



UNIVERSIDADE FEDERAL DE ALAGOAS
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS – CECA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PROTEÇÃO DE PLANTAS

VANESSA FERNANDES SOARES

**AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM ETNOVARIEDADES DE
Phaseolus lunatus L.**

RIO LARGO – AL
2019

VANESSA FERNANDES SOARES

**AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM ETNOVARIEDADES DE
Phaseolus lunatus L.**

Dissertação de Mestrado apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Proteção de Plantas do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas, para obtenção do título de Mestra em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Gildemberg Amorim Leal Júnior.

RIO LARGO – AL
2019

Catálogo na fonte
Universidade Federal de Alagoas
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias
Bibliotecário: Erisson Rodrigues de Santana

S676a Soares, Vanessa Fernandes

Avaliação da resistência à antracnose em etnovarietades de
Phaseolus lunatus L. Rio Largo-AL – 2019.
131 f.; il; 33 cm

Dissertação (Mestrado em Proteção de Plantas - Agronomia) -
Universidade Federal de Alagoas, Centro de Ciências Agrárias. Rio
Largo, 2019.

Orientador(a): Prof. Dr. Gildemberg Amorim Leal Júnior.

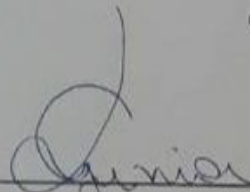
1. *Colletotrichum truncatum* L. 2. Variedades crioulas. 3.
Diversidade genética. 4. Feijão - fava I. Título.

CDU: 635.653

VANESSA FERNANDES SOARES

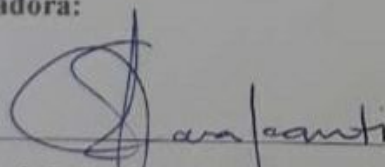
AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA À ANTRACNOSE EM ETNOVARIEDADES DE
Phaseolus lunatus L.

Dissertação submetida ao corpo docente
do Programa de Pós-Graduação em
Proteção de Plantas do Centro de
Ciências Agrárias da Universidade
Federal de Alagoas e aprovada em 25
de fevereiro de 2019.

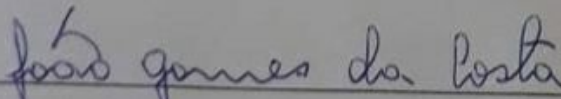


Prof. Dr. Gildemberg Amorim Leal Junior – Orientador
CECA/UFAL

Banca Examinadora:



Prof. Dra. Sarah Jacqueline Cavalcanti da Silva – Membro interno
CECA/UFAL



Pesq. Dr. João Gomes da Costa – Membro externo
EMBRAPA

Dedico, aos meus pais, aos meus irmãos e ao meu avô, aqueles que sempre são minha fortaleza e refúgio, que compartilham alegrias e tristezas, e especialmente, me incentivam a lutar.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, por todas as bênçãos e lições concedidas no decorrer desses dois anos. “Que nada é em vão, a Ele pertence o futuro e todas as coisas.”

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) pela concessão de bolsa para realização do trabalho.

A Universidade Federal de Alagoas – UFAL por possibilitar o desenvolvimento da pesquisa.

A todos os produtores e atravessadores locais que participaram da pesquisa, por serem símbolos de força e sabedoria, a eles deposito minha admiração.

Aos estagiários e colegas de pesquisa do Laboratório de Microscopia e Biologia Molecular.

A banca examinadora pelas relevantes contribuições.

A todos os professores que conheci no decorrer de minha trajetória como estudante, além de fontes de conhecimento e inspiração, foram grandes incentivadores, em especial aos professores que compõe o curso de pós-graduação em Proteção de Plantas do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas – UFAL.

Ao meu orientador Gildemberg Amorim, pela paciência, compreensão e conhecimentos transmitidos.

Aos meus pais, Lourizete Fernandes e Valmir Soares, primeiramente por todo amor a mim atribuído, por sempre lutarem por mim e por meus sonhos, mesmo quando esses parecem inalcançáveis.

Aos meus irmãos Waléria e Welsson, por serem minha fonte de motivação diária, pela compreensão, carinho e todo amor compartilhado.

Ao meu avô Otacílio Fernandes (In Memoriam) pelo afeto e conselhos proporcionados durante minha infância, por ter me ensinado que desistir nunca será uma opção, enquanto eu puder lutar.

Ao meu namorado Valdeir Nunes, pela calma, sabedoria e cuidados, por ser o melhor presente a mim concedido, obrigada por conhecer meu caos, me aceitar e me amar.

A todos os meus familiares e amigos que torceram por mim e contribuíram durante minha formação.

Aos colegas que obtive no decorrer da pós-graduação, em especial as meninas do “Apartamento 102 – Bloco 13” que apesar das divergências de opinião, se tornaram grandes amigas, contribuindo muito para minha formação pessoal e acadêmica.

“[...] Aprendi que mais vale tentar do que recuar...
Antes acreditar do que duvidar, que o que vale na
vida, não é o ponto de partida e sim a nossa
caminhada.”

(Cora Coralina)

RESUMO

As fontes de resistência a doenças podem ser obtidas de recursos genéticos mantidos *in situ* ou *ex situ*. Entre os recursos genéticos *in situ* explorados para busca de resistência estão as variedades crioulas. Variedades crioulas de fava do nordeste foram abordadas em estudo de resistência a antracnose. Assim a diversidade genética das variedades crioulas de Alagoas foi caracterizada e avaliada para a resistência a antracnose. O trabalho foi realizado um levantamento e coleta de variedades em cultivos, feira livres e mercados públicos, sendo determinada diversidade genética e a resistência ao *Colletotrichum truncatum*. Questionários previamente elaborados foram utilizados para entrevistar produtores e atravessadores. O discurso coletivo foi construído e as informações consolidadas auxiliaram na distinção das etnovariedades. A diversidade genética foi determinada baseando-se em 52 caracteres morfoagronômicos sendo 32 qualitativos e 20 quantitativos para categorização e análise de agrupamento. A análise molecular abordou a região específica do genoma (*Internal Transcribed Space, ITS*) e foi realizado agrupamento filogenético. Os ensaios de inoculação *in vitro* e *in vivo* caracterizaram a reação de resistência e suscetibilidade a dois isolados. Complementarmente, a eficiência simbiótica espontânea foi avaliada. O discurso consolidado retrata um cultivo da fava familiar, rudimentar e tradicional. Mantido há cinco décadas por produtores majoritariamente femininos e acima de 50 anos. Os caracteres quantitativos que mais contribuíram para a diversidade genética foram comprimento e largura de sementes e vagens, corroborando com o agrupamento das etnovariedades na árvore filogenética no *pool* genético mesoamericano I e II (MI e MII). No ensaio *in vivo* verificou-se que a resposta de resistência ao isolado ICT12 é mais frequente nas etnovariedades agrupadas no *pool* genético MI. A resistência ao isolado ICT16 predomina nas etnovariedades reunidas no *pool* genético MII. As variedades alagoanas representam a diversidade típica do *pool* genético mesoamericano distinguindo também na composição de prováveis alelos que regulam a resposta ao *C. truncatum*. Assim a obtenção de variedades com resistência mais ampla requer o cruzamento entre variedades resistentes que represente os dois grupos genéticos. A eficiência simbiótica apresentou resultados inconclusivos.

Palavras-chave: Variedades crioulas; Diversidade genética; *Colletotrichum truncatum*; Feijão-fava.

ABSTRACT

Sources of disease resistance can be getting from *in situ* or *ex situ* genetic resources. Between the *in situ* genetic resources exploited for quest of resistance are native varieties. Native broad bean varieties from the Northeast were addressed in an anthracnose resistance study. The genetic and cultural characterization of allergies was characterized and evaluated for anthracnose resistance. The work carried out a survey and collect of varieties in crops, free fair and public market, being determined genetic diversity and the resistance to *Colletotrichum truncatum*. Previously developed questionnaires were applied to interview producers and middlemen. The collective discourse was constructed and consolidated information helped to distinguish ethnovarieties. Genetic diversity was determined based on 52 morphoagronomic characters, 32 being qualitative and 20 quantitative for categorization and cluster analysis. The molecular analysis addressed the genome (*Internal Transcribed Space, ITS*) and was made phylogenetic grouping. *In vitro* and *in vivo* inoculation assays are characterized by a resistance and susceptibility reaction to two isolates. Complementarily, the spontaneous symbiotic efficiency was evaluated. The consolidated discourse portrays a cultivation of family broad bean, rudimentary and traditional. Maintained for five decades by mostly female producers and over 50 years old. The quantitative traits that contributed most to genetic diversity were length and width of seeds and pods, corroborating the grouping of ethnovarieties in the phylogenetic tree in the Mesoamerican genetic *pool* I and II (MI and MII). In the *in vivo* assay it was verified that it is a resistance response to isolation ICT12 is more frequent in the ethnovarieties grouped in the MI genetic *pool*. The resistance to ICT16 isolation predominates in the ethnovarieties gathered in the genetic pool MII. Alagoanas varieties represent the typical diversity of the Mesoamerican gene *pool*, distinguishing also in the composition of probable alleles that regulate the response to *C. truncatum*. Thus, obtaining varieties with greater resistance requires crossing between resistant varieties that represent the two genetic groups. Symbiotic efficiency presented inconclusive results.

Key words: Native varieties; Genetic diversity; *Colletotrichum truncatum*; Lima bean.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	11
2 OBJETIVOS	13
3 REFERENCIAL TEÓRICO	14
3.1 Etnovariiedades.....	14
3.1.1 Conservação de sementes	15
3.1.2 Centro de origem	17
3.2 Resistência genética.....	18
3.3 <i>Phaseolus lunatus</i>	19
3.4 Antracnose em feijão-fava.....	21
3.5 Diversidade e variabilidade genética.....	22
3.6 Análise multivariada.....	23
3.6.1 Caracterização morfoagronômica	24
3.7 Caracterização molecular das etnovariiedades de <i>Phaseolus lunatus</i>	25
3.8 Discurso do Sujeito Coletivo.....	26
4 MATERIAL E MÉTODOS	28
4.1 Área de estudo	28
4.2 Coleta das sementes e entrevistas com produtores e atravessadores.....	28
4.3 Caracterização morfoagronômica das etnovariiedades de <i>Phaseolus lunatus</i>	30
4.4 Extração do DNA de folhas de <i>Phaseolus lunatus</i>	32
4.4.1 Amplificação da região ITS (<i>Internal Transcribed Spacer</i>) das etnovariiedades de <i>P. lunatus</i>	32
4.4.2 Análise da diversidade comparativa baseada na sequência de nucleotídeos (ITS) ...	33
4.5 Avaliação da resistência das etnovariiedades de <i>Phaseolus lunatus</i> a incidência natural de antracnose em folhas e vagens	34
4.6 Aquisição dos isolados de <i>Colletotrichum truncatum</i>	34
4.7 Preparo da suspensão de conídios de <i>C. truncatum</i>	35
4.7.1 Avaliação <i>in vitro</i> da resposta de resistência das etnovariiedades de <i>P. lunatus</i> a <i>C. truncatum</i>	35
4.7.2 Avaliação <i>in vivo</i> da resposta de resistência das etnovariiedades de <i>P. lunatus</i> a <i>C. truncatum</i>	36
4.7.3 Avaliação da reação das etnovariiedades à inoculação com <i>C. truncatum</i>	36
4.8 Nodulação nas etnovariiedades	37
5 RESULTADOS	38
5.1 Coleta e identificação das etnovariiedades	38
5.2 Discursos que representam o saber local dos pequenos produtores de fava	44
5.3 Análise de diversidade genética através da caracterização morfoagronômica quantitativa.....	51
5.4 Agrupamento das etnovariiedades através da caracterização quantitativa	62

5.5 Avaliação da contribuição relativa dos componentes principais para variação genética das etnovariedades	64
5.6 Frequência e agrupamento das etnovariedades através da caracterização qualitativa.....	68
5.7 Agrupamento das etnovariedades através da caracterização qualitativa e quantitativa	73
5.8 Análise filogenética	74
5.9 Avaliação da resistência das etnovariedades a incidência natural de antracnose.....	77
5.10 Avaliação <i>in vitro</i> da resposta de resistência das etnovariedades	78
5.11 Avaliação <i>in vivo</i> da resposta de resistência das etnovariedades	80
5.12 Análise de nodulação nas etnovariedades	87
6 DISCUSSÃO.....	89
7 CONCLUSÃO	110
8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	111
APÊNDICE A	127
APÊNDICE B.....	130

1 INTRODUÇÃO

As etnovariedades ou variedades crioulas são uma forma dinâmica de conservação *in situ* que mantém os processos evolutivos moldando à diversidade genética e a adaptação às condições locais. A diversidade genética moldada pelas condições de cultivo com baixo uso de tecnologia pode servir de fonte para busca de alelos associados à resistência a estresses bióticos e abióticos. A resistência genética é a forma mais eficiente de controle das doenças e as etnovariedades podem servir de fontes de alelos associados à resposta de defesa das plantas principalmente para culturas de relevância econômica regional.

Phaseolus lunatus é uma cultura de importante valor econômico para região do nordeste. A cultura também conhecida como feijão-fava ou feijão-lima, é uma das leguminosas cultivadas por pequenos produtores no estado de Alagoas. É uma importante fonte alternativa de renda e alimentação para populações da região nordeste do Brasil, embora seja menos cultivada quando comparada ao feijão comum (*Phaseolus vulgaris*). Alguns agricultores costumam manter a tradição de armazenar e disseminar as sementes das pós-colheitas ao longo de gerações, utilizando essas para novos plantios, conferindo às sementes a denominação de crioulas. Espécies selecionadas e mantidas a partir da cultura local podem ser denominadas como etnovariedades, essas apresentam adaptabilidade aos locais e culturas onde se desenvolveram, além de apresentarem grande diversidade genética que pode condicionar resistência.

As sementes crioulas também podem ser armazenadas nos bancos de germoplasma (BAG's), os quais apresentam condições de umidade, temperatura e conservação adequadas para evitar a perda de viabilidade e a ocorrência de pragas de grãos armazenados nas sementes, classificada como conservação *ex situ*. A diversidade da espécie é acessada pelas características morfológicas e por marcadores genéticos. No entanto, os trabalhos que expõem abordagem com sementes crioulas de fava no país, não apresentam grande utilização de variedades do estado de Alagoas e não mencionam a existência de locais de armazenamento dessas sementes. Dessa forma, pesquisas que realizam a caracterização e avaliação de germoplasma são relevantes para manutenção e conservação cultural dessas variedades.

Existem alguns fatores considerados como limitantes para a cultura da fava, tais como, a preferência pelo feijão comum, a não palatibilidade devido as maiores concentrações de ácido cianídrico em algumas variedades, que ocasionam amargor, além da vulnerabilidade a antracnose, doença mais frequente na cultura, que causa sintomas em todas as partes da planta e reduz qualidade e produtividade. Diante das crescentes perdas na produção de fava como consequência da ação de patógenos, especialmente do gênero *Colletotrichum*, e explorando a

grande diversidade genética presente nas etnovariedades de fava, se faz necessária a obtenção de conhecimento sobre as que apresentam resistência, através da observação da interação planta-patógeno, visando a conservação dessas etnovariedades locais, além de futuras estratégias de melhoramento genético.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Caracterizar e identificar etnovariedades de *Phaseolus lunatus* resistentes à antracnose.

2.2 Objetivos específicos

- Realizar um levantamento das etnovariedades presentes no estado de Alagoas, bem como resgatar sua história;
- Caracterizar morfoagronomicamente as etnovariedades;
- Verificar a resistência a isolados de *Colletotrichum truncatum*;
- Avaliar a eficiência simbiótica das etnovariedades através dos parâmetros: peso, massa, tamanho e número dos nódulos;
- Determinar a diversidade genética das etnovariedades por marcador molecular região ITS (*Internal Transcribed Spacer*).

3 REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Etnovarietades

As etnovarietades ou variedades crioulas, também conhecidas como raças tradicionais, variedades tradicionais ou variedades primitivas (*landraces*, *folk variety* ou *primitive variety*), têm sido definidas como populações ecológica ou geograficamente distintas originadas a partir de seleção local realizada pelos agricultores (CLEVELAND et al., 1994).

A agricultura autóctone ou agricultura tradicional é um termo utilizado na literatura para designar o sistema agrícola cujas bases técnicas reportam ao Brasil pré-colonial, mantida pelas populações indígenas remanescentes e populações tradicionais que assimilaram a técnica transmitida culturalmente por seus antepassados (FARALDO et al., 2000).

O valor potencial de etnovarietades para o desenvolvimento de uma agricultura sustentável não estaria apenas na decodificação de informação contida no DNA destas etnovarietades, mas no fato de existir todo um conhecimento sobre sua seleção, propagação, coleta e armazenamento de sementes, crescimento, valores culturais e usos (CLEVELAND et al., 1994). A roça é considerada como uma unidade básica evolutiva, local onde atuam os processos de geração, amplificação e manutenção da variabilidade genética, indicando que a variabilidade genética é concentrada dentro da roça (CURY, 1993; MARTINS, 1994; FARALDO et al., 2000; SIQUEIRA, 2011).

As etnovarietades muitas vezes são adaptadas a ambientes locais difíceis e em crescimento. O milho *Hopi blue*, por exemplo, está adaptado para crescer em uma área árida com uma curta estação de crescimento (CLEVELAND et al., 1994). Assim como as sementes crioulas conservadas pelos agricultores locais e disseminadas ao longo de gerações se encontram adaptadas às condições edafoclimáticas locais e a rusticidade do manejo, as quais estão em processo contínuo de evolução nos agroecossistemas (OGLIARI et al, 2013).

A diversidade genética é a matéria-prima necessária para o desenvolvimento e manutenção de variedades modernas, e variedades tradicionais são teoricamente uma importante fonte dessa diversidade, especialmente para características únicas não presentes em cultivares existentes ou em materiais de reprodução (PLUCKNETT et al., 1987). A diversidade baseia-se na estabilidade de uma agricultura tradicional composta por muitos sistemas agrícolas e variedades tradicionais adaptadas localmente, bem como pelo valor dessas variedades para os agricultores locais.

Os agricultores indígenas geralmente retêm variedades tradicionais mesmo quando experimentam e adotam algumas variedades modernas. As finalidades para reter variedades tradicionais não são bem definidas, mas podem incluir qualidades de armazenamento, cozimento, nutrição e processamento; razões históricas e culturais, como diversidade alimentar e uso de variedades tradicionais como alimentos locais ou cerimônias religiosas, preenchendo nichos de mercados únicos (CLEVELAN et al., 1994; SIQUEIRA, 2011; CASTRO, 2011). Outra causa pode ser por razões agronômicas: algumas variedades tradicionais são consideradas mais adequadas aos padrões tradicionais de consorciação (CLEVELAN et al., 1994).

Na região nordeste do Brasil, o germoplasma de *Phaseolus lunatus* utilizado pelos agricultores é originário das suas próprias culturas e do comércio entre as comunidades rurais. Estas são variedades cultivadas há muito tempo e podem ser considerados crioulos. Embora as variedades mantenham alguns caracteres indesejáveis, possuem adaptação local e grande variabilidade genética para a maioria das espécies (SANTOS et al., 2002; SILVA et al., 2015a).

O estudo dos sistemas agrícolas tradicionais, em que a geração e manutenção de diversidade interespecífica e intraespecífica são uma constante, é de grande importância para orientar programas efetivos de conservação de germoplasma (MÜHLEN et al., 2000). Estudos com germoplasma local vêm sendo muito difundidos em espécies como, *Dioscorea* spp. (SIQUEIRA, 2011; CASTRO, 2011), *Manihot* spp. (FARALDO, 2000), *Zea mays* (SILVA et al., 2015b; SOUZA, 2015) e *Phaseolus lunatus* (CARMO, 2011; CAVALVANTE et al., 2012; CARVALHO, 2009).

A grande variabilidade genética existente nas roças de etnovariedades apresenta características favoráveis para a conservação *in situ* e estudos de diversidade genética e evolução. As roças são adequadas para o manejo de agricultura sustentável. As plantas cultivadas, principalmente etnovariedades, representam uma forma de recurso genético que deve ser preservado e conservado, pois poderá ser utilizado pelos melhoristas em programas de melhoramento, especialmente na transferência de caracteres qualitativos (FARALDO et al., 2000).

3.1.1 Conservação de sementes

O armazenamento de sementes é uma atividade comum entre os pequenos agricultores, principalmente, em países em desenvolvimento, nos quais o acesso a variedades que passaram por melhoramento genético além de apresentarem um alto custo para compra, ainda requerem alternativas de manejo para que se adequem ao local de plantio (OGLIARI et al., 2013).

Conservar recursos genéticos significa “conservar a diversidade e a variabilidade das informações genéticas contida nos genomas dos indivíduos representativos das espécies”, seja preservando o ambiente natural – conservação *in situ* – seja mantendo os germoplasma em condições fora do seu ambiente natural – conservação *ex situ*. O armazenamento *ex situ* refere-se as formas de armazenamento em bancos de germoplasma, em laboratórios, sob condições artificiais de luz, umidade e temperatura controladas, no entanto, existem espécies que não podem ser mantidas em bancos de germoplasma e por essa razão tem seus plantios estabelecidos em campo, como forma de manter as espécies (COSTA et al., 2012).

Compreender a diversidade genética fornece informações importantes para a criação de bancos de germoplasma e conservação de recursos genéticos (SILVA et al., 2015a). Existem bancos de germoplasma, que geralmente atuam em parceria com pequenos agricultores e comunidades rurais, para obterem sementes crioulas, com intuito de conservar e salvaguardar os recursos genéticos, desenvolvendo atividades tais como reunir, avaliar e manter coleções, visando assegurar a conservação da sua variabilidade genética (ASSUNÇÃO FILHO, 2012).

A diversidade genética, base da evolução pela seleção natural, está gravemente ameaçada nos progenitores de plantas cultivadas e sua exploração, avaliação e conservação *in situ* e *ex situ* é imprescindível para garantir o desenvolvimento sustentável (NEVO, 1998).

A existência de uma coleta adequada de germoplasma é um requisito essencial para manter os níveis de diversidade em qualquer espécie, bem como determinar seu centro de domesticação. Esses aspectos, por sua vez, são essenciais para o desenvolvimento de estratégias de melhoramento genético e de conservação sementes *in situ* e *ex situ* (SILVA et al., 2015a). A melhor esperança para a melhoria das culturas reside nos progenitores de plantas cultivadas que abrigam ricos recursos genéticos para a tolerância contra fatores abióticos (seca, frio, calor e radiação solar) e bióticos (patógenos, parasitas e competidores) (NEVO, 1998).

O armazenamento de sementes *ex situ* sustenta a agricultura global e o fornecimento de alimentos e permite a conservação de milhares de espécies selvagens de plantas dentro de instalações nacionais e internacionais (DE-ZHU LI; PRITCHARD, 2009). Técnicas particulares de preservação de germoplasma incluem bancos de sementes, pólen e armazenamento de tecidos, clonagem vegetativa e manutenção de plantas inteiras. No entanto, o uso de bancos de sementes é problemático para espécies cujas sementes têm uma taxa de germinação muito lenta ou, alternativamente, são recalcitrantes ou germinam imediatamente e não podem ser armazenadas. Assim, coleções vivas são um método alternativo *ex situ* implementado em jardins botânicos e com um longo histórico (VOLIS; BLECHER, 2010).

No entanto, essas abordagens de conservação devem ser vistas como complementares, ao invés de alternativas que fornecem diferentes tipos de proteção para as espécies (DE-ZHU LI; PRITCHARD, 2009).

3.1.2 Centro de origem

A ampla área de ocorrência de populações selvagens das espécies vegetais é um dos fatores que permitiram o surgimento de diversas variedades locais, embora também seja uma das causas da dificuldade de localização exata dos locais de domesticação desta cultura (FREITAS et al., 2006). As fontes vegetais mais importantes e amplamente exploradas de resistência a doenças podem ser encontradas no centro de origem da cultura, onde a diversidade de culturas é a mais alta (LOPES et al., 2015).

O *pool* genético primário de *P. lunatus* foi subdividido em duas variedades botânicas, var. *silvestre* para o parente silvestre e var. *lunatus* para os landraces (domesticados) (BAUDET, 1977). Com base na morfologia das sementes, nos caracteres bioquímicos e nos marcadores moleculares, dois grupos genéticos de *P. lunatus* selvagens foram propostos: o de pequeno porte (conhecido como *pool* genético mesoamericano) e o de grande porte (conhecido como *pool* genético andino) (MOTTA-ALDANA et al., 2010).

Recentemente, com base em uma abordagem filogenética e filogeográfica combinada, foram propostos três *pools* gênicos no feijão-lima selvagem, o *pool* genético andino (AI) e dois *pools* genéticos mesoamericanos (MI e MII). O *pool* de genes MI ocorre principalmente no México, especialmente na área ao norte e noroeste do Istmo de Tehuantepec. O *pool* genético MII foi distribuído amplamente no México (especialmente a leste e sudeste do Istmo de Tehuantepec), América Central, Caribe e na vertente oriental dos Andes da América do Sul na Colômbia, centro-sul do Peru, Bolívia e Argentina (SERRANO-SERRANO, et al., 2010).

Em relação ao *pool* gênico domesticado de *P. lunatus*, muitas hipóteses foram levantadas em relação à sua origem, e três cultigrupos principais foram propostos com base na morfologia das sementes (BAUDET, 1977). O cultigrupo “Sieva”, caracterizado por ter pequenas sementes com pesos que variavam entre 40g e 70g/100 sementes, com formato de rim, o grupo “Batata” por ter sementes menores que 24g e 40g/100, com formato globular ou elíptico. A área de origem do terceiro cultigrupo conhecido como “Big Lima”, com sementes maiores que 70g/100, tem sido menos controversa e foi colocada no Equador e norte do Peru, onde parentes selvagens de sementes grandes também ocorrem (MOTTA-ALDANA et al., 2010; GUTIÉRREZ SALGADO et al., 1995).

3.2 Resistência genética

Devido à ação de patógenos ter se tornado uma grande ameaça aos campos de produção, a maioria dos programas de melhoramento tem dedicado muito tempo e recursos na busca de genótipos com alta produtividade e elevada resistência. O melhoramento genético visando à resistência das plantas as doenças é uma das maneiras de controle mais eficientes, simples e de reduzido impacto na natureza (MATIELLO et al., 1997; TINOCO, 2010).

A resistência descreve uma variedade de adaptações desenvolvidas por plantas que melhoram sua sobrevivência e reprodução, reduzindo a infecção de patógenos. As plantas hospedeiras usam várias estratégias para se defenderem contra danos causados por vários patógenos (WISSER, 2006). Existem alguns tipos de resistência, no que se refere à tolerância a ação de patógenos, têm-se as resistências verticais e as resistências horizontais, sendo a primeira efetiva contra algumas raças do patógeno e a segunda efetiva contra todas as raças (BESPALHOK, et al., 2007).

Classificada como vertical ou específica, a resistência segue o padrão da hipótese gene-para-gene e é controlada por apenas alguns genes específicos da raça, é baseada em um ou poucos genes, é temporal e a mudança racial do patógeno supera a resistência (VAN DER PLANCK, 1963). Geralmente envolve mecanismos cuja herança é governada por genes simples e dominantes (monogênica), fáceis de manipular em programas de melhoramento (PARESQUI et al., 2000). De forma geral a resistência vertical é de curta duração, pois os patógenos têm capacidade de suprimi-la, quando aparecem ou são introduzidas novas raças para as quais as cultivares não tem resistência (BESPALHOK, et al., 2007).

A resistência horizontal ou não específica é controlada por muitos genes menores, cada gene contribui com um pequeno efeito para restringir todas as raças de patógenos da infecção, e é considerada como resistência permanente (VAN DER PLANCK, 1963). Caracterizada por apresentar um mesmo nível de proteção contra todas as raças do patógeno (PARESQUI et al., 2000), sendo mantida independentemente do aparecimento de novas raças (BESPALHOK, et al., 2007).

Linhagens mais produtivas, em uma grande amplitude de ambientes, são aquelas que possuem na sua constituição, maior tolerância aos patógenos que ocorrem nos cultivares (SOUZA, 2012). Dentre as quais, podem ser citadas as cultivares de soja (MSOY 8400, BRS 153 e Anta 82) resistentes a *Colletotrichum truncatum* (COSTA et al., 2006; COSTA et al., 2009), as linhagens de feijão carioca (91 e 144) resistentes a *Colletotrichum lindemuthianum* (AMARO et al., 2006; PEREIRA et al., 2004) e as linhagens de milho (L234, L209, L225,

L224, L221, L228, L216, L231 e L236) resistentes a *Colletotrichum graminicola* (NICOLI et al., 2016; BRITO et al., 2007), como precursoras de tal eficiência.

A resistência das plantas hospedeiras é geralmente o método de controle mais favorável por razões ambientais, econômicas e sociais (MUNDT, 2014), representando uma das formas de manejo integrado e controle alternativo de manchas vasculares, ferrugens, oídios e viroses, possibilitando alto nível de produção conjuntamente com a aplicação de outros métodos de controle (COSTA et al., 2009; MARTINS et al., 2008; SPONHOLZ et al., 2006; CARVALHO, 2012).

O uso da resistência do hospedeiro é uma das formas mais confiáveis e ecológicas de reduzir as perdas. A capacidade de um microrganismo para produzir doença pode ser avaliada apenas em termos da reação do hospedeiro e, inversamente, a resistência, ou imunidade, do hospedeiro pode ser julgada apenas em relação ao seu efeito sobre o microrganismo (MUNDT, 2014). Evidencia-se a necessidade do estímulo para o uso de cultivares resistentes, a partir das vantagens que a resistência oferece ao ambiente, a redução local e regional de patógenos e as limitações apresentadas através do uso de fungicidas (COSTA et al., 2009; MARTINS et al., 2008).

Apesar da importância econômica, social e ambiental do feijão-fava, a produtividade em Alagoas é considerada baixa. Fato atribuído em parte a produção ser oriunda de pequenos produtores que realizam o cultivo em consórcio com outras culturas sem a adoção de aporte tecnológico. Além da ocorrência de doenças que têm sido apontadas como um dos fatores de redução da produtividade e qualidade da fava produzida (SANTOS et al., 2002), especialmente as doenças fúngicas como a antracnose.

3.3 *Phaseolus lunatus*

O feijão-fava é uma leguminosa que pertence ao filo Magnoliophyta, à classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae, gênero *Phaseolus* e espécie *Phaseolus lunatus* L. (CRONQUIST, 1988). É muito utilizada na alimentação humana e animal e apresenta uma grande resistência a longos períodos de seca e excesso de umidade. Utilizada como adubo verde ou cultura de cobertura para a proteção dos solos, também é uma importante fonte de proteína, consumida como grãos verdes, secos ou como vagens (VIEIRA, 1992; PEGADO et al., 2008; SOUZA et al., 2016). Assim, os feijões têm um importante papel na dieta humana, especialmente nos países em desenvolvimento, onde são considerados uma fonte de proteína de baixo custo (LOVATO et al., 2018).

Sua diversidade de usos aliados ao clima da região nordeste do Brasil, entre outros fatores, evidenciam o cultivo desta espécie como importante alternativa de renda e fonte de alimento para a população (GUIMARÃES et al., 2007). No Brasil, as regiões com maior consumo de *Phaseolus* spp., são nordeste (20,8 kg/ano) e sudeste (18,2 kg/ano). Os estados com maior destaque de produção são Ceará, Paraíba e Pernambuco, sendo Alagoas um dos estados com menor produção (GUIMARÃES et al., 2009; OLIVEIRA et al., 2004; IBGE, 2013, 2014).

Apesar de ser cultivada em vários Estados e de apresentar capacidade de adaptação mais ampla que o feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.), o cultivo do feijão-fava ainda tem pouca relevância. Acredita-se que as principais razões para o cultivo relativamente limitado, sejam: a maior tradição de consumo do feijão-comum, o paladar do feijão-fava e o seu tempo de cocção mais longo (GUIMARÃES et al., 2007).

O feijão-fava tem relativa importância econômica e social, por causa da sua rusticidade, tendo sua colheita prolongada e realizada no período seco. Seu cultivo na região Nordeste é consorciado com milho, mandioca ou mamona, tomando as plantas dessas culturas como suporte (AZEVEDO et al., 2003).

Os cultivares de feijão-fava apresentam dois hábitos de crescimento o determinado e o indeterminado. O hábito de crescimento determinado se caracteriza pelo desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência, enquanto o indeterminado se caracteriza pelo desenvolvimento da gema terminal em uma guia (SANTOS et al., 2002).

Suas vagens são achatadas, curvas, coriáceas, pontiagudas, de coloração bege quando secas, contendo de 2 a 4 sementes. Há uma grande variação dentro da espécie em relação à cor do tegumento e tamanho dos grãos. O consumidor nordestino tem preferência pelo feijão-fava de tegumento branco (AZEVEDO et al., 2003).

A fava assim como outras leguminosas também fixa nitrogênio através dos rizóbios, bactérias presentes no solo capazes de estabelecer simbiose com as plantas (RAHMANI et al., 2011) podendo assim, reduzir o uso de fertilizantes nitrogenados. A capacidade de executar a fixação biológica de nitrogênio (FBN), traz uma grande importância ao uso de rizóbios na agricultura (COSTA NETO, 2016). Pois os fertilizantes nitrogenados além de apresentarem um alto custo para os agricultores locais, se torna um poluente ambiental, devido às perdas que ocorrem após a sua aplicação, ao ser carregado para o lençol freático, pode provocar a contaminação de aquíferos, rios e lagos (GUEDES et al., 2010). Estudos verificando a eficiência da FBN nas leguminosas *P. lunatus* e *Glycine max* obtiveram resultados significativos (COSTA NETO, 2016; ARAUJO et al., 2017; HUNGRIA; BOHRER, 1998).

Além disso, a baixa produtividade pode ser atribuída ao fato de parte da produção ser oriunda de pequenos produtores que o plantam em consórcios com outras culturas, sem a adoção de tecnologia que vise o aumento da produtividade. A ocorrência de doenças também tem sido apontada como um dos fatores de redução da produtividade e da qualidade da fava produzida (SANTOS et al., 2002).

3.4 Antracnose em feijão-fava

A antracnose é uma das mais importantes doenças do feijão-fava na região Nordeste (NASCIMENTO et al., 2017). O gênero *Colletotrichum* descrito por Corda em 1831, pertence ao Filo Ascomycota, família Glomerellaceae e possui a fase teleomórfica denominada de *Glomerella* spp., é o agente causal da antracnose (ALMEIDA, 2015).

Nesse gênero são encontradas formas saprofíticas e patogênicas, sendo estas últimas, responsáveis por doenças economicamente importantes, comumente denominadas de antracnoses, que ocorrem em extensa gama de hospedeiros (MENEZES, 2006; SIERRA HAYER, 2014). Alguns dos hospedeiros acometidos por espécies desse gênero são *Glycine max* (COSTA et al., 2009), *Phaseolus vulgaris* (RODRIGUES et al., 2002), *Capsicum* spp. (TOZZE JÚNIOR et al., 2006), *Mangifera indica* (SERRA et al., 2011) e *Passiflora edulis* (SOLINO et al., 2012).

As espécies do gênero *Colletotrichum* apresentam alta variabilidade, manifestada pela morfologia da colônia, forma dos conídios, presença e formação de setas, apressórios, pigmentação e patogenicidade (MENEZES, 2006; SIERRA HAYER, 2014).

A espécie *Colletotrichum truncatum* é o agente causal da antracnose no feijão-fava, apresenta conídios hialinos, unicelulares, com forma falcado, ápices afilados e dispostos em acérvulos com setas asseptadas de coloração marrom escuro. O tamanho dos conídios varia de 18,31–26,63 μm para o comprimento e 2,01–4,06 μm para a largura (CARVALHO, 2009). Enquanto as células conidiogênicas apresentam-se de forma hialina e marrom pálido medindo entre 6,0 – 20,0 μm para o comprimento e 2,5 – 4,0 μm para a largura (DAMM et al., 2009).

O fungo *C. truncatum* infecta as folhas (nervuras, pecíolos), ramos, pedúnculo, almofada floral e a vagem, nesse caso, as vagens ficam deformadas e contorcidas. As sementes apresentam manchas marrons com acérvulos do fungo. As manchas são de coloração marrom-escuro ou café, de tamanho e conformação variados. Na superfície das lesões, despontam as frutificações negras do patógeno (acérvulos), destacando setas escuras, perceptíveis ao tato (CARVALHO, 2009; SPONHOLZ et al., 2006). Nas vagens são encontradas lesões grandes e

deprimidas, nas quais se forma uma massa esbranquiçada com numerosas setas organizadas em acérvulos (DAMM et al., 2009).

A antracnose é uma doença que afeta a fase inicial de formação das vagens. Em anos chuvosos, pode causar perda total da produção, mas, com maior frequência, causa redução do número de vagens e da quantidade de grãos (HENNING et al., 2014).

A doença caracteriza-se por apresentar, no estágio de plântula, a chamada infecção latente, nessa o patógeno infecta a planta, mas os sintomas da doença só são manifestados em estádios mais avançados de desenvolvimento (COSTA et al., 2009). Com o processo de colonização do patógeno, nos tecidos da planta afetada, surgem os sintomas de antracnose, visíveis em folhas, inflorescências e frutos, sendo a doença mais severa em regiões tropicais e subtropicais (MENEZES, 2006; SIERRA HAYER, 2014).

Fungos do gênero *Colletotrichum* penetram na planta por aberturas naturais, por ferimentos ou ativamente por meio de estruturas especializadas, denominadas apressórios (AGRIOS, 2005). A estratégia de colonização de *C. truncatum* consiste na invasão do tecido através da cutícula e da parede peridinal das células da epiderme, resultando em necrose (MANANDHAR et al., 1985).

De modo geral, as manchas foliares ocorrem com maior frequência e intensidade em condições de clima quente e úmido. A alta umidade, tanto na forma de umidade relativa como na forma de uma película de água sobre a superfície vegetal e, temperaturas relativamente elevadas (20 – 30°C) são condições indispensáveis ao desenvolvimento dessas doenças (BEDENDO, 1995).

O controle químico da antracnose normalmente torna-se impraticável quando análises econômicas são levadas em consideração, além de não haver fungicidas registrados para a doença. Certos cuidados culturais devem ser adotados para redução da doença, tais como rotação de culturas, plantios distantes de plantações doentes, uso de cultivares precoces, controle de épocas, densidade de plantio e a utilização de sementes registradas e sadias (SPONHOLZ et al., 2006; HENNING et al., 2014).

3.5 Diversidade e variabilidade genética

O estudo da diversidade visa elucidar relações genéticas, quantificar ou prever o nível de variabilidade total existente e a sua distribuição entre e dentro de unidades taxonômicas, quer sejam indivíduos, acessos, linhagens, cultivares, populações de sistemas controlados de acasalamento ou naturais ou espécies. Este conhecimento tem proporcionado importantes

contribuições ao melhoramento genético, ao gerenciamento de bancos de germoplasma, à conservação de recursos genéticos e ao entendimento dos processos evolutivos das espécies (GANGA et al., 2004; SOUSA, 2015).

O conhecimento, conservação e utilização da variabilidade genética é primordial para o sucesso de qualquer programa de melhoramento genético (SOUSA, 2015). Com as constantes mudanças na demanda de produtores, os melhoristas precisam desenvolver cultivares cada vez mais produtivas, adaptadas aos mais diversos ambientes, resistentes a pragas, doenças e que apresentem pouca necessidade de insumos. A estimativa da diversidade genética com eficácia está associado ao emprego de técnicas multivariadas. As análises e métodos mais comumente utilizados são as análise de componentes principais, determinação das distâncias Euclidiana e Mahalanobis e realização de agrupamentos (sejam eles, hierárquicos ou de otimização), que podem ser usadas para dados quantitativos e/ou qualitativos (ASSUNÇÃO FILHO, 2012).

3.6 Análise multivariada

Os programas de melhoramento buscam estimar a diversidade genética dentro de uma espécie objetivando a criação de novas cultivares com características agrônômicas desejáveis. Nesse sentido, as técnicas de análise multivariada são uma ferramenta de grande importância, com a qual várias características podem ser avaliadas simultaneamente. Entre as técnicas multivariadas, o método de agrupamento é particularmente útil para separar um grupo de observações em subgrupos de uma maneira que maximize a homogeneidade dentro e a heterogeneidade entre os subgrupos. Desses métodos, as técnicas hierárquicas e de otimização são amplamente utilizadas para o aprimoramento de plantas (SILVA et al., 2015a; DENARDI et al., 2015).

A determinação da divergência genética, com o uso da análise multivariada, em que diversos caracteres podem ser dimensionados simultaneamente, apresenta-se bastante vantajosa, podendo-se identificar fontes de variabilidade genética, avaliar a importância dos caracteres para a divergência genética, além de permitir aos melhoristas identificar combinações genéticas com maiores chances de sucesso, antes de se realizarem os cruzamentos (ABREU et al., 2004).

O princípio da análise multivariada refere-se simultaneamente a um conjunto de variáveis aleatórias que apresentam relações entre si. Basicamente, técnicas multivariadas, analisam estudos voltados para a diversidade das espécies, sendo baseadas em medições de

dissimilaridade genética entre os genótipos, tais como a distância euclidiana, distância euclidiana média e distância generalizada de Mahalanobis (CHIORATO et al., 2005).

A análise de agrupamento trata-se do estabelecimento de grupos de indivíduos em relação às variáveis observadas. O método de otimização de Tocher e os métodos hierárquicos como o vizinho mais próximo também são utilizados (CHIORATO et al., 2005). Resultados codificados a partir da matriz de similaridade ou dissimilaridade, também são interpretados através da análise multivariada (GUIMARÃES et al., 2009).

Um método de otimização muito utilizado é o método proposto por Tocher, onde se adota o critério de manter a distância média intragrupo sempre inferior a qualquer distância intergrupos (SILVA, 2011a). O UPGMA utiliza a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo (CRUZ; REGAZZI, 2001), sendo adotado em grande escala no melhoramento vegetal, na representação das distâncias em estudos multivariados, apresentando superioridade em relação aos demais hierárquicos, em estudos filogenéticos (BERTAN et al., 2006).

Utilizam-se análises multivariadas com o objetivo de quantificar a divergência genética entre as adesões, formando grupos com diversidade quanto à dissimilaridade genética e descartando os descritores redundantes, além de identificar combinações entre os indivíduos mais promissores para o desenvolvimento de linhas superiores (CHIORATO et al., 2005).

3.6.1 Caracterização morfoagronômica

Tradicionalmente, a diversidade genética em feijão tem sido avaliada por meio de marcadores morfológicos, tais como hábito de crescimento, tipo de semente, resistência a doenças e pragas (SINGH et al., 1991). Na caracterização preliminar dos genótipos, características morfológicas e agrônômicas das plantas são preferidas, devido a facilidade para avaliação e o baixo custo financeiro (LIMA et al., 2012). A caracterização morfoagronômica abre um leque de possibilidades no que diz respeito às informações geradas sobre os genótipos avaliados, desde uma simples ordenação a agrupamentos de genótipos semelhantes em grupos homogêneos (ASSUNÇÃO FILHO, 2012).

A caracterização morfoagronômica gera uma série de informações a respeito de cada subamostra, possibilitando a diferenciação entre elas, principalmente quando as informações são escassas (SINGH, 2001). Um marcador morfológico é um caráter qualitativo, de alta herdabilidade, normalmente determinado por um único alelo e, em geral, fenótipo de fácil identificação visual, como altura, cor de pétala e morfologia foliar (FERREIRA;

GRATTAPAGLIA, 1998). Entretanto, as características de interesse agrônomo como ciclo vegetativo de plantas, produtividade, precocidade e peso de sementes são marcadores quantitativos, ou seja, influenciadas por um grande número de genes, cada qual contribuindo com um pequeno efeito no fenótipo (SILVA, 2011b).

Os descritores são utilizados visando uma maior conservação e melhoria genética da cultura. Através dos dados que constam nos descritores é possível aprofundar o conhecimento sobre a variabilidade existente e identificar divergentes. Assim, são realizadas as caracterizações dos cultivares, a partir de manuais que geralmente apresentam todos os caracteres genotípicos que podem ser encontrados em uma espécie (CHIORATO et al., 2005). O descritor do *Biodiversity Internacional* é utilizado para *Phaseolus lunatus* (IPGRI, 2001).

3.7 Caracterização molecular das etnoveriedades de *Phaseolus lunatus*

Diversas técnicas moleculares permitem revelar variabilidade de dois ou mais indivíduos através de diferenças existentes na molécula de DNA. As diferenças são herdadas geneticamente e denominadas de marcadores moleculares. A identificação de marcadores polimórficos permite realizar a caracterização molecular e determinado o grau de diferenças entre indivíduos e populações (ALMEIDA, 2015). Comparativamente, os marcadores moleculares fornecem um número praticamente ilimitado de polimorfismos em relação aos marcadores morfológicos. As marcas identificadas na molécula de DNA também são distribuídas aleatoriamente ao longo de todo o genoma, podendo ser detectadas de forma automatizada e a custos cada vez mais reduzidos (GUIMARÃES et al., 2009).

Marcadores moleculares têm demonstrado eficácia na avaliação da variabilidade genética dentro e entre populações de plantas e na elucidação de parentescos entre acessos dentro de uma espécie. Nos programas de melhoramento, a informação da diversidade genética dentro de uma espécie é essencial. É particularmente útil na caracterização individual dos acessos e cultivares e como guia na escolha dos pais em programas de cruzamento (LOARCE et al., 1996).

Os marcadores moleculares foram responsáveis pelo desenvolvimento dos primeiros mapas genéticos de muitas espécies cultivadas, além da descoberta de genes e de vários estudos de diversidade genética (GUIMARÃES et al., 2009; WILLIAMS et al., 1990). Os diferentes tipos de marcadores moleculares disponíveis apresentam uma ampla capacidade de amostragem do genoma, sendo de grande potencial para a avaliação da diversidade genética, tanto para aplicações filogenéticas e evolutivas, quanto para fins práticos em programas de melhoramento

genético e na manutenção de bancos de germoplasma (GUIMARÃES et al., 2009). A filogenia baseada no sequenciamento de regiões do DNA genômico tem permitido a distinção de espécies muitas vezes morfologicamente semelhantes, bem como aquelas pertencentes a gêneros complexos (ALMEIDA, 2015).

A região conhecida com *ITS* (*Internal Transcribed Sequence* – Sequência Interna Transcrita) é uma região variável que acumula muitas mutações e está localizada entre regiões altamente conservadas (WHITE et al., 1990). O acúmulo de mutações permite que a região seja polimórfica entre indivíduos da mesma espécie. Esses marcadores abrangem uma região altamente conservada e outra polimórfica, geram um grande número de informações e determinam uma medida mais precisa das distâncias genéticas entre espécies e indivíduos, facilitando a análise filogenética com inferência na variação taxonômica das espécies (LEE; TAYLOR, 1992). É um marcador molecular altamente variável e com grande informação disponível. Sua estrutura secundária conservada permite inferências sobre a evolução molecular da região e o bom sinal filogenético para o gênero, possibilita estudos de análise filogenética (GIUDICELLI, 2015).

3.8 Discurso do Sujeito Coletivo

O Discurso do Sujeito Coletivo visa preservar as opiniões que descreve como entidades empíricas de caráter coletivo na forma de discursos emitidos na primeira pessoa do singular, ou seja, em forma de depoimentos. O Discurso do Sujeito Coletivo como técnica de pesquisa empírica que tem como objeto o pensamento de coletividades permite iluminar o campo social pesquisado, resgatando nele o universo das diferenças e semelhanças (LEFEVRE; LEFEVRE, 2010). Técnica de tabulação e organização de dados qualitativos consiste basicamente em analisar o material verbal coletado em pesquisas que tem depoimentos como sua matéria prima, extraindo-se de cada um destes depoimentos as Ideias Centrais e as suas correspondentes Expressões-chave (LEFEVRE; LEFEVRE, 2003).

O Qualiquantsoft software desenvolvido pela Universidade de São Paulo em parceria com Sales & Paschoal informática, é utilizado para a análise das entrevistas para facilitar e agilizar o processamento de dados, possibilitando ao pesquisador filtrar depoimentos e compará-los (LEFEVRE; LEFEVRE, 2010). O “qualiquantsoft” foi desenvolvido como conjunto harmônico de procedimentos, conformando descritivamente a opinião de uma dada coletividade como produto “qualiquantitativo”, compondo um painel de depoimentos discursivos (CARVALHO, 2006).

As ferramentas metodológicas, expressões chaves, ideias centrais e o discurso do sujeito coletivo, apresentam um conjunto de ações, as ideias centrais são selecionadas e posteriormente agrupadas de modo que as expressões-chave de cada ideia central sejam enquadradas por determinada denominação e para cada agrupamento um DSC é construído (LEFEVRE; LEFEVRE, 2003). As Ideias Centrais ou categorias (IC) tratam-se de um nome ou expressão linguística que revela e descreve da maneira mais sintética e precisa possível o sentido ou sentidos das Expressões-chave (ECH) de cada um dos discursos analisados (LEFREVE; LEFREVE, 2010).

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Área de estudo

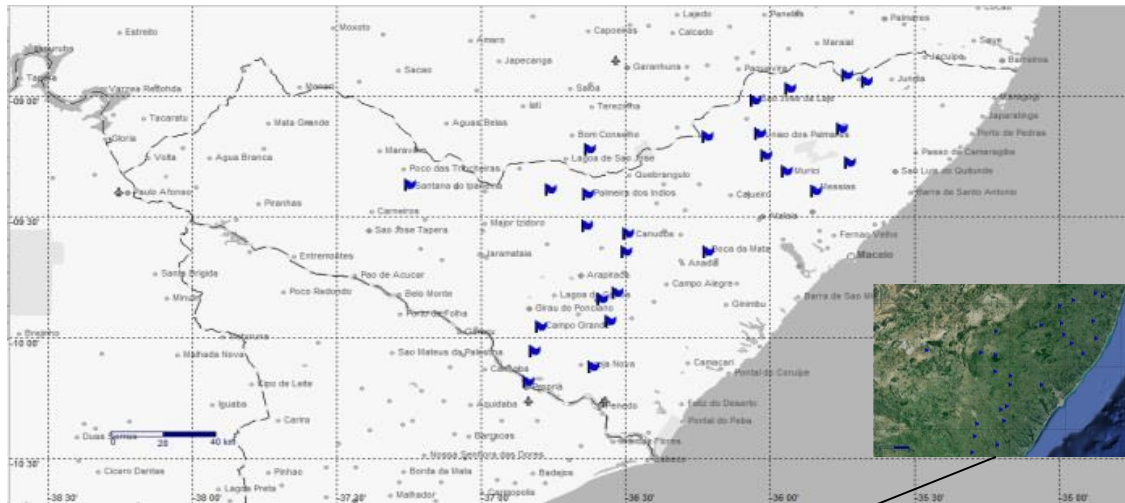
A pesquisa foi desenvolvida através de coletas realizadas no estado de Alagoas para aquisição de sementes crioulas de fava. O estado está localizado na região nordeste do Brasil, que tem como capital a cidade de Maceió. Alagoas possui uma população estimada de 3.375.823 habitantes, apresentando densidade demográfica de 112,33 hab/km² e área territorial de 27.848,140 km². É subdividido em Agreste, Leste, Sertão (mesorregiões) e 19 microrregiões, classificadas atualmente como áreas intermediárias e imediatas. As cidades mais populosas do estado são Maceió, Arapiraca, Palmeira dos Índios, Rio Largo e União dos Palmares (IBGE, 2013, 2014).

Alagoas é um estado agrícola, com agricultura familiar prevalente, baseada predominantemente em policultura, é responsável por quase toda a produção de arroz, feijão, mandioca e milho do estado, sua produção é a garantia da segurança alimentar, atendendo ao mercado interno e evitando importações, além disso, produz mais de 90% da cana-de-açúcar, sendo responsável por 60% do valor da produção agrícola do Estado. É um dos estados produtores de fava do país, considerado o 8º estado produtor da região nordeste, produzindo 47 toneladas de fava anualmente. É constituído por 102 municípios, sendo que 21 desses municípios apresentam produtividade anual de fava (IBGE, 2013, 2014).

4.2 Coleta das sementes e entrevistas com produtores e atravessadores

As sementes foram obtidas em coletas realizadas no período de julho de 2017 a fevereiro de 2018 nos 21 municípios produtores de fava do estado de Alagoas (Figura 1). Os municípios de Arapiraca e Junqueiro, apesar de não constarem no senso de municípios produtores também foram visitados considerando os registros de outra pesquisa de campo, obtendo-se assim, a informação de que havia plantios de fava nesses locais (SOARES, 2017). As sementes coletadas nas feiras, mercados públicos e propriedades rurais tiveram as coordenadas registradas com o auxílio do GPSMAP® 60CSx (Garmin). Um mapa foi construído com as coordenadas através do software TrackMaker (FERREIRA JUNIOR, 1998).

Figura 2. Municípios do estado de Alagoas onde foram realizadas as coletas das etnovariiedades de fava.



Fonte: dados da pesquisa, 2019.

Nas entrevistas foram utilizados questionários semiestruturados, tratando-se de um roteiro com questões que norteiam o entrevistador para conduzi-las, (Apêndices B), contendo perguntas pré-definidas que são passíveis de alterações em campo a depender da compreensão dos informantes e de outros questionamentos que cada resposta possa gerar durante o diálogo entre entrevistador e informante, apresentando grande flexibilidade, por respeitar o tempo de resposta e o conhecimento empírico dos informantes, permitindo que a entrevista ocorra de forma espontânea (ALBUQUERQUE et al., 2010). As entrevistas foram gravadas (Gravador Sony Icd-PX240), posteriormente transcritas e analisadas a partir do Discurso do Sujeito Coletivo – DSC, com auxílio do software Qualiquantisoft (LEVREFE; LEVREFE, 2010). As imagens das sementes e dos produtores foram retiradas com câmera digital e editadas com auxílio do software Pixlr Editor (<https://pixlr.com/editor/>).

4.3 Caracterização morfoagronômica das etnovarietades de *Phaseolus lunatus*

A caracterização morfoagronômica foi realizada, a partir dos parâmetros qualitativos e quantitativos expostos pelos Descritores para *Phaseolus lunatus* do *Bioversity International* (IPGRI, 2001). A avaliação foi dividida em quatro etapas no desenvolvimento da planta para caracterização das diferentes estruturas: plântula (15 dias após a semeadura), fase vegetativa (aos 40 dias após a semeadura), estruturas reprodutivas (no momento de floração e maturação das vagens) e sementes (pós-colheita).

O experimento foi conduzido no Centro de Ciências Agrárias – CECA da Universidade Federal de Alagoas – UFAL. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado – DIC, com três repetições. As parcelas eram vasos, contendo uma planta e mantidos em condições de ambiente aberto (com piso impermeabilizado e nivelado). O substrato para cultivo foi à terra coletada da camada de 30 cm superficial ao solo. A terra foi adubada com NPK 10:10:10 (2 g/L) e calcário (4 g/L), uma semana antes do plantio, totalizando 3,240 kg de NPK e 6,480 kg de calcário. O estabelecimento do cultivo foi realizado com semeadura de 3 sementes por vaso com capacidade de 20 L, as plantas foram desbastadas aos 15 dias após germinação, deixando apenas uma planta por vaso. As plantas foram tutoradas com auxílio de estacas de bambu e quando iniciaram o período de florescimento foram adubadas quinzenalmente com nitrogênio. O controle de insetos como pulgões e ácaros foi realizado sempre que necessário, utilizando óleo de neem (Natuneem, Natural Rural Indústria e Comércio de Produtos Orgânicos e Biológicos Ltda., Araraquara – SP), seguindo as indicações de aplicação no rótulo do produto, para obter a concentração de 1% foi feita diluição de 10 mL do óleo em 1000 mL de água.

Os caracteres qualitativos avaliados foram: cor do cotilédone (CC); cor do hipocótilo (CH); pigmentação do caule principal (PCP); marcas transparentes ao longo das nervuras das folhas primárias mais desenvolvidas (MTFP); cor da nervura das folhas primárias mais desenvolvidas (CNFP); antocianina nas folhas (AF); cor da folha: intensidade da cor verde (CFICV); padrão de crescimento (PCE); ramificação: tipo determinado e indeterminado (RTDI); orientação dos ramos: tipo determinado (ORTD); forma do folíolo (FF); cor das asas (CA); cor da quilha (CQ); cor do estandarte (CE); abertura das asas (AA); posição do cacho (PC); forma do ápice da vagem (FAV); posição das vagens em relação aos cachos (PVRC); orientação das vagens em relação aos cachos (OVRC); deiscência da vagem (DV); curvatura da vagem (CDV); cor das vagens (CV); persistência da folha (PF); cor de fundo da semente (CFS); cor padrão da semente (CPS); segunda cor padrão da semente (SCPS); padrão do tegumento da semente (PTS); forma da semente (FS); germinação das sementes nas vagens

(GSV); separação de testa (ST); textura de testa (TT); cor do cotilédone em sementes maduras (CCSM). Para os caracteres de cor, foi utilizada a tabela de padrão de cor de Munsell (Munsell Color Chart for Plant Tissues, 1952).

Os caracteres quantitativos avaliados foram: comprimento da folha primária (CFP); largura da folha primária (LFP); comprimento do folíolo (CF); largura do folíolo (LF); número de nós no caule principal antes do primeiro cacho (NNCP); altura da planta: tipo determinado (APTD); comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida (CHPF); número de nós por cacho (NNP); tamanho do botão floral (TBF); comprimento do cacho (CDC); duração da floração (DF50%); número de sementes por vagem em 20 vagens (NSV); peso de 100 sementes (PS100); peso de 50 vagens (PV50); número de dias desde o aparecimento da primeira vagem até a planta possuir 50% das vagens (NV50%); número de dias após a planta possuir 50% das vagens até à maturação (NV90%); comprimento semente (CS); largura semente (LS); comprimento vagem (CV); largura vagem (LV). O comprimento e largura dos caracteres foram mensurados em milímetros com paquímetro digital, a altura da planta em cm com régua comum e o peso em gramas com balança analítica de precisão.

A análise dos parâmetros quantitativos foi realizada utilizando o teste F para verificar as significâncias estatísticas dos quadrados médios das etnovariedades, relativos aos 20 caracteres quantitativos, determinando os coeficientes de variação experimental entre os pares de caracteres. A significância dos coeficientes de correlação foi avaliada pela estatística “t” a 1 e 5% de probabilidade (CRUZ, 2013,2016). As diferenças entre as etnovariedades foram verificadas através do teste de comparação de médias a 5% de probabilidade (SCOTT; KNOTT, 1974).

Na aplicação da técnica de agrupamento dos genótipos, foi adotada a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), como medida de dissimilaridade, levando em consideração o grau de dependência entre as variáveis estudadas. Com relação ao estabelecimento de grupos dissimilares, foi aplicado o método hierárquico aglomerativo de otimização proposto por Tocher (RAO, 1952), cujos cálculos foram igualmente embasados na distância generalizada de Mahalanobis.

O critério de Singh (1981) foi utilizado para quantificar a contribuição relativa das características mais importantes para divergência. O método hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method Arithmetic Average* – agrupamento aos pares pela média aritmética não ponderada) também foi utilizado no estudo de dissimilaridade genética. Análise de Componentes Principais foi usada para verificar a contribuição e correlação entre as variáveis

avaliadas. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa Genes (CRUZ, 2013, 2016). A análise gráfica dos componentes principais foi gerada no programa Past – Paleontological Statistics versão 3.22 (HAMMER, 2018).

A análise dos parâmetros qualitativos foi realizada utilizando o coeficiente de coincidência simples para variáveis multicategóricas, e para a análise conjunta dos dados qualitativos e quantitativos, utilizou-se da distância média de Gower (CRUZ, 2013, 2016). A partir das matrizes obtidas foi utilizado o programa NTSYSpc versão 2.11X (ROHLF, 1990), para gerar os dendogramas de similaridade, através do método UPGMA e clusterização de SHAN.

4.4 Extração do DNA de folhas de *Phaseolus lunatus*

A extração do DNA das 27 etnovariedades de fava seguiu o protocolo CTAB (DOYLE; DOYLE, 1987). A extração foi realizada com 150 g do tecido foliar. O tecido foi desestruturado por maceração em cadinho com uso de pistilo e posteriormente foi adicionado 750 µL de tampão de extração (100 mM de Tris-HCl (pH 8,0), 1,4 M de NaCl, 0,02 mM de EDTA, CTAB 2% e beta-mercaptoetanol 0,2%). O conteúdo foi transferido para microtubos de plástico e incubados em banho-maria a 65°C por 60 min, com agitação suave e ocasional. A desproteínização foi realizada adicionando nas amostras 2/3 do volume de clorofórmio álcool isoamílico – CIA (24:1), agitando-as por inversão durante 5 min e centrifugando-as a 10.000 rpm por 10 min. O sobrenadante foi coletado e foi feita adição de 550 µL de isopropanol (gelado), as amostras foram mantidas em temperatura ambiente por 60 min. Em seguida, foram centrifugadas novamente, o sobrenadante foi descartado cuidadosamente, o precipitado (*pellet*) obtido no fundo do tubo foi lavado uma vez com etanol 70% por 10 min e depois seco em temperatura ambiente. O DNA das amostras foi ressuspendido em 50 µL de TE (RNase 10mg/mL). A qualidade do DNA extraído foi verificada após eletroforese em gel de agarose a 0,8% por 60 min a 60 V. O DNA foi visualizado por coração com Sybr Safe® (Invitrogen, Eugene, Oregon, Estados Unidos) e revelação sob luz ultravioleta em transiluminador L.PIX (Loccus biotecnologia, Cotia, São Paulo, Brasil). O registro foi armazenado na forma de fotografia digital.

4.4.1 Amplificação da região ITS (*Internal Transcribed Spacer*) das etnovariedades de *P. lunatus*

A amplificação das amostras através de PCR (*Polymerase Chain Reaction*), foi realizada utilizando termociclador (2720 Thermal Cycler). A amplificação da região ITS foi conduzida com os oligonucleotídeos iniciadores ITS1 (5'-CGTAACAAGGTTTCCGTAGG-3') e ITS4 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3') em condições de amplificação específicas (WHITE et al., 1990) para obtenção de fragmentos com tamanho variando de 600 a 700 pb. As reações foram realizadas sob as seguintes condições térmicas: 95° C por 2 min, 95° C por 30 s, 55° C por 30 s, 72° C por 30 s e 72° C por 5 min, durante 35 ciclos. Um controle negativo sem DNA foi incluído nas amplificações do PCR.

A presença do fragmento amplificado esperado foi verificada após eletroforese em gel de agarose 1,5% corado em cuba de eletroforese durante 120 min a 90 V. As amostras foram tratadas com Sybr Safe®, os fragmentos amplificados foram observados sob luz ultravioleta em transiluminador L.PIX (Loccus biotecnologia, Cotia, São Paulo, Brasil) e os dados foram registrados na forma de fotografia digital. O referencial para estimar o tamanho do fragmento foi o *ladder* 1kb (Ludwing Biotec, Alvorada, Rio Grande do Sul, Brasil). As sequências de DNA amplificadas com os primers para região *ITS* foram enviadas para quantificação, purificação e sequenciamento comercial (Myleus Biotecnologia, Belo Horizonte – MG), o método de sequenciamento utilizado foi o Sanger (SANGER; COULSON, 1975). As sequências foram editadas manualmente utilizando sequências do Genbank – NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>) como comparativas para identificação e montagem das sequências *forward* e *reverse* das etnovarietades, a edição das sequências montadas foi realizada no software Bioedit (THOMPSON et al., 1994) transformando o arquivo em Fasta, para ser lido pelo software Phylogeny.fr (<http://www.phylogeny.fr/index.cgi>) (DEREEPE et al., 2008). Essas sequências de nucleotídeos foram editadas e depositadas no Genbank – NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>).

4.4.2 Análise da diversidade comparativa baseada na sequência de nucleotídeos (ITS)

As sequências ITS foram analisadas utilizando a ferramenta BLASTN no NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), comparadas com outras sequências do banco de dados (Genbank), em seguida foram identificados os sentidos *forward* (5'-3') e *reverse* (3'-5'), para montagem no BLAST2-Sequences (<http://140.114.98.75/blast/wblast2.html>) e posterior alinhamento com a função ClustalW implementada no BioEdit (HALL 1999; THOMPSON et al., 1994). Após o alinhamento foram realizadas as análises filogenéticas utilizando o modo “One click” do software online (www.phylogeny.fr; DEREPEPE et al., 2008) que inclui as

seguintes etapas: alinhamento de sequências com MUSCLE (v3.7); remoção de regiões ambíguas com Gblocks (v0.91b); construção de árvore filogenética usando o método de máxima verossimilhança com PhyML (v3.0 aLRT); e avaliação da confiabilidade do ramo interno utilizando o teste aLRT (SH-Like). As árvores filogenéticas foram construídas e editadas usando TreeDyn (v198.3).

4.5 Avaliação da resistência das etnovariedades de *Phaseolus lunatus* a incidência natural de antracnose em folhas e vagens

A reação das etnovariedades à antracnose foi determinada pela escala diagramática para vagens conforme Feijó (2017), atribuindo as seguintes notas: 3, 6, 12, 24, 48, 68, 84 e 96%. A avaliação foi feita nas três repetições de cada etnovariedade, em todas as vagens, a partir das plantas usadas no experimento para análise morfoagronômica. A avaliação das folhas também foi realizada através da atribuição de notas de 1 a 5 (CARVALHO, 2009), em três folhas trifolioladas, nas três repetições de cada etnovariedade.

Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas por Scott-knott (1974) ($P < 0,05\%$), utilizando o programa Sisvar (FERREIRA, 1998). Os gráficos foram construídos no software GraPhad (RADUSHEV, 1992, 2016).

4.6 Aquisição dos isolados de *Colletotrichum truncatum*

Os isolados de *Colletotrichum truncatum* utilizados para realizar o teste de patogenicidade foram ICT12 e ICT16, selecionados pelos diferentes níveis de virulência verificados em outros estudos (SOUSA, 2018; LIMA, 2013), esses isolados obtidos no Laboratório de Fitopatologia Molecular e Virologia Vegetal do Centro de Ciências Agrárias. Os isolados foram ativados em meio sólido BDA (batata-dextrose-ágar). A pureza dos cultivos foi verificada aos sete dias de crescimento no meio BDA observando as características morfológicas dos conídios. As suspensões de conídios foram obtidas de 20 mL de água destilada esterilizada, em seguida, as estruturas dos patógenos foram desagregadas do meio de cultivo com a raspagem na placa utilizando a alça de Drigalski. Uma alíquota de 50 μ L de cada suspensão foi transferida para os três poços das lâminas escavadas, depois de 24 horas foi verificada a germinação dos conídios, a partir da observação da formação de tubos germinativos e apressórios. A patogenicidade foi verificada após observação dos sintomas depois da

inoculação da suspensão de conídios nas etnovariedades, comprovando a patogenicidade dos isolados eram patogênicos.

4.7 Preparo da suspensão de conídios de *C. truncatum*

A suspensão de conídios foi preparada através de cultivos do fungo em meio sólido BDA, com sete dias quando as colônias apresentavam crescimento completo, ocupando todo o diâmetro da placa de Petri. As placas foram adicionadas 20 mL de água destilada esterilizada (ADE), as estruturas reprodutivas do patógeno foram desagregadas do meio de cultivo através da raspagem das placas com alça de Drigalski. A suspensão de esporos foi filtrada em dupla camada de gaze para separação dos fragmentos de hifas. A concentração de esporos da suspensão foi determinada por contagem direta em câmara de Neubauer (Henneberg-Sander GmbH, Alemanha, Giessen-Lützellinden). A concentração de esporos foi ajustada por diluição para 10^5 esporos mL^{-1} (ALFENAS; FERREIRA, 2007). Antes da inoculação, a taxa de esporulação era verificada previamente. Uma das repetições era utilizada para preparo da suspensão. A germinação dos esporos da suspensão era verificada em microscópio óptico, mantida no escuro a 28°C por 24 h. A certificação da germinação da maioria dos esporos permitia preparar a suspensão para inoculação com as demais repetições.

4.7.1 Avaliação *in vitro* da resposta de resistência das etnovariedades de *P. lunatus* a *C. truncatum*

No ensaio *in vitro*, foram plantadas 27 etnovariedades. As folhas trifolioladas foram retiradas das plantas aos 30 dias após germinação, com aproximadamente a mesma idade fisiológica. Após serem destacadas foram acondicionadas em placas de Petri (90 x 15 mm) esterilizadas, contendo uma fina camada de algodão e um disco de papel de filtro umedecido com 10 mL de água destilada esterilizada (MENDES; BERGAMIN FILHO, 1986).

O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado, com três repetições para cada tratamento e três repetições para as testemunhas. As faces superiores e inferiores das folhas, em cada tratamento, foram pulverizadas com aproximadamente 3,0 mL das suspensões de conídios, nas testemunhas foi utilizada água destilada esterilizada. As placas foram vedadas com filme plástico transparente para manter a umidade elevada e colocadas em incubadora do tipo BOD com temperatura ajustada para $28^\circ\text{C} \pm 1^\circ\text{C}$ e fotoperíodo de 12 horas, mantidas nessas

condições até avaliação. A avaliação foi realizada através de escala de notas de 1 a 5 (CARVALHO, 2009; CARMO, 2011).

4.7.2 Avaliação *in vivo* da resposta de resistência das etnovariedades de *P. lunatus* a *C. truncatum*

No ensaio *in vivo* foram plantados, em casa de vegetação, as 27 etnovariedades selecionadas. O delineamento utilizado foi inteiramente casualizado, com três repetições para cada tratamento e três repetições para as testemunhas. Foram plantadas três sementes de cada genótipo em vasos com capacidade de 1 L, o solo utilizado foi previamente esterilizado. O desbaste foi realizado 15 dias após germinação, deixando apenas uma planta por vaso, tutoradas com auxílio de estacas de bambu.

A suspensão de conídios foi pulverizada em duas folhas trifolioladas localizadas na parte aérea e na primeira folha trifoliolada emitida após folha primária das plantas, 45 dias após plantio. Nas testemunhas foi utilizada água destilada esterilizada. Os folíolos foram acondicionados em sacos plásticos (20 x 14 cm) para que ficassem em câmara úmida até aparecimento dos primeiros sintomas, para favorecer a colonização dos fungos, após retirar os sacos plásticos, as plantas foram mantidas até avaliação (BRITO, 2017). A avaliação foi realizada através de escala de notas de 1 a 5 (CARVALHO, 2009; CARMO, 2011).

4.7.3 Avaliação da reação das etnovariedades à inoculação com *C. truncatum*

A avaliação foi feita através de uma escala de notas para *Phaseolus lunatus* (CARVALHO, 2009). A severidade foi avaliada aos 3 e 5 dias após a inoculação com base no nível de infecção, através de escala de notas, onde: 0 = ausência de sintoma; 1 = traços a 10% da área foliar infectada; 2 = de 11 a 25% da área foliar infectada; 3 = de 26 a 50% da área foliar infectada, sem queda de folíolo; 4 = de 51 a 75% da área foliar infectada, sem ou com queda de um dos folíolos; 5 = de 76 a 100% da área foliar infectada, sem ou com queda de dois ou três folíolos. No ensaio *in vivo*, as avaliações iniciaram após aparecimento dos primeiros sintomas e prosseguiram com a mesma diferença de dias da avaliação *in vitro* (2 dias). Foi realizada a contagem da queda de folíolos em cada repetição e as médias atribuídas por genótipo em cada tratamento.

A partir das médias estimadas na escala de notas, as variedades foram agrupadas em cinco classes de acordo com a resposta ao patógeno: Imune (IM) - 0; altamente resistente (AR) - 0,1 a 1,4; moderadamente resistente (MR) - 1,5 a 2,4; moderadamente suscetível (MS) - 2,5 a 3,0; e altamente suscetível (AS) - acima de 3,0 (BELMINO, 2004; CAVALCANTE, 2011). As imagens das lesões dos folíolos foram retiradas com câmera digital e editadas com auxílio do software Pixlr Editor (<https://pixlr.com/editor/>).

Os dados foram submetidos à análise de variância (dois isolados, uma concentração e três testemunhas), as médias foram transformadas através da $\sqrt{x+1}$ e agrupadas pelo método proposto por Scott-knott (1974) ($P < 0,05\%$), com o auxílio do software Sisvar (FERREIRA, 1998). Os gráficos foram construídos no software GraPhad (RADUSHEV, 1992, 2016).

4.8 Nodulação nas etnovariedades

A avaliação considerou a nodulação espontânea das favas cultivadas no solo coletado da camada superficial. O substrato para cultivo foi à terra coletada da camada de 30 cm superficial ao solo, coletada no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Alagoas, local onde o experimento foi desenvolvido. O solo foi peneirado e transferido para vasos com capacidade de 2,5 L. Em cada vaso, foram plantadas 3 sementes e aos 15 dias após germinação foi realizado desbaste, deixando apenas uma planta por vaso, em seguida, foi feito o tutoramento das plantas. O delineamento utilizado foi o inteiramente casualizado com três repetições por genótipo, o experimento foi mantido em condição de ambiente aberto (com piso impermeabilizado e nivelado).

A avaliação da nodulação foi realizada aos 60 dias após plantio, as raízes foram retiradas, lavadas e os nódulos foram destacados do sistema radicular, em seguida foram contados, medidos e pesados (massa fresca). A massa seca dos nódulos foi determinada a partir do peso, os nódulos foram acondicionados em sacos de papel e colocados em estufa com ventilação forçada a 65° C por 48 h. Os parâmetros avaliados foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas por Scott-knott (1974) ($P < 0,05\%$), utilizando o programa Sisvar (FERREIRA, 1998). Os gráficos foram construídos no software GraPhad (RADUSHEV, 1992, 2016). As imagens do sistema radicular com nódulos e do corte transversal de um nódulo ativo foram retiradas com câmera digital e editadas com auxílio do software Pixlr Editor (<https://pixlr.com/editor/>).

5 RESULTADOS

5.1 Coleta e identificação das etnovarietades

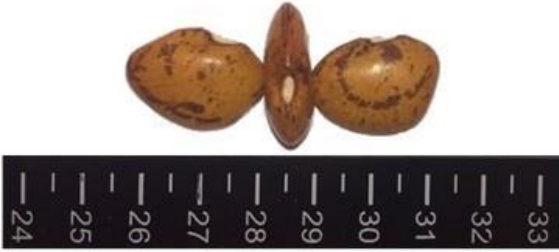
As sementes das etnovarietades de fava foram adquiridas nas feiras livres, mercados públicos e/ou cultivos, com produtores e atravessadores, totalizando 65 etnovarietades coletadas. Contudo, no estudo só foram utilizadas 23 etnovarietades, obtidas diretamente com os produtores locais (Figura 2). Além dessas sementes, também foram utilizadas 4 variedades crioulas (BBMNI, LSINI, OPCNI e RBMNI) do banco de sementes do Laboratório de Microscopia e Biologia Molecular (Figura 2).

Figura 2. Características de forma, tamanho e coloração das sementes de fava adquiridas nas coletas com produtores e no banco de sementes do Laboratório de Microscopia e Biologia Molecular.

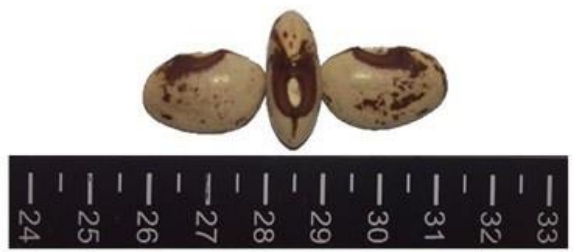


Continua...

FAM



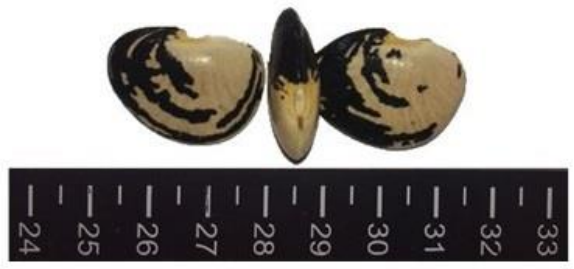
FIJ



FICGG



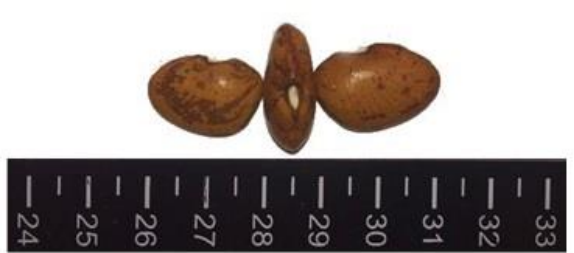
F2CGG



FFG



FCGNI



LSINI



LTM

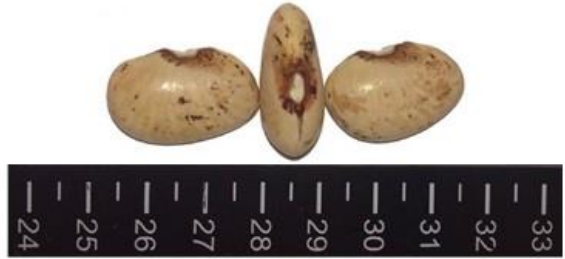


Continua...

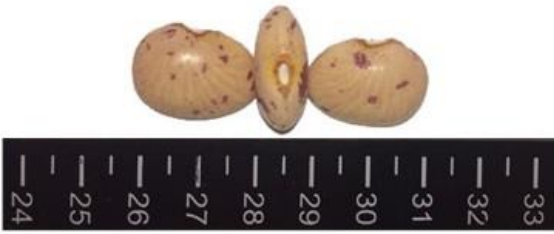
OPBJJ



OPBCNI



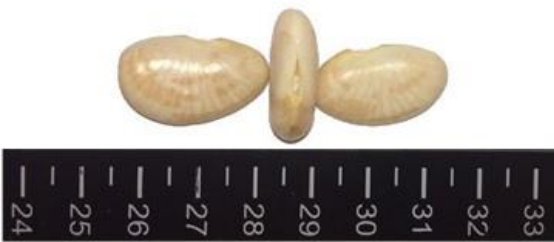
PCGG



RBA



RBN



RJV



RSSM



RTKC



Continua...



BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavadeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavadeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). Fonte: dados do autor, 2019.

A escolha das etnovariedades comercializadas e mantidas apenas por produtores foi por possibilitar a construção de um histórico sobre as formas de obtenção das sementes, período que são mantidas e modo de cultivo familiar, através dos dados coletados a partir das entrevistas. As informações obtidas com as entrevistas permitiram a elaboração de discursos e confirmação de que essas sementes se enquadram na definição de etnovariedades ou variedades crioulas.

As sementes coletadas foram identificadas com códigos que correspondem as iniciais referentes ao nome popular utilizado pelos produtores, locais de coleta e nome dos produtores. As 27 etnovariedades representam as amostras de 12 municípios do estado de Alagoas (Tabela 1), em 10 municípios as coletas foram locais e 2 municípios são representados por sementes já armazenadas no Laboratório de Microscopia (Tabela 1).

Tabela 1. Identificação das 27 etnovariedades avaliadas, código, nome popular, local de coleta e coordenadas.

Código	Nome popular	Local de coleta	Coordenadas	
			Longitude	Latitude
BBMNI	Branca	Boca da Mata	36°12'45.99"O	9°38'47.02"S
RBMNI	Rosinha			
OPBCNI	Olho-de-peixe			
BBN	Branca	Branquinha	36° 0'44.69"O	9°14'52.39"S
RBN	Rajada			
RBA	Rajadinha			
BCGG	Branca	Campo Grande	36°47'32.71"O	9°57'25.98"S
F1CGG	Fava 1			
F2CGG	Fava 2			
PCGG	Pintadinha			
FCGNI	Fígado			
BTJC	Branca	Taquarana	36°29'44.17"O	9°38'45.55"S
BTL	Branca			
CTL	Coquinho			
LTM	Lavandeira			
RTKC	Rama			
STL	Sura			
FAM	Fava	Arapiraca	36°34'46.63"O	9°50'35.25"S
FIJ	Fava	Igaci	36°37'57.91"O	9°32'23.16"S
FFG	Favita	Flexeiras	35°43'25.34"O	9°16'39.33"S
LSINI	Lavandeira	Santana do Ipanema	37°14'51.89"O	9°22'14.04"S
OPBJJ	Olho-de-peixe	Belém	36°29'26.86"O	9°34'24.84"S
RJV	Rama	Junqueiro	36°31'34.91"O	9°49'3.65"S
RJM	Rasteira			
RSSM	Rama	São Sebastião	36°33'8.86"O	9°56'0.26"S
SSSJ	Sura			
VSJLQ	Verão	São José da Laje	36° 2'58.68"O	9° 1'9.67"S

BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavandeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavandeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). Fonte: dados da pesquisa, 2019.

Os municípios de coleta (Figura 2) correspondem às regiões intermediárias (mesorregiões), constituídas por Agreste (Arapiraca, Belém, Campo Grande, Igaci, São Sebastião e Taquarana) com vegetação de transição para o clima seco, Leste (Boca da Mata, Branquinha, Flexeiras, Junqueiro e São José da Laje) com vegetação do bioma Floresta tropical e Sertão (Santana do Ipanema) com vegetação do bioma caatinga (IBGE, 2017).

Os produtores e atravessadores que comercializavam e/ou mantinham as sementes, foram entrevistados e totalizaram 56 informantes, todos eram pequenos produtores e feirantes locais (Figura 3), que utilizam a agricultura e a comercialização dessas sementes como forma de subsistência familiar. Os entrevistados foram selecionados através de uma amostragem intencional a partir das qualidades que possuíam e que eram fundamentais para responder questões específicas da pesquisa, tais como: ser comerciante ou produtor de fava e conhecer sobre o seu manejo, manter as sementes e disseminar o conhecimento sobre essas ao longo de gerações, possuir informações sobre preparo e comercialização dessas sementes (Apêndice B).

A amostragem intencional é um método não probabilístico de escolha de informantes, que poupa esforços quando as informações relevantes são exclusivas de certos representantes dentro de uma sociedade (TONGCO, 2007). Os informantes ou seus representantes legais, para participarem da pesquisa, assinaram o Termo de Consentimento Livre e Esclarecido – TCLE (Apêndice A), autorizando sua participação de acordo com a Resolução Nº 466 de 12 de dezembro de 2012, do Conselho Nacional de Saúde, a pesquisa foi submetida ao Comitê de Ética em Pesquisa com Seres Humanos, com número de aprovação CAAE 91140418.7.0000.5013.

Figura 3. Amostragem representativa dos pequenos produtores de etnovarietades de fava entrevistados em feiras livres e cultivos durante as coletas no estado de Alagoas.



Fonte: dados do autor, 2019.

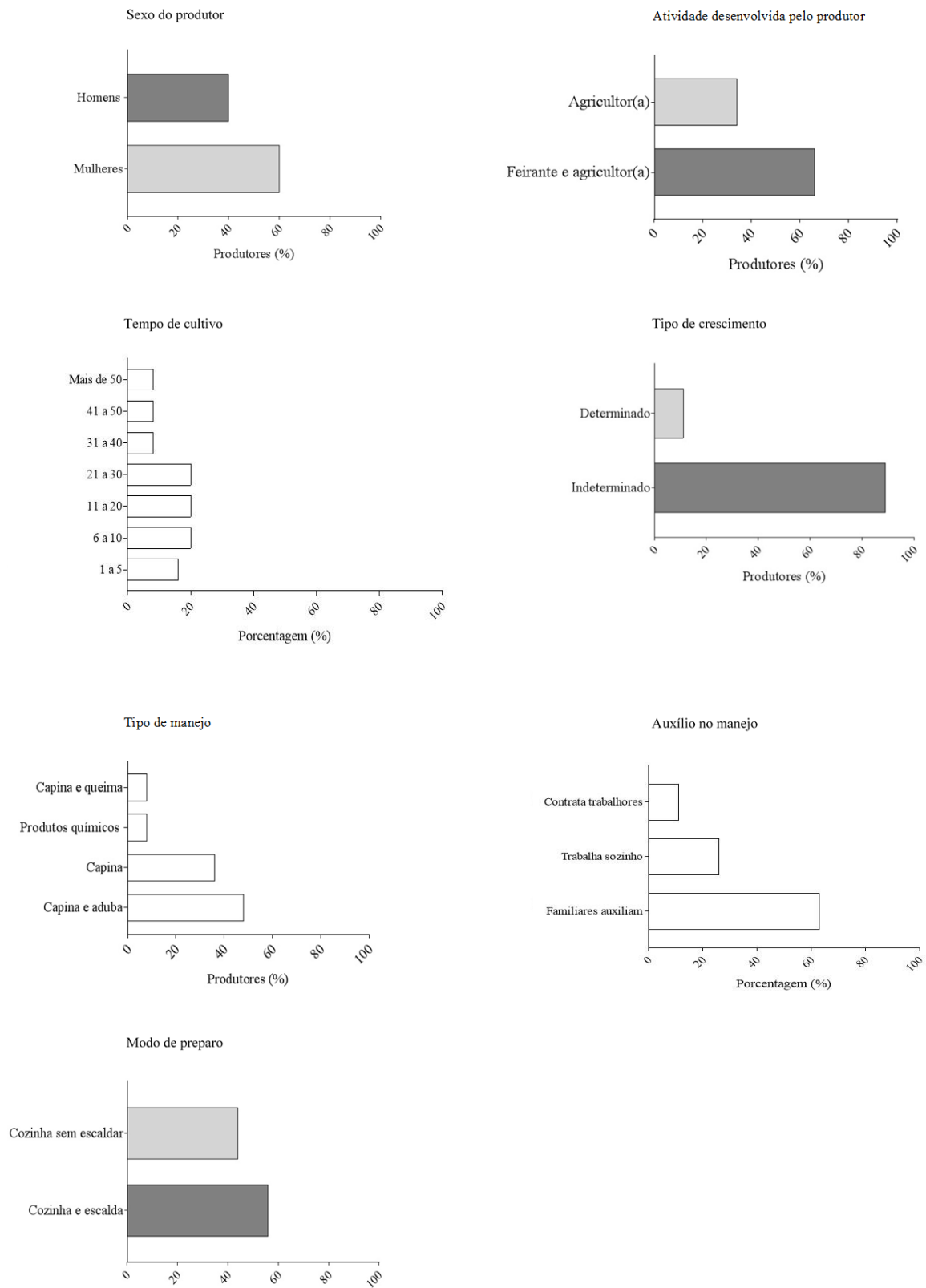
Os produtores não comercializavam apenas a fava, mas também outros alimentos, cultivados nos quintais de casa ou em áreas menores e circunvizinhas.

5.2 Discursos que representam o saber local dos pequenos produtores de fava

Os 25 produtores locais que mantinham plantios de fava no estado de Alagoas foram entrevistados e tiveram as suas entrevistas transcritas, possibilitando a formação de discursos coletivos. A seleção dos discursos dos produtores locais ocorreu mediante a especificidade na busca pelo perfil histórico dessa cultura no estado, como os informantes apresentaram um conhecimento mais abrangente sobre a tradicionalidade na produção e manutenção dos plantios de fava.

A partir das entrevistas, foi possível verificar características relacionadas ao perfil dos produtores locais, as formas de manejo, manutenção, tipo de crescimento e preparo das etnovarietades de fava cultivadas, as razões que levaram os produtores a cultivá-la e o tempo de cultivo (Gráfico 1). A maioria dos produtores entrevistados possuíam uma faixa etária média de 50 anos, com a predominância do sexo feminino, representando 60% da amostragem (Gráfico 1). Dentre os produtores locais entrevistados, 66% deles eram agricultores e feirantes e apenas 34% eram exclusivamente agricultores (Gráfico 1).

Gráfico 1. Dados socioeconômicos e relativos a manutenção das etnovarietades de fava mantidas pelos produtores locais entrevistados.



Fonte: dados da pesquisa, 2019.

Nas entrevistas os produtores foram questionados sobre a quantidade de anos que cultivavam a fava, esses expressaram que haviam muitos anos, desde a época de criança, no entanto, outros produtores informaram que o contato com a cultura era recente e a cultivavam há poucos anos e alguns informantes mencionaram sempre cultivava-la, não especificando o tempo. Os relatos foram separados em três categorias e expostos com o auxílio do discurso do sujeito coletivo (DSC).

Categoria A: Desde criança/ há muitos anos

DSC 1 – Há, faz muito tempo, faz uns 30 anos ... 40 anos. ...está com uns 30 anos, que eu comecei a trabalhar com isso, bem novinho..., ...nascemos e nos criamos aqui plantando, ...desde que eu me entendo por gente. ...Desde oito anos que eu trabalho com roça, até a data de hoje, ...desde eu menino, desde criança..., os meus avós e meu pai de criação plantavam, ...todo inverno eles plantam. Está com um tempinho..., faz seis anos..., uns cinco/seis anos ... bem dizer de quando eu nasci... que plantava.

DSC 2 – ...eu planto há muito tempo, ...de sete anos ... por diante..., comecei a plantar fava com cinco anos de idade..., eu já botava um carocinho na cova meu pai botava o milho e plantava. ...Desde que a gente chegou por aqui ... já tem uns 10 anos, ...desde o ano de 1992, ... está com uns 45 anos que planto ... fava. ...Eu acho que está com uns 20 anos que eu planto, ...mais de 20 anos..., desde 10 anos de idade.

Categoria B: Iniciei esse ano/ há poucos anos

DSC – ... foi esse ano..., eu já plantei ... nas outras roças, mas aqui nessa terra, foi esse ano..., uns 2 anos... já plantei, faz uns 3 anos...

Categoria C: Todo ano

DSC – todo ano eu planto... esse ano eu plantei na terra do meu pai, que eu ajudei a plantar..., ...eu sempre plantei sabe, quando eu morava aqui..., ...desde que eu comecei a botar roça que quando planta o milho aí sempre planta a fava..., agora eu planto pouco..., assim para comer eles plantam há muito tempo, quase todo ano eles plantam...

Foi verificado através dos discursos que os produtores mantinham os cultivos de fava de 6 a 10 anos (20%), de 11 a 20 anos (20%) e de 21 a 30 anos (20%), correspondendo a maior quantidade de informantes. Alguns produtores mantinham os cultivos há poucos anos de 1 a 5 anos (16%) e tinham produtores que já mantinham os cultivos a mais de três décadas, de 31 a 40 anos (8%), de 41 a 50 anos (8%) e a mais de 50 anos (8%) (Gráfico 1).

Às razões que levaram os produtores a iniciarem o plantio da fava foram, a existência de familiares que já a cultivavam, o consumo e comercialização, a rentabilidade e atratividade da espécie ao paladar dos consumidores, à tradição familiar, o fato de familiares já a cultivarem

há muitos anos desde quando eram crianças e por começarem a trabalhar na roça. Esses relatos foram separados em cinco categorias formadas com o auxílio do discurso do sujeito coletivo (DSC).

Categoria A: Os familiares plantavam

DSC 1 – ... já vem da tarefa do meu pai..., meu pai plantava ... quando ele faleceu, eu fiquei trabalhando..., ...meu pai ... Júlio Emanuel, plantava fava, plantava tudo..., foi por conta dele, nós já nos criamos trabalhando mais ele, continuamos plantando. ...A gente nasceu herdeiro de vó para essas coisas, ...desde pequeno, com meu pai ... José Cícero. ...Os meus avós e meu pai de criação Deltino Vieira plantavam muito..., sempre plantava, ...era tudo agricultor, aí nós ficamos no ramo também... ...quando a gente ... vai crescendo, aí já vai plantar...

DSC 4 – ...planto fava, só não nasci dentro de uma roça porque minha mãe não deixou ... já plantaram fava, meu pai, a minha mãe ... Cícera Maria da Conceição, ...meu pai morreu dentro da roça, trabalhou na roça, plantava tudo, fava, feijão, milho. ...A minha mãe plantava Helena Pastora da Costa, o meu pai José Soares Costa, os meus irmãos Valdomiro e Tarcísio, plantam para comer, não plantam para comércio, ...plantam há muito tempo...

Categoria B: Para consumo ou venda /gosta de fava

DSC – ...a fava, é bom para vender, para comer também, ela é muito boa, então todo ano a gente planta, ...para o consumo e o que sobra a gente bota na feira, ...quando tem um pouquinho a gente trás.... ...É boa, gostosa, fava boa, comida boa..., ...eu gosto..., ...eu gosto do gosto, só para consumo, ...essa aqui não é para vender, a gente ...gosta ...de fava ... só para consumo..., só planta coisa pouca...

Categoria C: rentável e as pessoas gostam

DSC – ...a fava ela é bem rentável e muita gente gosta..., ...ela é da produção e vendável..., é vendável, o povo gosta muito de comprar, ...o pessoal gosta de fava...

Categoria D: Para vender na feira/acha o plantio bonito

DSC – eu plantei porque eu gosto de trabalhar na feira, aí eu gosto de plantar de tudo, sabe..., ...acho bonita a fava quando ela está dando assim no varal, na cerca.

Categoria E: Desde quando começou a trabalhar na roça

DSC – desde que eu comecei botar roça que quando planta o milho aí sempre planta a fava, ...agora eu planto pouco, nunca plantei muita não.

Á forma utilizada para conseguir as primeiras sementes citada pelos produtores foram, com familiares, vizinhos e/ou amigos, através de compra em feiras livres e mercados públicos ou do plantio e armazenamento das sementes para os anos seguintes, foi possível evidenciar as formas de aquisição através dos discursos gerados, sendo esses divididos em duas categorias.

Categoria A: Com familiares, amigos e/ou vizinhos

DSC 1 – ...as primeiras sementes, vem de família, do meu pai Antônio Inácio dos Santos e da minha mãe Maria Celina da Conceição, ...meus pais plantavam, ...isso vem de tradição da família, eles conseguiram ... com meus avós Manuel Inácio dos Santos, vai passando a geração sabe, e nisso eu planto fava até hoje...

DSC 2 – as primeiras sementes da fava eu consegui com a minha mãe Maria José dos Santos, que ela é produtora sabe, é daqui de Joaquim Gomes também, plantava aqui..., ...através da minha mãe, foi ela que mandou para mim..., ...através do meu pai..., ...meu pai Manuel Batista..., arrumei com uns amigos que plantavam..., o meu vizinho me arrumou uma mão cheinha, eu plantei e deu semente, ...o cara me deu ... a semente dessa fava branca, mas essa mulatinha, sempre a gente tem a semente lá... Meu primo, o esquerdinha, ele já planta há muito tempo, tem um terreninho aqui perto também..., ...já era de muito tempo..., da mesma que o meu marido plantava ..., essa mulatinha, ... meu sogro trouxe para mim de lá de Taburi, comprou lá e mandou a gente plantar.

Categoria B: Comprou e/ou plantou e armazenou

DSC – ...comprando ... tudo na feira, acabou já guardo, essa daqui, foi a semente do ano passado que guardei para plantar, está com dois anos..., ...nós compramos no mercado e plantamos..., ...no mercado, em Arapiraca..., eu comprei no mercado, ...todo ano a gente guarda..., vou guardando... Quando eu comecei comprar..., ...comprei, ...aqui mesmo em Quebrangulo, ...todo ano guarda e no outro planta...

Através dos discursos foi verificado que a maioria dos agricultores mantém a cultura da fava utilizando as sementes da pós-colheita. Os produtores que mantêm essas sementes para plantios seguintes, geralmente o fazem através do armazenamento das sementes em recipientes, tais como, garrafas pet, baldes, botijões, latas, caixões e depósitos. As formas de armazenamento são verificadas a partir de uma das três categorias formadas pelos discursos.

Categoria A: Garrafa pet ou plásticas

DSC 1 – a gente bate elas, tira a semente, coloca em uma garrafa pet, há dura muito tempo, não tem ... tempo determinado para ela não..., ela fica do mesmo jeitinho, ...todo tempo que precisa, ela está lá, ...nós guardamos assim em garrafa plástica, porque é pouca..., ...todo ano eu guardo, encho, boto numa garrafa tampa e guarda..., em umas garrafas de refrigerante, olha acho que põe veneno, ...nesses vidros de Coca-Cola descartável..., boto um pouquinho de tempero dentro..., pimenta de tempero, para não criar o bicho...

Nos plantios de fava foi verificado que é realizado o cultivo em consórcio, no qual mais de uma planta é cultivada, o consórcio da fava com outras culturas geralmente é realizado em razão da ocorrência de plantas com hábito de crescimento indeterminado. As etnovarietades coletadas em Alagoas e cultivadas por produtores locais possuíam crescimento indeterminado

(88,89%) e crescimento determinado (11,11%) (Gráfico 1). Os produtores locais entrevistados costumam plantar a fava em consórcio com milho, mandioca ou macaxeira, também plantam em cercas ou em arrames. Através das informações obtidas, foram formados os discursos, separados em duas categorias.

Categoria A: Em consórcio com o milho, macaxeira ou mandioca

DSC 3 – ...plantava o milho e no pé de milho plantava a fava, porque ela enrama muito..., ...a fava ... planta com a macaxeira dentro, ...se ... plantar ... só ela..., enrama, fica pelo chão, não presta..., ...plantei o pé do milho e junto com o caroço do milho já ia ... o caroço da fava, os dois juntos, o pé de milho nasce, cresce e a fava enrama..., ...planta o milho e a fava juntos, ...com macaxeira, com mandioca e ... milho, que é a que enrama, ...planto junto o grão de milho e o grão da fava, ...já cresce igual, é só tirar o milho, ...e ela fica lá.

Categoria A: Planta na cerca/arrame

DSC – não, ela sozinha, na cerca, no pé da cerca..., ...planta em uma cerca, dá até melhor se tiver uma cerca alta que levante..., também planto ... esticada assim no arame, como se fosse plantar o maracujá, você faz o estique, passa à estaca, passa o arame, aí planta o pé..., ela já vai enramando, fica melhor da gente colher.

O manejo das áreas de cultivo das etnovarietades de fava pelos produtores locais é realizado por 48% dos produtores através da capina e com a adição de insumos (adubo), por 36% dos produtores através da capina sem a adição de insumos (adubo) e por 8% dos produtores através da utilização de produtos químicos ou da queima do solo (Gráfico 1). Os discursos gerados foram separados em duas categorias.

Categoria A: Limpa e/ou aduba

DSC 1 – antes limpava a terra, lambicava ou cavava o canteiro e depois fazia o plantio da fava, ...antigamente no tempo dos meus avós não se usava adubo e não se ouvia nem falar, era criada com a obra da natureza..., toda lavoura dava e era sadia..., ...para plantar dependendo da situação que a terra tiver, se a terra tiver boa, tiver estrumada, a gente só ... limpa e planta, ...depois limpa ... quando ela está já nascidinha, mas quando a terra está mais fraca, aí coloca o calcário, para tirar os fungos da terra, ...quando ela não está, planta normalmente sem usar nada, ...aduba não...

DSC 4 – ...limpo, ...no início, eu não tinha muito conhecimento, que eu trabalhei muito ... cortando cana, trabalhei para fazendeiro, aí hoje quando a minha mãe começou a me ensinar, que eu entrei para ser dos sem-terra..., ...me ensinaram “não é assim não, você tem que limpar, não deixar o solo ... limpo, tem que juntar o mato quando ele está apodrecendo, ...cava a leira do inhame, preenche a leira do inhame com esse mato seco, depois a gente coloca o inhame, coloca o barro por cima e levanta a leira, ...a mesma coisa a gente faz com o mato para plantar feijão de corda, a fava, sempre planta também, para não deixar o solo ... limpo e não queimar,

porque se queimar o solo ... como é que a gente vai produzir, o pessoal queimando, ...vai acabando com o solo ..., não tem ... proteção, ...é isso que a gente usa”, hoje eu uso assim, ...limpo, adubo, faço tudo na terra...

Categoria B: Utiliza produtos químicos/ limpa e queima

DSC – Há, é bem limpa..., se não limpar não tem nada, ...depois que tira essa safra, o milho, o feijão, a fava, aí vai limpar a terra, queimar aquele matinho, deixar limpa, para quando Deus mandar a chuva fazer plantação de novo, ...me ensinava assim “olhe você pega limpa a terra, o mato, aí toca fogo...” ...hoje é tudo contaminado, ...se você plantar uma roça e não botar o remédio, o veneno, o adubo, no milho, na fava, no feijão, ele não dá, ...quando tem muita malícia, a gente passa o veneno, para matar ... e pronto..., ...junto com o pessoal que é agricultor, ...a gente limpa o mato quando está grande e coivara o mato, queima, faz o alambique e faz o canteiro.

A fava é mantida no estado de Alagoas por tradições familiares e com práticas simples de manejo, 62,97% dos produtores realizam a manutenção do plantio com auxílio de familiares, que ajudam a realizar as atividades manuais, 25,92% dos produtores não tem auxílio de outras pessoas desenvolvendo a manutenção sozinhos e 11,11% dos produtores custeiam outras pessoas para realizarem a manutenção das atividades manuais (Gráfico 1).

A fava além de ser comercializada nas feiras livres e mercados públicos, também é consumida pelos produtores locais, sendo preparada a partir da cocção, realizada apenas uma vez, seguindo procedimentos similares a cocção realizada no feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) ou através de mais de uma cocção, fazendo o descarte da água do cozimento e executando esse procedimento mais de uma vez. Os discursos formados foram separados em duas categorias.

Categoria A: Cozinha e escalda

DSC 4 – toda fava que a minha mãe cozinhava, ela escaldava, segundo ... ela ... se não escaldasse a fava ficava amargando, ...acho que todas, antes de terminar de cozinhar, ...precisa escaldar, ...quando ferver, tira a primeira água, que aquela água tem o amargor da fava, ...tem que tirar a água e botar outra..., escaldo..., ...não presta ... sem escaldar..., ...escaldo e lavo mais ela, passo uma água, boto cebola, com cheiro verde, aí fica uma delícia, escalda, só que ela não amarga, é porque eu gosto de escaldar mesmo, mas se a pessoa quiser pode preparar sem escaldar...

Categoria B: Cozinha sem escaldar

DSC 3 – ...tem fava que precisa escaldar assim verde, e essa eu nem escaldo, quando eu lavo bem lavada, já boto na panela e já boto os temperos..., ...essa minha não precisa escaldar, preparo que nem preparo o feijão, ...essa não carece, ...mas o povo sempre que compra ... gosta de escaldar..., não confia na pessoa, ...não, tenho preguiça, eu acho que ela fica boa ... sem

escaldar, ...na hora do sal, você ainda bota ela para dá uma rodadinha, depois do sal, cozinha mais de uma vez, ...porque ela só tempera, é que nem o feijão, você cozinha o feijão, se você na hora do sal, botar os temperos, ...não botar para rodar, não pega gosto, assim é a fava...

5.3 Análise de diversidade genética através da caracterização morfoagronômica quantitativa

Os 20 caracteres quantitativos avaliados nas 27 etnovariedades foram utilizados na análise de variância e na comparação de médias por Scott-Knott. Na análise de variância e comparação de médias as diferenças foram significativas para 19 caracteres analisados. Excetuando a variável CFP (Tabela 2). O coeficiente de variação experimental ficou entre 2,63 a 30,26%, demonstrando uma precisão média dos resultados na consistência dos dados experimentais. Contudo, para a variável APTD, foi obtido um valor discrepante de 82,98% (Tabela 3).

As variáveis, LFP, CF e LF apresentaram apenas duas classes, se mostrando como caracteres pouco variáveis ou polimórficos na população avaliada (Tabela 2).

Tabela 2. Valores médios de 4 caracteres quantitativos correspondentes a parte vegetativa (CFP, LFP, CF e LF), resultado da comparação de médias e resumo das análises de variância visando estimar a dissimilaridade genética das 27 etnovariedades de fava.

Variedades	CFP		LFP		CF		LF	
					Mm			
BBMNI	59,67	a*	59,33	b	76,13	b	46,63	b
BBN	78,80	a	73,37	a	94,77	b	62,77	a
BCGG	59,73	a	57,20	b	78,53	b	50,40	b
BTJC	55,97	a	61,33	b	75,23	b	54,17	b
BTL	69,23	a	63,70	b	89,83	b	63,67	a
CTL	53,27	a	50,17	b	84,67	b	36,40	b
FAM	67,23	a	60,93	b	66,90	b	48,90	b
FIJ	69,40	a	74,13	a	117,83	a	82,53	a
F1CGG	88,17	a	88,97	a	102,03	a	63,23	a
F2CGG	105,30	a	86,50	a	123,33	a	70,50	a
FFG	57,20	a	58,17	b	101,30	a	59,47	b
FCGNI	70,10	a	66,80	b	100,53	a	63,33	a
LSINI	67,23	a	63,43	b	108,67	a	67,80	a
LTM	77,73	a	83,13	a	82,20	b	60,40	b
OPBJJ	63,03	a	58,47	b	92,90	b	61,63	a
OPBCNI	71,93	a	68,67	a	89,60	b	58,83	b
PCGG	70,07	a	69,03	a	95,03	b	55,43	b
RBN	72,37	a	74,10	a	80,13	b	52,50	b
RBA	82,70	a	82,10	a	78,53	b	48,20	b
RJV	63,57	a	61,17	b	107,47	a	63,87	a
RSSM	59,90	a	58,60	b	98,07	a	57,53	b
RTKC	85,43	a	91,20	a	92,80	b	54,13	b
RJM	58,33	a	57,63	b	106,47	a	81,20	a
RBMNI	51,27	a	45,80	b	93,53	b	58,80	b
SSSJ	46,10	a	34,20	b	112,00	a	73,70	a
STL	57,03	a	49,43	b	93,30	b	68,20	a
VSJLQ	74,40	a	74,27	a	87,03	b	54,30	b
QMG	498,18**		553,26**		562,09**		313,96**	
Resíduo	213,36		229,40		228,48		107,49	
Médias	67,97		65,62		93,66		59,95	
CV(%)	21,49		23,08		16,14		17,29	

¹Análise de variância. **Significativo pelo teste F (valor de p <0,01 e p <0,05).

²Teste de comparação de médias. *Médias seguidas de letras distintas na coluna diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de p <0,05). BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavadeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavadeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). CFP= comprimento da folha primária (mm); LFP= largura da folha primária (mm); CF= comprimento do folíolo (mm); LF= largura do folíolo (mm). QMG= quadrado médio do genótipo; CV= Coeficiente de variação.

A variável CHPF agrupou duas classes (Tabela 3). A etnovariiedade RBA apresentou o maior valor médio (48,60 mm) e a etnovariiedade SSSJ obteve o menor valor médio (18,20 mm). A variável APTD, agrupou três classes (Tabela 3), apresentando valores médios apenas nas etnovariiedades com crescimento determinado, sendo essas RJM (62,00 cm), SSSJ (48,00 cm) e STL (61,67 cm), as demais etnovariiedades apresentavam crescimento indeterminado e foram agrupadas conjuntamente em outra classe. A variável NNCP agrupou quatro classes, o maior valor médio para essa variável foi 20 nós e o menor 2,5 nós, representados, respectivamente, pelas etnovariiedades VSJLQ e STL. Nessa variável as etnovariiedades com os menores valores médios correspondem a 11,1%, agrupando apenas as etnovariiedades com crescimento determinado (Tabela 3).

Tabela 3. Valores médios de 3 caracteres quantitativos correspondentes a parte vegetativa da planta (NNCP, APTD e CHPF), resultado da comparação de médias e resumo das análises de variância visando estimar a dissimilaridade genética das 27 etnovarietades de fava.

Variedades	NNCP	APTD		CHPF		
			cm		mm	
BBMNI	12,33	c*	–	c	32,50	b
BBN	21,67	a	–	c	31,73	b
BCGG	9,00	c	–	c	30,53	b
BTJC	11,50	c	–	c	39,20	a
BTL	14,50	b	–	c	45,07	a
CTL	10,00	c	–	c	39,17	a
FAM	10,00	c	–	c	43,40	a
FIJ	10,50	c	–	c	36,30	b
F1CGG	21,00	a	–	c	41,57	a
F2CGG	14,00	b	–	c	32,43	b
FFG	13,00	c	–	c	41,50	a
FCGNI	11,33	c	–	c	47,20	a
LSINI	19,00	a	–	c	44,70	a
LTM	19,00	a	–	c	26,40	b
OPBJJ	8,67	c	–	c	35,97	b
OPBCNI	14,67	b	–	c	30,40	b
PCGG	9,67	c	–	c	31,63	b
RBN	13,00	c	–	c	28,97	b
RBA	11,00	c	–	c	48,60	a
RJV	16,67	c	–	c	25,13	b
RSSM	15,50	b	–	c	31,30	b
RTKC	7,50	c	–	c	31,63	b
RJM	4,00	d	62,00	a	35,70	b
RBMNI	17,33	b	–	c	35,63	b
SSSJ	3,00	d	48,00	b	18,20	b
STL	2,50	d	61,67	a	23,20	b
VSJLQ	20,00	a	–	c	47,27	a
QMG	80,94**		1022,23**		184,80*	
Resíduo	10,08		27,84		90,95	
Médias	12,60		6,36		35,38	
CV(%)	25,19		82,98		26,96	

¹Análise de variância. **Significativo pelo teste F (valor de $p < 0,01$ e $p < 0,05$).

²Teste de comparação de médias. *Médias seguidas de letras distintas na coluna diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de $p < 0,05$). BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavandeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavandeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). NNCP= número de nós no caule principal antes do primeiro cacho; APTD= altura da planta: tipo determinado (cm); CHPF= comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida (mm); (–)

= etnovariedades de crescimento tipo indeterminado. QMG= quadrado médio do genótipo; CV= Coeficiente de variação.

Na análise das variáveis associadas a fase reprodutiva, a variável TBF apresentou duas classes, representadas pelas etnovariedades LTM com o maior valor médio (7,10 mm) e FIJ com o menor valor médio (4,67 mm), a variável CDC também foi agrupada em duas classes com o maior valor médio verificado em STL (87 mm) e o menor valor médio observado nas etnovariedades LSINI e LTM (39 mm). A variável NNP foi a única que agrupou três classes, apresentando as etnovariedades SSSJ com o maior valor médio (16 nós) e RBA com o menor valor médio (4,5 nós) (Tabela 4). A variável DF50% (tempo médio) avaliada desde a emergência da primeira flor até o estágio em que cada planta estava com 50% das flores, agrupou duas classes, com valores médios que variaram de 76 dias verificados nas etnovariedades F1CGG e F2CGG a 12 dias observado na etnovariedade VSJLQ.

Tabela 4. Valores médios de 4 caracteres quantitativos correspondentes a parte reprodutiva (NNP, TBF, CDC e DF50%), resultado da comparação de médias e resumo das análises de variância visando estimar a dissimilaridade genética das 27 etnovarietades de fava.

Variedades	NNP		TBF	CDC		DF50% (DIAS)		
				Mm				
BBMNI	8,67	c*	5,70	b	54,00	b	31,00	b
BBN	6,67	c	6,40	a	76,00	a	28,67	b
BCGG	10,00	c	5,70	b	65,50	a	48,50	b
BTJC	9,00	c	6,07	a	76,50	a	64,50	a
BTL	9,50	c	5,67	b	82,50	a	56,33	a
CTL	10,67	b	5,70	b	71,33	a	39,00	b
FAM	6,33	c	5,37	b	44,00	b	45,00	b
FIJ	8,00	c	4,67	b	62,50	b	66,50	a
F1CGG	7,00	c	6,77	a	75,00	a	76,00	a
F2CGG	8,00	c	6,37	a	75,00	a	76,00	a
FFG	11,0	b	4,97	b	77,00	a	47,50	b
FCGNI	9,33	c	5,23	b	47,00	b	40,33	b
LSINI	8,00	c	7,07	a	39,00	b	32,00	b
LTM	8,00	c	7,10	a	39,00	b	32,00	b
OPBJJ	11,67	b	5,97	a	57,67	b	51,00	a
OPBCNI	8,00	c	5,90	a	51,67	b	33,00	b
PCGG	11,00	b	6,07	a	58,33	b	59,33	a
RBN	5,50	c	6,30	a	68,00	a	64,00	a
RBA	4,50	c	5,07	b	57,50	b	45,50	b
RJV	9,33	c	5,97	a	58,67	b	44,67	b
RSSM	8,50	c	5,13	b	49,00	b	46,50	b
RTKC	5,00	c	6,00	a	74,00	a	64,00	a
RJM	10,00	c	5,63	b	77,50	a	54,67	a
RBMNI	8,33	c	6,10	a	66,33	a	55,33	a
SSSJ	16,00	a	5,90	a	82,00	a	55,00	a
STL	15,50	a	5,97	a	87,00	a	57,00	a
VSJLQ	12,00	a	6,37	a	54,00	b	12,00	b
QMG	22,07**		1,06**		6426,71**		637,97**	
Resíduo	7,00		0,38		1390,76		188,25	
Médias	9,09		5,90		123,22		49,09	
CV(%)	29,09		10,50		30,26		27,95	

¹Análise de variância. **Significativo pelo teste F (valor de p <0,01 e p<0,05).

²Teste de comparação de médias. *Médias seguidas de letras distintas na coluna diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de p<0,05). BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavandeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavandeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). NNP= número de nós por cacho; TBF= tamanho do botão floral (mm); CDC= comprimento do cacho; DF50%= duração da floração (dias). QMG= quadrado médio do genótipo; CV= Coeficiente de variação.

Nas variáveis associadas ao fruto foram verificadas as maiores variâncias nas medições de CS, CV, LS e LV (Tabela 6). As variáveis NV50% e NV90%, agruparam, respectivamente, duas e quatro classes, apresentando 63% das etnovariedades que concluíram o seu ciclo com 90 ou mais de 90 dias e apresentaram média geral de 94,5 dias para o número de dias até à maturação das vagens (Tabela 5). Apresentando a etnovariedade RJM com 146,5 dias, correspondendo ao maior valor médio, e LSINI e LTM ambas com 51 dias, possuindo os menores valores médios. A variável NSV agrupou três classes, apresentando variação entre 2 e 3 sementes (Tabela 5). As variáveis, PV50 e PS100, apresentaram, respectivamente, três e quatro classes. A variável PS100 teve o menor valor médio encontrado e foi de 26,61 g na etnovariedade BCGG e o maior valor médio 96,57 g na etnovariedade F1CGG. A variável PV50 apresentou o maior e menor valores médios nas etnovariedades STL (44,91 g) e F1CGG (146,82 g), respectivamente.

Tabela 5. Valores médios de 4 caracteres quantitativos que corresponde a parte reprodutiva das plantas (NSV, NV50%, NV90%, PS100 e PV50), resultado da comparação de médias e resumo das análises de variância visando estimar a dissimilaridade genética das 27 etnoviedades de fava.

Variedades	NSV		NV50%		NV90%		PS100	PV50		
			(DIAS)					g		
BBMNI	2,89	a*	116,5	b	102,67	b	52,44	c	93,69	b
BBN	2,33	c	52,57	b	94,00	b	54,59	c	114,18	a
BCGG	3,25	a	144,1	a	86,50	c	26,61	d	53,67	c
BTJC	3,00	a	101,4	b	114,50	b	73,83	a	140,96	a
BTL	2,00	c	104,05	b	100,00	b	70,95	b	100,47	b
CTL	3,00	a	132,1	a	103,50	b	29,67	d	67,74	c
FAM	3,00	a	103,6	b	83,00	c	62,77	c	68,99	c
FIJ	3,00	a	104,55	b	107,00	b	32,22	d	75,97	b
F1CGG	3,00	a	63,0	b	104,00	b	96,57	a	146,82	a
F2CGG	2,25	c	167,9	a	104,00	b	55,77	c	82,22	b
FFG	3,00	a	163,07	a	101,50	b	38,18	d	70,78	c
FCGNI	3,00	a	181,37	a	89,67	c	32,88	d	82,11	b
LSINI	2,50	b	74,6	b	51,00	d	76,24	b	140,37	a
LTM	2,50	b	74,5	b	51,00	d	76,24	b	140,37	a
OPBJJ	2,89	a	178,93	a	79,00	c	32,27	d	72,85	c
OPBCNI	2,83	a	140,83	a	92,67	b	47,27	d	87,42	b
PCGG	2,67	b	125,1	b	110,67	b	31,19	d	57,73	c
RBN	2,50	b	85,5	b	99,00	b	73,89	b	135,32	a
RBA	2,62	b	85,17	b	85,27	c	65,58	c	130,73	a
RJV	3,00	a	95,07	b	104,0	b	34,11	d	75,86	b
RSSM	3,00	a	97,0	b	74,50	c	34,18	d	57,21	c
RTKC	2,50	b	62,97	b	95,50	b	40,98	d	83,11	b
RJM	3,00	a	159,87	a	142,50	a	31,77	c	58,08	c
RBMNI	3,00	a	123,57	b	88,00	c	47,06	c	98,64	b
SSSJ	3,00	a	198,6	a	96,00	b	31,72	d	53,42	c
STL	2,89	a	242,2	a	115,00	b	28,73	a	44,91	c
VSJLQ	3,00	a	148,9	a	77,00	c	65,87	b	119,46	a
QMG	0,27**		582,17**		1055,17**		1146,51**		3023,10**	
Resíduo	0,06		142,80		113,50		79,54		235,73	
Médias	2,80		63,67		94,50		49,76		90,97	
CV (%)	8,65		18,77		11,27		17,92		16,88	

¹Análise de variância. **Significativo pelo teste F (valor de $p < 0,01$ e $p < 0,05$).

²Teste de comparação de médias. *Médias seguidas de letras distintas na coluna diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de $p < 0,05$). BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavadeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavadeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). NSV= número médio de sementes por vagem; NV50%= número de dias desde o aparecimento da primeira vagem até a planta possuir 50% das vagens; NV90%= número de dias após a planta possuir 50% das vagens até à maturação; PS100= peso de 100 sementes (g); PV50= peso de 50 vagens (g). QMG= quadrado médio do genótipo; CV= Coeficiente de variação.

A maior variância encontrada referiu-se aos aspectos morfológicos da semente e da vagem, contendo um maior número de classes para os caracteres CV e CS. Ambos os caracteres agruparam as etnovariedades em oito classes. A variável LV possibilitou a formação de sete classes e a variável LS possibilitou a formação de seis classes (Tabela 6).

A variável CV variou de 76,66 a 50,61 mm. A etnovariedade CTL ficou em uma classe isolada, apresentando o menor valor médio (50,61 mm) e a etnovariedade F1CGG apresentou o maior valor médio da classe (76,66 mm). O intervalo médio para essa variável foi de 60,09 a 57,26 mm, sendo o que mais agrupou etnovariedades, alocando 29,6%. Na variável CS houve uma variação de 18,02 e 9,35 mm. A etnovariedade BCGG ficou em uma classe isolada, apresentando o menor valor médio (9,35 mm) e a etnovariedade F1CGG apresentou o maior valor médio (18,02 mm). Essa variável agrupou 29,5% das etnovariedades, apresentando intervalo médio de 11,62 a 11,25 mm (Tabela 6).

No caractere LV observou-se uma variação de 18,83 a 12,20 mm. A etnovariedade BTJC apresentou o maior valor médio (18,83 mm), ficando em uma classe isolada, já a etnovariedade CTL, apresentou a menor média (12,50 mm) na classe. As etnovariedades dessa variável apresentaram a mesma proporção de 25,9% em duas classes, com intervalo médio de 13,89 a 14,50 mm em uma das classes e na outra 17,08 a 16,37 mm. A variável LS apresentou uma variação de 12,61 a 7,22 mm. A etnovariedade F1CGG apresentou o maior valor médio de 12,61 mm, ficando em uma classe isolada. O menor valor médio foi apresentado pela etnovariedade BCGG (7,22 mm). As etnovariedades dessa variável apresentaram a mesma proporção de 29,6% em duas classes, com intervalo médio de 8,10 a 8,41 mm em uma das classes e na outra classe 7,22 a 7,99 mm.

Tabela 6. Valores médios de 4 caracteres quantitativos (CFP, LFP, CF e LF), resultado da comparação de médias e resumo das análises de variância visando estimar a dissimilaridade genética das 27 etnovariedades de fava.

Variedades	CS		LS		CV		LV	
	mm							
BBMNI	11,36	f*	7,54	f	61,58	e	14,35	e
BBN	15,29	c	10,33	c	72,19	b	17,90	b
BCGG	9,35	h	7,22	f	53,11	g	13,90	e
BTJC	15,40	c	10,10	c	76,05	a	18,83	a
BTL	13,87	d	9,22	d	70,45	b	16,37	c
CTL	10,15	g	8,12	e	50,61	h	12,20	g
FAM	11,46	f	8,30	e	57,46	f	13,89	e
FIJ	11,62	f	7,91	f	59,85	f	14,96	d
F1CGG	18,02	a	12,61	a	76,66	a	18,56	a
F2CGG	15,78	c	10,94	b	57,89	f	15,46	d
FFG	11,25	f	7,63	f	60,87	e	14,11	e
FCGNI	12,22	e	8,86	d	60,90	e	14,62	d
LSINI	16,52	b	10,57	b	76,87	a	16,68	c
LTM	17,05	b	10,86	b	76,87	a	16,69	c
OPBJJ	11,58	f	7,98	f	67,91	c	14,87	d
OPBCNI	12,22	e	8,33	e	69,31	c	14,42	e
PCGG	11,12	f	7,99	f	55,16	g	13,26	f
RBN	16,91	b	10,58	b	70,99	b	16,38	c
RBA	16,22	b	10,12	c	68,83	c	16,94	c
RJV	11,38	f	7,51	f	66,55	c	14,50	e
RSSM	12,12	e	8,27	e	58,82	f	12,50	g
RTKC	12,43	e	8,10	e	63,60	d	14,18	e
RJM	10,93	g	8,41	e	57,26	f	17,08	c
RBMNI	10,47	g	7,71	f	59,55	f	13,53	f
SSSJ	10,83	g	8,14	e	58,22	f	15,46	d
STL	10,88	g	8,30	e	60,09	f	17,87	b
VSJLQ	11,85	e	9,79	c	65,13	d	16,50	c
QMG	18,69**		5,65**		174,03**		9,71**	
Resíduo	0,26		0,10		2,86		0,20	
Médias	12,90		8,94		64,18		15,41	
CV(%)	3,99		3,60		2,63		2,90	

¹Análise de variância. **Significativo pelo teste F (valor de p <0,01 e p<0,05).

²Teste de comparação de médias. *Médias seguidas de letras distintas na coluna diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de p<0,05). BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavadeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavadeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). CS= comprimento semente (mm); LS= largura semente (mm); CV= comprimento vagem (mm); LV= largura vagem (mm). QMG= quadrado médio do genótipo; CV= Coeficiente de variação.

Na análise para determinar quais variáveis mais contribuem para a diversidade genética (SINGH, 1981), verificou-se que cinco caracteres contribuíram com 79,84% da variação total. O caráter CP foi o mais eficiente para explicar a divergência genética, entre as 27 etnovariedades de fava, contribuindo com 24,33% para a variação total (Tabela 7). Os demais caracteres que também apresentaram maiores valores de contribuição foram, respectivamente, CV (18,06%), LV (15,43%), APTD (13,30%) e LS (8,72%). O caractere CDC (0,08%) foi um dos que menos influenciou na diversidade genética das etnovariedades.

Tabela 7. Contribuição relativa de 20 caracteres quantitativos para diversidade genética pelo método de Singh (1981), baseada na distância generalizada de Mahalanobis, avaliada em 27 etnovariedades de fava.

Variável	S.j	S.j (%)	Acumulativo – S.j
CS	22707,09	24,33	24,33
CV	16851,67	18,06	42,39
LV	14401,69	15,43	57,82
APTD	12407,65	13,30	71,12
LS	12407,65	8,72	79,84
NNCP	5073,24	5,44	85,28
NV90%	3848,48	4,12	89,40
LFP	2537,29	2,72	92,12
PS100	2050,50	2,20	94,32
NSV	1257,25	1,35	95,67
CF	1218,23	1,31	96,98
DF50%	720,24	0,77	97,75
CHPF	669,57	0,72	98,47
NNP	553,38	0,59	99,06
NV50%	548,14	0,59	99,65
LF	259,40	0,28	99,93
CDC	76,35	0,08	100
PV50	–	–	–
CFP	–	–	–
TBF	–	–	–

S.j= contribuição relativa dos caracteres pelo método de Singh (1981); (–)= valores nulos; CS= comprimento da semente; CV= comprimento vagem; LV= largura vagem; APTD= altura da planta: tipo determinado (cm); LS= largura semente (mm); NNCP= número de nós no caule principal antes do primeiro cacho; NV90%= número de dias após a planta possuir 50% das vagens até à maturação; LFP= largura da folha primária (mm); PS100= peso de 100 sementes (g); NSV= número de sementes por vagem; CF= comprimento do folíolo (mm); DF50%= duração da floração (dias); CHPF= comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida (mm); NNP= número de nós por cacho; NV50%= número de dias desde o aparecimento da primeira vagem até a planta possuir 50% das vagens; LF= largura do folíolo (mm); CDC= comprimento do cacho (mm); PV50= peso de 50 vagens (g); CFP= comprimento da folha primária (mm); TBF= tamanho do botão floral (mm).

As características peso de cinquenta vagens, comprimento da folha primária e tamanho do botão flor não contribuíram para a separação das etnovariedades, todos apresentaram valores nulos em S.j. O caractere peso da semente teve uma contribuição mínima de 2,20%.

O peso da semente é proporcional ao tamanho, desta forma é possível classificar as etnovariedades conforme o peso das sementes. As etnovariedades foram agrupadas de acordo com a classificação de Baudet (1977), a partir da variável PS100, assim as etnovariedades foram divididas em três grupos, tipo batata, apresentando os menores valores, com peso igual ou inferior a 38,18 g. No grupo tipo batata foram classificadas 44,4% das etnovariedades com tamanho da semente variando entre 12,22 a 9,35 mm (comprimento) e 8,86 a 7,22 mm (largura). O tipo sieva tem sementes com peso médio, apresentando valor igual ou inferior a 65,87 g, correspondendo a 33,3% das etnovariedades. O tamanho das sementes desse grupo variou entre 16,22 a 10,47 mm (comprimento) e 10,94 a 7,54 mm (largura). O grupo classificado como big lima agrupou 22,2%, das etnovariedades, com comprimento da semente variando entre 18,02 a 13,87 mm e largura 12,61 a 9,22 mm nas etnovariedades F1CGG e BTL.

5.4 Agrupamento das etnovariedades através da caracterização quantitativa

No agrupamento a partir dos parâmetros morfoagronômicos quantitativos, observou-se que as etnovariedades foram distribuídas em seis grupos distintos pelo método de otimização de Tocher. O grupo I com 25,92% das etnovariedades, o grupo II com 51,85%, o grupo III foi constituído por 11,11% e os grupos IV, V e VI, constituídos apenas por uma etnovariedade em cada, com 3,70% (Tabela 8).

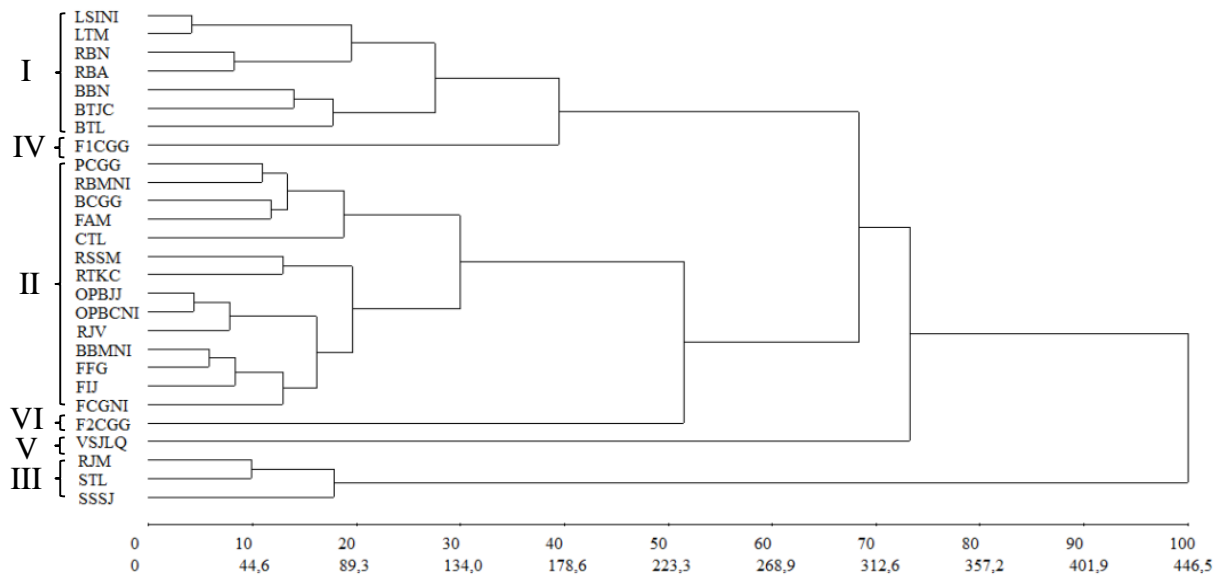
Tabela 8. Distribuição das 27 etnovariedades de fava a partir do método de agrupamento de Tocher, com base em 20 caracteres quantitativos.

Grupos	I	II	III	IV	V	VI
	LSINI	BBMNI	SSSJ	F2CGG	VSJLQ	F1CGG
	LTM	OPBCNI	STL			
	RBN	RJV	RJM			
	BBN	OPBJJ				
	RBA	RSSM				
	BTJC	FCGNI				
	BTL	FFG				
		RBMNI				
		PCGG				
		BCGG				
		CTL				
		FAM				
		FIJ				
		RTKC				

BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavandeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavandeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). Fonte: dados da pesquisa, 2019.

As medidas de dissimilaridade genética, estimadas a partir da distância de Mahalanobis (Gráfico 2), apresentaram uma elevada magnitude (18,56 a 839,56). As combinações mais divergentes foram entre as etnovariedades LTM e RJM ($D^2 = 839,56$) e LTM e STL ($D^2 = 769,49$).

Gráfico 2. Dendrograma de dissimilaridade genética entre as 27 etnovariedades de fava, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, gerado pela distância de Mahalanobis com base em 20 caracteres quantitativos.



BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavandeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavandeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). Fonte: dados da pesquisa, 2019.

Através da análise de pares foi verificada a combinação entre as etnovariedades LSINI e LTM ($D^2 = 18,56$) apresentando a menor distância (Gráfico 2). Consideradas como as etnovariedades mais similares, diferindo apenas em quatro caracteres, em um total de 20 caracteres quantitativos avaliados, sendo esses, CF, LF, TBF e CHPF, divididos na comparação de médias em apenas duas classes. Houve maior frequência de pares com maiores distâncias quando um dos componentes era a etnovariedade F1CGG.

5.5 Avaliação da contribuição relativa dos componentes principais para variação genética das etnovariedades

Com base na análise de componentes principais, foi verificado que os seis primeiros componentes explicaram 85,61% da variabilidade total entre as etnovariedades (Tabela 9). No primeiro componente principal (CP1) a contribuição representou 40,42% da variação total, correlacionada ao caractere PV50. O segundo (CP2) e o terceiro (CP3) componentes, foram

responsáveis por 17,62% e 10,09% da variação total, respectivamente, correspondendo aos caracteres LFP e DF50%. O quarto componente (CP4) foi responsável por 7,86% da variação percentual correlacionada a característica CFP. O caractere CHPF caracterizou o quinto componente (CP5) com variação percentual de 5,45%. O sexto componente (CP6) contribuiu com 4,17% da variação total e foi associado ao caractere CDC (Tabela 9).

Dos 20 componentes principais analisados, 14 apresentaram variância inferior a 0,7 (autovalor). Os maiores valores de contribuição foram observados no CP2 (Tabela 9). As variáveis que apresentaram os maiores coeficientes, em valor absoluto, a partir do último componente principal, são passíveis de descarte. Em ordem de menor importância para explicar a variação total: as variáveis sugeridas para descarte são, respectivamente, NSV, TBF, NV50%, CV, TBF, NV90%, PS100, NNP, PV50, CF, LV, LF, LS, CS (JOLLIFFE, 1972).

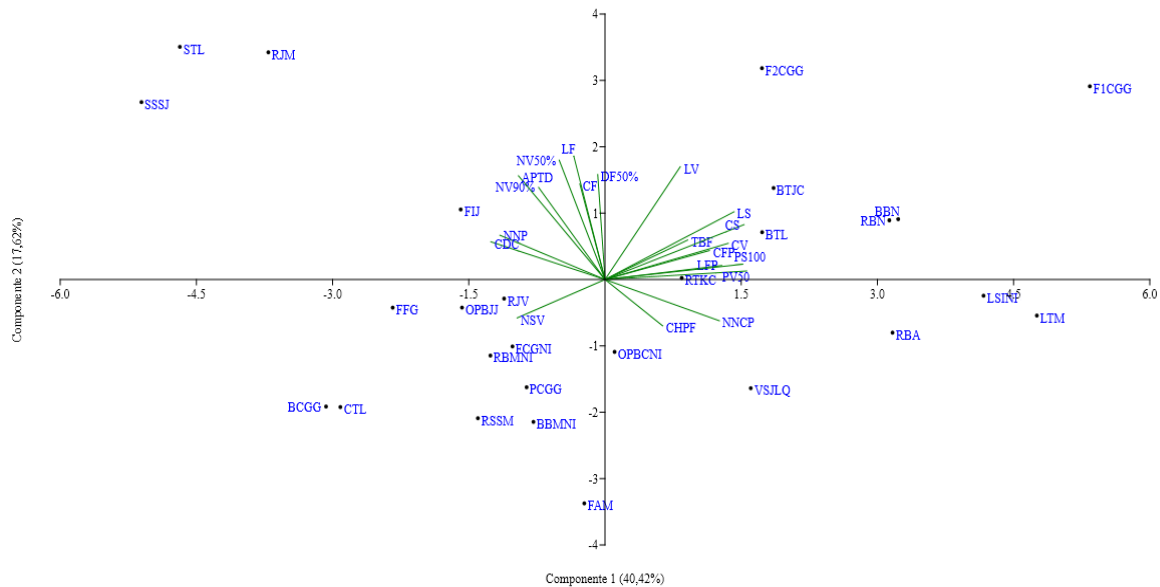
Tabela 9. Variâncias, variâncias percentuais e variâncias acumuladas (%) em relação aos seis primeiros componentes principais visando estimar a dissimilaridade entre as 27 etnovariiedades de fava.

Variedades	Componentes principais					
	1°	2°	3°	4°	5°	6°
BBMNI	8,62	12,97	-5,01	-0,35	7,41	-1,92
BBN	12,66	16,09	-5,01	1,06	7,34	-2,34
BCGG	6,35	13,22	-4,42	0,12	7,20	-1,84
BTJC	11,27	16,33	-5,65	-2,58	8,47	-3,08
BTL	10,94	16,38	-4,10	-0,24	8,34	-1,74
CTL	6,50	13,20	-4,32	-0,06	7,87	-1,97
FAM	9,17	11,71	-3,90	-1,06	7,97	-1,05
FIJ	7,82	16,20	-2,24	2,03	9,70	-3,22
F1CGG	14,75	17,95	-4,25	-0,23	8,89	-2,92
F2CGG	11,13	18,48	-1,98	2,67	7,59	-0,37
FFG	7,07	14,67	-4,08	0,47	9,38	-2,38
FCGNI	8,41	14,10	-4,21	1,50	10,15	-0,91
LSINI	13,62	14,88	-7,03	2,61	8,86	-2,22
LTM	14,20	14,65	-6,76	1,95	6,48	-1,35
OPBJJ	7,86	14,71	-5,38	1,21	8,13	-1,38
OPBCNI	9,53	14,08	-4,90	1,34	7,66	-1,68
PCGG	7,59	14,81	-3,32	1,17	6,92	-1,44
RBN	12,53	16,01	-4,22	-0,85	6,54	-2,22
RBA	12,57	14,24	-3,28	-1,04	9,16	-0,78
RJV	8,31	14,88	-4,64	1,98	7,45	-3,52
RSSM	8,01	13,07	-4,04	1,95	7,91	-2,77
RTKC	10,20	15,29	-1,72	0,59	6,29	-1,54
RJM	5,74	18,50	-4,56	-0,09	9,23	-1,84
RBMNI	8,16	13,97	-5,12	0,74	7,82	-3,58
SSSJ	4,34	17,81	-6,89	1,18	7,26	-2,15
STL	4,77	18,62	-6,52	-0,41	7,41	-0,41
VSJLQ	11,06	13,46	-6,74	1,15	9,66	-0,46
Valores das variâncias	Componentes principais					
	1°	2°	3°	4°	5°	6°
Variância	8,08	3,52	2,02	1,57	1,09	0,83
Variância (%)	40,42	17,62	10,09	7,86	5,45	4,17
Variância acumulada (%)	40,42	58,04	68,13	75,99	81,45	85,61

BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavandeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavandeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). 1°= peso de 50 vagens; 2°= largura da folha primária; 3°= duração da floração; 4°= comprimento da folha primária; 5°= comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida; 6°= comprimento do cacho. Fonte: dados da pesquisa, 2019.

Apenas os dois primeiros componentes foram utilizados graficamente para explicar uma variação total combinada de 58,04% (Gráfico 3). É possível verificar que as variáveis CHPF, NNCP e NSV contribuíram negativamente e as demais variáveis contribuíram positivamente. As etnovariedades RJM, STL e SSSJ e as etnovariedades LSINI e LTM, mantêm próximas no gráfico e as etnovariedades F1CG e F2CGG, se mantêm isoladas e distantes das demais etnovariedades. As variáveis CS e LS, CFP e LFP, se mantem próximas e apresentam sinais iguais, indicando uma correlação positiva, e as variáveis NNCP e NNP apresentam sinais opostos indicando uma correlação negativa.

Gráfico 3. Dispersão gráfica dos escores das 27 etnovariedades de fava em relação aos dois primeiros componentes principais.



BBMNI= Branca (Boca da Mata); BBN= Branca (Branquinha); BCGG= Branca (Campo Grande); BTJC= Branca (Taquarana); BTL Branca (Taquarana); CTL= Coquinho (Taquarana); FAM= Fava (Arapiraca); FIJ= Fava (Igaci); F1CGG= Fava 1 (Campo Grande); F2CGG= Fava 2 (Campo Grande); FFG= Favita (Flexeiras); FCGNI= Fígado (Campo Grande); LSINI= Lavadeira (Santana do Ipanema); LTM= Lavadeira (Taquarana); OPBJJ= Olho-de-peixe (Belém); OPBCNI= Olho-de-peixe (Boca da Mata); PCGG= Pintadinha (Campo Grande); RBN= Rajadinha (Branquinha); RBA= Rajada (Branquinha); RJV= Rama (Junqueiro); RSSM= Rama (São Sebastião); RTKC= Rama (Taquarana); RJM= Rasteira (Junqueiro); RBMNI= Rosinha (Boca da Mata); SSSJ= Sura (São Sebastião); STL= Sura (Taquarana); VSJLQ= Verão (São José da Laje). CFP= comprimento da folha primária (mm); LFP= largura da folha primária (mm); CF= comprimento do folíolo (mm); LF= largura do folíolo (mm); NNCP= número de nós no caule principal antes do primeiro cacho; APTD= altura da planta: tipo determinado (cm); CHPF= comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida (mm); NNP= número de nós por cacho; TBF= tamanho do botão floral (mm); CDC= comprimento do cacho; DF50%= duração da floração (dias); NSV= número médio de sementes por vagem; NV50%= número de dias desde o aparecimento da primeira vagem até a planta possuir 50% das vagens; NV90%= número de dias após a planta possuir 50% das vagens até à maturação; PS100= peso de 100 sementes (g); PV50= peso de 50 vagens (g); CS= comprimento semente (mm); LS= largura semente (mm); CV= comprimento vagem (mm); LV= largura vagem (mm). Fonte: dados da pesquisa, 2019.

5.6 Frequência e agrupamento das etnovariedades através da caracterização qualitativa

Os caracteres qualitativos foram avaliados com base na frequência das etnovariedades para cada caractere. Os caracteres CV, CCSM e GSV apresentaram 100% de frequência para uma única variação nas etnovariedades (Tabela 10). O caractere cor verde nos cotilédones após germinação teve a frequência de 70,37%, seguida pelas cores vermelho-púrpura (18,52%) e branca (11,11%). A cor verde no hipocótilo foi observada em 81,48% das etnovariedades e 18,52% das etnovariedades apresentaram a cor púrpura. A maioria das etnovariedades não apresentou pigmentação no caule (81,48%) e apenas 18,52% apresentaram pigmentação localizada nos nós.

No caractere CNFP 85,19% das etnovariedades apresentou à cor verde e 14,81% das etnovariedades a cor púrpura. A ausência de marcas transparentes ao longo da nervura foi verificada em 70,37% das etnovariedades e as demais etnovariedades apresentaram manchas escassas (25,93%) e extensas (3,70%). O folíolo apresentou em 77,78% das etnovariedades à forma redonda e 22,22% das etnovariedades à forma oval. A intensidade de verde nas etnovariedades variou entre as tonalidades verde-escuro (62,97%), verde intermediário (33,33%) e verde pálido (3,70%). A persistência das folhas durante o período de maturação das vagens apresentou as seguintes variações, poucas folhas persistiram (29,63%), intermédio (48,15%) e todas as folhas persistiram (22,22%).

As etnovariedades apresentaram dois padrões de crescimento, indeterminado (88,89%) e determinado (11,11%). O padrão de crescimento indeterminado apresentou as seguintes classificações quanto ao tipo de ramificação, um caule principal, ramos laterais curtos, raros ou inexistentes (11,11%), um caule principal, raros ramos laterais nos primeiros nós (22,22%), dois ou três caules principais a começar nos primeiros nós (51,86%) e dois ou três caules principais e outros ramos laterais (14,81%). No padrão de crescimento determinado as etnovariedades apresentaram, ramos laterais curtos e eretos (7,41%) e ramos médios perpendiculares ao caule principal (3,70%).

Os caracteres relacionados a parte reprodutiva, apresentaram as seguintes frequências nas etnovariedades, com relação à cor das asas foi verificada predominância de flores brancas (70,37%), menor proporção para as cores rosa claro (22,22%) e rosa escuro a púrpura (7,41%). O caractere CQ distribuiu as etnovariedades em esverdeadas (70,37%) e tingidas (rosa ou púrpura) (29,63%). O caractere CE apresentou em 74,08% das etnovariedades a cor branca, em 3,70% a cor rosa escuro a púrpura e em 22,22% a cor violeta. Alguns padrões de abertura foram verificados nas asas das flores das etnovariedades, tais como, asas paralelas – fechadas

(66,67%), medianamente abertas (29,63%) e asas muito separadas (3,70%). O cacho, estrutura que contém as flores estava posicionado nas plantas das seguintes formas, entre as folhagens (14,81%), intermédia (44,44%) e emergindo das folhas (40,75%).

As etnoveriedades apresentaram vagens deiscentes (40,74%) e indeiscentes (59,26%). O caractere CFS apresentou as cores branca, castanho claro, amarelo, cinzento e rosa nas seguintes frequências 55,56%, 29,63%, 41%, 3,70% e 3,70%. O caractere CPS apresentou as seguintes distribuições: castanho claro ou castanho (59,26%), vermelho (11,11%), vermelho-púrpura (11,11%) e preto (7,41%). Em algumas sementes existe ainda um padrão bicolor, por isso essas sementes são classificadas quanto à segunda cor padrão, que é a cor mais escura verificada no tegumento, nas sementes foram observadas as seguintes cores, vermelho escuro (14,81%), vermelho-púrpura (22,22%) e preto (14,81%).

As sementes também foram classificadas quanto ao PTS, sendo verificados como predominantes entre as etnoveriedades os padrões, auréolo distinto com manchas em mais de 50% do corpo (22,22%) e auréolo distinto com manchas em menos de 50% do corpo (18,53%). Com relação às formas das sementes a mais frequente foi F10, agrupando 48,15% das etnoveriedades.

Tabela 10. Frequência de distribuição das 27 etnovarietades de fava, segundo descritores morfoagronômicos para 32 caracteres qualitativos avaliados.

Caráter	Classe fenotípica	Frequência (%)
CC	Branco	11,11
	Verde	70,37
	Vermelho-púrpura	18,52
CH	Verde	81,48
	Púrpura	18,52
PCP	Sem pigmentação	81,48
	Localizada nos nós	18,52
MTFP	Ausentes	70,37
	Escassas	25,93
	Extensas	3,70
CNFP	Verde	85,19
	Púrpura	14,81
AF	Ausente	88,89
	Presente	11,11
CFICV	Verde pálido	3,70
	Verde intermediário	33,33
	Verde-escuro	62,97
PCE	Indeterminado	88,89
	Determinado	11,11
RTDI	Um caule principal, ramos laterais curtos, raros	11,11
	Um caule principal, raros ramos laterais nos primeiros nós	22,22
	Dois ou três caules principais a começar nos primeiros nós	51,86
	Dois ou três caules principais e outros ramos laterais	14,81
ORTD	Ausente	88,89
	Ramos laterais curtos e erectos	7,41
	Ramos médios perpendiculares ao caule principal	3,70
FF	Redondo	22,22
	Oval	77,78
CA	Branca	70,37
	Rosa claro	22,22
	Rosa escura a púrpura	7,41
CQ	Esverdeada	70,37
	Tingida	29,63
CE	Branco	74,08
	Rosa escuro a púrpura	3,70
	Violeta	22,22
AA	Asas paralelas (fechadas)	66,67
	Medianamente abertas	29,63
	Asas muito separadas	3,70
PC	Entre a folhagem	14,81
	Intermédia	44,44
	Emergindo das folhas	40,75
FAV	Ápice curto	51,85
	Ápice médio	22,22
	Ápice longo	18,52

Continua...

Caráter	Classe fenotípica	Frequência (%)
FAV	Ápice grosso	7,41
PVRC	Principalmente concentradas na base	14,81
	Principalmente concentradas no topo	7,41
	Igualmente distribuídos pela planta	74,07
	Distribuídos aleatoriamente	3,70
OVRC	Erectas	11,11
	Prostradas	88,89
DV	Não deiscente	59,26
	Deiscente	40,74
CDV	Direita	25,93
	Ligeiramente curva	74,07
CV	Castanho com manchas avermelhado/púrpura ou manchas	100
PF	Poucas folhas persistem	29,63
	Intermédio	48,15
	A maioria das folhas persiste	22,22
CFS	Branco	55,56
	Cinzento	3,70
	Amarelo	7,41
	Castanho claro	29,63
	Rosa	3,70
CPS	Ausente	11,11
	Castanho claro ou castanho	59,26
	Vermelho	11,11
	Vermelho-púrpura	11,11
	Preto	7,41
SCPS	Padrão com apenas uma cor/ausente	48,16
	Vermelho escuro	14,81
	Vermelho-púrpura	22,22
	Preto	14,81
PTS	Ausente	11,11
	Padrão apenas à volta do auréolo	7,41
	Auréolo distinto com poucos sinais no corpo	3,70
	Auréolo distinto com muitos sinais no corpo	7,41
	Auréolo distinto com manchas em menos de 50% do corpo	18,53
	Auréolo distinto com manchas em mais de 50% do corpo	22,22
	Auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo	11,11
	Auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, lado frontal, lado de trás e em baixo	14,81
	Auréolo semelhante ao padrão, maculado na região do hilo, corpo com manchas orientadas radial e transversalmente	3,70
FS	Forma 1	3,70
	Forma 5	3,70
	Forma 9	11,11
	Forma 10	48,15
	Forma 11	25,93
	Forma 12	7,41
GSV	Ausente	100
	Presente	0

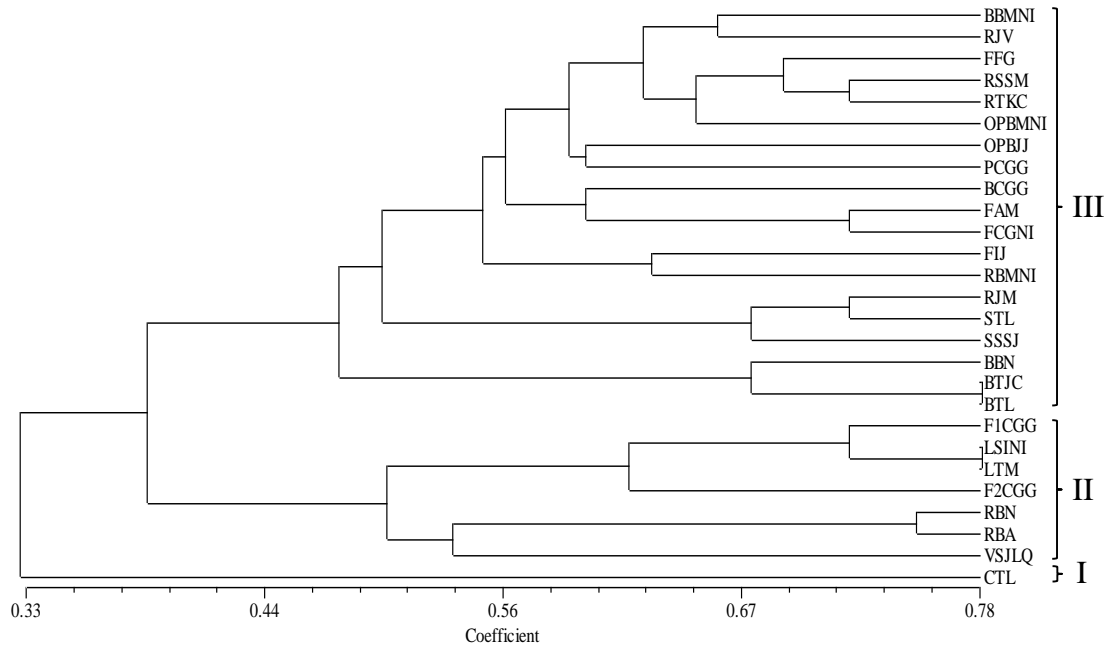
Continua...

Caráter	Classe fenotípica	Frequência (%)
ST	Ausente	11,11
	Presente	88,89
TT	Lisa	7,41
	Moderadamente enrugada	59,26
	Marcadamente enrugada	33,33
CCSM	Branco	100
	Verde	0

CC = cor do cotilédone; CH= cor do hipocótilo; PCP= pigmentação do caule principal; MTFP= marcas transparentes ao longo das nervuras das folhas primárias mais desenvolvidas; CNFP= cor da nervura das folhas primárias mais desenvolvidas; AF= antocianina nas folhas; CFICV= cor da folha: intensidade da cor verde; PCE= padrão de crescimento; RTDI= ramificação: tipo determinado e indeterminado; ORTD= orientação dos ramos: tipo determinado; FF= forma do folíolo; CA= cor das asas; CQ= cor da quilha; CE= cor do estandarte; AA= abertura das asas; PC= posição do cacho; FAV= forma do ápice da vagem; PVRC= posição das vagens em relação aos cachos; OVRC= orientação das vagens em relação aos cachos; DV= deiscência da vagem; CDV= curvatura da vagem; CV= cor das vagens; PF= persistência da folha; CFS= cor de fundo da semente; CPS= cor padrão da semente; SCPS= segunda cor padrão da semente; PTS= padrão do tegumento da semente; FS= forma da semente; GSV= germinação das sementes nas vagens; ST= separação de testa; TT= textura de testa; CCSM= cor do cotilédone em sementes maduras.

Os caracteres qualitativos foram utilizados para análise de agrupamento das etnovariedades e para análise de pares. O agrupamento resultou na formação de três grupos, o grupo I reuniu apenas uma etnovariedade, o grupo II com 25,93% das etnovariedades e o grupo III com 70,37% das etnovariedades (Gráfico 4). A amplitude no agrupamento variou entre 0,75 e 0,89, a maior distância foi entre as etnovariedades RBN e RJV e a menor entre as etnovariedades LSINI e LTM. A análise de pares resultou em uma maior frequência de pares com maiores distâncias quando um dos componentes referência eram RBN ou CTL, considerados como mais divergentes no agrupamento em relação a demais etnovariedades (Gráfico 4).

Gráfico 4. Dendograma de similaridade genética entre as 27 etnovarietades de fava, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, gerado pelo Coeficiente de Coincidência para variáveis multicatóricas, com base em 32 caracteres qualitativos.

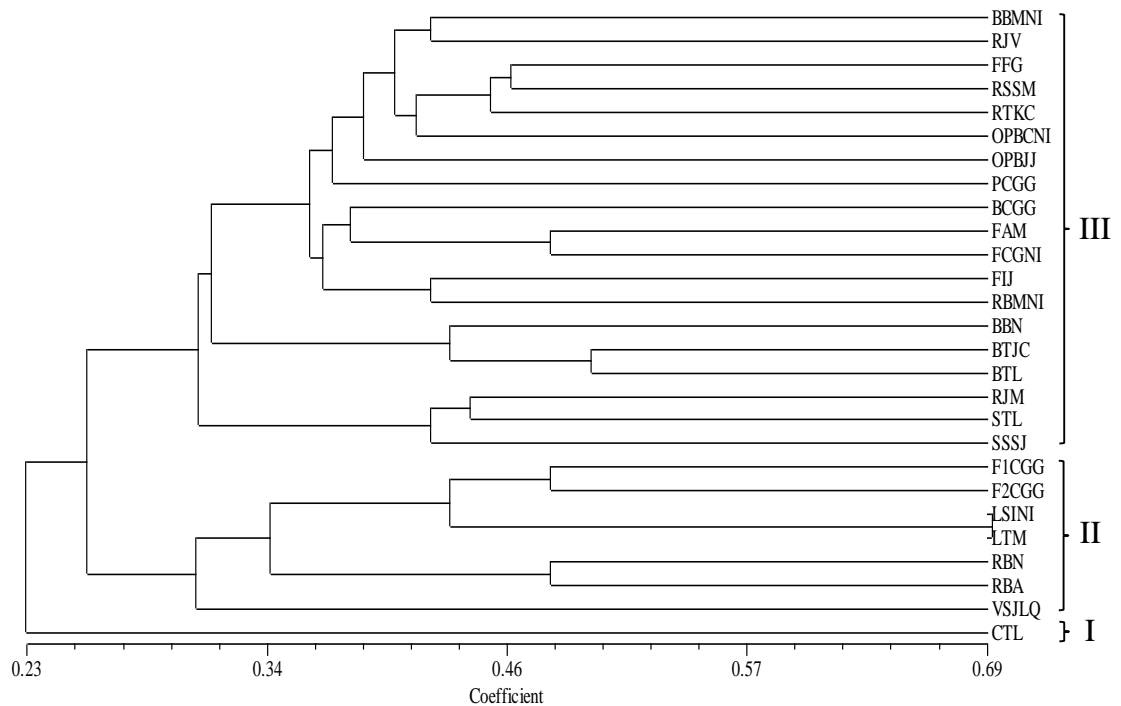


Fonte: dados da pesquisa, 2019.

5.7 Agrupamento das etnovarietades através da caracterização qualitativa e quantitativa

No agrupamento considerando os caracteres qualitativos e quantitativos observou-se a formação de três grupos e verificou-se concordância com os agrupamentos individuais dos caracteres quantitativos e qualitativos (Gráfico 5).

Gráfico 5. Dendograma de similaridade genética entre as 27 etnovariedades de fava, obtido pelo método de agrupamento UPGMA, gerado pela distância de Gower, com base em 20 caracteres quantitativos e 32 caracteres qualitativos.



Fonte: dados da pesquisa, 2019.

5.8 Análise filogenética

A classificação das 27 etnovariedades de fava com base na região *ITS* (*Internal Transcribed Space*) foi realizada conjuntamente com sequências de nucleotídeos de acessos já classificados e depositados no Genbank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>). As sequências dos genótipos do presente trabalho possuíam entre 660 a 750 pb por amostra. A comparação das sequências obtidas neste trabalho com acessos depositados utilizando a ferramenta BLASTn (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome) confirmaram que as sequências obtidas representavam a espécie *P. lunatus*.

As etnovariedades foram identificadas na árvore filogenética (Figura 4) com códigos que correspondem ao local de coleta, a letra inicial do nome popular, a reação aos isolados ICT12 e ICT16 e aos grupos formados pelo agrupamento de Tocher (Tabela 11).

Tabela 11. Lista com as etnovariedades no estado de Alagoas e os respectivos códigos utilizados para identificar na análise filogenética com os dados moleculares da sequência de nucleotídeo da região ITS (*Internal Transcribed Spacer*).

Variedades	Código filogenia*
BBMNI	CECA01-BM-B- MR MR-Grupo II
BBN	CECA02-Bq-B-MR MR-Grupo I
BCGG	CECA03-CG-B-MR AS-Grupo II
BTJC	CECA04-Tq-B-MR MR-Grupo I
BTL	CECA05-Tq-B-AS AR-Grupo I
CTL	CECA06-Tq-C-AS AS-Grupo II
FAM	CECA07-Ar-F-AS MR-Grupo II
FIJ	CECA08-Ig-F-AS MS-Grupo II
F1CGG	CECA09-CG-F1-MS AS-Grupo VI
F2CGG	CECA10-CG-F2-MR AR-Grupo IV
FFG	CECA11-Fr-F-AS AS-Grupo II
FCGNI	CECA12-CG-F-MR AS-Grupo II
LSINI	CECA13-SI-L-AS AR-Grupo I
LTM	CECA14-Tq-L-AS MR-Grupo I
OPBJJ	CECA15-OP-BI-MR AS-Grupo II
OPBCNI	CECA16-BC-OP-MS MS-Grupo II
PCGG	CECA17-CG-P-AR MR-Grupo II
RBN	CECA18-Bq-R-MS MR-Grupo I
RBA	CECA19-Bq-R-AS MS-Grupo I
RJV	CECA20-Jq-R-AS AS-Grupo II
RSSM	CECA21-SS-R-MS AS-Grupo II
RTKC	CECA22-Tq-R-AS MR-Grupo II
RJM	CECA23-Jq-R-MS MR-Grupo III
RBMNI	CECA24-BM-R-MS MR-Grupo II
SSSJ	CECA25-SS-S-AS AS-Grupo III
STL	CECA26-Tq-S-AR MR-Grupo III
VSJLQ	CECA27-SJL-V-MS MR-Grupo V

* CECA12 – 1 – 2 – 3 – 4 – 5. **1** – Localidade; **2** – Primeira letra do nome popular; **3** – Reação ao isolado ICT12; **4** – Reação ao isolado ICT16; **5** – Resultado do agrupamento de Tocher elaborado com os dados morfoagronômicos quantitativos. Informações subtraídas da Tabela 1.

A árvore filogenética construída com as sequências das etnovariedades e demais espécies de *Phaseolus* gerou um agrupamento reunindo todos os acessos de *P. lunatus* em um grande grupo. O primeiro grupo (GI) pertence às espécies, *P. novoleonensis*, *P. pachyrrhizoides* e *P. leptostachyus* considerado como *outgroup*, funcionando como um grupo referência. O segundo grupo (GII) pertence às seis espécies de *Phaseolus* e reúne três subgrupos. Foram reunidos no primeiro subgrupo (GII-1) os acessos de *P. lunatus* classificados como andinos e as espécies, *P. augusti*, *P. bolivianus*, *P. pachyrrhizoides* e *P. marechalii*. Estão agrupados no segundo subgrupo (GII-2), os acessos de *P. lunatus* classificados como mesoamericanos do grupo II e 40,7% das etnovariedades coletadas em alagoas e sequenciadas. O terceiro subgrupo (GII-3) agrupou os acessos de *P. lunatus* classificados como mesoamericanos do grupo I e 59,3% das etnovariedades coletadas em alagoas e sequenciadas.

Figura 4. Árvore filogenética baseada em seqüências de DNA da região ITS (*Internal Transcribed Spacer*) de 27 etnovariiedades de fava (*P. lunatus* L.) e de acessos de *Phaseolus* spp. do Genbank. Os números nas ramificações indicam valores de bootstrap (%). MEX = México, GTM = Guatemala, BLZ = Belize, HND = Honduras, SLV = El Salvador, CRI = Costa Rica, COL = Colômbia, CUB = Cuba, ECU = Equador, PER = Peru, BOL = Bolívia, ARG = Argentina.



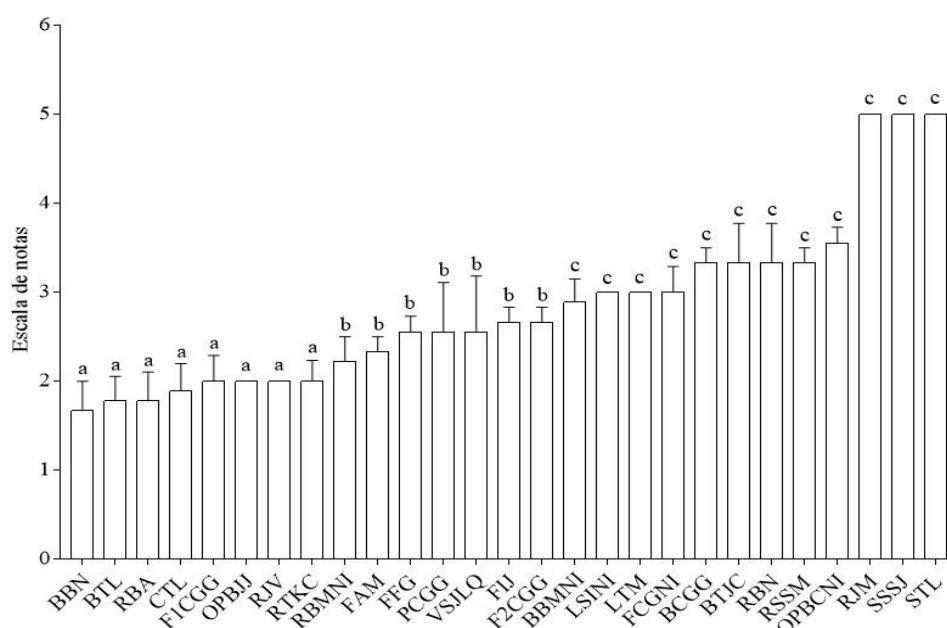
Fonte: dados da pesquisa, 2019.

5.9 Avaliação da resistência das etnovarietades a incidência natural de antracnose

A avaliação da reação ao *C. truncatum* começou por uma avaliação em campo, seguida pela avaliação *in vitro* e finalizando no ensaio *in vivo* em condições de casa de vegetação. A severidade da antracnose nas folhas das 27 etnovarietades em campo foi avaliada por meio da escala de notas descrita por (CARVALHO, 2009) e nas vagens por escala diagramática (FEIJÓ, 2017). Os níveis de severidade foram usados para classificar os níveis de resistência das etnovarietades. Na avaliação das notas atribuídas as etnovarietades foi possível verificar através da comparação de médias que as etnovarietades agruparam-se em três classes que diferiram significativamente.

A classe de etnovarietades moderadamente resistentes (nota 1,5 – 2,4) agrupou 37,04% das etnovarietades. Os valores médios observados nessa classe variaram de 1,67 a 2,33. A segunda classe reúne 37,04% de etnovarietades moderadamente suscetíveis (nota 2,5 – 3,0) e 14,81% de etnovarietades altamente suscetíveis (nota > 3). Os valores médios observados nessa classe variaram de 2,56 a 3,56. No terceiro grupo foram reunidas exclusivamente as variedades altamente suscetíveis (nota > 3) que correspondendo 11,11%. Os valores médios observados nessa classe variaram de 2,56 a 3,56 (Gráfico 6).

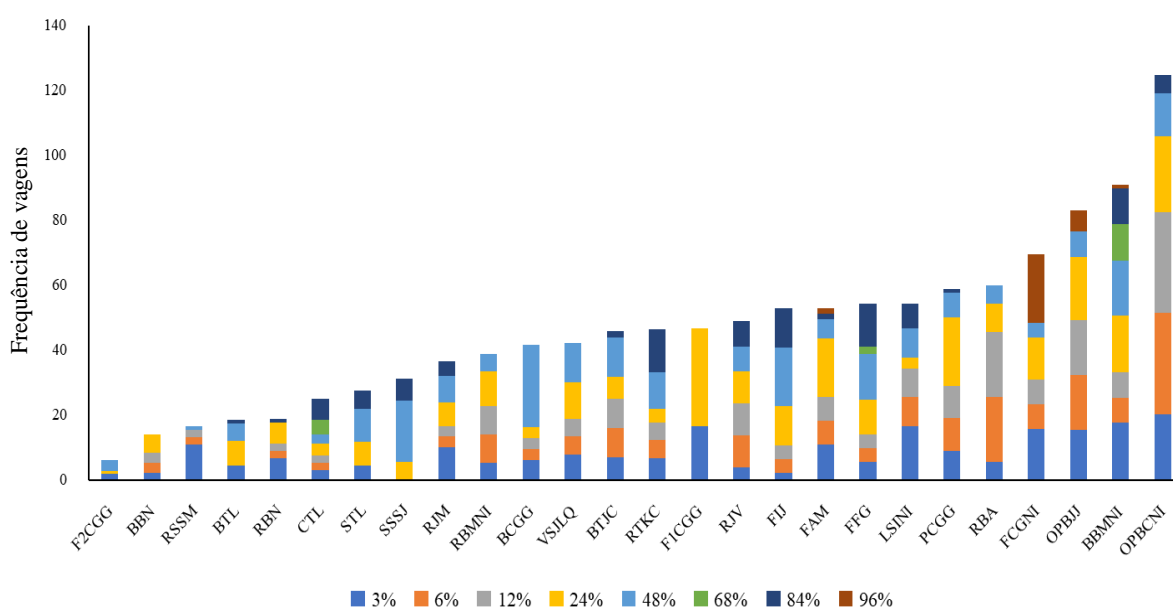
Gráfico 6. Valores médios de severidade das 27 etnovarietades, avaliadas em condições naturais de campo após aparecimento de sintomas da antracnose, através de escala de notas. Médias seguidas de letras distintas nas colunas diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de $p < 0,05$). Dados originais.



Fonte: dados da pesquisa, 2019.

As vagens também foram avaliadas em condições naturais de campo quanto a severidade a antracnose, contudo, verificou-se que em razão da menor produtividade em algumas etnovariedades, foram obtidas diferentes quantidades de vagens para avaliação, não possibilitando uma análise estatística dos dados. A partir da frequência de vagens para cada nota conforme escala diagramática, foi verificado que a severidade variou entre 3% a 96% (Gráfico 7).

Gráfico 7. Frequência de distribuição das 27 etnovariedades de fava quanto a severidade a espécie de *Colletotrichum*, dados obtidos através da escala diagramática em vagens, avaliadas em condições naturais de campo.



Fonte: dados da pesquisa, 2019.

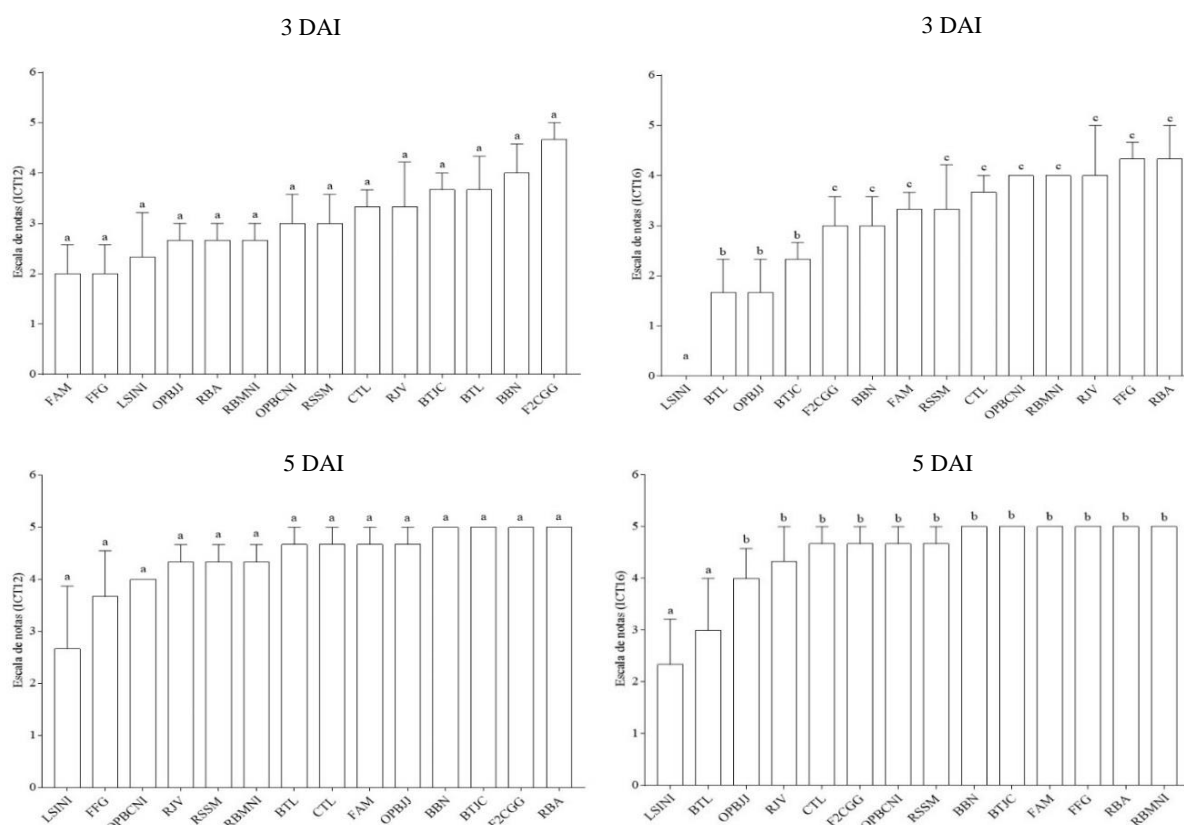
5.10 Avaliação *in vitro* da resposta de resistência das etnovariedades

As 27 etnovariedades foram analisadas em pré-teste sendo avaliadas contra os dois isolados de *Colletotrichum truncatum* (ICT12 e ICT16). Treze etnovariedades classificadas como altamente suscetíveis foram descartadas. No ensaio *in vitro* seguinte foram utilizadas 14 variedades classificadas no pré-teste como altamente resistentes (nota 0,1 – 1,4), moderadamente resistentes (nota 1,5 – 2,4) e altamente suscetíveis (nota > 3) (BELMINO, 2004).

No segundo ensaio *in vitro*, as etnovariedades inoculadas com ICT12 receberam notas que variaram de 2,00 a 4,67 aos 3 DAI. As etnovariedades foram classificadas quanto à reação

ao isolado como moderadamente resistentes e altamente suscetível (Gráfico 8). No entanto, os valores médios obtidos para as etnovariedades não diferiram estatisticamente, não validando o grupo. Aos 5 DAI, as etnovariedades classificadas como moderadamente resistentes aos 3 DAI se tornaram altamente suscetíveis. Os valores médios variaram de 2,67 a 5,00. A etnovariedade LSINI foi a única que manteve a classificação de moderadamente resistente na segunda avaliação (Gráfico 8). No entanto, os valores médios também não diferenciaram estatisticamente. Não validando a separação entre as etnovariedades moderadamente resistentes e altamente suscetíveis.

Gráfico 8. Valores médios de severidade das 14 etnovariedades de fava a isolados de *Colletotrichum truncatum*, dados obtidos através da escala de notas, aos três e cinco dias de inoculação (DAI). Médias seguidas de letras distintas nas colunas diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de $p < 0,05$). Dados originais.



Fonte: dados da pesquisa, 2019.

As etnovariedades inoculadas com ICT16, aos três dias de inoculação, foram classificadas quanto a resistência como imune e moderadamente resistente. Estatisticamente as etnovariedades foram separadas em três classes. Apenas a etnovariedade LSINI foi classificada quanto a reação como imune (nota – 0) e agrupada na classe “a”. As etnovariedades OPBJJ,

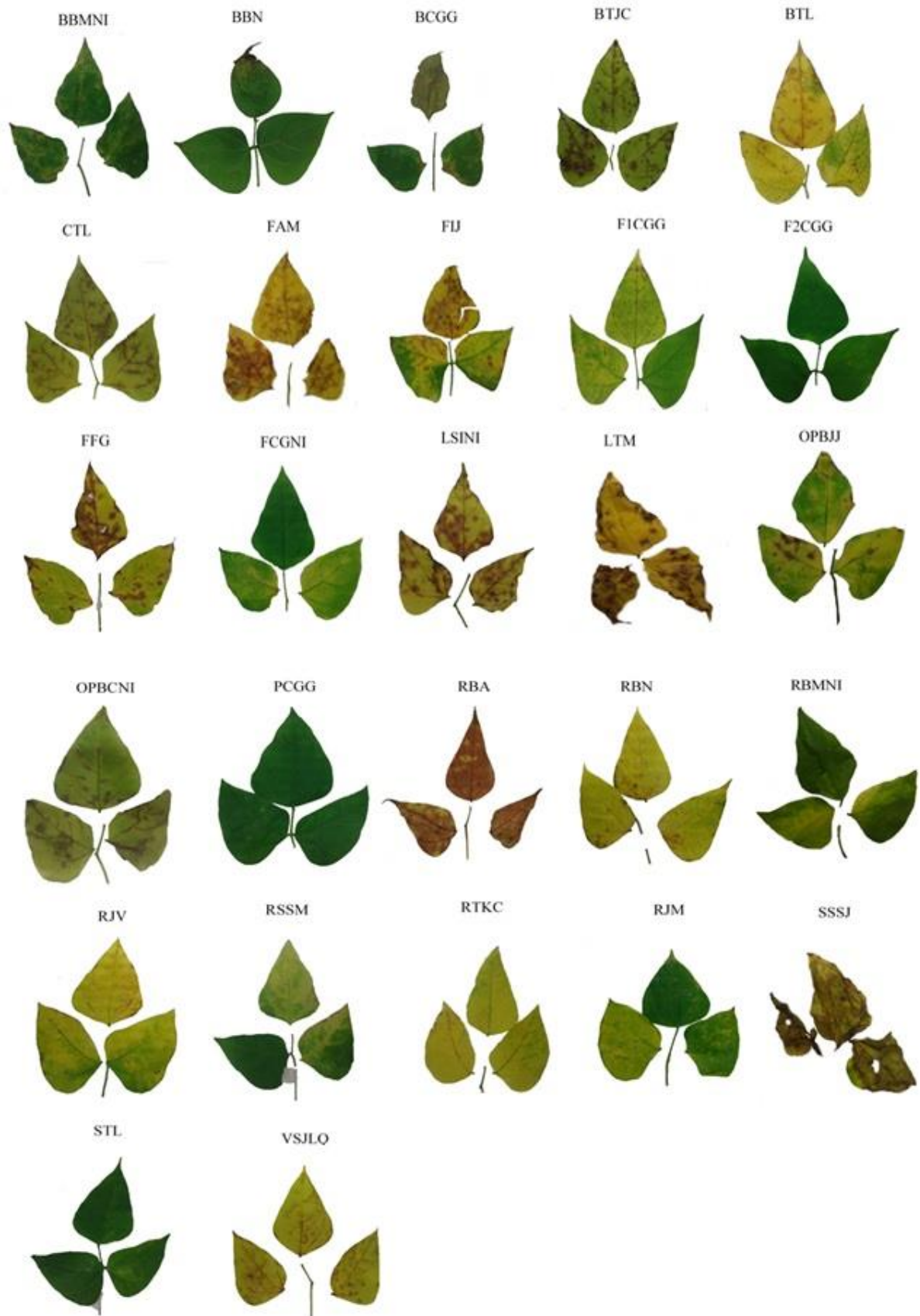
BTL e BTJC foram classificadas quanto a reação como moderadamente resistentes (nota 1,5 – 2,4) e reunidas na classe “b”, com valores médios de severidade variando de 1,67 a 2,33 (Gráfico 8). As outras dez etnovariedades foram classificadas como moderadamente suscetíveis (nota 2,5 – 3,0) e altamente suscetíveis (nota > 3) e agrupadas classe “c”, com valores médios que variaram de 3,00 a 4,33, nas etnovariedades BBN, F2CGG e RBA.

Aos cinco dias de inoculação foi verificada uma evolução da severidade, pois as etnovariedades agruparam-se em apenas duas classes “a e b”, sendo classificadas como moderadamente resistente (LSINI), moderadamente suscetível (BTL) com valores médios de 2,33 e 3,00, respectivamente, que diferenciaram estatisticamente das etnovariedades classificadas como altamente suscetíveis, com valores médios variando entre 4,00 e 5,00. Em condições de folha destacada (*in vitro*) para o isolado ICT16, apenas uma etnovariedade (LSINI) foi classificada como imune (3DAI) e moderadamente resistente (5DAI). A mesma etnovariedade para o isolado ICT12 foi classificada como moderadamente resistente (3DAI) e moderadamente suscetível (5DAI). As outras etnovariedades para ambos os isolados apresentaram moderada a alta suscetibilidade aos cinco dias, apresentando alterações nos sintomas.

5.11 Avaliação *in vivo* da resposta de resistência das etnovariedades

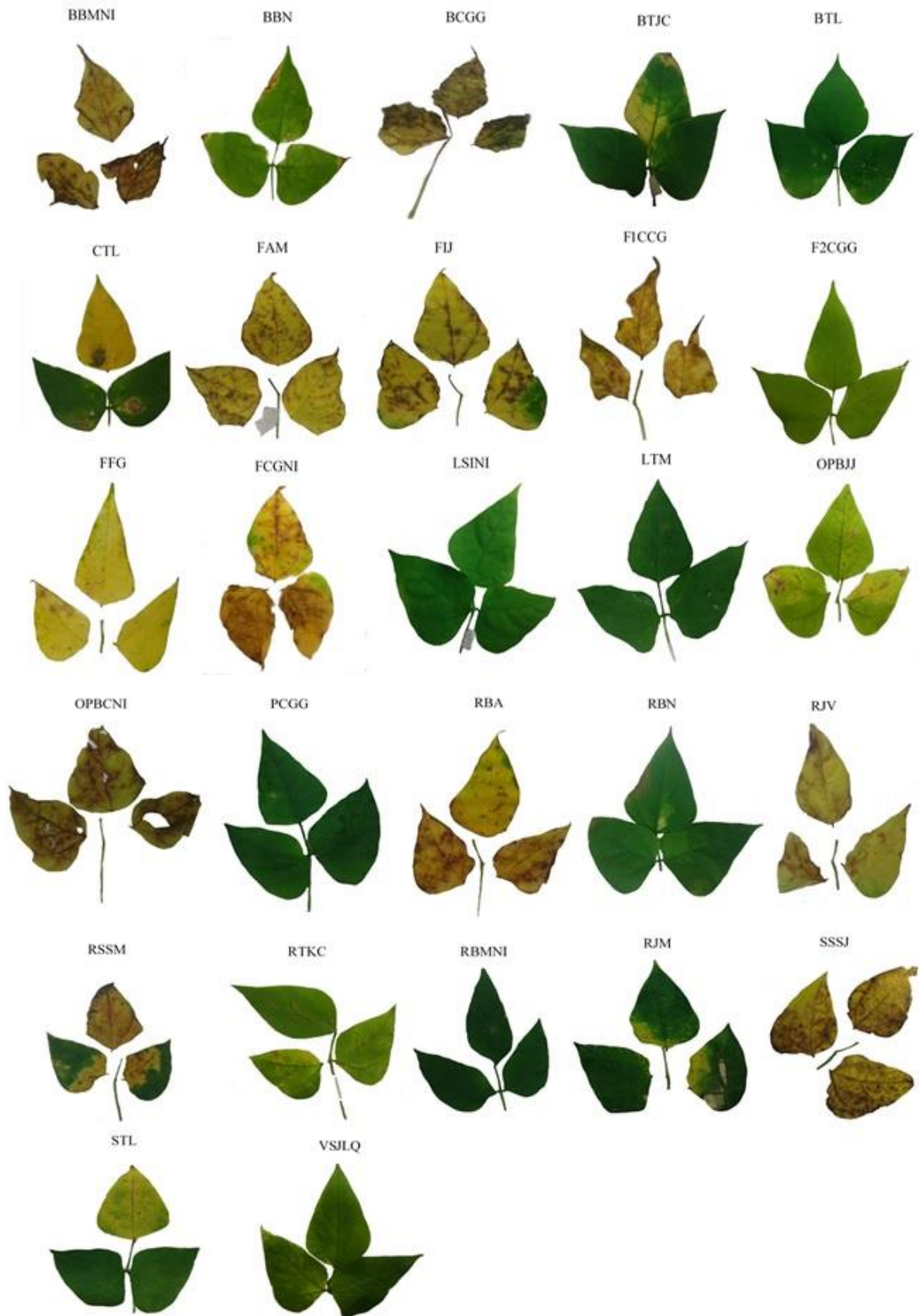
No ensaio de patogenicidade *in vivo* com os isolados ICT12 e ICT16 foram observados os sintomas que caracterizam a doença antracnose (Figura 5 e 6). Em todas as etnovariedades avaliadas, os primeiros sintomas da doença começaram a aparecer entre o terceiro e quarto dia de inoculação do fungo. Além da abscisão foliar, foi verificado o aparecimento de manchas de cor marrom escura e/ou avermelhadas, clorose, manchas nas nervuras centrais e manchas necróticas arredondadas quando foram inoculadas com os isolados ICT12 (Figura 5) e ICT16 (Figura 6).

Figura 5. Reações sintomáticas das 27 etnovarietades de fava a inoculação do isolado de *Colletotrichum truncatum* (ICT12) após 5 dias de inoculação.



Fonte: dados do autor, 2019.

Figura 6. Reações sintomáticas das 27 etnovarietades de fava a inoculação do isolado de *Colletotrichum truncatum* (ICT16) após 5 dias de inoculação.

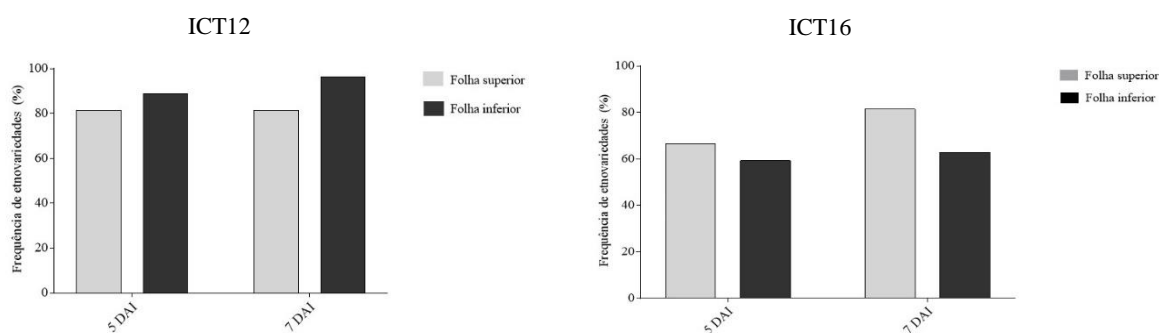


Fonte: dados do autor, 2019.

Aos cinco dias de inoculação do isolado ICT12, observou-se uma frequência de 81,48% das etnovariedades com abscisão nos folíolos superiores e 88,89% nos folíolos inferiores. A frequência de abscisão nas inoculações com o isolado ICT16 foi menor, sendo 66,67% para a avaliação dos folíolos superiores e 59,26% dos folíolos inferiores (Gráfico 9).

A frequência de etnovariedades com abscisão foliar aumentou aos sete dias de inoculação, com o isolado ICT12 a frequência foi 96,30% para os folíolos superiores inoculados e nos folíolos inferiores foi mantida a mesma frequência de 88,89%. Na inoculação com o isolado ICT16 esse aumento também foi verificado, nos folíolos superiores foi de 81,48% e nos folíolos inferiores de 62,96%, sendo observada maior frequência de abscisão em todas as avaliações para o isolado ICT12.

Gráfico 9. Abscisão de folíolos das partes superior e inferior da planta, avaliada aos cinco e sete (DAI) em 27 etnovariedades de fava inoculadas com os isolados ICT12 e ICT16.



Fonte: dados da pesquisa, 2019.

De forma geral, na avaliação da escala de notas nas folhas, pode-se verificar que as reações das etnovariedades de fava aos isolados de *C. truncatum* (Tabela 12) variaram de imune (IM) a altamente suscetível (AS) para os dois isolados. No que se refere à severidade da doença foi verificada uma variação nos sintomas, quando comparadas às reações das etnovariedades aos 5 dias de inoculação. Observou-se a formação de duas classes estatisticamente distintas (a e b) para a inoculação com os dois isolados aos 5 dias nas folhas superiores. Os grupos formados pela comparação de média reúnem as etnovariedades resistentes ou parcialmente resistentes. O outro grupo reúne as etnovariedades intermediárias ou suscetíveis. Na avaliação da folha inferior apenas nas etnovariedades inoculadas com o isolado ICT16 observou-se a formação de dois grupos.

Tabela 12. Reação das 27 etnovariedades de fava aos isolados de *Colletotrichum truncatum* inoculados em folhas das partes superior e inferior da planta avaliadas no ensaio *in vivo*, aos cinco e sete dias de inoculação (DAI).

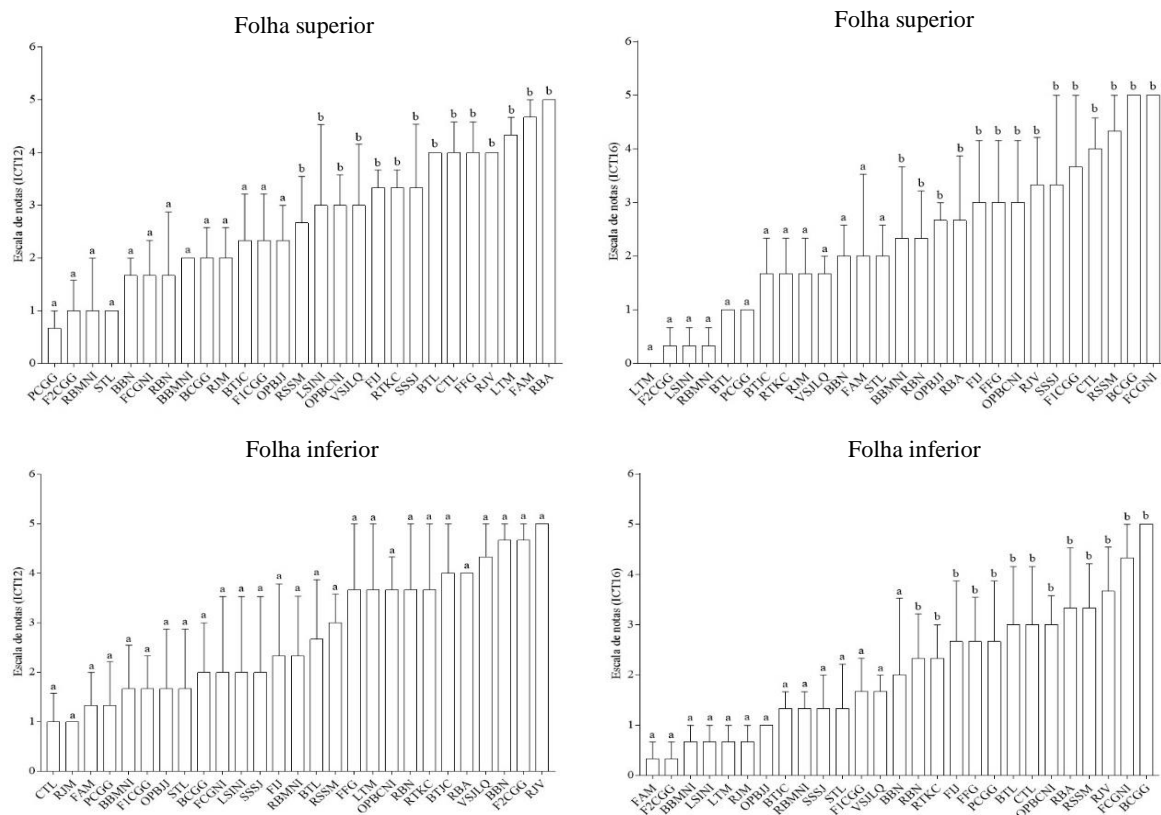
Variedades	ICT12				ICT16			
	Superior		Inferior		Superior		Inferior	
	5(DAI)	7(DAI)	5(DAI)	7(DAI)	5(DAI)	7(DAI)	5(DAI)	7(DAI)
BBMNI	MR	MR	MR	MR	MR	MR	AR	AR
BBN	MR	MR	AS	AS	MR	MR	MR	MS
BCGG	MR	MR	MR	MS	AS	AS	AS	AS
BTJC	MR	MR	AS	AS	MR	MR	AR	AR
BTL	AS	AS	MS	AS	AR	AR	MS	MS
CTL	AS	AS	AR	AR	AS	AS	MS	AS
FAM	AS	AS	AR	AR	MR	MR	AR	AR
FIJ	AS	AS	MR	MS	MS	MS	MS	MS
F1CGG	MR	MS	MR	MR	AS	AS	MR	MR
F2CGG	AR	MR	AS	AS	AR	AR	AR	AR
FFG	AS	AS	AS	AS	MS	AS	MS	MS
FCGNI	MR	MR	MR	MR	AS	AS	AS	AS
LSINI	MS	AS	MR	MS	AR	AR	AR	AR
LTM	AS	AS	AS	AS	IM	MR	AR	AR
OPBJJ	MR	MR	MR	MR	MS	AS	AR	AR
OPBCNI	MS	MS	AS	AS	MS	MS	MS	MS
PCGG	AR	AR	AR	MR	AR	MR	MS	MS
RBN	MR	MS	AS	AS	MR	MR	MR	MS
RBA	AS	AS	AS	AS	MS	MS	AS	AS
RJV	AS	AS	AS	AS	AS	AS	AS	AS
RSSM	MS	MS	MS	MS	AS	AS	AS	AS
RTKC	AS	AS	AS	AS	MR	MR	MR	AS
RJM	MR	MS	AR	MR	MR	MR	AR	MR
RBMNI	AR	MS	MR	MS	AR	MR	AR	AR
SSSJ	AS	AS	MR	MR	AS	AS	AR	AR
STL	AR	AR	MR	MR	MR	MR	AR	MS
VSJLQ	MS	MS	AS	AS	MR	MR	MR	MR

AR = altamente resistente; MR = moderadamente resistente; MS = moderadamente suscetível; AS = altamente suscetível.

As etnovariedades que perderam os folíolos aos cinco dias na avaliação aos sete dias tiveram os valores repetidos. Justificando a ausência de alteração na reação da maioria das etnovariedades aos sete dias de inoculação. Excetuando a etnovariedade F2CGG que não apresentou abscisão foliar, mas manteve a mesma reação aos cinco e sete (DAI). Assim a falta de variação deve-se a reposta biológica. A reposta inalterada da etnovariedade nas duas avaliações mantem a classificação como altamente resistente (Tabela 12). A etnovariedade F2CGG apresentou nota nas folhas superior e inferior folhas com valores médios de 0,33, e 0,67 (Gráfico 10 e 11) em ambas as avaliações, respectivamente.

Foi possível verificar através da comparação de médias, aos cinco dias de inoculação do isolado ICT12, que as etnovariedades PCGG (0,67) e CTL (1,00), apresentaram os menores valores médios de severidade em todas as folhas. Os maiores valores médios de severidade foram observados nas etnovariedades RBA (5,00) e RJV (5,00) (Gráfico 10).

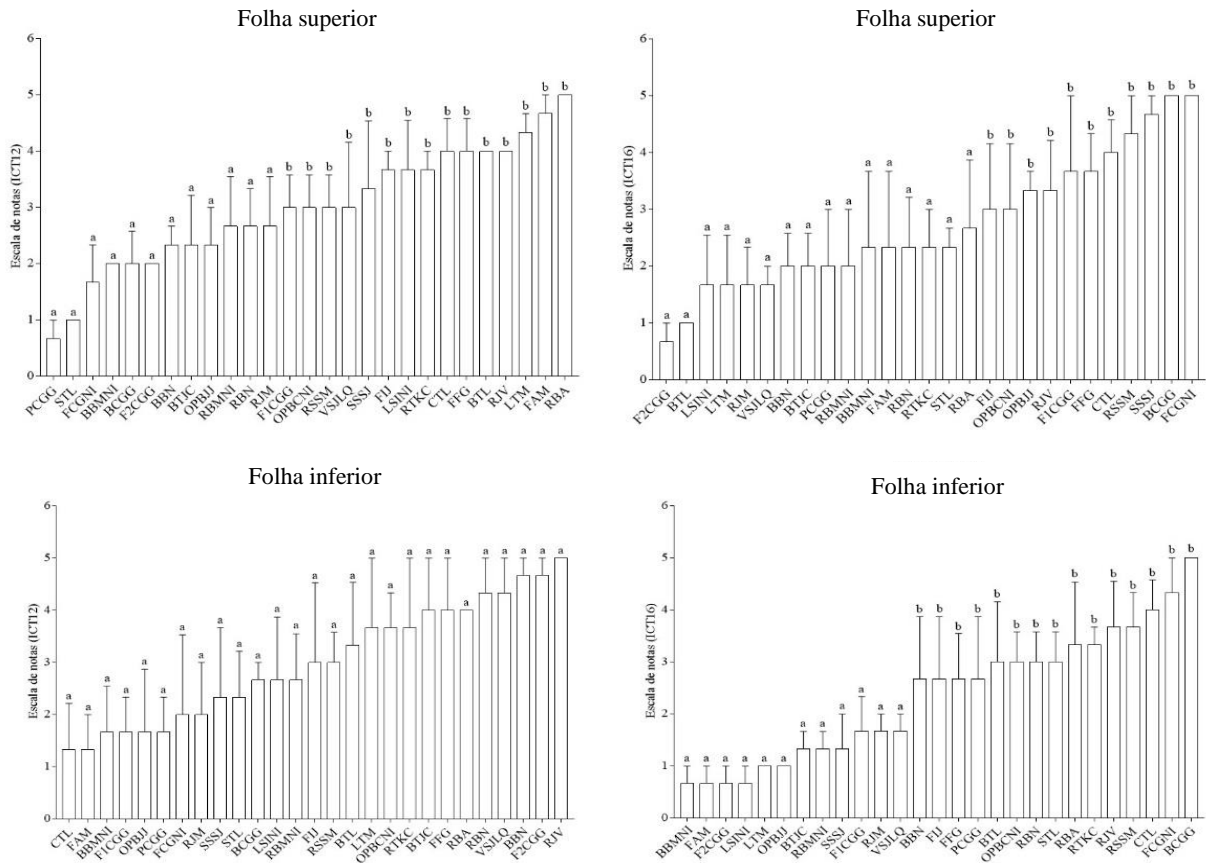
Gráfico 10. Valores médios de severidade das 27 etnovariedades de fava a isolados de *C. truncatum*, dados obtidos através da escala de notas, aos cinco dias de inoculação (DAI). Médias seguidas de letras distintas nas colunas diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de $p < 0,05$). Dados originais.



Fonte: dados do autor, 2019.

Aos sete (DAI) foi observado o mesmo padrão de formação de grupos para as avaliações de folha superior e inferior para os isolados ICT12 e ICT16. As avaliações nas folhas superiores diferenciaram as etnovariedades em dois grupos para ambos os isolados. A avaliação da folha inferior apenas observou-se a formação de dois grupos para a reação das etnovariedades para o isolados ICT16.

Gráfico 11. Valores médios de severidade das 27 etnovarietades de fava a isolados de *C. truncatum*, dados obtidos através da escala de notas, aos sete dias de inoculação (DAI). Médias seguidas de letras distintas nas colunas diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de $p < 0,05$). Dados originais.



Fonte: dados da pesquisa, 2019.

Analisando de forma geral, considerando as reações aos dois isolados aos cinco dias de inoculação, as etnovarietades PCGG, F2CGG, RBMNI, STL, RJM, BTJC foram classificadas como resistentes considerando a avaliação das folhas superiores. Tendo como referência as folhas inferiores, as etnovarietades classificadas como resistentes aos dois isolados foram RJM, FAM, OBPJJ, F1CGG, BBMNI, SSSJ, LSINI e STL. Assim as etnovarietades RJM e STL se mantêm como resistentes aos dois isolados aos cinco dias de inoculação, considerando as folhas superior e inferior.

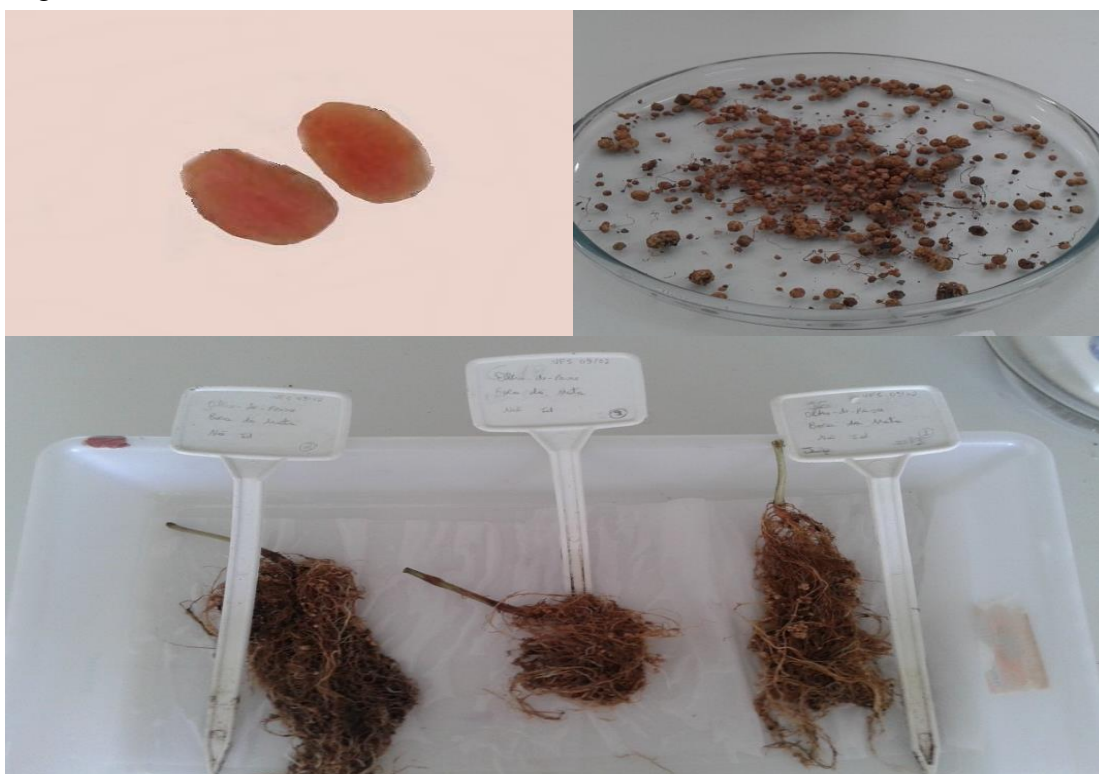
Na avaliação aos sete dias de inoculação, as etnovarietades que apresentaram resistência aos dois isolados nas folhas superiores foram STL, BBMNI, F2CGG, BBN, BTJC, RBMNI, RBN, RJM e PCGG. Considerando as folhas inferiores, às etnovarietades FAM, BBMNI, F1CGG, OBPJJ, RJM e SSSJ foram agrupadas como resistentes aos dois isolados. Após avaliar a reação aos dois isolados nas folhas superiores e inferiores aos sete (DAI),

verificou-se que as etnovariedades BBMNI e RJM, se mostraram resistentes. A etnovarietade que apresentou resistência aos dois isolados em todos os folíolos e tempos avaliados foi a etnovarietade RJM.

5.12 Análise de nodulação nas etnovariedades

Através dos caracteres avaliados para analisar a eficiência de nodulação espontânea em algumas etnovariedades de fava, foi possível verificar que apenas o caractere quantidade de nódulos, foi estatisticamente significativo, os caracteres massa fresca, massa seca e tamanho dos nódulos, não foram estatisticamente significativos (Gráfico 12). Alguns nódulos avaliados de forma aleatória apresentavam coloração interna avermelhada, indicando que as bactérias encontram-se ativas (Figura 7).

Figura 7. Nódulos ativos e sistema radicular avaliados nas 23 etnovariedades de fava.

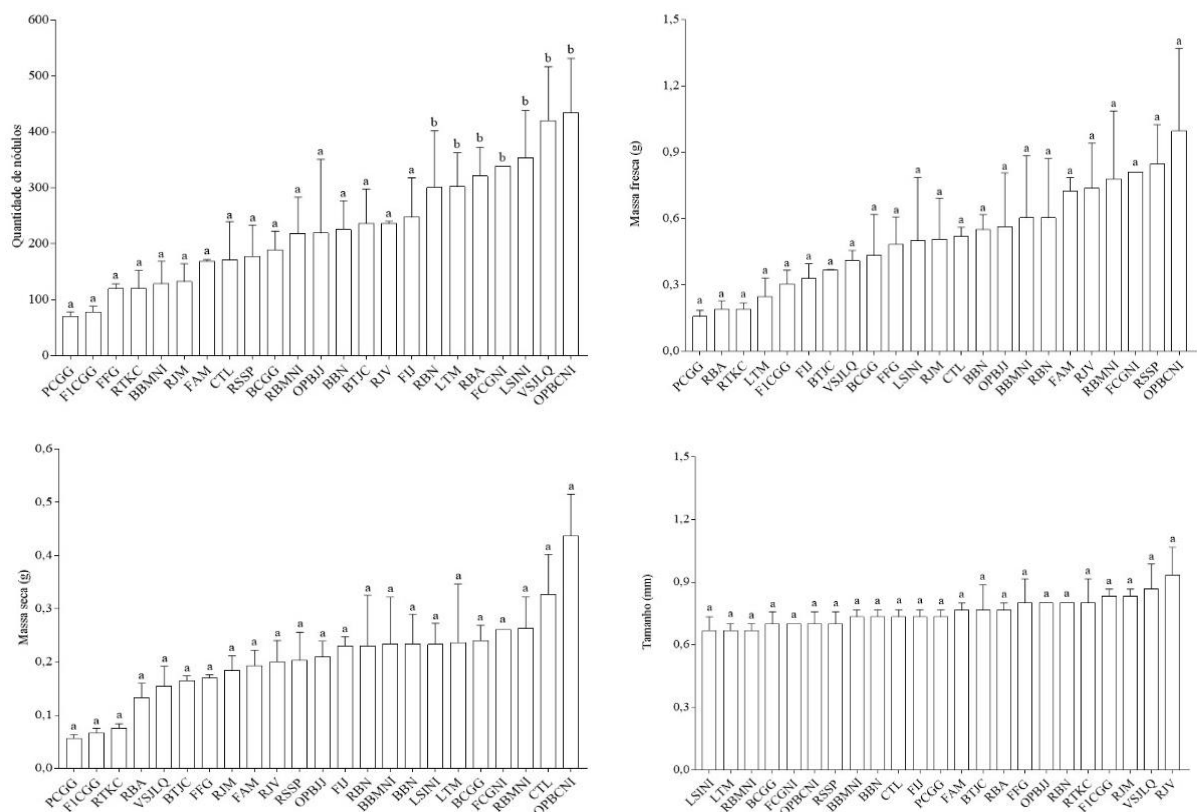


Fonte: dados do autor, 2019.

O caractere quantidade de nódulos agrupou as etnovariedades em duas classes (a e b), diferenciando-as como as que mais continham nódulos e a que menos continham nódulos no sistema radicular (Gráfico 12). As etnovariedades que menos nodularam foram agrupadas na classe “a”, correspondendo 69,56% das etnovariedades, apresentando valores médios que

variaram entre 70,00 e 247,33 nódulos por planta, verificados nas respectivas etnovariedades PCGG e FIJ. A classe “b” agrupou as etnovariedades que mais nodularam, reunindo 30,43% das etnovariedades, essas apresentaram valores médios que variaram entre 300,67 e 434,67 números de nódulos por planta, observados, respectivamente, nas etnovariedades RBN e OPBCNI.

Gráfico 12. Valores médios dos caracteres QN (Quantidade de nódulos), MSF (Massa fresca dos nódulos), MSN (Massa seca dos nódulos) e TMN (Tamanho dos nódulos) em 23 etnovariedades de fava. Médias seguidas de letras distintas nas colunas diferem significativamente pelo teste de Scott-Knott (valor de $p > 0,05$). Dados originais.



Fonte: dados da pesquisa, 2019.

Os valores médios obtidos para os demais caracteres não diferenciaram significativamente. O caractere massa fresca apresentou valores médios que variaram entre 0,16 g e 100,00 g, nas etnovariedades PCGG e OPBCNI, as mesmas etnovariedades com os menores e maiores pesos no caractere massa fresca também apresentaram no caractere massa seca, os menores e maiores pesos, sendo respectivamente, 0,06 g e 0,44g, e o caractere tamanho dos nódulos apresentou os seguintes intervalos de variação nos valores médios 0,67 mm e 0,96 mm, verificados nas etnovariedades BCGG e RJV.

6 DISCUSSÃO

O germoplasma brasileiro de cultivares mantidas por agricultores apresenta grande diversidade genética e foi constituído pelos processos evolutivos sofridos ao longo do tempo, como adaptação a ambientes diversos, novas introduções, cruzamentos e seleção por parte dos agricultores (COSTA, 2013). Como exemplo, as características externas da semente do feijão possuem ampla variabilidade, sendo fatores que são altamente utilizados para diferenciar e classificar feijões em grupo ou tipos comerciais distintos (GRIGOLO et al., 2018). As variedades utilizadas por agricultores de subsistências e mantedores das sementes são consideradas interessantes do ponto de vista da utilização em programas de melhoramento genético (GRIGOLO et al., 2018). As etnovariedades de fava, *Phaseolus lunatus*, oriunda de produtores locais e coletadas nas feiras-livres de Alagoas apresentou com uma ampla diversidade de cores e formas nas sementes (Figura 1) e confirmada por análise genética. O alto grau de variação fenotípica das características das sementes em acessos de fava locais mantidos em coleções foi também verificado quanto a reação a isolados de *Colletotrichum truncatum*. As características estudadas são importantes para a compreensão da diversidade e origem das espécies (SILVA et al., 2017), entre elas o *P. lunatus*.

O sistema de produção dos agricultores passa a ser fator de seleção, determinante na magnitude da diversidade dos recursos genéticos conservados. Um sistema de produção típico da Revolução Verde (monocultivos e aplicação intensiva de insumos) mantém uma homogeneidade genética da população. Enquanto um sistema de produção tradicional conduzido por agricultores familiares de subsistência possibilita uma maior diversidade genética da população manejada (FARALDO et al., 2000). Estima-se que pelo menos 103 espécies têm importância regional ou mundial, estando domesticada em maior ou menor grau, representando 3,3% das espécies cultivadas por agricultores. No entanto, 73 espécies das 103 espécies não estão incluídas na lista das mais importantes regionalmente ou mundialmente, sendo a maioria conservada *ex situ* (PRESCOTT-ALLEN; PRESCOTT-ALLEN, 1990). Há também uma erosão das variedades dentro das espécies, nas últimas décadas a diversidade de variedades cultivadas tem reduzido drasticamente. Uma fração das variedades em desuso ainda é mantida na agricultura de subsistência e podem diferenciar do original devido o manejo e seleção dos produtos as condições locais de cultivo (BELLON; BRUSH, 1994). A agricultura local, além de importante fonte de renda para esses produtores, também tem grande importância na conservação de espécies e conhecimentos locais que vem sendo perdidos com o decorrer dos anos.

O primeiro passo para identificar as variedades locais é visitar e entrevistar seus produtores para obtenção de registro oral sobre a história do cultivo da variedade na família. As entrevistas geraram um discurso coletivo, a partir desse, foi possível verificar que a maioria dos produtores possuía uma faixa etária média de 50 anos, informação também verificada em estudo com cultivos de espécies de *Dioscorea* spp. e variedades crioulas de milho. O perfil de idade dos agricultores apresentava faixa etária média de 56, e 57,8 anos (SIQUEIRA, 2011, SOUZA, 2015). Infere-se assim, que a maioria dos mantenedores do saber local, são pessoas mais velhas de gerações que possuíam um contato maior com a cultura e conhecimento tradicional.

Há uma predominância de mantenedores do sexo feminino (Gráfico 1). Geralmente em estudos com culturas de importância agrícola é mais comum à predominância de homens que mantêm o maior conhecimento e contato com a cultura (SIQUEIRA, 2011; PASTORE, 2013; SOARES, 2018). Em estudo com variedades crioulas da figueira (*Ficus carica*), a maior predominância de homens como mantenedores do saber e manejo dessa planta foi verificada na zona rural. No entanto, na zona urbana verificou-se maior predominância das mulheres justificando que na zona urbana as figueiras eram mantidas nos quintais de casa. A predominância de mulheres como mantenedoras do conhecimento sobre plantas agrícolas e medicinais (*Ficus carica*, *Zea mays*, *Rosmarinus officinalis* e *Melissa officinalis*) foi verificada em alguns trabalhos (PASTORE, 2013; SOUZA, 2015; SOARES, 2017). A fava geralmente caracteriza-se por ser uma cultura também mantida nos quintais das casas ou nas proximidades, podendo justificar a maior predominância de mulheres como produtoras locais (SOARES, 2018; PASTORE, 2013). Entender e valorizar o papel de homens e mulheres na conservação é fundamental para compreender a forma como é manejada a diversidade, visto que o conhecimento específico sobre determinado recurso genético, difere de acordo com o gênero, a idade ou grupo social do mantenedor (SOUZA, 2015).

As etnovariedades coletadas são mantidas há muitos anos e por várias gerações. As variedades crioulas são conceituadas como variedades mantidas pelos agricultores ao longo das gerações. Após vários anos sendo cultivadas e selecionadas por esses agricultores, adquirem características próprias de adaptação ao agroecossistema local (BELLON; BRUSCH, 1994). Etnovariedades são consideradas como populações conservadas, selecionadas, multiplicadas e usadas por agricultores tradicionais por um período de cultivo superior a 30 anos pela mesma família e local. Conceitua-se como populações geograficamente distintas, diversas em sua composição genética e adaptadas às condições agroclimáticas e ecológicas particulares às áreas de pelos esses produtores há mais de cinco décadas, verificando a tradicionalidade da agricultura familiar no estado. No México, considera variedade local aquela que não tenha

passado por um processo de melhoramento formal e que a semente tenha sido cultivada na região, pelo menos, por uma geração de agricultores, ou aproximadamente 30 anos (LOUETTE et al., 1997). É possível inferir que algumas etnovariedades (OPBJJ, FIJ, CTL, BTL, RSSM, VSJLQ) são mantidas há 30 ou mais anos pelos produtores de Alagoas, são consideradas como locais.

Variedades crioulas são mantidas por muitos anos e durante muitas gerações (avós, pais e filhos), tendo como exemplo as espécies *Zea mays* (mais de 30 e 50 anos) *Ficus carica* (65 anos) e *Dioscorea alata* (mais de 40 anos) mantidas pelos agricultores locais (VOGT, 2005; SOUZA, 2015; PASTORE, 2013; SIQUEIRA, 2011). O tempo em que uma variedade está sendo mantida em uma determinada região influencia na adaptação local da variedade a contextos culturais e socioambientais específicos, que se estabelecem ao longo dos anos de cultivo (SOUZA, 2015). A conservação dos recursos genéticos *in situ* pelos agricultores tradicionais tem papel fundamental no fornecimento de novos alelos e alelos originais levando-se em conta o estreitamento da base genética das espécies cultivadas que vem ocorrendo nos últimos anos. A erosão genética decorre pelo uso intensivo do modelo de agricultura da Revolução Verde e das limitações da conservação *ex situ*, demasiadamente onerosa e de difícil manutenção (CLEVELAND et al., 1994; SIQUEIRA, 2011).

O cultivo longo da cultura na família pode ser justificado pelo fato de algumas etnovariedades de fava apresentarem grande rusticidade. A cultura não exige a utilização de insumos, possuindo resistência ao déficit hídrico e altas temperaturas, condições climáticas característica do agreste e do sertão alagoanos. Apesar de ser uma cultura de subsistência, a tradicionalidade na região também pode ser devido a ampla procura do consumidor. A reduzida comercialização em alguns locais resultou em preços elevados, que variam conforme as épocas de colheita e a maturidade das sementes. O feijão-fava, típico da região Nordeste do Brasil, torna-se foco da pesquisa por conta de sua aceitação entre a população e os preços interessantes que são pagos aos produtores, em grande parte da agricultura familiar (SOARES, 2018). A fava tem forte influência familiar e por isso vem sendo mantida há tantos anos, é uma cultura que apresenta uma grande representação da agricultura familiar nordestina. Apesar da condução e em pequenos plantios, a cultura destaca-se entre vários municípios nos estados da região nordeste e algumas variedades crioulas ou locais apresentam potencial produtivo, econômico e de resistência a antracnose (CARVALHO, 2009; CAVALCANTE, 2012; SOARES, 2018).

A variedade tradicional é aquela que vem sendo manejada em um mesmo ecossistema, por pelo menos três gerações familiares (avô, pai e filho), e a partir da qual são incorporados valores históricos, que passam a fazer parte das tradições familiares (MACHADO et al., 2008a).

A conservação *in situ* – *on farm* apresenta papel fundamental na evolução e diversificação de uma espécie. Por este motivo, as variedades crioulas conservadas por agricultores ao longo de muitos anos são importantes fontes de alelos para programas de melhoramento (SOUZA, 2015).

As sementes são obtidas com familiares, realizando a manutenção e mantendo as sementes crioulas por longos anos. Em estudo com variedades de *Dioscorea alata* mantidas por agricultores familiares, também foram verificadas informações similares, a grande maioria dos informantes conseguiram as sementes com familiares ou compraram (SIQUEIRA, 2011). O armazenamento em garrafas plásticas é efetivo para preservar a viabilidade das sementes e evitar o ataque de pragas de grãos. Confirmando ser uma prática comum entre agricultores que conservam as variedades crioulas de algumas espécies, tais como, milho e fava (SOUZA, 2015; VOGT et al., 2009; SOARES, 2018). O armazenamento de sementes em garrafas plásticas é eficaz, visto que não apresenta registros de problemas quando utilizada pelos agricultores para armazenamento de sementes de diferentes espécies (ANDRADE et al., 2012; SOUSA JUNIOR et al., 2012).

O cultivo majoritário na forma de consórcio é justificado pelo fato do sistema permitir maior diversidade de culturas, principalmente por a fava caracterizar-se como uma cultura de subsistência familiar. Um dos consórcios mais empregados no Brasil é a interação de cereais com leguminosas que fornecem nitrogênio (N) e outros minerais para a cultura não fixadora do nutriente. A leguminosa permite a cobertura do solo mais rápida e controle da erosão, também proporcionam habitat para predadores de pragas e o aumento da diversidade microbiana no solo (LOPES et al., 2017). Tradicionalmente, o consórcio entre o milho/feijão e milho/fava são os mais cultivados no Ceará (SOARES, 2018). O consórcio de culturas está sendo cada vez mais utilizado por pequenos agricultores da região do Cariri cearense por possuírem pequenas extensões de terras e a região dispor de baixa pluviosidade e chuvas irregulares (LOPES et al., 2017). A predominância de plantas de crescimento indeterminado explica-se pelo uso do cultivo muitas vezes consorciado com outras espécies, como sorgo, milho, inhame, mandioca, algodão, banana. As variedades de crescimento determinado são mais adequadas ao sistema de cultivo intensivo ou às áreas mais secas, enquanto o tipo indeterminado predomina no sistema tradicional de cultivo ou em áreas tropicais mais úmidas.

O manejo manual trata de atividades simples, característica de cultivo de subsistência, realizado pelo próprio produtor ou por familiares. Em alguns estudos é mencionada uma forte presença do pousio (SOARES, 2018; SIQUEIRA, 2011), no entanto, só foi verificado que alguns produtores realizavam a queima das áreas de cultivo. O pousio é um sistema de plantio no qual a área é preparada sem a utilização de implementos agrícolas, sendo efetuada a

derrubada e queima da vegetação. Após algum tempo de utilização, a área é deixada para “descansar” por 10 a 20 anos, e se procura outra área para fazer o cultivo de feijão-fava (SOARES, 2018). Esse sistema varia de acordo com as condições ecológicas locais (SIQUEIRA, 2011). A utilização do pousio é uma tradição mantida pelos indígenas, que vem sendo aderida pelos agricultores tradicionais (LEONEL, 2000).

O manejo manual requer uso intenso da mão de obra. No caso da fava, a maioria (62,97%) dos agricultores tem ajuda de familiares (SOARES, 2018; SIQUEIRA, 2011). Assim, a disposição dos jovens filhos de agricultores familiares em suceder aos pais está associada à própria continuidade da agricultura familiar como um todo (SIQUEIRA, 2011). É possível confirmar que se trata de uma cultura mantida especialmente no âmbito familiar, que preserva tradições e garante a subsistência de várias famílias de produtores no estado de Alagoas.

A forma de preparo pode dizer muito sobre as características das variedades coletadas. Entre as leguminosas que produzem HCN, somente o feijão-fava pode contê-lo em quantidade elevada, sendo este o responsável pelo seu sabor amargo, característica ausente em outras espécies de feijão (VIEIRA, 1992). O consumo de grãos secos de feijão-fava com paladar amargo deve ser precedido de cuidados, como deixar os grãos de molho durante uma noite e eliminar a água antes do cozimento (VIEIRA, 1992; AZEVEDO et al., 2003). A maioria dos produtores (56%) realizam a cocção e as trocas de água durante o preparo e 44% realizam apenas a cocção, sem trocarem a água durante o preparo (Gráfico 1). O gosto amargo nas sementes de fava é condicionado devido ao teor de ácido cianídrico existente na planta, que possui grandes concentrações na semente (SANTOS, 2008), então, quanto menor o teor menos amargo, logo, infere-se que nas sementes as quais não é realizada mais de uma cocção há existência de menores quantidades de ácido.

A cultura do feijão-fava possui relativa importância econômica e social, tendo como uma das principais características a rusticidade o que prolonga a sua colheita, podendo ser realizada no período seco (SOARES, 2018). O manejo da diversidade de espécies e variedades tem sido um elemento central para a sustentabilidade dos sistemas agrícolas, onde os agricultores familiares conservam grande parte da diversidade (SOUZA, 2015). Os parâmetros morfoagronômicos quantitativos avaliados contribuíram para explicar a diversidade genética das etnovarietades, sendo verificado nos caracteres comprimento e largura das sementes e vagens a maior contribuição, em razão da formação do maior número de classes que separaram as etnovarietades em vários grupos. Os valores médios obtidos a partir das variáveis comprimento e largura das sementes resultam no tamanho e forma da semente e da vagem,

considerados como descritores morfológicos que contribuem para identificar as raças existentes em cada *pool gênico* (GRIGOLO et al., 2018).

O coeficiente de variação experimental obtido, demonstrou uma precisão média, quando comparado aos verificados em outros estudos com espécies vegetais como a fava (*P. lunatus*) (CARMO, 2011; OLIVEIRA et al., 2011), o feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) (MACHADO et al., 2008b) e o trigo (*Triticum aestivum*) (PIMENTEL et al., 2014). O valor discrepante de 82,98% verificado no coeficiente da variável altura da planta: tipo determinado é justificado pela restrição dos descritores morfoagronômicos para verificar apenas a altura das plantas de crescimento determinado, não sendo indicada a verificação das plantas com crescimento indeterminado, como essas não foram medidas, agruparam-se em uma única classe, distinta das demais etnovariedades (Tabela 3).

A análise de comparação de médias evidenciou uma das variáveis representante da parte vegetativa da planta, a variável comprimento da folha primária, como a única sem apresentar diferença estatística significativa, agrupando as etnovariedades em apenas uma classe. As variáveis largura da folha primária, largura e comprimento do folíolo (folha composta) que também representam a parte vegetativa, reuniram as etnovariedades em apenas duas classes, diferindo estatisticamente, mas sendo consideradas como pouco variáveis ou polimórficas (Tabela 2). Notadamente, as variáveis de menor importância para diferenciar cultivares locais e melhoradas de feijões também foram comprimento e largura folíolo, comprimento e largura da folha primária (RODRIGUES et al., 2002; CABRAL et al., 2011; CABRAL, 2010).

A variável comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida também reuniu as etnovariedades em duas classes, mostrando diferença estatística significativa, apesar da menor variabilidade ou polimorfismo nas etnovariedades agrupadas nessas classes (Tabela 3). Em estudos com feijão-caupi (BRITO, 2014) e fava (FRAZÃO, 2010), também foram observadas diferenças estatísticas significativas para o comprimento do hipocótilo, corroborando com os dados obtidos. O comprimento do hipocótilo (CH) relaciona-se com a maior ou menor predisposição das plantas ao acamamento, isso implica que plantas com maior CH são mais propensas ao acamamento, desta forma, em maiores adensamentos, os resultados sugerem que as plantas tendem a sofrer mais quebras ou dobras pelo aumento do CH, principalmente, se aliado a este comportamento houver redução no diâmetro do caule (BEZERRA et al., 2012). Em feijão-caupi foi evidenciado que genótipos que apresentaram epicótilos e hipocótilos mais curtos, possuíam maior resistência ao acamamento (MACHADO et al., 2008b).

Nas etnovariedades classificadas como eretas, o crescimento é determinado em função do menor comprimento do ramo principal e a maturação é uniforme, ocorrendo apenas uma colheita. Contudo, nas etnovariedades com muitos ramos secundários, grande comprimento e amplo número de nós no ramo principal é verificada maior produção de grãos por planta, em mais de uma colheita, porém menor rendimento por área. Logo, esses dois caracteres interagem na arquitetura da planta, proporcionando maior produção de grãos por planta ou maior produtividade (MATOS FILHO et al., 2009).

A variável número de nós no caule principal antes do primeiro cacho, agrupou as etnovariedades em quatro classes (Tabela 3). Foi possível verificar através dessa variável que os menores valores médios reuniram apenas 11,1% das etnovariedades representadas pelas etnovariedades com crescimento determinado, agrupamento justificado pelo menor porte da planta, o que ocasiona redução no comprimento do caule principal, diminuindo o número de nós. O comprimento do ramo principal e o número de nós do ramo principal são importantes para a arquitetura da planta e quanto maior o número de nós, mais elevada é a produção de vagens e de grãos (ADAMS, 1982).

A altura da planta: tipo determinado (Tabela 4), agrupou as etnovariedades em três classes. Os valores médios foram mensurados apenas para as etnovariedades que possuíam crescimento determinado (RJM, STL e SSSJ). É possível inferir que a altura da planta interfere na ocorrência de doenças, geralmente folhas e vagens nas plantas de crescimento determinado em função da menor altura, ficam em contato direto com o solo, conseqüentemente, com a umidade e a água (em cultivos com irrigação), tornando-se propícias a ocorrência de doenças, dentre elas a antracnose causada por espécies de *Colletotrichum* spp. Dessa forma, quanto mais alta for a inserção das vagens, menor a possibilidade de perda devido à redução do contato com a umidade do solo, diminuindo as chances de ocorrerem doenças fúngicas. Fato este de grande relevância no cultivo do feijoeiro, onde há grande prejuízo na produtividade de grãos em virtude de tais doenças (GRIGOLO et al., 2018; GONÇALVES et al. 2014).

A variável duração da floração (tempo médio) associada a parte reprodutiva da planta, foi avaliada desde a emergência da primeira flor até o estágio em que cada planta estava com 50% das flores, apesar de diferir estatisticamente, também foi considerada como pouco variável ou polifórmica, em razão do agrupamento que reuniu as etnovariedades em apenas duas classes. Os dias variaram de 76 dias para as etnovariedades F1CGG e F2CGG, ambas apresentaram o maior número de dias para obterem 50% das flores, sendo consideradas tardias. Informação que se assemelha a obtida em outras pesquisas com variedades de fava, sendo elas Boca-de-moça, Raio-de-sol, Branquinha e Mororó, que apresentaram 71 dias para possuírem 50% das flores

(SANTOS et al., 2002), dados também verificados nas variedades Cara-larga, Coquinho, Galo-de-campina e Orelha-de-vó, com respectivamente, 76, 79, 78 e 73 dias para apresentarem 50% das flores (FRAZÃO et al., 2010). O menor tempo de florescimento foi 12 dias, observado na etnovarietade VSJLQ, considerada precoce, com valor médio para verificação de 50% das flores ainda menor que o encontrado em outros estudos, com 38 dias (HIOLANDA et al., 2018) e 41 dias para 50% do florescimento (FRAZÃO et al., 2010). A precocidade é uma importante característica devido ao clima específico de cada região, pois cultivares e linhagens precoces podem escapar de estiagens que frequentemente ocorrem em zonas semiáridas. Tais colheitas adiantadas podem também comandar preços superiores (EHLERS; HALL, 1997).

A variável tamanho do botão floral agrupou as etnovarietades em apenas duas classes, diferindo significativamente, mas sendo pouco variável ou polimórfica (Tabela 3). Não foram observadas diferenças estatísticas significativas em outros estudos para as variáveis tamanho do botão floral e comprimento do cacho (FRAZÃO et al., 2010; MELO, 2011), resultados que diferem do obtido. Implica-se que essas variáveis influenciam na produtividade, pois etnovarietades que apresentam um maior comprimento do cacho podem apresentar mais flores, o que pode corresponder ao mesmo número de vagens. Um dos componentes mais importantes de produção na cultura do feijoeiro é o número de vagens, sendo dependente do número de flores emitidas (MARTINS, 2017).

As características número de dias desde o aparecimento da primeira vagem até a planta possuir 50% das vagens e número de dias após a planta possuir 50% das vagens até à maturação (Tabela 5), reuniram as etnovarietades em duas e quatro classes, respectivamente, apresentando a etnovarietade RJM com o maior valor médio para maturação. Os maiores valores médios são justificados em razão do aparecimento tardio de algumas vagens, abortamento de flores e vagens e problemas que comprometeram a fisiologia das plantas durante o experimento. No mercado brasileiro a maioria das cultivares de feijão, disponíveis para cultivo, apresentam diferenças genéticas quanto ao início do florescimento e à duração total do ciclo, sendo que o ciclo dura aproximadamente 90 dias, da emergência à colheita, para a maioria das cultivares utilizadas pelos produtores (LIMA; CORREA, 2012). Isso também pode ser observado na fava, conforme os resultados obtidos 63% das etnovarietades concluíram o seu ciclo com 90 ou mais de 90 dias e apresentaram valor médio de 94,5 dias para o número de dias até à maturação das vagens (Tabela 5).

A presença de etnovarietades precoces (maturação de colheita aos 60 – 70 dias após a semeadura), como no caso da etnovarietade VSJLQ com 77 dias para NV90% (Tabela 5), os produtores podem ter uma fonte para precocidade podem ser introduzidas nas variedades locais

e os pode têm melhor aproveitamento da área de cultivo. A precocidade também possibilitaria fazer rotação de cultura, além de poder adequar a época mais favorável à sementeira e a colheita, com base no conhecimento das condições ambientais que prevalecem na região de cultivo (RIBEIRO et al., 2004). Em alguns ambientes, quando as primeiras cultivares de floração são plantadas precocemente, elas escapam dos danos causados por insetos pragas, como os tripses das flores e os percevejos (EHLERS; HALL, 1997).

A variável peso de cem sementes, agrupou as etnovariedades em quatro classes (Tabela 5). Verificando-se apenas 11,1% das etnovariedades agrupadas com os menores valores médios, todas as etnovariedades (RJM, SSSJ e STL) agrupadas apresentam crescimento determinado em razão do menor porte da planta, o que ocasiona redução no comprimento do caule principal, causando a diminuição no número de nós. As variáveis número de nós por cacho e peso de cinquenta vagens, reuniram as etnovariedades em três classes e apesar de se apresentarem como pouco variáveis ou polimórficas, foram estatisticamente significativas. Em outros estudos com fava (LOPES et al., 2017) e feijão-caupi (SANTOS et al., 2014), também foi observada diferença estatística para a variável peso das vagens. As variáveis peso das sementes e vagens estão diretamente associadas à produtividade da planta.

Através da análise de Singh (1981), foi estimada a contribuição das variáveis para a diversidade genética das etnovariedades, sendo verificada a predominância de cinco caracteres que adicionaram a contribuição relativa total de 79,84% (Tabela 7). A partir da análise foi possível verificar que o caractere comprimento da semente foi o mais eficiente para explicar a divergência genética entre as 27 etnovariedades de fava (Tabela 5). Os outros caracteres com maiores valores de contribuição foram, respectivamente, comprimento da vagem, largura da vagem, altura da planta: tipo determinado e largura da semente. Esses caracteres também foram as variáveis com a maior formação de classes na análise de variância e comparação de médias, excetuando a variável altura da planta: tipo determinado. Conforme verificado em alguns estudos com espécies de fava (MELO, 2011; SOARES, 2018; SILVA, 2017; SILVA et al., 2015a) e feijão (*P. vulgaris*) (COELHO et al., 2010), os caracteres que mais contribuíram condizem com os resultados obtidos, excetuando os caracteres comprimento da semente e altura da planta: tipo determinado, que em outros estudos com feijão (BONETT et al., 2006) e fava (SILVA, 2017) apresentaram na contribuição relativa valores menores que os obtidos.

O aumento no tamanho de vagens e sementes em *P. lunatus* representam as diferenças mais marcantes entre as formas cultivadas e seus ancestrais selvagens (BAUDOIN, 2004). A variação no tamanho da semente pode ser devido a fatores genéticos com efeitos diretos ou indiretos, tais como, captação de recursos ou determinantes da história de vida, bem como

variação genética. Em estudo analisando tamanho e número de sementes em *Arabidopsis thaliana*, foi verificado que o tamanho da semente pode ser algo válido para a seleção, o que demonstrou a sua importância para o estudo de diversidade na espécie (GNAN et al., 2014). Sendo assim, a partir das diferenças observadas nos valores médios de comprimento e largura das sementes nas etnovariedades avaliadas (Tabela 6), implica-se que esses caracteres influenciaram na variabilidade genética das etnovariedades de fava.

O caractere comprimento do cacho foi um dos que menos influenciou na diversidade genética das etnovariedades, em razão de sua menor contribuição relativa, essa informação também corroborou com os resultados verificados na análise de variância e comparação de médias. Foi possível verificar que três caracteres não contribuíram para a separação das etnovariedades, sendo esses, respectivamente, peso de cinquenta vagens, comprimento da folha primária e tamanho do botão floral, todos apresentaram valores nulos em S.j (contribuição de Singh). Esses caracteres apresentaram valores similares nas etnovariedades avaliadas, por isso não contribuíram para a discriminação. Em trabalho avaliando genótipos de fava com crescimento indeterminado (ABREU et al., 2004), também foi verificada uma mínima contribuição do peso de vagens (0,001%) para a diversidade genética dos genótipos, considerado como um caractere passível de descarte. Dessa forma, esses caracteres são considerados como os menos indicados em trabalhos que realizam caracterização da diversidade.

O grande interesse na avaliação da importância relativa dos caracteres reside na possibilidade de se descartarem características que não contribuem ou contribuem pouco para a discriminação do material avaliado, reduzindo dessa forma, mão-de-obra, tempo e custos despendidos na experimentação (SILVA et al., 2015b; ROTILI et al., 2012). Os caracteres que mais contribuíram foram tamanho da semente e da vagem (comprimento e largura), que estão diretamente relacionados a produtividade da planta. Contudo, o caractere peso da semente também relacionado à produtividade, apresentou uma mínima contribuição relativa para a diversidade, fato que pode ser justificado pelas condições experimentais, pois as etnovariedades foram mantidas em vasos durante o período de avaliação experimental, impedindo o desenvolvimento das plantas e afetando a sua produtividade. Em estudo avaliando genes que controlavam o tamanho das sementes foi encontrada uma média de pelo menos dez genes influenciando esse caractere (NIENHUIS; SINGH, 1988). A herança de características relacionadas ao tamanho das sementes (comprimento, largura, espessura e peso do grão), é controlada por efeitos genéticos adicionais com herdabilidade em um sentido restrito (MOTTO et al., 1978).

As etnovariedades do trabalho foram classificadas em três grupos conforme o peso das sementes, sendo eles, batata, agrupando 44,4% das etnovariedades, sieva agrupando 33,3% e big lima reunindo 22,2%, correspondendo a menor quantidade de etnovariedades. As variedades crioulas com sementes pequenas são particularmente comuns no nordeste do Brasil. A frequência de variedades com sementes grandes aumenta no centro e sul do Brasil (ERICKSON, 1982; BAUDOIN, 2004).

As etnovariedades podem ser classificadas em grupos conforme o *pool gênico* sendo considerados 3 grupos (MARTÍNEZ-CASTILLO et al., 2004; SERRANO-SERRANO et al., 2010): o mesoamericano (MI e MII) e o andino (AI). O *pool* mesoamericano contém apenas sementes pequenas e é amplamente distribuído em países da América do Sul e América Central. O *pool* andino possui sementes maiores e sua distribuição é restrita ao Equador e norte do Peru. Outros estudos sugerem o México como a área de domesticação. Em particular, a Península de Yucatán, área que apresenta maior diversidade morfológica de variedades, também considerado como local onde o feijão-fava é cultivado sob o sistema agrícola tradicional, conhecido como *milpa*, sistema de cultivo de terras secas ancestrais da América do Sul baseado em energia humana na qual a vegetação é ciclicamente cortada e queimada para plantar em consórcio, um grupo de culturas básicas (MARTÍNEZ-CASTILLO et al., 2004).

Os acessos selvagens andinos apresentam peso maior ou igual a 33,4 g. Os acessos selvagens mesoamericanos apresentam peso maior ou igual a 17,6 g e os acessos andinos domesticados o peso verificado foi maior ou igual a 121,5 g. Os acessos mesoamericanos domesticados o peso observado foi maior ou igual a 78,0 g (MOTTA-ALDANA et al., 2010). Os dados corroboram com o peso obtido nas sementes das etnovariedades classificadas como mesoamericanas e andinas conforme o peso, através dos dados evidenciados no estudo, verificou-se que as sementes domesticadas apresentam os maiores pesos (SERRANO-SERRANO et al., 2010).

Através da classificação qualitativa verificou-se que a maioria das etnovariedades apresentou maior frequência da cor verde nos cotilédones, seguida pelas cores vermelho-púrpura e branca. A cor dos cotilédones é uma característica importante na identificação de variedades porque há uma relação entre a cor dos cotilédones e das sementes. Cotilédones verdes originam-se de sementes brancas e cotilédones avermelhados de sementes com coloração mais escuras (VILHORDO et al., 1996; FRAZÃO et al., 2010). A ausência ou presença de pigmentação nos cotilédones está relacionada com a cor da flor (VILHORDO; MÜLLER, 1981).

Com relação ao caractere cor de fundo da semente, as etnovariedades apresentaram maior predominância da cor branca (55,56%). O núcleo endospermico, após inúmeras divisões celulares e outras transformações, dá origem ao endosperma, o zigoto dá origem ao embrião, enquanto os integumentos do óvulo são os precursores dos tegumentos da semente (MARCOS FILHO, 2005). A presença ou ausência de pigmento no tegumento das sementes de *P. lunatus* é determinada em um único *locus*. Quando apenas o alelo recessivo (*c*) é presente, nenhum pigmento é produzido e o revestimento da semente é branco. Na presença do alelo dominante (*C*), o pigmento é formado, mas a cor particular do pigmento depende dos genes em vários outros *loci* (KANNENBERG; ALLARD, 1964). Os padrões de cores, as formas de sementes e as cores do tegumento dos feijões-de-lima variam amplamente, o que representa um grande incremento dos grãos estéticos entre os grãos utilizados para alimentação (SANTOS et al., 2010; SILVA et al., 2015a). Caracteres utilizados para explicar a diversidade de feijão-de-lima e ambas são as principais características consideradas pelos consumidores quando escolhem o produto no mercado (VARGAS et al., 2003).

A pigmentação não apresenta relação direta com a adaptação, no entanto, durante o desenvolvimento de uma linha isogênica em que a heterozigosidade foi mantida no locus básico da cor, as sementes brancas dentro desta linhagem tiveram emergência consideravelmente menor em condições de campo do que sementes coloridas. O revestimento de sementes brancas fornece menos proteção ao embrião do que o revestimento de sementes coloridas. Como a função da lignina é principalmente estrutural e protetora, isso sugere que o baixo teor de lignina das sementes brancas é a causa básica de sua alta suscetibilidade a lesões (KANNENBERG; ALLARD, 1964).

As etnovariedades apresentaram diversidade de cores tanto nas sementes quanto nas flores, com relação à cor das asas foi verificada predominância de flores brancas, rosa claro e rosa escuro a púrpura (Tabela). Em estudo com variedades de fava foi observado a existência de uma relação entre a pigmentação da quilha e a cor das asas ou do estandarte (FAZÃO et al., 2010). A maioria das etnovariedades não apresentou pigmentação no caule, dados que corroboram com estudo que avaliou dez variedades de fava e verificou apenas duas com pigmentação no caule (Siara e Cara-de-velha) (FRAZÃO et al., 2010).

A pigmentação que condiciona as cores roxas ou avermelhadas nas plantas, em folhas, flores, caule e frutos é chamada de antocianina. Essa pigmentação só foi verificada em apenas 11,11% dos etnovariedades, sendo ausente nas demais. As funções desempenhadas pelas antocianinas nas plantas são variadas: antioxidantes, proteção à ação da luz, mecanismo de defesa e função biológica. As cores vivas e intensas que elas produzem têm um papel importante

em vários mecanismos reprodutores das plantas, tais como a polinização e a dispersão (LOPES et al., 2007).

A cor verde é condicionada pela síntese de clorofila e a quantidade de clorofila indica eficiência fotossintética da planta, desde o crescimento à adaptabilidade aos diferentes ambientes. A intensidade de verde nas etnovariedades variou entre as tonalidades verde-escuro, considerada como a cor predominante entre as etnovariedades, seguida por verde intermediário e verde pálido. A intensidade de verde nas folhas apresenta correlação positiva com o teor de clorofila da planta (ZUFFO, 2012), deste modo, implica-se que as etnovariedades que apresentaram a cor verde escuro sintetizam um alto teor de clorofila.

A persistência das folhas durante o período de maturação das vagens apresentou as seguintes variações, poucas folhas persistiram, intermédio e todas as folhas persistiram. Implica-se que a persistência das folhas influencia na produtividade, pois a planta precisa das folhas para realizar a fotossíntese e a senescência interfere nesse processo, logo as etnovariedades que perdem suas folhas precocemente podem ter sua produtividade reduzida.

As etnovariedades apresentaram dois padrões de crescimento, indeterminado (88,89%) considerado como o mais utilizado pelos produtores e o determinado (11,11%). O hábito de crescimento determinado se caracteriza pelo desenvolvimento completo da gema terminal em uma inflorescência, enquanto o indeterminado se caracteriza pelo desenvolvimento da gema terminal em uma guia (SANTOS et al., 2002; SOUSA et al., 2015).

Durante a manutenção do experimento foi verificado a presença de alguns polinizadores, dentre eles, abelhas. A presença desses agentes polinizadores é um dos fatores que contribui para alteração das taxas de cruzamentos naturais (PENHA, 2014). Alguns padrões de abertura foram verificados nas asas das flores das etnovariedades, tais como, asas paralelas – fechadas, medianamente abertas e asas muito separadas. O cacho, estrutura que contém as flores estava posicionado nas plantas das seguintes formas, entre as folhagens, intermédia e emergindo das folhas. Implica-se que a posição do cacho e a abertura das asas facilitam o acesso de polinizados as flores.

A partir das flores ocorre a formação das vagens, nas quais pode ser verificada a deiscência, mecanismo de abertura natural de órgãos vegetais (vagens) para que a espécie venha sobreviver na natureza, na maioria das leguminosas silvestres é encontrado um elevado teor de fibras, e isso em virtude da deiscência (PEREIRA, 2017). Foi verificada maior predominância de etnovariedades deiscentes, isso implica que essas etnovariedades apresentam traços que pode as caracterizarem como selvagens.

Os padrões de cores, as formas de sementes e as cores do tegumento dos feijões-de-lima variam amplamente, o que representa um grande incremento dos grãos estéticos entre os grãos utilizados para alimentação (SANTOS et al., 2010; SILVA et al., 2015a). Caracteres utilizados para explicar a diversidade de feijão-de-lima e ambas são as principais características consideradas pelos consumidores quando escolhem o produto no mercado (VARGAS et al., 2003).

A partir dos dados obtidos no agrupamento utilizando os parâmetros morfoagronômicos quantitativos, foi possível verificar que as etnovariedades foram distribuídas em seis grupos distintos pelo método de otimização de Tocher. Os maiores valores para tamanho e peso de sementes e vagens reuniram as etnovariedades no grupo I, sendo classificadas como sieva e big lima. As etnovariedades que possuíam peso e tamanho intermediários (sieva e batata) formaram o grupo II. O grupo III foi formado pelas etnovariedades com crescimento determinado e que apresentaram os menores valores para o peso das sementes, sendo classificadas como batata. As etnovariedades (big lima) que formam os grupos IV e VI possuíam os maiores valores para tamanho da folha primária, folíolo e botão floral. O grupo V (sieva) também foi constituído por apenas uma etnovarietade, essa apresentou um dos maiores valores para o peso de cinquenta vagens. Acessos de *P. vulgaris* com folhas e vagens de tamanhos menores apresentam, invariavelmente sementes menores, enquanto os acessos com sementes grandes tiveram folhas largas e médias (RANA et al., 2015), como observada neste trabalho. Os caracteres tamanho e peso de sementes e vagens são importantes por indicarem a produtividade das plantas, assim como, tamanho das folhas, é uma característica que está diretamente relacionada com a eficiência fotossintética da planta, ambas são consideradas relevantes na avaliação de diversidade e para a seleção de genótipos em programas de melhoramento (ALMEIDA et al., 1998).

O agrupamento das etnovariedades pelo método UPGMA se apresentou similar ao método de Tocher quanto à formação de grupos entre as etnovariedades mais divergentes, resultado também observado em estudos com trigo (*T. aestivum*) (BERTAN et al., 2006; SILVA et al., 2007), no quais foram formados, respectivamente, cinco e quatro grupos e com fava (*P. lunatus*) verificando a formação de dois e três grupos (SOARES, 2018; SILVA, 2011b; SILVA et al., 2015a). As medidas de dissimilaridade genética, estimadas a partir da distância de Mahalanobis (Gráfico 2), apresentaram uma elevada magnitude, indicando a presença de ampla variabilidade genética entre as etnovariedades.

As etnovariedades LTM e RJM e LTM e STL apresentaram as combinações mais divergentes, sendo consideradas como as mais distantes entre si (Gráfico 2), o que é explicado

pelo fato destas diferirem em relação à maioria dos caracteres, sendo semelhantes apenas para os caracteres que não apresentaram variação ou variaram pouco, como o comprimento da folha primária e comprimento do hipocótilo. Além disso, essas etnovariedades mostraram caracteres desejáveis, observados como ausentes em grande parte das etnovariedades, tais como, peso da semente, tipo de crescimento, tamanho da semente e da vagem.

A menor distância foi verificada na combinação entre as etnovariedades LSINI e LTM (Gráfico 2). Consideradas como as etnovariedades mais similares, diferindo em quatro caracteres, em total de 20 caracteres quantitativos avaliados, sendo esses, comprimento e largura do folíolo, tamanho do botão floral e comprimento do hipocótilo, agrupando as etnovariedades na comparação de médias em apenas duas classes. Houve maior frequência de pares com maiores distâncias quando um dos componentes era a etnovariedade F1CGG, considerada como mais divergente no agrupamento, se distanciando no dendograma e agrupando-se individualmente. A formação destes grupos é importante na escolha de genitores, pois as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades e no potencial *per se* dos genitores, ou seja, aqueles que apresentam maior distância genética e ao mesmo tempo em que complementa alguma característica de um dos genitores. As etnovariedades reunidas em grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, podendo ser consideradas como promissoras em cruzamentos artificiais (SILVA, 2011a; SILVA et al., 2015a).

Com base na análise de componentes principais, foi verificado que os seis primeiros componentes, sendo eles, peso da vagem, largura da folha, duração da floração, comprimento da folha, comprimento desde a base do hipocótilo até à primeira folha completamente expandida e comprimento do cacho, explicaram 85,61% da variação total entre os genótipos (Tabela 9).

A variação total de caracteres morfoagronômicos em acessos de *P. vulgaris* provenientes de 58 países revelou que a maior contribuição foi verificada nos três primeiros componentes, sendo esses CP1 representado pelos caracteres comprimento e largura da vagem, comprimento e largura da semente e peso de cem sementes, CP2 reunindo os caracteres comprimento e largura foliar, número de vagens por planta e de folhas por vagem e CP3 com os caracteres dias para o florescimento e dias para a maturidade, explicaram 80,4% da variação total (RANA et al., 2015). Em germoplasma de quinoa (*Chenopodium quinoa*) a maior contribuição observada foi através dos quatro primeiros componentes que explicaram 70% variação (FUENTES; BHARGAVA, 2011) e em variedades e cultivares crioulas de *P. lunatus*,

os seis primeiros componentes contribuíram com 74% da variação total, informações que corroboram com os dados obtidos no trabalho.

As etnovariedades apresentaram através da análise de componentes a maior contribuição de caracteres relacionados à produtividade como tamanho da folha (comprimento e largura) e peso das vagens, alguns estudos corroboram a hipótese que a produtividade do feijão depende da área foliar, pelo fato de que são as folhas as principais responsáveis pela captação e transformação da energia luminosa em biomassa e conseqüentemente maior produtividade de matéria seca e grãos. Assim, julgam fundamental o estudo da área foliar e sua variação em espécies cultivadas (JONES, 1971). As características fenotípicas têm sido de grande importância durante a introdução de plantas cultivadas, porque características como a altura da planta, dias para a floração e maturidade, e rendimento de sementes têm sido critérios de seleção durante a domesticação. Portanto, uma visão geral baseada na associação entre características tem uma forte relação com a introdução da cultura (KARAKÖY et al, 2013).

Os caracteres que apresentaram a menor contribuição em ordem de menor importância para explicar a variação total, foram, respectivamente, NSV, TBF, NV50%, CV, TBF, NV90%, PS100, NNP, PV50, CF, LV, LF, LS, CS (JOLLIFFE, 1972), variáveis sugeridas para descarte. Resultado também observado em estudo com fava, no qual o componente número de dias para floração foi o que menos contribuiu (CARMO et al., 2011). As variáveis descartadas foram aquelas com maiores coeficientes, em valor absoluto, a partir do último componente principal, uma vez que variáveis altamente correlacionadas, aos componentes principais de menor variância representam variação praticamente insignificante. As variáveis descartadas apresentaram correlação linear simples significativa com as demais, ou seja, foram redundantes (PAIVA et al., 2010).

Os componentes CP1, CP2 e CP5 contribuíram positivamente em todas as etnovariedades, no entanto os componentes CP3 e CP6 contribuíram negativamente, e o componente CP4 apresentou contribuição parcial negativa e positiva, variando entre as etnovariedades. As variáveis CHPF, NNCP e NSV contribuíram negativamente e as demais variáveis contribuíram positivamente. As correlações de sinais iguais significam que as variáveis são relacionadas positivamente, e as com sinais opostos negativamente (HAIR et al., 2009), então, implica-se que a variável número de nós no caule principal antes do primeiro cacho possui efeito sobre a variável número de nós por cacho. Algumas variáveis como CS e LS, CFP e LFP, se mantem próximas, indicando alta correlação, como ambas apresentam o mesmo sinal, trata-se de uma correlação positiva, no caso das variáveis NNCP e NNP ocorre uma correlação negativa, pois são observados sinais opostos (Gráfico 3).

As etnovariedades RJM, STL e SSSJ se mantêm próximas, como verificado no agrupamento de Tocher e na distância de Mahalanobis, assim como, as etnovariedades LSINI e LTM, também se mantêm próximas. A partir da dispersão dessas quatro etnovariedades é possível verificar que ambas são inversamente proporcionais, apresentando efeitos diretos uma sobre a outra. Observa-se também que as etnovariedades F1CG e F2CGG, assim como nas outras análises se mantêm isoladas e distantes das demais.

A análise de componentes principais (PCA) é útil para avaliar o potencial valor genético do germoplasma através de características carregadas em vários componentes (KENENI et al. 2005). Usando a PCA, conseguimos quantificar o grau de divergência entre as populações para entender a tendência de seu padrão evolucionário e avaliar a contribuição relativa de diferentes componentes para a divergência total juntamente com a natureza das forças que operam no intra e inter-cluster (PAIVA et al., 2010).

Através do agrupamento com os caracteres quantitativos e qualitativos avaliados foi verificado que as etnovariedades LSINI e LTM se mantiveram como similares, observando-se a concordância com os agrupamentos individuais dos caracteres quantitativos e qualitativos. As etnovariedades com tipo de crescimento determinado, também se mantiveram como similares, e as etnovariedades F1CGG, F2CGG, CTL e VSJLQ se mantiveram como dissimilares no agrupamento conjunto (Gráfico 5).

A caracterização e avaliação dos acessos, a gera um grande número de dados de diferentes categorias (qualitativas e quantitativas) podendo ser fator que dificulta a análise e a interpretação dos resultados, muitas vezes resultando na incompleta distinção dos acessos (MELÃO et al., 2015). Assim, os valores das etnovariedades obtidas foram organizados dentro de um coeficiente que mediu a distância entre eles, utilizando a análise conjunta de maneira que forneça a análise das variáveis qualitativas e quantitativas, indicando, assim, a variabilidade existente. Estudos com espécies agrícolas de importância econômica (*Piper* spp., *Capsicum* spp. e *Ananas* spp.) utilizaram variáveis multicategóricas na avaliação da diversidade genética (SUDRÉ et al., 2006; MELÃO et al., 2015).

O agrupamento filogenético resultou na formação de dois grandes grupos, o primeiro grupo (GI) pertence as espécies *P. novoleonensis* e *P. pachyrrhizoides* e *P. leptostachyus*, considerado como *outgroup*, funcionando como um grupo referência. O segundo grupo (GII) pertence às seis espécies de *Phaseolus* e reúne três subgrupos. No subgrupo GII-1 espécies de *Phaseolus* e acessos andinos classificados e obtidos no Genbank foram agrupados. No subgrupo GII-2 acessos de *P. lunatus* classificados como mesoamericanos do grupo II e 40,7% das etnovariedades coletadas e sequenciadas foram agrupados. O subgrupo GII-3 também agrupou

acessos de *P. lunatus* classificados como mesoamericanos do grupo I e 59,3% das etnovariedades. Através dos agrupamentos observados na árvore filogenética, foi verificado que todas as etnovariedades apresentaram similaridade com os acessos do *pool* mesoamericano, sendo distribuídas nos subgrupos GII-2 e GII-3 (Figura 4).

Na análise filogenética que foi realizada conjuntamente com acessos disponíveis em banco de dados foi possível observar o agrupamento de variedades de acordo com *pool* genético (andino, mesoamericano I e II). As etnovariedades foram reunidas apenas no grupo de *pool* genético mesoamericano. Os grupos formados pelo método de Tocher e distância de Mahalanobis condizem com os observados na árvore filogenética. O grupo I (sementes e vagens maiores e maior peso de sementes e vagens) reuniu-se no subgrupo GII-2, *pool* mesoamericano II (Figura). As etnovariedade do grupo IV (maiores tamanhos para: folha primária, folíolo e botão floral), V (maiores tamanhos para: folha primária, folíolo e botão floral) e VI (maior peso de vagens) foram distribuídas no *pool* mesoamericano II. As etnovariedades do grupo II (sementes menores) foram reunidas no subgrupo GII-3, *pool* mesoamericano I. As etnovariedades do grupo III (sementes menores, crescimento determinado) foram distribuídas no subgrupo GII-3, *pool* mesoamericano I. As variedades reunidas em grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, podendo ser consideradas como promissoras em cruzamentos artificiais. Entretanto, além de dissimilares, é necessário que as variedades associem média elevada e variabilidade para os caracteres que estejam sendo melhorados (ABREU et al., 2004; SILVA, 2011b). Portanto, foi observada concordância entre o agrupamento com base nos dados filogenéticos e morfológicos.

Foi possível verificar através dos agrupamentos que algumas das etnovariedades coletadas no mesmo local não foram mantidas juntas, indicando que há mais variação dentro de um local que entre locais, causada pelo intercâmbio de materiais entre produtores ou aquisição em feira para plantio, como constatado nas entrevistas (SOARES, 2018).

A avaliação da reação ao *C. truncatum* começou por uma avaliação em campo, seguida pela avaliação *in vitro* e finalizando no ensaio *in vivo* em condições de casa de vegetação. Na avaliação de campo, considerando a avaliação dos sintomas em folhas a partir da escala de notas em condições naturais, sem inoculação de esporos, observou-se que as etnovariedades foram agrupadas em três classes, apresentando dez etnovariedades classificadas como moderadamente resistentes e as demais como moderadamente e altamente suscetíveis (Gráfico 6). A avaliação de vagem foi inconclusiva pois a maioria das etnovariedades produziram um número de vagens (100 vagens) insuficiente para análise.

No ensaio *in vitro*, a etnovarietade LSINI foi classificada como imune aos três dias de inoculação e moderadamente resistente aos cinco dias para o isolado ICT16, considerada como significativa para programas de melhoramento que visem à resistência genética. Além disso, a partir dos dados morfoagronômicos foi verificado que a etnovarietade LSINI apresentou sementes grandes e peso maior que 70g, sendo classificada como big lima. As demais etnovarietades apresentaram moderada a alta suscetibilidade na segunda avaliação. Em estudos utilizando a técnica de folha destacada, foi verificado que a maioria dos acessos de fava avaliados apresentou baixo nível de resistência à antracnose, apenas duas subamostras UFPI 251 e UFPI 673 foram altamente resistentes aos cinco e sete dias de inoculação (CAVALCANTE, 2012), duas subamostras (UFPI 641 e UFPI 644) como moderadamente resistentes e oito como altamente suscetíveis aos sete dias de inoculação (CARMO et al., 2015) e três acessos moderadamente resistentes (UFPI-237, UFPI-466 e UFPI-134), um altamente resistente (UFPI-503) e 53 altamente suscetíveis (SANTOS et al., 2015). Os resultados obtidos nesses estudos corroboram com os obtidos neste trabalho.

No ensaio *in vivo*, foi verificado o aparecimento de sintomas nas etnovarietades a partir do terceiro e quarto dia de inoculação dos isolados. Em estudo o aparecimento dos primeiros sintomas foi constatado após três dias de inoculação do patógeno, o tempo de aparecimento das lesões pode variar de 72 a 144 horas e até 14 dias de inoculação, em cultivar resistente, seguido pelo progresso da doença com abscisão foliar (CHONGO et al., 2001; CARVALHO et al., 2009). Esse curto espaço de tempo está relacionado ao comportamento hemibiotrófico do gênero *Colletotrichum*, resistência do hospedeiro e virulência do isolado (MÜNCH et al., 2008), o que justifica a avaliação do ensaio *in vivo* aos cinco e sete dias. Aos sete (DAI) foi observado que as etnovarietades PCGG e CTL se mantiveram com a reação de altamente resistentes para o isolado ICT12, assim como as etnovarietades RBA e RJV se mantiveram com a reação de altamente suscetíveis, não havendo evolução dos sintomas.

Os estudos avaliando as reações entre hospedeiro-patógeno em condições de campo, folha destacada e casa de vegetação, evidenciam a maior resistência dos hospedeiros em condições naturais de campo, sem inoculação de esporos (KAMIKOGA, 2002; CARMO et al., 2015; JULIATTI et al., 2014; GONÇALVES et al., 2009). Diferindo dos resultados obtidos, pois as únicas etnovarietades classificadas como imunes foram verificadas nas avaliações em condições de folha destacada e em planta em casa de vegetação. Em estudo de identificação de germoplasma de lentilha (*Lens spp.*) resistente a *C. truncatum*, verificou-se que os genótipos resistentes à antracnose no campo, comportaram-se como suscetíveis quando avaliados em condições controladas (BUCHWALDT et al. 2004). Os resultados obtidos podem ser

justificados de acordo com alguns autores, devido a fatores como, condições climáticas, temperatura, luminosidade, umidade, idade e estágio fisiológico das plantas, variabilidade genética, além de diferentes épocas de instalação dos experimentos, podem influenciar nas reações dos hospedeiros em condições de campo (SANTOS, 2015; JULIATTI et al., 2014; CAVALCANTE, 2012; CARVALHO, 2009; NECHET; HALFELD-VIEIRA, 2011).

A maior severidade dos isolados de *C. truncatum* no ensaio *in vitro* pode ser explicada pela qualidade ou ausência de luz. Causando uma redução da fotossíntese e enfraquecimento da parte da planta utilizada para inocular o patógeno (folhas destacadas). Na casa de vegetação, as plantas avaliadas foram submetidas à incidência da luz solar. Nessas condições, com a diminuição na umidade na superfície foliar, o desenvolvimento do patógeno e, conseqüentemente, o aparecimento da doença é reduzido (MANANDHAR et al., 1988).

A partir dos resultados obtidos *in vitro* e *in vivo* foi possível verificar que os isolados ICT12 e ICT16 apresentaram diferentes níveis de virulência, observando-se maior virulência do ICT12, em ambos os ensaios, pois as etnovariedades apresentaram maior suscetibilidade a esse isolado. Quanto à reação das folhas superiores e inferiores foi possível verificar, que em ambas as folhas, não ocorreram grandes variações quanto à reação das etnovariedades. No entanto, as folhas superiores apresentaram uma frequência maior de etnovariedades com reação de suscetibilidade. Em outro estudo avaliando a reação de acessos de fava quanto à idade fisiológica das folhas inoculadas com *C. truncatum*, verificou-se que todas responderam de modo semelhante, ou seja, folhas jovens reagiram à inoculação do mesmo modo que as folhas mais velhas (PERREIRA, 2014). Contudo, em antúrio, foi verificado que *C. gloeosporioides* provocou maiores lesões em espadas mais novas, do que em espadas maduras (BARGUIL et al., 2008).

Na associação da reação das etnovariedades ao patógeno com o agrupamento filogenético foi considerada a resposta aos dois isolados de *C. truncatum*. Na associação das reações de respostas aos hospedeiros com a formação dos grupos genéticos verificou-se, que apesar de observar todos os tipos de reações em ambos os grupos, há predominância da suscetibilidade nos dois grupos genéticos do *pool* MI e MII. Exemplificando, no subgrupo GII-2 (MII) temos as etnovariedades CECA02, CECA04 e CECA06 sendo essas moderadamente resistentes e altamente suscetíveis (Tabela 11). No subgrupo GII-3 (MI), as etnovariedades CECA01, CECA11, CECA16, CECA20 e CECA25 (relação com outro código tabela 1) exemplificam as reações de moderadamente resistente, moderadamente suscetível e altamente suscetíveis. Ressalta-se que para as reações individuais em cada isolado, verificou-se no subgrupo GII-2 as etnovariedades como altamente suscetíveis ao isolado ICT12 e

moderadamente e altamente resistentes (CECA10 e CECA13) ao ICT16. No subgrupo GII-3 ocorreu predominância de etnovariedades altamente suscetíveis para os dois isolados (ICT12 e ICT16), contudo, as etnovariedades CECA17, CECA25 e CECA26, foram classificadas como altamente resistentes ao isolado ICT12.

Outra associação foi explorada, no entanto foi considerada a resposta das etnovariedades a um microrganismo benéfico. A análise de nodulação evidenciou que dentre os caracteres massa fresca, massa seca, tamanho dos nódulos e quantidade de nódulos, utilizados para avaliar a eficiência de simbiótica espontânea das etnovariedades de fava, apenas o caractere quantidade de nódulos, agrupou as etnovariedades em duas classes e foi estatisticamente significativo. Os demais caracteres não apresentaram diferença estatística significativa (Gráfico 12). Avaliando a nodulação em *P. lunatus* com diferentes tipos de solos da Califórnia, um estudo verificou que o acesso do Brasil foi o que mais nodulou, ou seja, formou um maior número de nódulos no seu sistema radicular, para os outros caracteres como peso e tamanho, apenas acessos de outros países como Estados Unidos e Argentina possuíram valores médios mais significativos (ARAUJO et al., 2016). Diferenças na nodulação, observada entre acessos, podem representar diferenças genótípicas entre variedades de plantas e bactérias, assim como suas interações e condições ambientais (COSTA NETO, 2016). Os resultados foram inconclusivos, não possibilitando a correlação entre a eficiência simbiótica e resistência ao patógeno.

A partir das avaliações realizadas foi verificado que o cultivo da fava no estado de Alagoas é rustico e familiar, mantido por agricultores locais para a subsistência. A etnovariedade LSINI foi a que apresentou a melhor resposta de resistência *in vitro* ao isolado ICT16. A melhor resposta de resistência *in vivo* foi verificada na etnovariedade RJM. As etnovariedades foram agrupadas nos *pools* genéticos mesoamericanos MI e MII.

7 CONCLUSÃO

As variedades alagoanas representam a diversidade típica do *pool* genético mesoamericano distinguindo também na composição de prováveis alelos que regulam a resposta ao *C. truncatum*.

8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABREU, F.B.; LEAL, N.R.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; SILVA, D.J.H. **Divergência genética entre acessos de feijão-de-vagem de hábito de crescimento indeterminado**. Horticultura Brasileira, Brasília, v.22, n.3, p.547-552, 2004.
- ADAMS, M.W. **Plant architecture and yield breeding**. Iowa State Journal of Research, v.56, n.3, p.225-254, 1982.
- AGRIOS, G. N. **Plant Pathology**. San Diego: Academic Press, 2005. 922p.
- ALBUQUERQUE, U. P.; LUCENA, R. F. P.; CUNHA, L. V. F. C. (Org). **Métodos e técnicas na pesquisa etnobiológica e etnoecológica**. Recife, PE, NUPPEA, 2010, v. 1, Coleção estudos & avanços.
- ALFENAS, A. C.; FERREIRA, F. A. Inoculação de fungos fitopatogênicos. In: ALFENAS, A. C.; MAFIA, R. G. **Métodos em fitopatologia**. Ed. UFV: Viçosa, 2007. p.23-50.
- ALMEIDA, L. B. **Diversidade e identificação molecular de isolados de *Colletotrichum* associados ao gênero *Capsicum* no Amazonas**. Mestrado (Dissertação). Manaus: INPA, 2015.
- ALMEIDA, M. L.; MUNDSTOCK, C. M.; SANGOI, L. **Conceito de ideotipo e seu uso no aumento do rendimento potencial de cereais**. Ciência Rural, Santa Maria, v. 28, n. 2, p. 325-332, 1998.
- AMARO, G. B. **Seleção recorrente fenotípica no feijoeiro visando à resistência a *Phaeoisariopsis griseola***. Doutorado (Tese). Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras – MG, 2006, 90p.
- ANDRADE, E. M. G.; LACERDA, R. R. A.; SOUSA JUNIOR, J. R.; SILVA, H. S.; SOUSA, J. R. M.; FURTADO, G. F.; SILVA, S. S. **Diagnóstico do armazenamento de sementes em pequenas propriedades do município de Umari – CE**. Agropecuária Científica no Semi-Árido, v.8, n.4, p.29-36, 2012.
- ARAÚJO, A. S. F.; LOPES, A. C. A.; TERAN, J. C. B. M.; PALKOVIC, A.; GEPTS, P. **Nodulation ability in different genotypes of *Phaseolus lunatus* by rhizobia from California agricultural soils**. Symbiosis, 73:7–14, 2017.
- ASSUNÇÃO FILHO, J. R. **Caracterização de populações da variedade crioula Boca de moça de feijão-fava utilizando caracteres agromorfológicos e marcadores moleculares**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, 2012, 89p.
- AZEVEDO, J. N.; FRANCO, L. J. D. ARAÚJO, R. O. C. **Composição química de sete variedades de feijão-fava**. Teresina: Embrapa, 5.ed. abr. 2003, 76p.
- BARGUIL, B. M.; OLIVEIRA, S. M. A.; COÊLHO, R. S. B. **Reação de cultivares, efeito da quantidade de pontos e da época de inoculação e idade da espata no desenvolvimento da antracnose em antúrio**. Summa Phytopathol., Botucatu, v. 34, n. 2, p. 156-160, 2008.

BAUDET, J. C. **Origine et classification des especes cultivees du genre *Phaseolus***. Belg. J. Bot. 110:65–76, 1977.

BAUDOIN, JP. **Genetic diversity of lima bean in relation with phytogeography in the new world**. Annals of Arid Zone, 43(3;4): 355-376, 2004.

BELMINO, C. S. **Resistência do feijão-caupi a *Colletotrichum truncatum***. Doutorado (Tese), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2004, 64p.

BEDENDO, I. P. Manchas foliares. In: **Manual de Fitopatologia: princípios e conceitos**. BERGAMIN FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIM, L. (Eds). 3ª edição, Editora Agronômica Ceres, São Paulo, 1995, p.848-858.

BELLON, M. R.; BRUSH, S. B. **Keepers of maize in Chiapas, México**. Economic Botany 48(2), p.196-209, 1994.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG I.; SILVA, J. A. G.; SHIMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. **Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo**. Revista Brasileira de Agrociência, Pelotas, v. 12, n.3, p.279-286, 2006.

BESPALHOK, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. **Melhoramento para resistência a doenças**. Curitiba: UFPR, 2007. Disponível em: <<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/conteudo/4resistdoenc.htm>>. Acesso em: 24 mar. 2017.

BEZERRA, A. A. C.; NETO, F. A.; NEVES, A.C.; MAGGIONI, K. **Comportamento morfoagronômico de feijão-caupi, cv. BRS Guariba, sob diferentes densidades de plantas**. Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences, Revista Ciência Agrárias, v.55, n.3, p.184-189, 2012.

BONETT, L. P.; GONÇALVES-VIDIGAL, M. C.; SCHUELTER, A. R.; VIDIGAL FILHO, P. S.; GONELA, A.; LACANALLO, G. F. **Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil**. Semina: Ciências Agrárias, Londrina, v.27, n.4, p.547-560, 2006.

BRITO, L. C. R. **Comportamento de cultivares de feijão-caupi de porte semiprostrado em resposta à diferentes densidades de plantas**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2014.

BRITO, M. V. **Caracterização morfoagronômica e seleção de acessos de feijão-fava resistentes ao *Colletotrichum truncatum***. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2017, 65p.

BUCHWALDT, L.; ANDERSON, K. L.; MORRALL, R. A. A.; Gossen, B. D.; Bernier, C. C. **Identification of lentil germ plasm resistant to *Colletotrichum truncatum* and characterization of two pathogen races**. Phytopathology, St. Paul, v.94, n.3, p.236-243, 2004.

CABRAL, P. D. S. **Diversidade molecular e morfoagronômica de genótipos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) avaliados na região sul do Espírito Santo**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre – ES, 2010.

CABRAL, P. D. S.; SOARES, T. C. B.; LIMA, A. B. P.; ALVES, D. S.; NUNES, J. A. **Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos** Revista Ciência Agronômica, v.42, n.4, p. 898-905, 2011.

CARMO, M. D. S. **Variabilidade genética e reação ao *Colletotrichum truncatum* em feijão-fava de crescimento determinado**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2011, 130p.

CARMO, M. D. S.; CARVALHO, E. M. S.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A.; CAVALCANTE, G. R. **Avaliação de acessos de feijão-fava, para resistência a *Colletotrichum truncatum*, em condições de folhas destacadas e campo**. Summa Phytopathol., Botucatu, v. 41, n. 4, p. 292-297, 2015.

CARVALHO, E. M. S. **Antracnose em feijão-fava: caracterização do agente causal e reação de genótipos a *Colletotrichum truncatum***. Doutorado (Tese), Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal – SP, 2009, 53p.

CARVALHO, L. A. Utilização de software na construção do discurso social coletivo em pesquisa “qualiquantitativa” sobre formação de professoras. In: **29ª reunião anual da Associação Nacional de Pós-Graduação e Pesquisa em Educação**, Caxambu, MG, 2006.

CARVALHO, N. L. **Resistência genética induzida em plantas cultivadas**. Electronic Journal of Management, Education and Environmental Technology (REGET), v.7, n.7, p. 1379-1390, 2012.

CASTRO, A. P. **Agrodiversidade e cadeia produtiva do cará (*Dioscorea* spp.) na agricultura familiar: um estudo etnográfico no município de Caapiranga – AM**. Doutorado (Tese), Universidade Federal do Amazonas. Manaus – AM, 2011, 220p.

CAVALCANTE, G. R. S. **Reação de subamostras de feijão-fava à antracnose e seu controle com extrato de nim**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2011, 62p.

CAVALCANTE, G. R. S.; CARVALHO, E. M. S.; GOMES, R. L. F.; SANTOS, A. R. B. SANTOS, C. M. P. M. **Reação de subamostras de feijão-fava à antracnose**. Summa Phytopathologica, Botucatu, v.38, n.4, p. 329-333, 2012.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL S. A. M.; COLOMBO, C. A.; DIAS, L. A. S. ITO, M. F. **Genetic diversity of common bean accessions in the germplasm bank of the Instituto Agrônomo – IAC**. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v.5, n.1, p. 1-9, 2005.

CHONGO, G.; GOSSEN, B. D.; BERNIER, C. C. **Infection by *Colletotrichum truncatum* in resistant and susceptible lentil genotypes**. Canadian Journal Plant Pathology, Ottawa, v.24, n.1, p.81-85, 2001.

CLEVELAND, D. A.; SOLERI D.; SMITH, S. E. **Do folk crop varieties have a role in sustainable agriculture?** BioScience, v.44, n.11, 1994.

CNS. Conselho Nacional de Saúde. Resolução Nº 466. 2012. Seção 1, p. 59.

COELHO, C. M. M.; ZILIO, M.; SOUZA, C. A.; GUIDOLIN, A. F. MIQUELLUTI, D. J. **Características morfo-agronômicas de cultivares crioulas de feijão comum em dois anos de cultivo.** Semina: Ciências Agrárias, v.31, n.1, p.1177-1186, 2010.

COSTA, A. M.; SPEHAR, C. R.; SERENO, J. R. B. **Conservação de recursos genéticos no Brasil.** Brasília, DF: Embrapa, 2012, 628p.

COSTA, I. F. D.; BALARDIN, R. S.; MEDEIROS, L. A.; BAYER, T. M. **Resistência de seis cultivares de soja ao *Colletotrichum truncatum* (Schwein) em dois estádios fenológicos.** Ciência Rural, v. 36, n. 6, 2006.

COSTA NETO, V. P. **Nodulação e fixação biológica de nitrogênio em feijão-fava inoculado com rizóbios isolados de solos da microrregião do Médio Parnaíba Piauiense.** Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2016, 59p.

COSTA, F. M. **Diversidade genética e distribuição geográfica: uma abordagem para a conservação *on farm* e *ex situ* e o uso sustentável dos recursos genéticos de milho do Oeste de Santa Catarina.** Mestrado (Dissertação), Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis – SC, 2013, 212p.

COSTA, I. F. D.; BALARDIN, R. S.; MEDEIROS, L. A. M.; LENZ, G.; GULART, C. A.; ZEMOLIN, C. R.; SILVA, T. M. B. **Reação de germoplasma comercial de soja a *Colletotrichum truncatum*.** Tropical Plant Pathology, v.34, 1, 047-050, 2009.

CRONQUIST, A. **Devolution and classification of flowering plants.** New York, New York Botanical Garden, p. 555, 1988.

CRUZ, C. D. **Genes - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics.** Acta Scientiarum Agronomy, Maringá, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa, UFV, 2001, 390p.

CURY, R. **Dinâmica evolutiva e caracterização de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz), na agricultura autóctone do Sul do Estado de São Paulo.** Dissertação (Mestrado), Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba – SP, 1993. 103p.

DAMM, U.; WOUDEMBER, J. H. C.; CANNON, P. F.; CROUS, P. W. ***Colletotrichum* species with curved conidia from herbaceous host.** Fungal diversity, v. 39, p. 45-87, 2009.

DENARDI, S.; GRIGOLO, S.; STEINHAUSER, N. S.; SARTORI, L.; FIOREZE, A. C. L. C. Divergência genética entre acessos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) In: **Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. Goiânia – GO, 2015.

DEREEPER, A.; GUIGNON, V.; BLANC, G.; AUDIC, S.; BUFFET, S.; CHEVENET, F.; DUFAYARD, J. F.; GUINDON, S.; LEFORT, V.; LESCOT, M.; CLAVERIE, J. M.; GASCUEL, O. **Phylogeny.fr: robust phylogenetic analysis for the non-specialist**. Nucleic Acids Research, 36: 465-469, 2008.

DE-ZHU LI.; PRITCHARD, H.W. **The science and economics of *ex situ* plant conservation**. Trends in Plant Science, v.14, n.11, 2009.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. **Isolation of plant DNA from fresh tissue**. Focus, v. 12, p. 13-15, 1987.

EHLERS, J. D.; HALL, A. E. **Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.)**. Field Crops Research, p.187-204, 1997.

ERICKSON, H. T. **Lima bean legacy**. Horticulture Sci. 17:702, 1982.

FARALDO, M. I. F.; SILVA, R. M.; ANDO, A.; MARTINS, P. S. **Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca em regiões geográficas do Brasil**. Scientia Agricola, v.57, n.3, p.499-505, 2000.

FEIJÓ, F. M.; SILVA, W. C.; ASSUNÇÃO, I. P.; MARTINS, R. B.; MICHEREFF, S. J.; LIMA, G. S. A. **Análise de escala diagramática para avaliação da severidade da antracnose das vagens de feijão-fava**. Ciência Agrícola, Rio Largo, v.15, n.1, p.43-51, 2017.

FERREIRA JUNIOR, O. **GPS TrackMaker® version 13.9**. Belo Horizonte – MG, 1998-2018.

FERREIRA, D. F. (1998) Sisvar—Sistema de análise de variância para dados balanceados. Lavras.

FERREIRA, M. E. GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética**. 2. ed. Brasília, DF, EMBRAPA-CENARGEN, 1998, 220p.

FRAZÃO, J. E. M.; SANTOS, D.; OLIVEIRA, F. P.; PEREIRA, W. E.; MORAIS, J. F. **Morfologia e fenologia de dez variedades de fava nas fases vegetativa e de inflorescência**. Agropecuária Técnica, v.31, n.1, Areia – PB, 2010.

FREITAS, F. O. **Evidências genético-arqueológicas sobre a origem do feijão comum no Brasil**. Pesquisa agropecuária brasileira, Brasília, v.41, n.7, p.1199-1203, 2006.

FUENTES, F.; BHARGAVA, A. **Morphological Analysis of Quinoa Germplasm Grown Under Lowland Desert Conditions**. Journal Agronomy ; Crop Science, 197 (2011) 124–134.

GANGA, R. M. D.; RUGGIERO, C.; MACEDO, E. G. L.; GRILI, G. V. G.; GONÇALVES, M. M.; CHAGAS, E. A.; WICKERT, E. **Diversidade genética em maracujazeiro-amarelo**

utilizando marcadores moleculares AFLP. Revista Brasileira de Fruticultura, v.26, n.3, p.494–498, 2004.

GUEDES, G. N.; SOUZA, A. S.; LIMA, A. S.; ALVES, L. S. **Eficiência agrônômica de inoculantes em feijão-caupi no município de Pombal-PB.** Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável, v. 5, n. 4, p. 82-89, 2010.

GIUDICELLI, G. C. **Avaliação do marcador nuclear ITS para estudos evolutivos de espécies do gênero *Passiflora* L. (Passifloraceae).** Mestrado (Dissertação). Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre, 2015, 81p.

GNAN, S.; PRIEST, A.; KOVER, P. X. **The genetic basis of natural variation in seed size and seed number and their trade-off using *Arabidopsis thaliana* MAGIC Lines.** Genetics, v.198, p.1751-1758, 2014.

GONÇALVES DL et al. 2014. **Divergência genética de acessos tradicionais de feijoeiros através de características das sementes.** Bioscience Journal 30: 1671-1681.

GONÇALVES, E. C. P.; CENTURION, M. A. P. C.; DI MAURO, A. O. **Avaliação da reação de genótipos de soja ao oídio em diferentes condições.** Summa Phytopathol., Botucatu, v. 35, n. 2, p. 151-153, 2009.

GRIGOLO, S.; FIOREZE, A. C. C.; DENARDI, L. S.; VACARI, J. **Implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum.** Revista de Ciências Agroveterinárias, Santa Catarina, 17(3): 2018.

GUIMARÃES, C. T.; MAGALHÃES, J. V.; LANZA, M. A.; SCHUSLER, I. **Marcadores moleculares e suas aplicações no melhoramento genético.** Informe Agropecuário, Belo Horizonte, v.30, n.253, p.86–95, 2009.

GUIMARÃES, W. N.; MARTINS, L. S. S.; SILVA, E. F.; FERRAZ, G. M. G.; OLIVEIRA, F. J. **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.

HAIR JR., J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise multivariada de dados.** 6.ed. Porto Alegre, Bookman, 2009. 688p.

HALL, T. A. **Bioedit:** a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. Nucleic Acids Symposium Series, n. 41, p.95-98, 1999.

HAMMER, Ø. **PAleontological STatistics – Past version 3.22.** Natural History Museum, University of Oslo, 2018.

HENNING, A. A.; ALMEIDA, A. M. R.; GODOY, C. V.; SEIXAS, C. D. S.; YORINORI, J. T.; COSTAMILAN, L. M.; FERREIRA, L. P.; MEYER, M. C.; SOARES, R. M.; DIAS, W. P. **Manual de identificação de doenças de soja.** Londrina: Embrapa Soja, 5.ed, 2014, 76p.

HIOLANDA, R.; MACHADO, D. H.; CANDIDO, W. J.; FARIA, L. C.; DALCHIAVON, F. C. **Desempenho de genótipos de feijão carioca no Cerrado Central do Brasil**. Revista de Ciências Agrárias, 41(3): 815-824, 2018.

HUNGRIA, M.; BOHRER, T.R.J. **Variability of nodulation and dinitrogen fixation capacity among soybean cultivars**. Biol. Fertil Soils, 31:45–52, 2000.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE. 2013. Produção Agrícola Municipal. Disponível em: <[ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Agricola/Producao_Agricola_Municipal_\[anual\]/2013/pam2013.pdf](ftp://ftp.ibge.gov.br/Producao_Agricola/Producao_Agricola_Municipal_[anual]/2013/pam2013.pdf)>. Acesso em: 24 mar. 2017.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE. 2013. Produção Agrícola Municipal (2016). Disponível em: <https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/66/pam_2016_v43_br.pdf>. Acesso em: 24 mar. 2017.

Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística - IBGE. 2014. Disponível em: <<http://www.cidades.ibge.gov.br/comparamun/compara.php?lang=&coduf=27;idtema=149;codv=v68;search=alagoas|maceio|sintese-das-informacoes-2014>>. Acesso em: 24 mar. 2017.

International Plant Genetic Resources – IPGRI. **Descritores para *Phaseolus lunatus* (Feijão-espadinho)**. Institute, Rome. ISBN 92-9043-504-6, 2001.

JOLLIFFE, I. T. **Discarding Variables in a Principal Component Analysis. I: Artificial Data Source**: Journal of the Royal Statistical Society. Series C (Applied Statistics), v. 21, n. 2, p.160-173, 1972.

JONES, L. H. **Adaptive responses to temperature in dwarf french beans, *Phaseolus vulgaris* L.** Annals of Botany, 35, p.581-96, 1971.

JULIATTI, F. C.; SAGATA, E.; JACCOUD FILHO, D. S.; JULIATTI, B. C. M. **Métodos de inoculação e avaliação da resistência de genótipos de soja à *Sclerotinia sclerotiorum***. Biosci. J., Uberlândia, v.30, n.4, p.958-968, 2014.

KAMIKOGA, A. T. M. **Método da folha destacada para avaliar resistência da soja ao oídio**. Scientia Agraria, v. 3, n. 1-2, 2002, p.124.

KANNENBERG, L. W.; ALLARD, R. W. **An association between pigment and lignin formation in the seed coat of the lima bean**. Crop Science, 1964.

KARAKÖY, T.; BALOCH, F. S.; TOKLU, F.; ÖZKAN, H. **Variation for selected morphological and quality-related traits among 178 faba bean landraces collected from Turkey**. Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization (2014) 12(1); p.5-13.

LEE, S. B.; TAYLOR, J. W. **Phylogeny of five fungus-like protist Phytophthora species, inferred from the internal transcribed spacers of ribosomal DNA**. Molecular Biology and Evolution, v.9, n.4, p.636–653, 1992.

LEFEVRE, F.; LEFEVRE, A. M. C. O Discurso do Sujeito Coletivo. **Um Enfoque em Pesquisa Qualitativa**. 1. ed. Caxias do Sul: Educs, 2003.

LEFEVRE, F.; LEFEVRE, A. M. C. **Pesquisa de representação social – um enfoque qualitativo**. 1a ed. Brasília: Liber livro Editora, 2010.

LEONEL, M. **O uso do fogo: o manejo indígena e a piromania da monocultura**. Estudos Avançados, São Paulo, v.14, p.231-250, 2000.

LIMA, A. R. S.; CORREA, A. M. **Avaliação do ciclo de florescimento e maturação em genótipos de feijão comum cultivados em Aquidauana, MS**. Anais do ENIC, 2012.

LIMA, J. F. **Caracterização morfo-cultural e molecular de isolados de *Colletotrichum* agente causal da antracnose do feijão-fava no estado de Alagoas**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo –AL, 2013, 52p.

LOARCE, Y.; GALLEGU, R.; FERRER, E. **A comparative analysis of the genetic relationship between rye cultivars using RFLP and RAPD markers**. *Euphytica*, Wageningen, v.88, p.107-115, 1996.

LOPES, M. S.; EL-BASYONI, I.; BAENZIGER, P. S.; SINGH, S.; ROYO, C.; OZBEK, K.; AKTAS, H.; OZER, E.; OZDEMIR, F.; MANICKAVELU, A.; BAN, T.; VIKRAM, P. **Exploiting genetic diversity from landraces in wheat breeding for adaptation to climate change**. *Journal of Experimental Botany*, v.66, n.12 p. 3477-3486, 2015.

LOPES, N. S.; SILVA, F.E.; COSTA, M. N. F.; RODRIGUES, W. A. D.; CAMARA, F. T. **Produtividade de fava e milho em função do sistema de consórcio em regime de sequeiro na região do Cariri-CE**. *Agrarian Academy*, 2017.

LOPES, T. J.; XAVIER, M. F.; QUADRI, M. G. N.; QUADRI, M. B. **Antocianinas: uma breve revisão das características estruturais e da estabilidade**. *Revista Brasileira de Agrociência*, Pelotas, v.13, n.3, p. 291-297, 2007.

LOUETTE, D.; CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. **In situ conservation of maize in México: genetic diversity and maize seed management in a traditional community**. *Economic Botany* 51(1) p.20-38, 1997.

LOVATO, F.; KOWALESKI, J.; SILVA, S. Z.; HELDT, L. F. S. **Composição centesimal e conteúdo mineral de diferentes cultivares de feijão biorfortificado (*Phaseolus vulgaris* L.)**. *Brazilian Journal Food Technology*, Campinas, v.21, 2018.

MACHADO, A.T.; SANTILLI, J.; MAGALHAES, R. A Agrobiodiversidade com enfoque agroecológico: implicações conceituais e jurídicas. In: **EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA**. Brasília, DF: EMBRAPA, 2008a.

MACHADO, C. F.; TEIXEIRA, N. J. P.; FREIRE FILHO, F. R.; ROCHA, M. M.; GOMES, R. L. F. **Identificação de genótipos de feijão-caupi quanto à precocidade, arquitetura da planta e produtividade de grãos**. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v.39, n.01, p.114-123, 2008b.

MANANDHAR, J. B.; KUNWAR, I. K.; SINGH, T.; HARTMAN, G. L.; SINCLAIR, J. B. **Penetration and infection of soybean leaf tissues by *Colletotrichum truncatum* and *Glomerella glycines***. *Phytopathology*, v.75, p.704-708, 1985.

MANANDHAR, J. B.; HARTMAN, G. L.; SINCLAIR, J. B. **Soybean germplasm evaluation for resistance to *Colletotrichum truncatum***. *Plant Disease*, St. Paul, v.72, n.1, p.56-59, 1988.

MARCOS FILHO, J. **Fisiologia de sementes de plantas cultivadas**. Piracicaba: Fealq. 2005. 495p.

MARTINEZ-CASTILLO, J.; ZIZUMBO-VILLARREAL, D.; PERALES-RIVERA, H.; COLUNGA-GARCÍAMARIN, PATRICIA. **Intraspecific diversity and morpho-phenological variation in *Phaseolus lunatus* L. from the Yucatan Peninsula, México**. *Economic Botany* 58(3) p.354-380, 2004.

MARTINS, E. S. **Controle genético do número de flores e do vingamento floral em feijão**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal de Lavras, Lavras – MG, 2017, 56p.

MARTINS, I.; PEIXOTO, J. R.; JUNQUEIRA, N. V. T.; MELLO, S. C. M. **Reação de genótipos de maracujazeiro-amarelo ao *Colletotrichum gloeosporioides***. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal – SP, v.30, n.3, p.639-643, 2008.

MARTINS, P. S. **Biodiversity and agriculture: patterns of domestication of brazilian native plants species**. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, v.66, p.219-226, 1994.

MATIELLO, R. R.; BARBIERI, R. L.; CARVALHO, F. I. F. DE. **Resistência das plantas a moléstias fúngicas**. *Ciência Rural*. Santa Maria. v.27, n.1, p.161-168, 1997.

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A. **Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta**. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.39, n.2, p.348-354, 2009.

MELÃO, A. V.; PEREIRA, M. G.; KRAUSE, W.; GONÇALVES, L. S. A.; MOREIRA, W. G. **Caracterização agrônômica e divergência genética entre acessos de abacaxizeiro nas condições do estado de Mato Grosso**. *Revista Brasileira de Fruticultura*, Jaboticabal – SP, v.37, n.4, p.952-960, 2015.

MELO, L. F. **Divergência genética em subamostras de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) por meio de marcadores agromorfológicos e microssatélites**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2011.

MENDES, B. M. J.; BERGAMIN FILHO, A. **Adaptação da técnica da cultura de folha destacada para a quantificação dos parâmetros epidemiológicos monocíclicos da ferrugem do feijoeiro (*Uromyces phaseoli* var. *typica*)**. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, v.11, p.103-114, 1986.

MENEZES, M. **Aspectos biológicos e taxonômicos de espécies do gênero *Colletotrichum***. *Anais da Academia Pernambucana de Ciência Agrônômica*, v.3, p. 170–179, 2006.

MOTTA-ALDANA, J. R.; SERRANO-SERRANO, M. L.; HERNÁNDEZ-TORRES, J.; CASTILLO-VILLAMIZAR, G.; DEBOUCK, D. G.; CHACÓN SÁNCHEZ, M. I. **Multiple origins of Lima Bean landraces in the Americas: Evidence from Chloroplast and Nuclear DNA Polymorphisms.** *Crop Science*, v. 50, 2010.

MOTTO, M.; SORESSI, G.P.; SALAMINI, F. **Seed size inheritance in a cross between wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris* L.).** *Genetica*, v.49, 1: p31-36, 1978.

MÜHLEN, G. S.; MARTINS, P. S.; ANDO, A. **Variabilidade genética de etnovarietades de mandioca, avaliada por marcadores de DNA.** *Scientia Agricola*, v.57, n.2, p.319-328, 2000.

MÜNCH, S.; LINGNER, ULRIKE.; FLOSS, D. S.; LUDWIG, N.; SAUER, N.; DEISING, H. B. **The hemibiotrophic lifestyle of *Colletotrichum* species.** *Journal Plant Physiology*, 165(1):41-51. Epub, 2008.

MUNDT, C. C. **Durable resistance: a key to sustainable management of pathogens and pests.** *Infect Genet Evol.* 27:446-55, 2014.

MUNSELL. **Munsell Color Chart for Plant Tissues.** 1952.

NASCIMENTO, A. D.; FEIJÓI, F. M.; ALBUQUERQUE, A. W.; ASSUNÇÃO, I. P.; LIMA, G. S. A.; REIS, L. S. **Severidade da antracnose do feijão-fava afetada por doses de cálcio e fontes de silício.** *Ciência Agrícola*, Rio Largo, v. 15, n. 2, p. 61-68, 2017.

NECHET, K.L.; HALFELD-VIEIRA, B. A. **Efeito do inóculo, período de molhamento foliar e do estágio fenológico do feijão-caupi no desenvolvimento da mela.** *Tropical Plant Pathology*, Brasília, DF, v.36, n.2, p.104-109, 2011.

NEVO, E. **Genetic diversity in wild cereals: regional and local studies and their bearing on conservation *ex situ* and *in situ*.** *Genetic Resources and Crop Evolution*, 45: 355-370, 1998.

NICOLI, A.; ZAMBOLIM, L.; COSTA, R. V. da.; GUIMARÃES, L. J. M.; LANZA, F. E.; SILVA, D. D. da.; COTA, L. V. **Identification of sources of resistance to anthracnose stalk rot in maize.** *Ciência Rural*, Santa Maria, v.46, n.11, p.1885-1890, 2016.

NIENHUIS, J.; SINGH, S. P. **Genetics of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of Middle-American origin.** *Plant Breeding*, p.155-163, 1988.

OGLIARI, J. B.; CANCI, A.; KIST, V. **Manejo e uso participativo de variedade crioula de milho como estratégia de conservação: experiência do Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade no Oeste de Santa Catarina.** *Cadernos de Agroecologia*, v.8, n.2, 2013.

OLIVEIRA, A.P.; ALVES, E.U.; ALVES, A.U.; DORNELAS, C.S.M.; SILVA, J.A.; PÔRTO, M.L.; ALVES, A.V. **Produção de feijão-fava em função do uso de doses de fósforo em um Neossolo Regolítico.** *Horticultura Brasileira*, Brasília, v. 22, n. 3, p. 543-546, 2004.

- OLIVEIRA, F. N.; BARROS, S. T.; PEREIRA, C. B. **Caracterização botânica e agrônômica de acessos de feijão-fava, em Mossoró, RN.** Revista Caatinga, v.24, n.1, p.143-148, 2011.
- PAIVA, A. L. C.; TEIXEIRA, R. B.; YAMAKI, M.; MENEZES, G. R. O.; LEITE, C. D. S.; TORRES, R. A. **Análise de componentes principais em características de produção de aves de postura.** Revista Brasileira de Zootecnia, v.39, n.2, p.285-288, 2010.
- PARESQUI, L.; TEIXEIRA CABRAL, T. A.; ZAMBOLIM, L.; SAKIYAMA, N. S.; PEREIRA, A. A. **Caracterização de resistência vertical e horizontal a *Hemileia vastatrix* BERK. et Br. em progênies de híbrido de Timor CIFC 2570 e CIFC 1343-136.** Simpósio de Pesquisa Cafés do Brasil, v.1, 2000.
- PASTORE, R. L. **Variedades “crioulas” de figueira (*Ficus carica* L.): Etnoconhecimento e manejo da ferrugem (*Cerotelium fici* Cast.).** Mestrado (Dissertação), Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages – SC, 2013, 115p.
- PEGADO, C. M. A.; BARBOSA, L. J. N.; MENDES, J. E. M. F.; SOUTO, P. C.; SOUTO, J. S. **Decomposição superficial e subsuperficial de folhas de fava (*Phaseolus lunatus* L.) na região do brejo da Paraíba, Brasil.** Revista Caatinga, v.21, n.1, p. 218-223, 2008.
- PENHA, J. S. **Determinação da taxa de fecundação cruzada natural e diversidade genética em feijão-fava por marcadores microssatélites.** Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2014.
- PEREIRA, D. R. **Fatores que influenciam o desenvolvimento da antracnose do feijão-fava.** Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2014, 51p.
- PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B. **Linhagens de feijoeiro com resistência à antracnose selecionadas quanto a características agrônômicas desejáveis.** Pesquisa agropecuária brasileira, Brasília, v.39, n.3, p.209-215, 2004.
- PEREIRA, V. C.; LÓPEZ, P. A.; DAL SOGLIO, F. K. **A conservação das variedades crioulas para a soberania alimentar de agricultores: análise preliminar de contextos e casos no Brasil e no México.** HOLOS, Ano 33, v.4, p.37-55, 2017.
- PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M. ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. **Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos.** Pesquisa agropecuária brasileira, Brasília, v.49, n.11, p.882-890, 2014.
- PIXLR EDITOR. **Online Photo Editor.** Disponível em: <<https://pixlr.com/editor/>>. Acesso em: 22 nov. 2018.
- PLUCKNETT, D. L.; SMITH, N. H. J.; WILLIAMS, J. T.; ANISHETTY, N. M. **Gene Banks and the World’s Food.** Princeton: Princeton University Press, 1987, 480p.
- PRESCOTT-ALLEN, R.; PRESCOTT-ALLEN, C. **How Many Plants Feed the World?** Conservation Biology, 4(4), 365–374, 1990.

RADUSHEV, D. **GraphPad Prism Software**. San Diego, 1992-2016.

RAHMANI, H. A.; RÄSÄNEN, L. A.; AFSHARIA, M.; LINDSTRÖM, K. **Genetic diversity and symbiotic effectiveness of rhizobia isolated from root nodules of *Phaseolus vulgaris* L. grown in soils of Iran**. Applied Soil Ecology, v. 48, p. 287-293, 2011.

RANA, J. C.; SHARMA, T. R.; TYAGI, R. K.; CHAHOTA, R. K.; GAUTAM, N. K.; SINGH, M.; SHARMA, P. N.; OJHA, S. N. **Characterisation of 4274 accessions of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm conserved in the Indian gene bank for phenological, morphological and agricultural traits**. Euphytica, 2015, v.205, n. 2, p.441-457, 2015.

RAO, R. C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1952. 390p.

RIBEIRO, N. D.; HOFFMANN JUNIOR, L.; POSSEBON, S. B. **Variabilidade genética para ciclo em feijão dos grupos preto e carioca**. Revista Brasileira Agrociência, v.10, p.19-29, 2004.

RODRIGUES, L. S.; ANTUNES, I. F.; TEIXEIRA, M. G.; SILVA, J. B. **Divergência genética entre cultivares locais e cultivares melhoradas de feijão**. Pesquisa agropecuária brasileira, Brasília, v.37, n.9, p.1275-1284, 2002.

ROHLF, F. J. (1990). **Morphometrics**. Annual Review of Ecology and Systematics, 21(1), 299–316.

ROTILI, E. A.; CANCELLIER, L. L.; DOTTO, M. A.; CARVALHO, E. V.; PELUZIO, J. M. **Divergência genética em genótipos de milho, no Estado do Tocantins**. Revista Ciência Agronômica, v.43, n.3, p.516-521, 2012.

SANGER, F.; COULSON, A. R. **A rapid method for determining sequences in DNA by primed synthesis with DNA polymerase**. Journal of Molecular Biology 94(3):441-8. 1975.

SANTOS, A. R. B.; SIMEÃO, M.; BARROS, P. S.; CAVALCANTE, G. R. S.; CARVALHO, E. M. S. **Seleção de subamostras de feijão-fava para resistência à antracnose**. Brazilian Journal of Biosystems Engineering, v. 9(3), p. 268-278, 2015.

SANTOS, D.; CORLETT, F. M. F.; MENDES, J. E. M. F.; WANDERLEY JÚNIOR, J. S. A. **Produtividade e morfologia de vagens e sementes de variedades de fava no estado da Paraíba**. Pesquisa agropecuária brasileira, Brasília, v.37, n.10, p. 1407-1412, 2002.

SANTOS, J. A. S.; TEODORO, P. E.; CORREA, A. M.; SOARES, C. M. G.; RIBEIRO, L. P.; ABREU, H. K. A. **Desempenho agrônomico e divergência genética entre genótipos de feijão-caupi cultivados no ecótono Cerrado/Pantanal**. Bragantia v.73, n.4, Campinas, 2014.

SANTOS, J. O. **Divergência genética em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.)**. Mestrado (Dissertação), Teresina – PI, 2008, 97p.

SANTOS, J. O.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. de A.; SILVA, S. C. C. C. ; BASTOS, E. M.; COSTA, E. M. R.; SILVA, K. J. D. **Genetic divergence for physical and chemical characters of seeds in lima bean (*Phaseolus lunatus*).** Annual Report of the Bean Improvement Cooperative, Michigan, v.53, p.178-179, 2010.

SCOTT, A.; KNOTT, M. **Cluster-analysis method for grouping means in analysis of variance.** Biometrics, Washington D.C., v.30, n.3, p.507-512, 1974.

SERRA, I. M. R. S.; COELHO, R. S. B.; FERRAZ, G. M. G.; MONTARROYOS, A. V. V.; SILVA, D. S. **Diversidade fenotípica e patogênica de *Colletotrichum*, agente causal da antracnose em mangueira, e identificação de espécie.** Summa Phytopathologica, Botucatu, v.37, n.1, p.42-51, 2011.

SERRANO-SERRANO, M. L.; HERNÁNDEZ-TORRES, J.; CASTILLO-VILLAMIZAR, G.; DEBOUCK, D. G.; CHACÓN SÁNCHEZ, M. I. **Gene pools in wild Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: Evidences for an Andean origin and past migrations.** Molecular Phylogenetics and Evolution 54, p.76-87, 2010.

SIERRA HAYER, J. F. **Variabilidade genética de *Colletotrichum gloeosporioides* e *Colletotrichum acutatum* em seringueira (*Hevea brasiliensis*) no Brasil.** Doutorado (Tese). Botucatu, 2014, 55p.

SILVA, J. A. G.; CARVALHO, F. I. F.; HARTWIGI, I.; CAETANO, V. R.; BERTAN, I.; MAIA, L. C.; SCHIMIDT, D. A. M.; FINATTO, T.; VALÉRIO, I. P. **Distância morfológica entre genótipos de trigo com ausência e presença do caráter “stay-green”.** Ciência Rural, v.37, n.5, 2007.

SILVA, K. C. L.; SILVA, K. P.; CARVALHO, E. V.; ROTILI, E. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M. **Divergência genética de genótipos de milho com e sem adubação nitrogenada em cobertura.** Revista Agro@mbiente On-line, v.9, n.2, p.102-110, 2015b.

SILVA, R. N. O. **Diversidade genética em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) por marcadores morfoagronômicos e moleculares.** Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2011b.

SILVA, R. N. O.; BURLE, M. L.; PÁDUA, J. G. LOPES, A. C. A.; GOMES, R. L. F. MARTÍNEZ-CASTILLO, J. **Phenotypic diversity in lima bean landraces cultivated in Brazil, using the Ward-MLM strategy.** Chilean Journal of Agricultural Research 77(1), 2017.

SILVA, V. B. **Caracterização morfoagronômica e citogenética de raças locais de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.).** Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PE, 2011a.

SILVA, V. B.; GOMES, R. L. F.; LOPES, A. C. A.; DIAS, C. T. S.; SILVA, R. N. O. **Diversidade genética e indicação de cruzamentos promissores entre acessos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus*).** Semina: Ciências Agrárias, Londrina, v. 36, n. 2, p. 683-692, 2015a.

SINGH, D. **The relative importance of characters affecting genetic divergence.** The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding, v.41, p.237-245, 1981.

SINGH, S. P. **Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review.** Crop Science, Madison, v.41, n.6, p.1659-1675, 2001.

SINGH, S. P.; NODARI, R.; GEPTS, P. **Genetic diversity in cultivated common bean-II: marker based analysis of morphological and agronomic traits.** Crop Science, Madison, V.31, p. 23-29, 1991.

SIQUEIRA, M. V. B. M. **Caracterização da diversidade genética de inhame (*Dioscorea alata*) utilizando marcadores microssatélites.** Doutorado (Tese), Escola Superior de Agricultura “Luis de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba – SP, 2011, 165p.

SOARES, L. A. C. **Conservação *on farm* e avaliação agrônômica de variedades crioulas de feijão-fava.** Mestrado (Dissertação), Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI, 2018, 88p.

SOARES, V. F. **Conhecimento popular sobre plantas medicinais utilizadas por especialistas locais da zona rural do município de Junqueiro – AL.** Graduação (Monografia), Universidade Estadual de Alagoas, Arapiraca – AL, 2017, 82p.

SOLINO, A. J. S.; NETO, S. E. A.; SILVA, A. N.; RIBEIRO, A. M. A. S. **Severidade da antracnose e qualidade dos frutos de maracujá-amarelo tratados com produtos naturais em pós-colheita.** Revista Brasileira de Fruticultura, Jaboticabal – SP, v.34, n.1, p.057-066, 2012.

SOUSA JUNIOR, J. R.; SOUSA, J. R. M.; FURTADO, G. F.; ALVINO, F. C. G.; SILVA, H. S.; SILVA, S. S. **Diagnostico de armazenamento de grãos em pequenas propriedades do município de pombal – PB.** Agropecuária Científica no Semi-Árido, v.07, n.03, p.36-40, 2011.

SOUSA, E. S.; ARAÚJO, J. R. S.; ASSUNÇÃO, I. P.; MELO, M. P.; FEIJÓ, F. M.; MATOS, K. S.; LIMA, G. S. A.; BESERRA JUNIOR; J. E. A. ***Colletotrichum* species causing anthracnose on lima bean in Brazil.** Tropical Plant Pathology, v. 43, n.1, p.78-84, 2018

SOUSA, R. L. **Variabilidade genética em famílias de *Jatropha curcas* L. por marcadores SSR.** Doutorado (Tese). Viçosa, 2015, 42p.

SOUZA, D. A. **Efeito da seleção recorrente para resistência à mancha angular na reação ao mofo branco e em alelos SSR de progênies de feijão.** Dissertação (Mestrado), Universidade Federal de Lavras – UFLA, 2012, 98p.

SOUZA, J. S.; RODRIGUES, L. N.; SOUZA, J. T.; SALES, L. A.; NASCIMENTO, N. F. F. **Caracterização morfoagronômica de feijão fava.** In: **Congresso Técnico Científico da Engenharia e da Agronomia, 73ª Semana da Engenharia e da Agronomia.** Foz do Iguaçu – PR, 2016.

- SOUZA, R. **Diversidade de variedades crioulas de milho doce e adocicado conservadas por agricultores do oeste de Santa Catarina**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis – SC, 2015, 190p.
- SPONHOLZ, C.; FREIRE FILHO, F. R.; MAIA, C. B.; RIBEIRO, V. Q.; CARDOSO, M. O. **Reação de genótipos de feijão-caupi ao *Colletotrichum truncatum***. Embrapa Meio-Norte, Teresina – PI, ISSN 1413-1455, 2006, 18p.
- SUDRÉ, C. P.; CRUZ, C. D.; RODRIGUES, R.; RIVA, E. M.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; SILVA, D. J. H.; PEREIRA, T. N. S. **Variáveis multicatégoricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão**. Horticultura Brasileira, 24: 88-93, 2006.
- THOMPSON, J. D.; HIGGINS, D. G., GIBSON, T. J. **CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice**. Nucleic Acids Research, 11;22(22):4673-80, 1994.
- TINOCO, M. L. P. **Silenciamento trans-específico *in vivo* entre fumo e o fungo fitopatogênico *Fusarium verticillioides***. Doutorado (Tese), Universidade de Brasília, Brasília – DF, 2010, 60p.
- TONGCO, M. D. C. 2007. Purposive sampling as a tool for informant selection. In: **ethnobotany research ; applications**. 5 : 147-158.
- TOZZE JÚNIOR, H. J.; MELLO, M. B. A. MASSOLA JÚNIOR, N. S. **Caracterização morfológica e fisiológica de isolados de *Colletotrichum sp.* causadores de antracnose em solanáceas**. Summa Phytopathologica, Botucatu, v.32, n.1, p.77-79, 2006.
- VANDERPLANK, J. E. **Plant Diseases: Epidemics and Control**. Academic Press, New York. 1963.
- VARGAS, E. M.; CASTRO, E.; MACAYA, G.; ROCHA, O. J. **Variación del tamaño de frutos y semillas en 38 poblaciones silvestres de *Phaseolus lunatus* (Fabaceae) del Valle Central de Costa Rica**. Revista de Biología Tropical, São José, v. 51, n. 3, p. 707-724, 2003.
- VIEIRA, R. F. **A cultura do feijão-fava**. Informe Agropecuário, Belo Horizonte, v.16, n.174, p. 30-37, 1992.
- VILHORDO, B. W.; MIKUSINSKI, O. M. F.; BURIN, M. E.; GANDOLFI, V. H. Morfologia. In: ARAÚJO, R. S.; RAVA, C.A.; STONE, L. F.; e M. J. O. Zimmermann (ed.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Potafos, Picacicaba, p. 71-99, 1996.
- VILHORDO, B. W.; MÜLLER, L. **Correlação entre caracterização botânica e classificação comercial em cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.)**. Porto Alegre: Instituto de Pesquisas Agronômicas, 62 p. 1981 (IPAGRO, Boletim Técnico, 8).
- VOGT, G. A. **A dinâmica do uso e manejo de variedades locais de milho em propriedades agrícolas familiares**. Mestrado (Dissertação), Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis – SC, 2005.

VOLIS, S.; BLECHER, M. **Quasi *in situ***: a bridge between ex situ and in situ a bridge between ex situ and in situ conservation of plants. *Biodivers Conserv*, 19:2441–2454, 2010.

WHITE, T. J.; BRUNS, T.; LEE, S.; TAYLOR, J. **Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. PCR protocols: a guide to methods and applications.** Academic Press, San Diego, p.315-322, 1990.

WILLIAMS, J. G.; KUBELIK, A. R.; LIVAK, K. J.; RAFALSKI, J. A.; TINGEY, S. V. **DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers.** *Nucleic acids research*, v.18, n.22, p.6531-6535, 1990.

WISSER, R. J.; BALINT-KURTI, P. J.; NELSON, R. J. **The genetic architecture of disease resistance in maize:** a synthesis of published studies. *Phytopathology*, v. 96, n. 2, 2006.

ZUFFO, A. M.; ANDRADE, F. R.; SCHOSSLER, T. R.; MILHOMEM, D. M.; PIAULINO, A. C. **Eficiência na determinação indireta do nitrogênio foliar a partir do índice SPAD.** *ENCICLOPÉDIA BIOSFERA*, Centro Científico Conhecer, Goiânia, v.8, n.15, 2012.

APÊNDICE A

Termo de Consentimento Livre e Esclarecido (TCLE)

“O respeito devido à dignidade humana exige que toda pesquisa se processe com consentimento livre e esclarecido dos participantes, indivíduos ou grupos que, por si e/ou por seus representantes legais, manifestem a sua anuência à participação na pesquisa.” (Resolução 466/2012 do Conselho Nacional de Saúde – CNS).

O Sr. / Sra. está sendo convidado(a), a participar como voluntário(a) da pesquisa **“Avaliação da resistência à antracnose em etnovariedades de *Phaseolus lunatus* L.”**. Que será realizada nos municípios produtores de fava no estado de Alagoas (IBGE, 201) e municípios de Junqueiro e Arapiraca. Recebi do Sr. Prof. Dr. Gildemberg Leal de Amorim, funcionário público, professor da Universidade Federal de Alagoas – UFAL, Centro de Ciências Agrárias; da Sra. Prof^a. Dr^a. Maria Silene da Silva, funcionária pública, professora do Instituto Federal de Sergipe – UFS, responsáveis pela execução da pesquisa, as seguintes informações que nos fizeram entender sem dificuldades e sem dúvidas os seguintes aspectos.

- 1) Que a pesquisa se destina a realizar coletas das variedades crioulas de fava cultivadas e comercializadas em feiras livres pelos produtores rurais e atravessadores dos municípios produtores de fava do estado de Alagoas, identificando aspectos gerais referentes as sementes cultivadas e comercializadas;
- 2) Que a importância desta pesquisa é a de identificar às variedades crioulas de fava que apresentem resistência a antracnose, doença ocasionada pelo fungo *Colletotrichum truncatum*, considerado como um dos principais responsáveis pela ocorrência da doença, cujos sintomas são manchas avermelhadas em algumas partes da planta (folha, hastes, vagens e sementes).
- 3) Que os resultados que se desejam alcançar são: Realizar um levantamento das variedades crioulas de fava, bem como resgatar sua história; Caracterizar a morfologia das variedades; Determinar a diversidade genética das variedades por marcadores moleculares; Verificar a resistência a antracnose.
- 4) Que essa pesquisa terá duração de dois anos (março de 2017 a março de 2019) a depender da aprovação do Comitê de Ética e Pesquisa em conformidade com o cronograma e execução proposto pelo pesquisador principal em conjunto com o PPGPP/UFAL/CECA;
- 4) Que eu participarei do estudo da seguinte forma: respondendo a entrevistas onde falarei sobre o cultivo e comercialização das sementes de fava;

- 5) Que os principais riscos à minha saúde física e mental são: não haverá riscos diretos, no entanto, o estudo pode me trazer a memória experiências as situações que vivi e que possam causar algum sofrimento psíquico;
- 6) Que os pesquisadores adotarão as seguintes medidas para minimizar os riscos: recebi dos pesquisadores esclarecimentos no sentido de que se alguma pergunta da entrevista ou qualquer outro momento da pesquisa que trouxer a memória lembranças indesejadas, eu não responderei ou atenderei a tal situação. Foi também garantido pelo pesquisador o meu anonimato;
- 7) Que eu poderei contar com assistência das Unidades de Saúde do Município no qual resido, bem como com o hospital de pronto atendimento mais próximo;
- 8) Que os benefícios que deverei esperar com a minha participação são: estarei valorizando o meu saber, colaborando para que se conheça a diversidade das variedades crioulas cultivadas e comercializadas; as minhas informações contribuirão com a produção de conhecimento científico. Portanto não haverá benefício direto para minha pessoa;
- 9) Que sempre que eu desejar serão fornecidos esclarecimentos sobre cada uma das etapas da pesquisa;
- 10) Que, a qualquer momento poderei me recusar a continuar participando da pesquisa e, também, que eu poderei retirar este meu consentimento, sem que isso traga qualquer prejuízo ou penalidade;
- 11) Que as informações conseguidas através da minha participação não permitirão a identificação da minha pessoa;
- 12) Que se eu permitir a retirada de fotos durante a entrevista, essas poderão ser utilizadas na pesquisa;
- 13) Que deverei ser ressarcido por qualquer despesa que venha a ter com a minha participação nesta pesquisa e, também, indenizado por todos os danos que venha a sofrer pela mesma razão, sendo que, para estas despesas foi-me garantida a existência de recursos.

(Assinatura ou impressão datiloscópica do(a) voluntário(a) ou responsável legal – rubricar as demais folhas)	Nome e assinatura do responsável pela pesquisa – rubricar as demais páginas)
--	--

Tendo eu compreendido perfeitamente tudo o que me foi informado sobre a minha participação na mencionada pesquisa e, estando consciente dos meus direitos, das minhas responsabilidades, dos riscos e dos benefícios que a minha participação implica, concordo em dela participar e para _____ isso eu _____ -

DOU O MEU CONSENTIMENTO SEM QUE PARA ISSO EU TENHA SIDO FORÇADO OU OBRIGADO.

Endereço do(a) participante voluntário(a):
 Domicílio (rua, conjunto):
 Bloco: N°:, complemento: Bairro:
 Cidade: CEP: Telefone:
 Ponto de referência:

Contato de urgência (participante): Sr(a):
 Domicílio (rua conjunto):
 Bloco: N°:, complemento: Bairro:
 Cidade: CEP: Telefone:
 Ponto de referência:

Nome e Endereço dos Pesquisadores

Responsáveis:

Gildemberg Leal de Amorim (Orientador)

Universidade Federal de Alagoas – UFAL
 Centro de Ciências Agrárias – CECA

Maria Silene da Silva (Colaboradora)

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Sergipe
 – IFS.

Instituição:

Universidade Federal de Alagoas – UFAL
 Centro de Ciências Agrárias – CECA. BR-104 –
 Lot. Vila Rica, Rio Largo – AL, 57100-000.
 Telefone: (82) 3261-1351.

Instituto Federal de Sergipe – Coordenação de
 Saneamento Ambiental. Av. Gentil Tavares da
 Mota, 1166 - Getúlio Vargas, Aracaju - SE, 49055-
 260.

APÊNDICE B**LEVANTAMENTO DO PERFIL DO PRODUTOR DE
FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)****Dados socioeconômicos**

Informante: _____

Endereço: _____

Naturalidade: _____ Data da coleta: _____

QUESTIONÁRIO

1. Há quantos anos o sr./sra. cultiva fava? Por que começou a cultivá-la?

2. Como sr./sra. adquiriu as primeiras sementes de fava? Continua adquirindo da mesma forma?

3. O sr./sra. costuma plantar a fava em consórcio com outros cultivos? Quais?

4. Além da comercialização, o sr./sra. armazena as sementes produzidas? Como ocorre esse armazenamento?

5. Qual o tipo de manejo que o sr./sra. utiliza na plantação de fava?

6. O sr./sra. desenvolve outra atividade além da agricultura? Qual?

7. Para cultivar as favas, o sr./sra. trabalha sozinho ou tem ajuda de alguém? Quem?

8. Como a fava é preparada? E consumida?

Material coletado

Nome popular da variedade: _____

Coleta: () produtor () feiras livres () outros

Local da coleta: _____