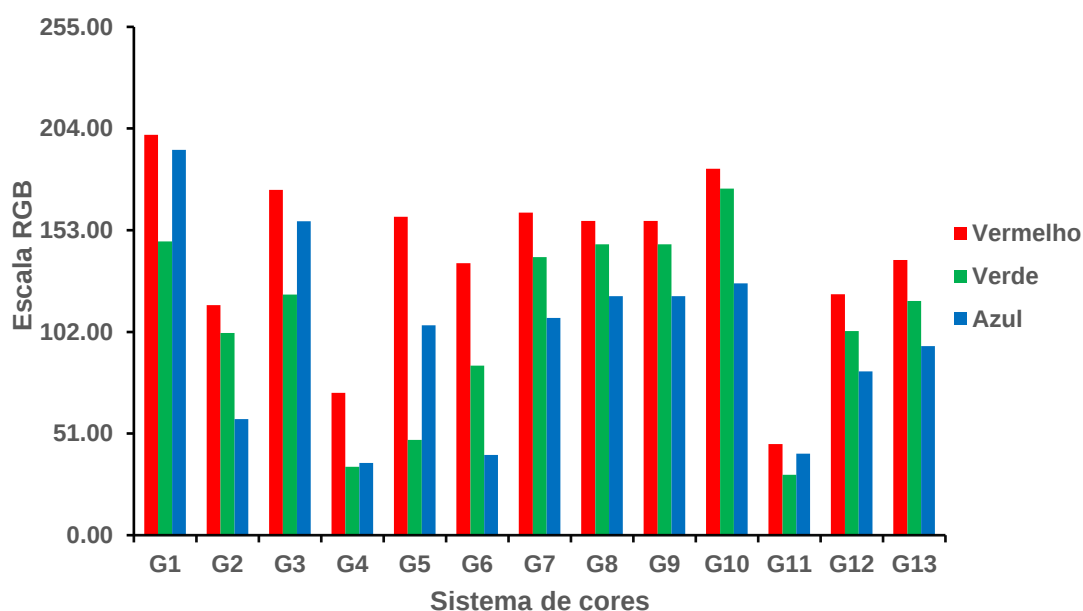


Figura 3. Sistema de cores RGB, R - vermelho, G - verde e B - azul, dos 13 genótipos de *Phaseolus lunatus* L., obtidos por meio do GroundEye (TBit ®).

Os componentes R, G e B são as quantidades de luz vermelha, verde e azul, os quais são medidos valores que variam de 0 a 255 (Tsuchiyama; Matsushima, 2017). Conforme as informações na Figura 2, nota-se que o genótipo G1 obteve os maiores valores de RGB e o G11 os menores, 200,82, 147,19, 193,26 e 45,77, 30,25, 40,86, respectivamente.

O valor mínimo (0), indica totalmente escuro, enquanto que o máximo, demonstra alta intensidade (claridade). Quando todas as cores estão no valor mínimo, a cor resultante é o preto, porém se todas estiverem no valor máximo, a coloração é branca. Caso todos os valores sejam semelhantes ou bem

próximos, o tom será cinza. No entanto, se os valores tendem a se distanciar entre si, resultado será um tom cada vez mais “vivo” e menos “suave” (Fernandez-Rodriguez, 2017).

Com base nisso, observa-se que os genótipos G1 e G10 de cor dominante amarelo, aproximaram-se da cor branca, enquanto que os genótipos G14 e G11 de coloração dominante vermelho e preto, tendem ao tom preto. Os genótipos G9, G12 e G13, obtiveram valores de RGB bem próximos, o que pode ser explicado pela coloração do tegumento que visualmente é cinza, visto que valores aproximados tendem a aproximar da cor cinza. Os genótipos G3 e G7, apesar de apresentarem visualmente a cor cinza, tiveram maior variação nos valores de RGB, o que pode ser explicado pela presença de manchas no tegumento.

Para o sistema de cores RGB os genótipos G1, G3, G5, G7, G8, G9, G10, G12 e G13, podem ser classificados como sementes de tegumento claros, enquanto os genótipos G2, G4, G6 e G11, estão relacionados a cores escuras (Sunoj et al., 2018) (Figura 2). Desta forma, nota-se que os genótipos de tegumento claro, foram predominantes. Isso pode estar relacionado ao fato dessa característica ser explorada pelos agricultores no momento de selecionar as sementes, haja vista que a demanda do mercado consumidor é por materiais de coloração mais “suave”, eliminando assim, as variedades com tegumentos escuros (Soares et al., 2021).

Para as variáveis morfológicas AR e PSC das sementes dos 13 genótipos foram verificadas diferenças significativas ($p < 0,01$) (Tabela 3).

Tabela 3. Valores médios e coeficiente de variação das variáveis morfométricas de sementes de *Phaseolus lunatus* L. AR -área; D.Máx - diâmetro máximo; D.Mín - diâmetro mínimo; PSC – peso de 100 sementes.

Genótipo	AR (mm ²)	D.Máx.(mm)	D.Mín.(mm)	PSC (g)
G1	86,88c	12,03a	8,36a	45,33a
G2	65,71g	10,43a	7,65a	29,77f
G3	71,01f	11,37a	7,68a	34,14d
G4	79,71e	11,56a	8,51a	40,74b
G5	71,06f	10,88a	7,95a	31,63e
G6	72,38f	11,09a	7,94a	31,96e
G7	93,65a	12,69a	9,23a	40,67b
G8	89,09b	12,08a	8,75a	41,59b
G9	81,89d	12,31a	8,26a	40,74b
G10	71,46f	11,20a	7,79a	29,55f
G11	66,33g	10,42a	7,78a	38,73c
G12	80,22e	11,45a	8,75a	33,95d
G13	63,87h	10,58a	7,46a	33,60d
Média	76,41	11,39	8,16	36,34
CV (%)	2,67	1,70	2,22	1,40

*Médias seguidas de mesma letra não diferem estatisticamente entre si na coluna, pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade.

De acordo com os dados (Tabela 3), à área apresentou valores médios entre 93,65 mm² (G7) a 63,87 mm² (G13), sendo o genótipo G7 estatisticamente superior aos demais. Em relação ao diâmetro máximo os valores médios que variaram entre 12,69 mm (G7) a 10,42 mm (G11), enquanto no menor diâmetro variou entre 9,23 mm (G7) e 7,46 mm (G13), em ambas as variáveis não houve diferenças significativas. Quanto ao PSC, os valores variaram entre 45,33 (G1) e 29,55g (G10), sendo o genótipo G1 estatisticamente superior aos demais. Além disso, as características morfoagronômicas apresentaram baixo coeficiente de variação (CV (%)). Isso demonstra que, o uso de imagens para avaliação desses caracteres permite reduzir erros de medição ao longo da avaliação, logo os erros sistemáticos residuais são menores.

Essa distinção no peso das sementes consiste em uma forte característica da espécie, sendo esse fenômeno comumente relatado na literatura (Félix; Coello; Castillo, 2014). Essa variável, é apontada em trabalhos desenvolvidos com a espécie, como um dos caracteres quantitativos que mais

contribui na análise de divergência genética, variando de 70% (Meza et al., 2012) a 97,32 % (Lopes; Gomes; Araujo, 2010).

O genótipo G13 prevaleceu entre os menores valores médios, na maior parte dos parâmetros. Portanto, infere-se que é composto, em grande parte, por sementes de menor dimensão. No caso do G7, há a presença dos maiores valores, tendo assim uma predominância de sementes com maiores dimensões.

Em um estudo genético com 300 acessos de *P. lunatus*, de diferentes procedências em Honduras, fornecidos por agricultores, foi encontrada uma grande diversidade entre os genótipos quanto as dimensões das sementes (Meza et al., 2012). Essa variação também foi observada em outros estudos, com alta variabilidade quanto ao tamanho, cor e forma das sementes (Guimarães et al., 2007; Lopes; Gomes; Araujo, 2010).

Na análise de correlação simples (Pearson) nota-se que há associação positiva e significativa entre todas as variáveis morfométricas (Figura 3).

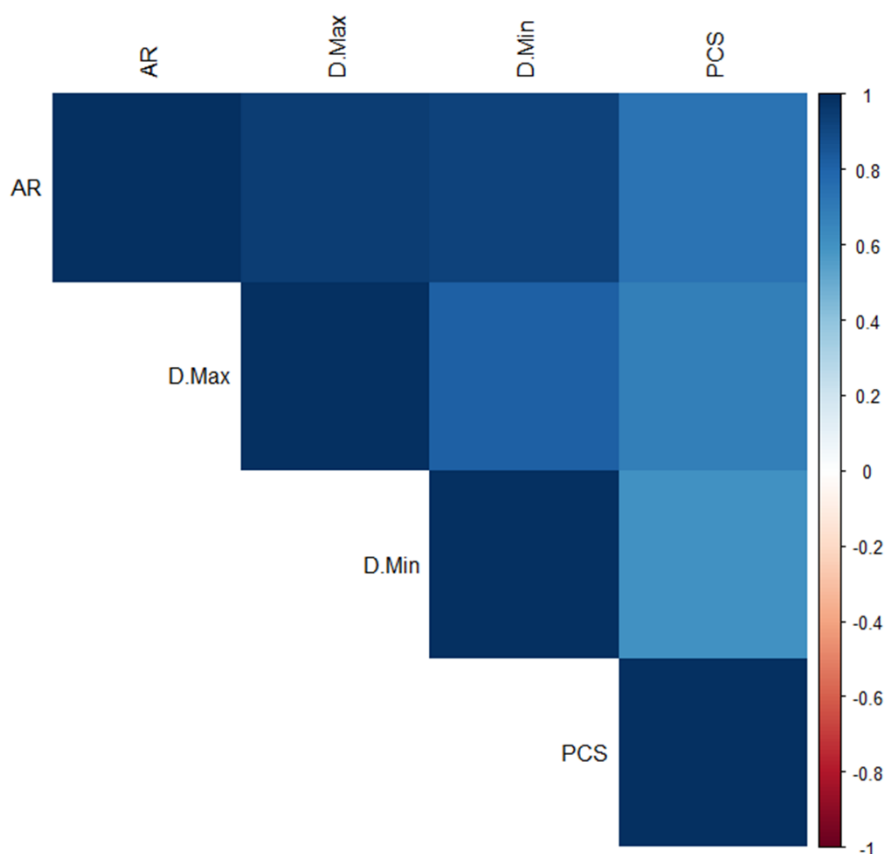


Figura 3. Matriz de correlação de Pearson (5%) entre variáveis morfométricas das sementes de *Phaseolus lunatus* L.

A correlação entre os caracteres agronômicos é de grande interesse para os programas de melhoramento genético, pois permite avaliar o grau de interferência de um atributo sobre outro possibilitando a seleção indireta. No caso da correlação simples (Pearson), é usada para avaliar o grau de relação entre duas variáveis numéricas, sendo uma dependente (Y_i) e outra independente (X_i) (Petter et al., 2014).

Dessa forma, é possível inferir que há potencial para seleção indireta para o caractere peso de 100 sementes (PCS), por meio da avaliação da AR, D.Max, D.Min, AR e PSC, independente do genótipo de *P. lunatus*. Os resultados obtidos (Figura 3), apresentam correlação linear de forte ($0,6 < r \leq 0,9$) a muito forte ($0,9 < r < 1$) (Callegari-Jacques, 2009). Isso pode estar relacionado ao efeito da pleiotropia ou a ligação gênica, propriedade da qual um gene afeta duas ou mais características. Neste caso, pode-se inferir que o efeito é positivo, visto que alguns genes estão influenciando no aumento de ambas as características (Falconer e Mackay, 1996).

Do ponto de vista do melhoramento genético, as características AR, D.Max, D.Min, AR e PSC, possuem correlação positiva, sendo assim, a ênfase na seleção deve ser realizada apenas em uma, para o melhoramento dos dois caracteres. Desta forma, se reduz a quantidade de características a serem avaliadas (Nogueira et al., 2012).

De acordo com o ponto de corte estabelecido pelo método de Mojena (1977) com $k = 1,25$, foram formados dois grupos de acessos no dendrograma de dissimilaridade, por meio das características morfométricas (Figura 4).

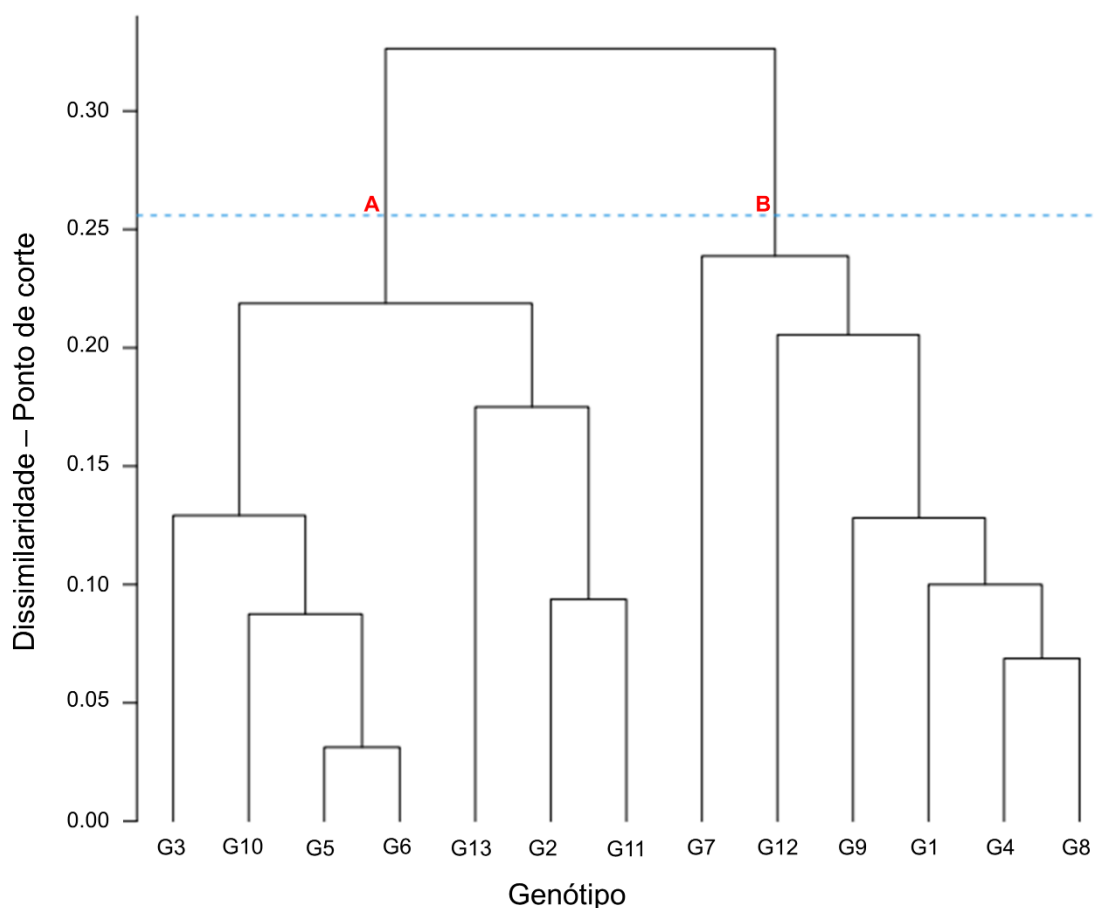


Figura 4. Dendrograma de dissimilaridade entre 13 genótipos de *Phaseolus lunatus* L., com base na matriz de distância Euclidiana e agrupados pelo Método da ligação média entre grupos (UPGMA), mediante caracteres morfológicos.

O grupo A é composto por sete genótipos (G2, G3, G5, G6, G10, G11 e G13) e o B por seis (G1, G4, G7, G8, G9 e G12). Nota-se que os grupos são responsáveis por 79,97% de divergência genética entre os genótipos, com distância de 25,6%.

O grupo de maior importância para a dissimilaridade dos acessos é o B, visto que é o mais divergente, sendo o que apresenta os genótipos com maiores médias de AR, D.Max, D.Min, e PCS. As divergências observadas entre os genótipos de *P. lunatus* são de extrema importância, pois é um forte indicador da existência de diversidade genética entre as variedades. Isso viabiliza o emprego dessas matérias em programas de melhoramento vegetal, para a obtenção de matérias com características que atendam o interesse do mercado consumidor.

As medidas de dissimilaridade possuem alta relevância em estudos de diversidade genética, principalmente quando se busca identificar genitores para serem usados em programas de hibridação. Essa técnica permite obter grupos homogêneos, mediante esquema que permite agrupar os genótipos em um determinado número de grupos. Isso permite que haja alta homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre eles (Cruz et al., 2011).

Na análise de componentes principais (ACP), são apresentados os coeficientes de correlação com os dois componentes principais (CP), autovalores, variância total, autovalores acumulados e o total acumulado, assim como, os autovetores associados, para cada componente principal (Tabela 4). Verificou-se que no componente principal 1 (CP1) a variável que mais influenciou na sua formação foi a AR (0,92) e no segundo o R (0,72).

Tabela 4. Valores dos coeficientes de correlação com os dois componentes principais (CPs), autovalor, variância total, autovalores acumulados e total acumulado em porcentagem (%) pelos componentes, dos trezes genótipos de *Phaseolus lunatus* L., a partir dos caracteres morfológicos e de cor.

Variáveis	CP 1	CP 2
AR	0,92	-0,36
D.Max	0,95	-0,20
D.Min	0,74	-0,58
PCS	0,67	-0,50
R	0,65	0,72
G	0,69	0,60
B	0,67	0,60
Autovalores	4,09	1,99
Variância total (%)	58,41	28,39
Autovalores acumulados	4,09	6,08
Total acumulado (%)	58,41	86,80

A contribuição de um componente principal é analisada, mediante a proporção de variância total explicada pelo componente (Regazzi, 2000). Diante disso, nota-se que os dois primeiros PC foram responsáveis por 86,80% da variação total, sobre as variáveis (morfológicas e de coloração) dos

diferentes grupos de sementes de *P. lunatus*. Logo, os dois primeiros PC resumem efetivamente a variância amostral total e podem ser usados na análise dos conjuntos de dados.

O resultado obtido, está de acordo com o valor proposto por Rencher (2002), o qual define que pelo menos 70% da variância total deve ser explicada pelo primeiro e segundo PC. Neste estudo, o PC1 foi responsável por 58,41% e o PC2, por 28,39% das variações dos dados. As variáveis relacionadas as características morfológicas apresentam uma alta correlação com o PC1, enquanto que as do sistema de cores RGB possuem forte correlação com o PC2 (Callegari-Jacques, 2009).

Em estudo realizado com 47 genótipos de feijão-caupi (*Vigna unguiculata* L.) de várias procedências, para avaliação da divergência genética por meio de técnicas multivariadas, com a combinação de diferentes características como peso de 100 sementes, forma do grão, cor do grão, entre outros. Notou-se a necessidade da formação de três componentes principais para explicar 80,32% da variância total das características. A aplicação dessa ferramenta permitiu identificar 13 genótipos, com características superiores em relação aos caracteres de produção, precocidade e qualidade do grão (Bertini et al., 2010).

Na Figura 6, nota-se que as correlações positivas põem os genótipos G1, G3, G7, G8, G9 e G12 à direita do CP1, enquanto que a correlação negativa colocam os genótipos G2, G4, G5, G6, G10, G11 e G13 à esquerda do CP1. Em relação a CP2, os genótipos com correlação positiva, estão localizados na parte superior (G1, G2, G3, G5, G9, G10 e G13), enquanto que os genótipos com correlação negativa, estão presentes na parte inferior (G4, G6, G7, G8, G9, G11 e G12).

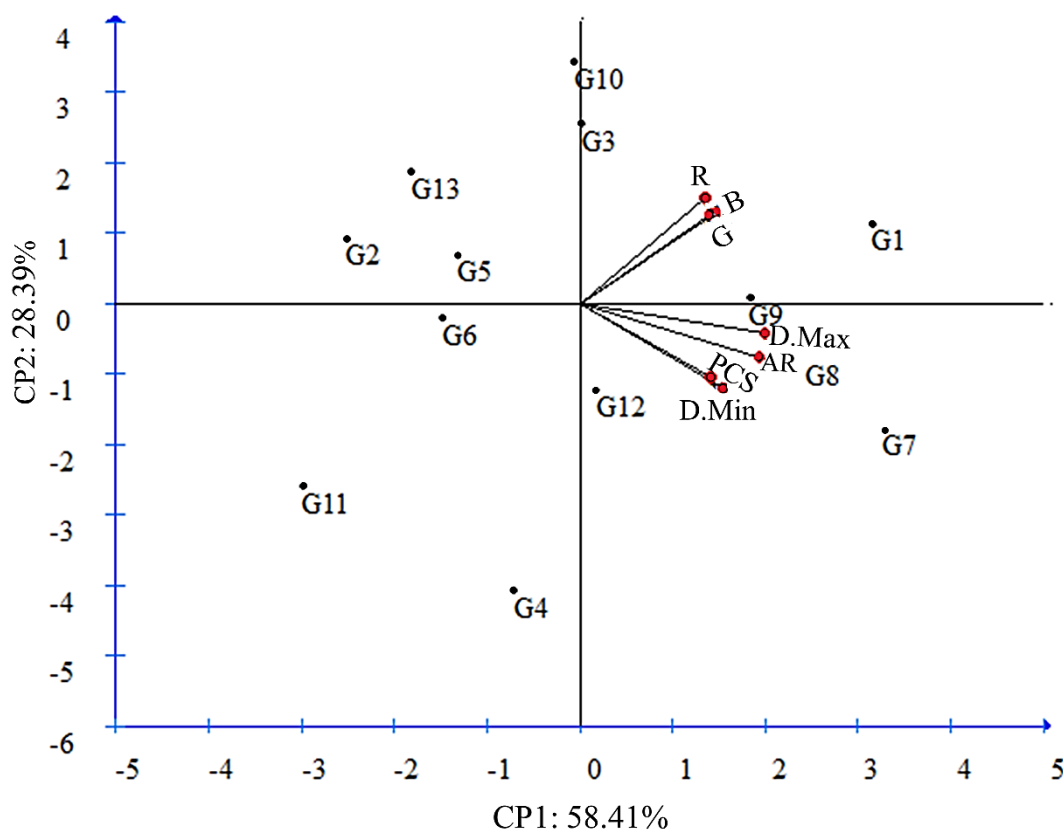


Figura 5. Biplot com a projeção das variáveis dos dois primeiros componentes principais dos 13 genótipos de *Phaseolus lunatus* L., obtido pelo Método de análise de componentes principais, a partir dos caracteres morfológicos e cor.

Conforme o biplot com a projeção das variáveis, nota-se que as variáveis associadas as características morfológicas e de RGB estão voltadas a direita da CP1. Os genótipos G1, G3, G7, G8, G9 e G12 (CP1), possuem potenciais para maiores valores morfométricos e de tons mais intensos, cores claras. No caso do CP2, os genótipos G1, G2, G3, G5, G9, G10 e G13, apresentam potenciais de maiores valores para RGB, tonalidades mais intensas.

A análise de componentes principais tem sido amplamente utilizada na caracterização e seleção de variedades de feijão comum (*P. vulgaris*) (Arevalo et al., 2020; Brito et al., 2020; Domingues et al., 2013) e vem sendo adotada na cultura da fava (Silva et al., 2019), tendo contribuído na identificação de características de interesse, sendo analisadas mediante estudos prévios que apontam a sua contribuição para a variabilidade (Carbonari, 2021; Silva et al., 2019). Assim, é possível descartar variáveis com baixa contribuição na

discriminação dos genótipos estudados, sendo importante para reduzir custos, tempo e mão de obra nos programas de melhoramento (Cruz et al., 2013).

Para que o programa de melhoramento obtenha êxito é importante atentar-se a diversos fatores. No caso de *P. lunatus*, o mercado consumidor é um fator de alta relevância, pois para que um genótipo seja considerado de interesse ele deve conter grãos volumosos e com coloração mais clara. Na região Nordeste a preferência dos consumidores é por materiais de cor castanho e branco (Soares et al., 2021).

Desta forma, conforme os resultados da análise de componentes principais, os genótipos G1, G3 e G9, apresentam características morfológicas e visuais, como sementes grandes e de tegumento claro, as quais atendem aos requisitos demandados pelos consumidores de feijão-fava. Isso demonstra que estes genótipos têm potencial para serem utilizados em programas de melhoramento genético vegetal.

4. Conclusão

O uso de imagens de alta resolução para avaliação de caracteres morfológicos e cor do tegumento de sementes fava crioula, demonstrou ser uma ferramenta promissora para a análise de caracteres fenotípicos. Mediante uso de análise multivariada, dos dados obtidos com o processamento de imagens, é possível inferir que os genótipos G1, G3 e G9 possuem características morfológicas e visuais que atendem aos interesses para uso e seleção em programas de melhoramento vegetal.

5. Referências

Arevalo ACM, Cardoso DL, Kraeski MJ, Santana DC, Arguelho SBD (2020) Genetic parameters, correlations and main components for agronomic characters in carioca group common bean genotypes. **Research, Society and Development** 9:1-21.

Brito MVD, Silva VBD, Matos Filho CHA, Ferreira-Gomes RL, Lopes ÂCDA (2020) Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotypes. **Revista Caatinga** 33:571-578.

Bertini CHCDM, Almeida WSD, Silva APMD, Silva JWL, Teófilo EM (2010) Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum Agronomy** 32:613-619.

Carbonari LTS, Cerutti PH, Schwarzer PA, Muniz AT, Rodrigues AR (2021) Associação entre características de qualidade de sementes e rendimento de grãos em cultivares de feijão. **Nativa** 9:209-214.

Cruz CD (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum** 35:271-276.

Cruz CD, Ferreira FM, Pessoni LA (2011) **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema. 620p.

Callegari-Jacques SM (2009) **Bioestatística: princípios e aplicações**. Artmed Editora.

Pires CJ, Costa MF, Zucchi MI, Ferreira-Gomes RL, Pinheiro JB, Viana, JPG, Almeida LÂC (2022) Genetic diversity in accessions of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) determined from agro-morphological descriptors and SSR markers for use in breeding programs in Brazil. **Genetic Resources and Crop Evolution** 69:973-986.

Domingues LS, Ribeiro ND, Minetto C, Souza JF, Antunes IF (2013) Metodologias de análise de adaptabilidade e de estabilidade para a identificação de linhagens de feijão promissoras para o cultivo no Rio Grande do Sul. **Semina: Ciências Agrárias** 34:1065-1076.

Fernandez-Rodriguez J, Moser F, Song M, Voigt CA (2017) Engineering RGB color vision into *Escherichia coli*. **Nature chemical biology** 13:706-708.

Felix DT, Coello JC, Castillo JM (2014) Wild to crop introgression and genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in traditional Mayan milpas from Mexico. **Conservation Genetics** 15:1315–1328.

Falconer DS, Mackay TFC (1996) **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited. 464p.

Guimarães WN, Martins LS, Silva EFD, Ferraz GDM, Oliveira FJD (2007) Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental** 11:37-45.

Lopes ACA, Gomes RLF, Araujo ASF (2015) ***Phaseolus lunatus*: Diversity, Growth and Production**. Hauppauge NY: Nova Science Publishers. 163 p.

Lopes ACA, Gomes RLF, Araújo ASF (2010) **A cultura do feijão-fava no Meio-Norte do Brasil**. Teresina: EDUFPI. 272p.

Moraes CS, Dias TAB, Costa S, Vieira RDC, Noronha SE, Burle M (2017) **Catálogo de fava** (*Phaseolus lunatus* L.) **conservada na Embrapa**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 46 p.

Meza N, Rosas JC, Martín JP, Ortiz JM (2013) Biodiversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Honduras, evidenced by morphological characterization. **Genetic Resources and Crop Evolution** 60:1329–1336.

Mojena R (1977) Hierárquical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal** 20:359-363.

Noh RHA, Castillo JM, Sánchez MIC (2015) Domestication of small-seeded lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) landraces in Mesoamerica: evidence from microsatellite markers. **Genetica** 143:657-669.

Fabiano PA, Neto FA, Barros WS, Almeida FA, Pacheco LP, Lima, LB, Gravina, GA (2014) Phenotypic correlations and path analysis of soybean production components in the Brazilian cerrado of Piauí state. **Revista de Ciências Agrárias** 57:273-279.

Nogueira APO, Sediya T, Sousa LBD, Hamawaki OT, Cruz CD, Pereira DG, Matsuo É (2012) Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal** 28:877- 888.

Soares LADC, Silva JDL, Silva VB, Ferreira CS, Sousa AMDCB, Ferreira Costa M, Gomes RLF (2022) On-farm conservation in *Phaseolus lunatus* L: an alternative for agricultural biodiversity. **Agroecology and Sustainable Food Systems** 46:392-409.

Silva SIA, Souza T, Santos D, Souza RFS (2019) Avaliação dos componentes de produção em variedades crioulas de fava cultivadas no Agreste da Paraíba. **Revista de Ciências Agrárias** 42:731-742.

Sunoj S, Igathinathane C, Saliendra N, Hendrickson J, Archer D (2018) Color calibration of digital images for agriculture and other applications. **ISPRS journal of photogrammetry and remote sensing** 146:221-234.

Silva VB, Gomes RLF, Lopes ÂCA, Dias CTS, Silva RNO (2015) Genetic diversity and promising crosses indication in lima bean (*Phaseolus lunatus*) accessions. **Semina: Ciências Agrárias** 36:583-692.

Rencher AC (2002) **Methods of multivariate analysis**. 2.ed. New York: Wiley Interscience. 738p.

Regazzi AJ (2000) **Análise multivariada, notas de aula INF 766**. Departamento de Informática da Universidade Federal de Viçosa. 2.

Tian S, Lu P, Zhang Z, Wu JQ, Zhang H, Shen H (2021) Chloroplast genome sequence of Chongming lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) and comparative analyses with other legume chloroplast genomes. **BMC genomics** 22:1-14.

Tsuchiyama, Y.; Matsushima, K (2017) Full-color large-scaled computer-generated holograms using RGB color filters. **Optics express** 25:2016-2030.