

## II – Artigos de Divulgação Científica

### Vinte anos de pesquisas com o feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) na Universidade Federal do Piauí

Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>, Ademir Sergio Ferreira de Araujo<sup>1</sup>, José Evando Aguiar Beserra Júnior<sup>1</sup>, Kathully Karolaine Brito Torres<sup>1</sup>, Layla de Sá Andrade Medeiros<sup>1</sup>, Lívia do Vale Martins<sup>2</sup>, Marcones Ferreira Costa<sup>1</sup>, Verônica Brito da Silva<sup>1</sup> e Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>

#### Resumo

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é a segunda espécie em importância no gênero, sendo cultivada em muitos países tropicais. Apresenta grande importância socioeconômica no Nordeste do Brasil como fonte de alimentação e renda para os agricultores familiares da região. Nos cultivos, predomina o uso de variedades crioulas com hábito de crescimento indeterminado, porte trepador e ciclo longo. As sementes utilizadas pelos agricultores são originárias da sua própria produção, sendo guardadas para serem plantadas no ano seguinte, e/ ou obtidas em trocas de sementes com outros produtores. No período de 2002 a 2022, atividades foram desenvolvidas com esta espécie na Universidade Federal do Piauí, envolvendo a formação de recursos humanos, na graduação e pós-graduação, pesquisa e extensão, nas áreas de Recursos Genéticos, Fitopatologia, Microbiologia, Citogenética, Genética Molecular e Melhoramento. Os resultados obtidos estão publicados em trabalhos de conclusão de curso, dissertações, teses, resumos em eventos e artigos científicos em periódicos.

**Palavras-Chave:** viroses; microbioma rizosférico; recursos genéticos; análise cariotípica; microssatélites; melhoramento genético.

#### Abstract

(**Twenty years of research with lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) at the Universidade Federal do Piauí**) The lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) is the second most important species in the genus, being cultivated in many tropical countries. It has great socioeconomic importance in Northeast Brazil, as a source of food and income for smallholder farmers in the region. In the crops predominant use of landraces, branching and indeterminate growth habit and long cycle. The seeds used by the farmers originate from their own production, being saved to be planted in the following year or obtained in seed exchanges with other smallholder. From 2002 to 2022, the activities were developed with *P. lunatus* at the Universidade Federal do Piauí involving the training of human resources at undergraduate and graduate levels, research and extension, in the areas of Phytopathology, Microbiology, Genetic Resources, Cytogenetics, Molecular Genetics and Breeding. The results are published in undergraduate course monograph, dissertations, theses, abstracts and scientific articles.

**Keywords:** viruses; rhizospheric microbiome; genetic resources; karyotype analysis; microsatellites; genetic breeding.

<sup>1</sup> Campus Ministro Petrônio Portela, Universidade Federal do Piauí, CEP 64049-550, Teresina, PI, Brasil. [acalopes@ufpi.edu.br](mailto:acalopes@ufpi.edu.br), [ademir@ufpi.edu.br](mailto:ademir@ufpi.edu.br), [evando@ufpi.edu.br](mailto:evando@ufpi.edu.br), [kathully-kathully@ufpi.edu.br](mailto:kathully-kathully@ufpi.edu.br), [layla-andradelayla06@gmail.com](mailto:layla-andradelayla06@gmail.com), [liviaa\\_martins@hotmail.com](mailto:liviaa_martins@hotmail.com), [verabritosl@hotmail.com](mailto:verabritosl@hotmail.com), [rlfgomes@ufpi.edu.br](mailto:rlfgomes@ufpi.edu.br)

<sup>2</sup> Campus Amílcar Ferreira Sobral, Universidade Federal do Piauí, CEP 64808-605, Floriano, PI, Brasil. [marconescosta@ufpi.edu.br](mailto:marconescosta@ufpi.edu.br)

## Introdução

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma das espécies do gênero *Phaseolus* L. possui ampla adaptação à diferentes regiões do mundo, sendo cultivado na América do Norte, América do Sul, Europa, Leste e Oeste da África e Sudeste da Ásia (BAUDOIN, 1988), apresentando considerável importância alimentar em diversos países.

No contexto mundial, os Estados Unidos destacam-se como um dos maiores produtores do feijão-fava, com produção e comercialização voltada sobretudo para grãos verdes e em conserva (grãos enlatados, congelados e empacotados) (VIEIRA, 1992), conseguindo agregar valor ao produto. No Brasil, o feijão-fava é preferencialmente cultivado na região Nordeste, onde é amplamente consumido e, portanto, possui maior importância econômica. Nessa região, é cultivado em quase todos os estados, com exceção da Bahia.

De acordo com dados do IBGE (2021), no ano de 2021, o Brasil obteve produção de 9.554 t de grãos de feijão-fava. A região Nordeste, com 9.532 t, representa 99,76% da produção do país, sendo os estados do Ceará (4.139 t), Paraíba (2.059 t), Pernambuco (1.248 t) e Piauí (679 t), os maiores produtores, seguidos do Rio Grande do Norte, Alagoas, Maranhão e Sergipe. Além dos estados citados, nesse mesmo ano, o feijão-fava também foi cultivado no Rio Grande do Sul e Tocantins.

O feijão-fava se destaca pela capacidade de adaptação a diferentes condições edafoclimáticas, sendo considerado por muitos estudiosos uma espécie mais tolerante à seca do que o feijão-comum. Devido à sua ampla diversidade genética, possui genótipos com boa adaptação às condições adversas do semiárido brasileiro, possibilitando uma prolongada colheita dos grãos durante o período mais seco, adequando-se bem ao sistema da agricultura familiar (SOARES et al., 2022).

A cultura do feijão-fava assume papel relevante na região Nordeste, por representar fonte de renda e proteína vegetal de qualidade para a população, além de reduzir a dependência dos feijões comum e caupi (SANTOS et al., 2002). É realizada basicamente por pequenos agricultores, o que ressalta sua maior importância, tendo em vista tratar-se da região na qual os trabalhadores rurais possuem menor renda per capita e maior carência nutricional. A sua exploração comercial é realizada principalmente em feiras livres (SILVA et al., 2019b). A cultura representa segurança alimentar e nutricional para as comunidades rurais.

Como as demais leguminosas, o feijão-fava é rico em proteína e desempenha valoroso papel na dieta de populações por todo o mundo. Segundo Bressani e Elias (1980), a composição química de grãos secos é de 62,9% de carboidratos; 25% de proteína; 6,1% de fibras; 3,9% de cinzas e 2% de extrato etéreo. Já Azevedo et al. (2003), analisando sete variedades crioulas da mesma espécie, observaram variação de 64,4 a 73,6% de carboidratos; 17,9 a 26,7% de proteína bruta; 2,3 a 4,6% de fibra bruta; 3,1 a 4,1% de cinzas e 0,9 a 1,4% de extrato etéreo; e também a presença de conteúdo cianogênico na faixa de 15-25 a 115-150 mg kg<sup>-1</sup>, caracterizando o sabor amargo.

Não obstante, a importância econômica e nutricional da cultura no Brasil, o cultivo do feijão-fava possui limitações que são atribuídas ao seu paladar amargo, devido ao alto teor de ácido cianídrico, ao elevado tempo de cocção do grão seco e maior tradição de consumo do feijão comum (LYMMAN, 1983; GUIMARÃES et al., 2007), à ocorrência de pragas e doenças, adoção de baixo nível tecnológico de produção, além da baixa produtividade dos genótipos cultivados. Outrossim, pesa sobre o cultivo do feijão-fava a ausência de cultivares recomendadas para as condições climáticas das regiões produtoras no Brasil. Dessa forma, todo o germoplasma cultivado é composto por variedades crioulas, também conhecidas como variedades tradicionais, variedades locais ou *landraces*.

No Brasil, há grande número de variedades crioulas/raças locais de feijão-fava cultivadas por pequenos agricultores, que produzem suas próprias sementes. Esse germoplasma tem variabilidade genética imensurável, que pode ser observada a partir dos diferentes tipos de grãos que são encontrados nas feiras livres e nos mercados das médias e grandes cidades. Os nomes das variedades locais geralmente são dados em função de alguma característica que se destaca, sendo, em sua maioria, relacionados à cor ou forma dos grãos.

Em 2002, na Universidade Federal do Piauí (UFPI), iniciou-se a coleta de acessos de feijão-fava, culminando com a implantação do Banco Ativo Germoplasma de Feijão-fava da UFPI, hoje denominado Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI (BGP – UFPI), com aquisição de genótipos locais em comunidades agrícolas, feiras e mercados, além do intercâmbio de acessos de outros bancos. No BGP – UFPI, houve a incorporação de 211 acessos provenientes dos estados do Piauí, Maranhão, Pernambuco e Bahia; 50 acessos obtidos no intercâmbio de germoplasma com a Universidade Federal de Viçosa – MG; e 118 acessos oriundos da Escola Família Agrícola do Soinho, em Teresina, Piauí. Em 2008 e 2009, foram introduzidos 17 e 54 acessos provenientes do Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) – Colômbia e da Paraíba, respectivamente (LOPES et al., 2010). Com as expedições de coleta pelo Projeto Global Trust, financiado pela FAO, realizadas em 2011 e 2012, houve a introdução de 40 e 14 acessos de feijão-fava, coletados no Ceará e na Bahia, respectivamente. Em 2014, foram registrados 46 acessos coletados na Paraíba, o maior produtor.

Atualmente, o BGP - UFPI possui 1.084 acessos provenientes dos estados do Piauí, Maranhão, Ceará, Paraíba, Bahia, Pernambuco, Tocantins, São Paulo, Minas Gerais, Espírito Santo e Distrito Federal.

No período de 20 anos (2002-2022), 600 acessos de feijão-fava do BGP - UFPI foram utilizados em caracterizações agromorfológicas, físico-químicas, moleculares, quanto a resistência à antracnose e potencial para nodulação de bactérias fixadoras de nitrogênio. As caracterizações seguiram os descritores para *Phaseolus lunatus*, publicado pelo Biodiversity International (BIOVERSITY INTERNATIONAL, 2007). Este Banco de Germoplasma contém informações científicas importantes sobre a espécie *P. lunatus*, envolvendo conhecimentos sobre multiplicação, caracterização, avaliação e condições de conservação de acessos, bem como fatores bióticos e abióticos que afetam seu desempenho.

Em 2007, no Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas do Departamento de Fitotecnia da UFPI, iniciou-se o Programa de Melhoramento do Feijão-fava da UFPI, em Teresina, que é pioneiro no País, com a seleção de linhagens de feijão-fava para a agricultura familiar, a partir da variedade crioula “Boca-de-moça”, a mais comercializada no estado do Piauí, após coleta em municípios com tradição de cultivo.

No período entre 2008 a 2013, foram desenvolvidos estudos para utilização de hibridação artificial no melhoramento genético do feijão-fava. Em 2014, determinou-se as condições ideais para realização de cruzamentos artificiais em Teresina, Piauí (SOUSA et al., 2022), com os objetivos de desenvolver cultivares com hábito de crescimento determinado, porte ereto, ciclo precoce, resistência à antracnose e com padrão comercial de grãos para o agronegócio, além de cultivares com hábito de crescimento indeterminado, porém mais produtivas e resistentes às doenças para utilização em sistema consorciado com milho crioulo destinadas à agricultura familiar.

Em 2015, iniciou-se a realização de cruzamentos biparentais entre germoplasma do Brasil, Estados Unidos, México e Argentina, em Davis, Califórnia, Estados Unidos, priorizando aspectos relativos ao hábito de crescimento determinado, porte ereto e ciclo precoce. As sementes F<sub>1</sub> dos cruzamentos biparentais foram confirmadas por meio de marcador molecular microssatélite e marcadores morfológicos, como cor do hipocótilo, hábito de crescimento, pigmentação do caule principal, cor da flor, cor da semente e padrão do tegumento da semente, sendo posteriormente transferidas para o Brasil. As gerações foram avançadas em *Bulk* modificado, gerando populações com hábitos de crescimento determinado e indeterminado. As plantas da geração F<sub>2</sub> foram cultivadas em telados, em Teresina, Piauí e Tianguá, Ceará, no ano de 2017, em diferentes condições ambientais e coordenadas geográficas. Nos anos de 2018, 2019, 2020 e 2021, as gerações foram avançadas apenas em Teresina, Piauí, em campo, obtendo-se as gerações F<sub>3</sub>, F<sub>4</sub>, F<sub>5</sub> e F<sub>6</sub> (CARVALHO et al., 2022). Em 2022, a geração F<sub>7</sub> foi submetida à seleção de plantas individuais.

Nos cruzamentos realizados no Brasil, em 2019, priorizou-se aspectos relacionados ao hábito de crescimento, reação à antracnose e padrão das sementes, sendo as populações avançadas pelo método *Bulk* modificado, cujas linhagens em F<sub>5</sub> serão avaliadas em campo, em 2023.

No presente documento intitulado “Vinte anos de pesquisa com o feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.)”, objetiva-se divulgar o conhecimento científico acumulado com os estudos desenvolvidos e estimular outros grupos a realizarem pesquisas com essa cultura tão importante.

## **Identificação e caracterização de vírus: primeiros passos para o estabelecimento de estratégias de manejo e controle**

As viroses são fatores limitantes à produção de feijão-fava provocando danos que podem reduzir a produtividade, devido à dificuldade de controle e às formas eficientes de disseminação. No entanto, não são bem conhecidos os vírus que infectam naturalmente essa cultura. Plantas de feijão-fava com sintomas de mosaico e distorção foliar, semelhantes aos induzidos por vírus, foram observadas em diversas áreas de produção nos estados do Ceará e Piauí, Nordeste do Brasil. O objetivo deste estudo foi identificar vírus de genoma de RNA que infectam feijão-fava. A pesquisa de campo foi realizada de 2017 a 2018. Cinquenta e cinco amostras sintomáticas foram coletadas aleatoriamente em sete propriedades de cinco municípios e testadas por RT-PCR e sequenciamento de DNA com primers específicos ou universais para dois vírus e dois gêneros (comovírus e potyvírus). Quatro espécies de vírus foram identificadas: *Cowpea mild mottle virus* (CPMMV), *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV), *Cucumber mosaic virus* (CMV) e *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV), que apresentaram taxas de infecção de 52,7, 49,0, 21,8 e 1,8%, respectivamente, além de infecções duplas e triplas: CMV e CABMV (3,6%), CMV e CPMMV (16,3%), CABMV e CPMMV (12,7%), e CMV, CABMV e CPMMV (1,8%). Os isolados de CMV pertenciam ao subgrupo IA (96 a 100% nt). Os isolados de CPMMV apresentaram alta identidade nucleotídica (97 a 99%) com isolados de CPMMV do Brasil, EUA e México. Os isolados de CABMV apresentaram identidade nucleotídica moderada com isolados brasileiros (90 a 95%). Apenas uma amostra estava infectada com CPSMV. Este é o primeiro registro de CPMMV e CPSMV infectando naturalmente o feijão-fava. Esses resultados abrem

caminhos para o desenvolvimento de RT-PCR Multiplex para a detecção simultânea dos quatro vírus, além de subsidiar estudos de epidemiologia e controle.

### **Avanços e desafios nos estudos de microrganismos associados**

O feijão-fava é uma leguminosa importante para a agricultura familiar no Nordeste do Brasil e tem potencial para produção em larga escala. A planta tem habilidade de se associar com microrganismos do solo e interagir positivamente para promoção do crescimento vegetal. Os estudos com os microrganismos associados ao feijão-fava têm mostrado benefícios para o desenvolvimento das plantas, principalmente na nutrição vegetal. Desde 2009, o grupo de estudos em Ecologia Microbiana do Solo da Região Meio-Norte (CNPq/ UFPI), sob a nossa coordenação, tem avançado no conhecimento da interação rizóbio-feijão fava e na fixação biológica do N. Inicialmente, com isolamentos e caracterização das bactérias fixadoras de N e, atualmente, com avanço para indicação de estirpes promissoras para utilização pelos produtores (CHIBEBA et al., 2020). Desta forma, busca-se aumentar a produtividade da cultura e ganho de renda para o produtor. Outra linha de estudo busca entender o microbioma da rizosfera do feijão-fava e seu potencial no crescimento e proteção das plantas (SOUSA et al., 2020). Os estudos têm mostrado uma relação entre os genótipos (selvagens e domesticados) e o microbioma rizosférico que pode esclarecer como as plantas recrutam os microrganismos para associação (SILVA et al., 2022). O próximo passo é entender como se dá a transferência vertical do microbioma da rizosfera para as sementes (progênes) durante o avanço de gerações no melhoramento do feijão-fava. Este é um grande desafio para a pesquisa com feijão-fava e que pode nos trazer fascinantes resultados para o desenvolvimento de variedades melhoradas enriquecidas por microrganismos benéficos associados.

### **Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI em seus 20 anos**

A constante preocupação com a perda de variabilidade genética nas espécies, causada pela erosão, e, conseqüentemente, com a segurança alimentar, tornam a conservação de genótipos de culturas de interesse ferramenta indispensável frente ao estreitamento da base genética. Nessa perspectiva, encontra-se o Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (BGP – UFPI), instalado no Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas, do Departamento de Fitotecnia, em Teresina, Piauí, cujo registro do primeiro acesso data de 2002. Nas duas décadas de existência do BGP – UFPI, com vistas à adequada utilização dos recursos genéticos, têm sido desenvolvidas atividades de prospecção e coleta, introdução, intercâmbio, caracterização e avaliação do germoplasma conservado. Atualmente, a coleção compreende 1.084 acessos de feijão-fava, composto por 1,38% de acessos silvestres (*P. filiformes*, *P. microcarpus* e *P. acutifolius*) e 98,62% cultivados. Além disso, 66,06% dos acessos são de origem brasileira, sendo a maioria dos estados do Piauí (22,11%), Ceará (15,22%), Paraíba (9,69%) e Minas Gerais (7,66%), 10,79% são originários de outros países e 23,15% de origem desconhecida. Em relação à cor de fundo das sementes, 46,77% são de coloração branca, 10,17% castanhas, 9,09% cinzentos e os 31,33% correspondente às demais colorações. Os principais resultados obtidos compreendem: caracterizações morfoagronômicas (JESUS et al., 2018; GONÇALVES et al., 2019), baseadas nos descritores para *P. lunatus* publicado pelo Bioversity International; caracterizações quanto à resistência/tolerância a fatores bióticos, como pragas (FRANÇA et al., 2018) e doenças (GARCIA et al., 2019; BRITO et al., 2020; BRITO et al., 2022), abióticos, como às altas temperaturas (MACHADO et al., 2022) e o fotoperíodo; caracterizações citogenéticas e moleculares, com o intuito de estimar a erosão genética na espécie (LUSTOSA-SILVA et al., 2022); estudos sobre o potencial de nodulação por rizóbios, a identificação de isolados e a caracterização do germoplasma associado à microbiota (CHIBEBA et al., 2020; SOUSA et al., 2020; SILVA et al., 2022); estudos visando compreender os mecanismos de dormência das sementes; estabelecimento da coleção nuclear do BGP-UFPI (GOMES et al., 2020); documentação eletrônica das informações sobre a coleção; avaliação das variedades crioulas visando estimar a estabilidade fenotípica e adaptabilidade (SOUSA et al., 2020), além de estudos etnobotânicos (SOARES et al., 2022). As ações desenvolvidas têm contribuído com a formação de recursos humanos, na capacitação de estudantes de graduação e Pós-Graduação em atividades de ensino, pesquisa e extensão, em troca de experiências com o público externo.

## Caracterização citogenética e morfológica de acessos conservados no BGP - UFPI

O gênero *Phaseolus* L. (Leguminosae) possui ~75 espécies de origem Mesoamericana. O feijão-fava é a segunda espécie mais estudada devido à sua importância alimentar, social e econômica para populações da América do Sul e África. No Brasil, o feijão-fava é preferencialmente cultivado no Nordeste, onde é amplamente consumido. Estudos de caracterização que visam à discriminação e classificação de acessos de feijão-fava pertencentes a diferentes centros de domesticação têm sido importantes para a conservação e caracterização da sua biodiversidade. O presente trabalho objetivou analisar citogeneticamente 68 acessos de *P. lunatus* mantidos e preservados no banco de germoplasma de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí, bem como classificar morfológicamente sementes previamente caracterizadas. As análises citogenéticas foram realizadas pelo bandeamento com fluorocromos CMA/ DAPI, quantificação do conteúdo de heterocromatina e FISH (Hibridização *in situ* Fluorescente) usando sondas de DNA ribossomal 5 e 35S. Nos germoplasmas brasileiros analisados, há representantes dos dois grupos Andino e Mesoamericano de *Phaseolus*, sendo a maioria pertencente ao grupo "Big Lima". Todos os acessos apresentaram  $2n = 22$ , com cromossomos pequenos, variando de 0.85 a 3.14  $\mu\text{m}$  e fórmulas cariotípicas 11M, 10M + 1SM e 9M + 2SM. Em todos os acessos, foram encontrados blocos pericentroméricos de heterocromatina constitutiva (HC), com variação de 21.1% a 38.77%, sugerindo baixo polimorfismo quanto ao tamanho e posição dos blocos de CMA. Pelo menos um par de bandas de CMA<sup>+</sup> correspondeu às regiões organizadoras de nucléolo (RONs) visualizadas com sondas de DNAr 35S e entre um e três sítios de DNAr 5S que ocorreram co-localizados, adjacentes ou em cromossomos diferentes. Estudos de caracterização de germoplasmas de feijão-fava são importantes para expandir o conhecimento acerca da caracterização, variabilidade e diversidade genética do grupo, gerando informações úteis para o melhoramento e a conservação dessa leguminosa economicamente importante.

## Panorama do estudo na perspectiva da Genética Molecular

A diversidade genética do BGP – UFPI tem sido extensivamente estudada por meio dos marcadores microssatélites (SSRs), os quais ajudam a responder a diferentes questões relacionadas à evolução, domesticação e diversidade genética. Em parceria com pesquisadores da Universidade de São Paulo (USP), do Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY) e da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia foram desenvolvidos até o momento nove estudos com essa abordagem (PENHA et al., 2016; SILVA et al., 2017; SILVA et al., 2019a; ALMEIDA et al., 2021; PIRES et al., 2021; ASSUNÇÃO FILHO et al., 2022; MELO et al., 2022; LUSTOSA-SILVA et al., 2022). Essas pesquisas utilizaram SSRs desenvolvidos para feijão-comum (*P. vulgaris*) e os resultados apontam para consideráveis níveis de diversidade genética. Além disso, com objetivo de gerenciar e utilizar de forma eficiente os acessos de feijão-fava conservados na coleção da UFPI, dois estudos sobre coleção nuclear foram desenvolvidos, os quais propõem uma coleção com um mínimo de 34 acessos, representando assim 22% da dimensão de toda a coleção. Em 2016, foram publicados resultados que afirmam que a taxa de fecundação cruzada de feijão-fava que pode chegar até 38,1% (PENHA et al., 2016). Outrossim, em 2018 foram obtidos os primeiros SSRs específicos para o feijão-fava. A existência desses marcadores específicos poderá fornecer novas informações sobre diversidade e domesticação da espécie. Outro importante estudo constatou gargalos genéticos recentes nas populações de feijão-fava do Nordeste brasileiro, o que provavelmente se deve à mudança dos métodos de manejo e produção visando atender à crescente demanda do mercado. Os resultados obtidos nessas pesquisas são importantes para subsidiar estudos futuros que envolvam abordagens genômicas. Diante disso, pretende-se realizar a genotipagem por SNPs da coleção de feijão-fava da UFPI, permitindo a implementação de estudos com QTL e associação genômica ampla (GWAS), que irão contribuir para avanços no melhoramento genético do feijão-fava.

## Avanços no melhoramento genético

O melhoramento genético das plantas está entre as principais contribuições da ciência para o bem estar da sociedade, especialmente, quanto ao atendimento das necessidades em termos de alimentos e fibras. No futuro, sua contribuição deverá ser ainda maior, para prover uma população crescente, exigente em qualidade e, principalmente, em estratégias de aumento da produção sem causar impactos ao meio ambiente.

O crescimento da cultura do feijão-fava na geração de emprego e renda depende, principalmente, do melhoramento genético através do desenvolvimento de cultivares melhoradas. A referida espécie tem grande importância socioeconômica no Brasil, sobretudo na região Nordeste, onde estudos têm mostrado ampla variabilidade genética, com potencial para uso em programas de melhoramento.

A disponibilidade de germoplasma desta leguminosa e sua variabilidade para caracteres agronômicos, assim como a ausência de cultivares melhoradas no país, justificam o empenho na realização de pesquisas. Considerando o avanço do conhecimento científico e tecnológico, a realização de cruzamentos e a posterior seleção de genótipos com características relacionadas ao ideótipo da cultura tem grande importância para o desenvolvimento de cultivares melhoradas, a serem inseridas no sistema de produção, representando uma via potencial de desenvolvimento da cultura nos estados do Nordeste, Centro-Oeste e parte do Sudeste do Brasil.

O programa de melhoramento de feijão-fava da Universidade Federal do Piauí, no município de Teresina, é pioneiro no Brasil, com objetivos de desenvolver cultivares com hábito de crescimento determinado, porte ereto, ciclo precoce, resistência à antracnose, com padrão comercial de grãos, para o agronegócio; e cultivares com hábito de crescimento indeterminado, porém mais produtivas e resistentes doenças, para utilização em sistema consorciado com milho crioulo, destinadas à agricultura familiar.

As pesquisas iniciaram em 2007 com a seleção de linhagens de feijão-fava para a agricultura familiar, após coleta em municípios com tradição de cultivo, a partir da variedade crioula “Boca-de-moça”, a mais comercializada no estado do Piauí (ASSUNÇÃO FILHO et al., 2022; ASSUNÇÃO NETO et al., 2022).

No período entre 2008 a 2013, foram desenvolvidos estudos para utilização de hibridação artificial no melhoramento genético do feijão-fava. Em 2014, determinou-se as condições ideais para realização de cruzamentos artificiais em Teresina, Piauí.

Em 2015, cruzamentos biparentais, entre germoplasma do Brasil, Estados Unidos, México e Argentina, foram realizados em Davis, CA, Estados Unidos. As gerações foram avançadas e avaliadas no Brasil, em *Bulk* modificado, gerando populações com hábitos de crescimento determinado e indeterminado (CARVALHO et al., 2022; COSTA et al., 2022).

Nos cruzamentos realizados no Brasil, em 2019, priorizou-se aspectos relacionados ao hábito de crescimento, reação à antracnose e padrão das sementes, sendo as populações avançadas pelo método *Bulk* modificado, cujas linhagens serão avaliadas.

## Agradecimentos

Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES, à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí – FAPEPI e à Universidade Federal do Piauí - UFPI pelo suporte financeiro e estrutural para realização das pesquisas.

## Referências

- ALMEIDA, R. C. et al. Decision tree as a tool in the classification of lima bean accessions. **Revista Caatinga**, v. 34, p. 471-478, 2021.
- ASSUNÇÃO FILHO, J. R. et al. Selection of superior genotypes of lima bean landraces by multivariate approach. **Revista Caatinga**, v. 35, p. 87-5, 2022.
- ASSUNÇÃO NETO, W. V. de et al. Selection of landraces of lima bean for family agriculture. **Revista Caatinga**, v. 35, p. 137-147, 2022.
- AZEVEDO, J. de N. et al. **Composição química de sete variedades de feijão-fava**. Teresina, 2003. 4p. (Embrapa Meio-Norte: Comunicado Técnico, 152).
- BAUDOIN, J. P. Genetic resources, domestication and evolution of lima bean, *Phaseolus lunatus*. In: **Genetic Resources of Phaseolus Beans: Their maintenance, domestication, evolution and utilization**. Dordrecht: Springer Netherlands, 1988. p. 393-407.

- BIOVERSITY INTERNATIONAL. Guidelines for development of crop descriptor list. **Bioversity Technical Bulletin Series**, v. 12, p. 2, 2007.
- BRESSANI, R.; ELIAS, L.G. Nutritional value of legume crops for humans and animals. In: SUMMERFIELD, R.J.; BUNTING, A.H. (Ed). **Advances in legume science**. Kew: Royal Botanic Gardens, 1980. pp. 135-155.
- BRITO, M. V. et al. Associação entre resistência de *Phaseolus lunatus* a *Colletotrichum truncatum* e caracteres morfoagronômicos. **Summa Phytopathologica**, v. 48, p. 69 - 77, 2022.
- BRITO, M. V. de et al. Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotypes. **Revista Caatinga**, v. 33, p. 571-578, 2020.
- CARVALHO, J. L. R. et al. Lima bean populations assessments via REML/BLUP methodology. **Revista Caatinga**, v. 35, p. 783-790, 2022.
- CHIBEBA, A. M. et al. Polyphasic characterization of nitrogen-fixing and co-resident bacteria in nodules of *Phaseolus lunatus* inoculated with soils from Piauí State, Northeast Brazil. **Symbiosis**, v. 80, p. 279-292, 2020.
- COSTA, G. A. L. et al. Canonical correlations between cycle and grain production traits in lima bean. **Revista Caatinga**, v. 35, p. 877-883, 2022.
- PIRES, C. J. et al. 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**, v. 69, p. 973-986, 2021.
- MELO, L. F. et al. Assessment of Genetic Diversity in *Phaseolus lunatus* Landrace Germplasm for Use in Breeding Programs. **Plant Molecular Biology Reporter**, v. 41, n. 2, p. 292-303, 2023.
- FRANÇA, S. M. de et al. Resistance of Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L.) to the Red Spider Mite *Tetranychus neocaledonicus* (Acari: Tetranychidae). **Frontiers in Plant Science**, v.9, p.1-8, 2018.
- GARCÍA, M. E. M. et al. Reaction of lima bean genotypes to *Macrophomina phaseolina*. **Summa Phytopathologica** (Impresso), v. 45, p. 11-17, 2019.
- GOMES, R. L. F. et al. A lima bean core collection based on molecular markers. **Scientia Agricola**, v. 77, e20180, 2020.
- GONCALVES, G. M. C. et al. Genetic dissimilarities between fava bean accessions using morphoagronomic characters. **Revista Caatinga**, v. 32, p. 1125-1132, 2019.
- GUIMARAES, W. N. et al. Caracterização morfológica e molecular de acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 11, n. 1, p. 37-45, 2007.
- IBGE. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - **Banco de dados agregados: pesquisa: produção agrícola municipal**. Rio de Janeiro: IBGE, 2019. Disponível em: < <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612#resultado>>. Acesso em: 15.nov. 2022.
- JESUS, L. G. A. et al. Eficiência de testes colorimétricos para determinação da viabilidade do pólen em acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável** (RBAS), v. 8, p. 59 - 64, 2018.
- LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F.; ARAUJO, A. S. F. **A cultura do feijão-fava no Meio Norte do Brasil**. Teresina: ADUFPI, 2010. 272p.
- LUSTOSA-SILVA, J. D. et al. Genetic diversity and erosion in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Northeast Brazil. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 69, n. 8, p. 2819-2832, 2022.
- LYMMAN, J. M. Adaptation studies on lima bean accessions in Colombia. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 108, n. 3, p. 369-373, 1983.
- MACHADO, E. O. et al. Evaluation of lima bean accessions at high temperatures. **Revista Caatinga**, v. 35, p. 791-798, 2022.
- PENHA, J. S. et al. Estimation of natural outcrossing rate and genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L. var. *lunatus*) from Brazil using SSR markers: implications for conservation and breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, p. 1355-1364, 2017.

- SANTOS, D. et al. Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no Estado da Paraíba. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 10, p. 1407-1412, 2002.
- SILVA, J. L. et al. Domestication of lima bean (*Phaseolus lunatus*) changes the microbial communities in the rhizosphere. **Microbial Ecology** (On line), v. 83, p. 1-10, 2022.
- SILVA, R. N. O. et al. Phenotypic diversity in lima bean landraces cultivated in Brazil, using the Ward-MLM strategy. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 77, p. 35-40, 2017.
- SILVA, R. N. O. et al. Research Article High diversity of cultivated lima beans (*Phaseolus lunatus*) in Brazil consisting of one Andean and two Mesoamerican groups with strong introgression between the gene pools. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, p. 1-15, 2019a.
- SILVA, S. I. A. et al. Avaliação dos componentes de produção em variedades crioulas de fava cultivadas no Agreste da Paraíba. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 3, p. 731-742, 2019b.
- SOARES, L. A. C. et al. On-farm conservation in *Phaseolus lunatus* L: an alternative for agricultural biodiversity. **Agroecology and Sustainable Food Systems**, v. 46, n. 3, p. 392-409, 2022.
- SOUSA, A. M. C. B. et al. Artificial hybridization without emasculation in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Revista Caatinga**, v. 35, p. 223-230, 2022.
- SOUSA, A. M. C. B. et al. Prediction of grain yield, adaptability, and stability in landrace varieties of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 20, e. 295120115, 2020.
- SOUSA, R. M. S. Diversity and structure of bacterial community in rhizosphere of lima bean. **Applied Soil Ecology**, v. 150, p. 103490 -, 2020.
- VIEIRA, R. F. A cultura do feijão-fava. **Informe Agropecuário**, v. 16, p.30-37, 1992.