



2

CIÊNCIAS BIOLÓGICAS:

Gênese na formação multidisciplinar

Alana Maria Cerqueira de Oiveira
(Organizadora)

Atena
Editora
Ano 2022



2

CIÊNCIAS BIOLÓGICAS:

Gênese na formação multidisciplinar

Alana Maria Cerqueira de Oiveira
(Organizadora)

Atena
Editora
Ano 2022

Editora chefe

Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira

Editora executiva

Natalia Oliveira

Assistente editorial

Flávia Roberta Barão

Bibliotecária

Janaina Ramos

Projeto gráfico

Camila Alves de Cremo

Daphynny Pamplona

Gabriel Motomu Teshima

Luiza Alves Batista

Natália Sandrini de Azevedo

Imagens da capa

iStock

Edição de arte

Luiza Alves Batista

2022 by Atena Editora

Copyright © Atena Editora

Copyright do texto © 2022 Os autores

Copyright da edição © 2022 Atena Editora

Direitos para esta edição cedidos à Atena Editora pelos autores.

Open access publication by Atena Editora



Todo o conteúdo deste livro está licenciado sob uma Licença de Atribuição *Creative Commons*. Atribuição-Não-Comercial-NãoDerivativos 4.0 Internacional (CC BY-NC-ND 4.0).

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores, inclusive não representam necessariamente a posição oficial da Atena Editora. Permitido o *download* da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Todos os manuscritos foram previamente submetidos à avaliação cega pelos pares, membros do Conselho Editorial desta Editora, tendo sido aprovados para a publicação com base em critérios de neutralidade e imparcialidade acadêmica.

A Atena Editora é comprometida em garantir a integridade editorial em todas as etapas do processo de publicação, evitando plágio, dados ou resultados fraudulentos e impedindo que interesses financeiros comprometam os padrões éticos da publicação. Situações suspeitas de má conduta científica serão investigadas sob o mais alto padrão de rigor acadêmico e ético.

Conselho Editorial**Ciências Biológicas e da Saúde**

Profª Drª Aline Silva da Fonte Santa Rosa de Oliveira – Hospital Federal de Bonsucesso

Profª Drª Ana Beatriz Duarte Vieira – Universidade de Brasília

Profª Drª Ana Paula Peron – Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Prof. Dr. André Ribeiro da Silva – Universidade de Brasília

Profª Drª Anelise Levay Murari – Universidade Federal de Pelotas

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás



Prof. Dr. Cirênio de Almeida Barbosa – Universidade Federal de Ouro Preto
Prof^o Dr^a Daniela Reis Joaquim de Freitas – Universidade Federal do Piauí
Prof^o Dr^a Débora Luana Ribeiro Pessoa – Universidade Federal do Maranhão
Prof. Dr. Douglas Siqueira de Almeida Chaves – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Dr. Edson da Silva – Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri
Prof^o Dr^a Elizabeth Cordeiro Fernandes – Faculdade Integrada Medicina
Prof^o Dr^a Eleuza Rodrigues Machado – Faculdade Anhanguera de Brasília
Prof^o Dr^a Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof^o Dr^a Eysler Gonçalves Maia Brasil – Universidade da Integração Internacional da Lusofonia Afro-Brasileira
Prof. Dr. Ferlando Lima Santos – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof^o Dr^a Fernanda Miguel de Andrade – Universidade Federal de Pernambuco
Prof. Dr. Fernando Mendes – Instituto Politécnico de Coimbra – Escola Superior de Saúde de Coimbra
Prof^o Dr^a Gabriela Vieira do Amaral – Universidade de Vassouras
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. Helio Franklin Rodrigues de Almeida – Universidade Federal de Rondônia
Prof^o Dr^a Iara Lúcia Tescarollo – Universidade São Francisco
Prof. Dr. Igor Luiz Vieira de Lima Santos – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Jefferson Thiago Souza – Universidade Estadual do Ceará
Prof. Dr. Jesus Rodrigues Lemos – Universidade Federal do Piauí
Prof. Dr. Jônatas de França Barros – Universidade Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. José Aderval Aragão – Universidade Federal de Sergipe
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Prof^o Dr^a Juliana Santana de Curcio – Universidade Federal de Goiás
Prof^o Dr^a Lívia do Carmo Silva – Universidade Federal de Goiás
Prof. Dr. Luís Paulo Souza e Souza – Universidade Federal do Amazonas
Prof^o Dr^a Magnólia de Araújo Campos – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Marcus Fernando da Silva Praxedes – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof^o Dr^a Maria Tatiane Gonçalves Sá – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Maurilio Antonio Varavallo – Universidade Federal do Tocantins
Prof^o Dr^a Mylena Andréa Oliveira Torres – Universidade Ceuma
Prof^o Dr^a Natiéli Piovesan – Instituto Federaci do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Paulo Inada – Universidade Estadual de Maringá
Prof. Dr. Rafael Henrique Silva – Hospital Universitário da Universidade Federal da Grande Dourados
Prof^o Dr^a Regiane Luz Carvalho – Centro Universitário das Faculdades Associadas de Ensino
Prof^o Dr^a Renata Mendes de Freitas – Universidade Federal de Juiz de Fora
Prof^o Dr^a Sheyla Mara Silva de Oliveira – Universidade do Estado do Pará
Prof^o Dr^a Suely Lopes de Azevedo – Universidade Federal Fluminense
Prof^o Dr^a Vanessa da Fontoura Custódio Monteiro – Universidade do Vale do Sapucaí
Prof^o Dr^a Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof^o Dr^a Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof^o Dr^a Welma Emídio da Silva – Universidade Federal Rural de Pernambuco



Ciências biológicas: gênese na formação multidisciplinar 2

Diagramação: Camila Alves de Cremo
Correção: Yaiddy Paola Martinez
Indexação: Amanda Kelly da Costa Veiga
Revisão: Os autores
Organizadora: Alana Maria Cerqueira de Oliveira

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

C569 Ciências biológicas: gênese na formação multidisciplinar 2 / Organizadora Alana Maria Cerqueira de Oliveira. – Ponta Grossa - PR: Atena, 2022.

Formato: PDF

Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader

Modo de acesso: World Wide Web

Inclui bibliografia

ISBN 978-65-5983-841-7

DOI: <https://doi.org/10.22533/at.ed.417221701>

1. Ciências biológicas. I. Oliveira, Alana Maria Cerqueira de (Organizadora). II. Título.

CDD 570

Elaborado por Bibliotecária Janaina Ramos – CRB-8/9166

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná – Brasil
Telefone: +55 (42) 3323-5493
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br



DECLARAÇÃO DOS AUTORES

Os autores desta obra: 1. Atestam não possuir qualquer interesse comercial que constitua um conflito de interesses em relação ao artigo científico publicado; 2. Declaram que participaram ativamente da construção dos respectivos manuscritos, preferencialmente na: a) Concepção do estudo, e/ou aquisição de dados, e/ou análise e interpretação de dados; b) Elaboração do artigo ou revisão com vistas a tornar o material intelectualmente relevante; c) Aprovação final do manuscrito para submissão.; 3. Certificam que os artigos científicos publicados estão completamente isentos de dados e/ou resultados fraudulentos; 4. Confirmam a citação e a referência correta de todos os dados e de interpretações de dados de outras pesquisas; 5. Reconhecem terem informado todas as fontes de financiamento recebidas para a consecução da pesquisa; 6. Autorizam a edição da obra, que incluem os registros de ficha catalográfica, ISBN, DOI e demais indexadores, projeto visual e criação de capa, diagramação de miolo, assim como lançamento e divulgação da mesma conforme critérios da Atena Editora.



DECLARAÇÃO DA EDITORA

A Atena Editora declara, para os devidos fins de direito, que: 1. A presente publicação constitui apenas transferência temporária dos direitos autorais, direito sobre a publicação, inclusive não constitui responsabilidade solidária na criação dos manuscritos publicados, nos termos previstos na Lei sobre direitos autorais (Lei 9610/98), no art. 184 do Código Penal e no art. 927 do Código Civil; 2. Autoriza e incentiva os autores a assinarem contratos com repositórios institucionais, com fins exclusivos de divulgação da obra, desde que com o devido reconhecimento de autoria e edição e sem qualquer finalidade comercial; 3. Todos os e-book são *open access*, *desta forma* não os comercializa em seu site, sites parceiros, plataformas de *e-commerce*, ou qualquer outro meio virtual ou físico, portanto, está isenta de repasses de direitos autorais aos autores; 4. Todos os membros do conselho editorial são doutores e vinculados a instituições de ensino superior públicas, conforme recomendação da CAPES para obtenção do Qualis livro; 5. Não cede, comercializa ou autoriza a utilização dos nomes e e-mails dos autores, bem como nenhum outro dado dos mesmos, para qualquer finalidade que não o escopo da divulgação desta obra.



APRESENTAÇÃO

O Livro “Ciências biológicas: Gênese na formação multidisciplinar 2”, traz ao leitor vinte capítulos de relevada importância na área de Genética, Citogenética, Imunologia, Parasitologia, Química medicinal, Saúde pública e Ecologia. Entretanto, caracteriza-se como uma obra multidisciplinar que engloba diversas áreas da Ciências biológicas.

Os capítulos estão distribuídos em temáticas que abordam de forma categorizada e multidisciplinar a Ciências biológicas, as pesquisas englobam estudos de: mapeamentos genético, citogenético, sequenciamento, genética e educação, análises forenses, doenças genética, eugenesia clássica, engenharia genética, análise por PCR, cultura de células de linfoma e leucemia, saúde mental, resposta imune, vacinação contra a covid-19, vírus Sars-Cov-2, métodos de extração de lipídios, levantamento taxonômico, morfologia vegetal, eficiência de inseticidas, química medicinal, cromatografia líquida de alta eficiência (CLAE), espectroscopia de infravermelho (IV) e espectrometria de massas (EM), problemática ambiental e de saúde pública, poluentes emergentes e biodiesel.

A obra foi elaborada primordialmente com foco nos profissionais, pesquisadores e estudantes pertencentes às áreas de Ciências biológicas e Ciências da Saúde e suas interfaces ou áreas afins. Entretanto, é uma leitura interessante para todos aqueles que de alguma forma se interessam pela área.

Cada capítulo foi elaborado com o propósito de transmitir a informação científica de maneira clara e efetiva, em português, inglês ou espanhol. Utilizando uma linguagem acessível, concisa e didática, atraindo a atenção do leitor, independente se seu interesse é acadêmico ou profissional.

O livro Ciências biológicas: Gênese na formação multidisciplinar 2”, traz publicações atuais e a Atena Editora traz uma plataforma que oferece uma estrutura adequada, propícia e confiável para a divulgação científica de diversas áreas de pesquisa.

Alana Maria Cerqueira de Oliveira

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1..... 1

LA ERRADICACIÓN DE LAS ENFERMEDADES GENÉTICAS: DE LA EUGENESIA CLÁSICA A LA INGENIERÍA GENÉTICA

Alejandro Gordillo-García

María del Carmen García Rodríguez

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.417221701>

CAPÍTULO 2..... 14

MAPEAMENTOS GENÉTICO, CITOGENÉTICO E DE SEQUENCIAMENTO DO FEIJÃO-FAVA: UMA REVISÃO

André Oliveira Melo

Marcones Ferreira Costa

Michelli Ferreira dos Santos

Verônica Brito da Silva

Maria Fernanda da Costa Gomes

Gleice Ribeiro Orasmo

Lidiane de Lima Feitoza

Lívia do Vale Martins

Raimundo Nonato Oliveira Silva

Ângela Celis de Almeida Lopes

Regina Lucia Ferreira Gomes

Sérgio Emílio dos Santos Valente

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.4172217012>

CAPÍTULO 3..... 34

GENETICS AND EDUCATION: OVER 50 YEARS GENERATING COLLABORATIONS, BUILDING BRIDGES AND WEAVING NETWORKS IN ENDLESSLY TURBULENT SCENARIOS

Alberto Sergio Fenocchio

Verónica Graciela Teza

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.4172217013>

CAPÍTULO 4..... 38

DROGAS MAIS CONSUMIDAS NO BRASIL E SUA RELAÇÃO EM CRIMES CONTRA O INDIVÍDUO: COMO UM TESTE RÁPIDO AJUDARIA EM CASOS DE PRISÃO EM FLAGRANTE

Águida Maiara de Brito

Lustarllone Bento de Oliveira

Melissa Cardoso Deuner

Felipe Monteiro Lima

Joselita Brandão de Sant'Anna

Jackson Henrique Emmanuel de Santana

José Vanderli da Silva

Caio César dos Santos Mognatti

Juliana Paiva Lins

Jéssica dos Santos Folha
Bruno Henrique Dias Gomes
Erica Carine Campos Caldas Rosa
Marcela Gomes Rola

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.4172217014>

CAPÍTULO 5..... 54

IMPLICAÇÕES DA VACINAÇÃO CONTRA A COVID-19 EM GESTANTES E PUÉRPERAS EM CONTEXTO PANDÊMICO: UMA REVISÃO DE LITERATURA

Ana Luíza Moraes Oliveira
Jéssica de Moutta Gomes

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.4172217015>

CAPÍTULO 6..... 66

EFEITO DO BIOFILME DE *Arthrographis kalrae* NA RESPOSTA IMUNE DE MACRÓFAGOS INFECTADOS

Bianca Dorana de Oliveira Souza
Janneth Josefina Escobar Arcos
Bruno Fernando Cruz Lucchetti
Phileno Pinge Filho
Mario Augusto Ono
Ayako Sano
Luciene Airy Nagashima
Adriane Lenhard-Vidal
Franciele Ayumi Semêncio Chiyoda-Rodini
Eiko Nakagawa Itano

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.4172217016>

CAPÍTULO 7..... 76

POTENTIAL OF *Saccharomyces cerevisiae* IN *Fusarium graminearum* ANTIBIOSIS AND ZEARALENONE DETOXIFICATION

Andressa Jacqueline de Oliveira
Mario Augusto Ono
Melissa Tiemi Hirozawa
Jaqueline Gozzi Bordini
Claudemir Zucareli
Elisabete Yurie Sataque Ono

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.4172217017>

CAPÍTULO 8..... 93

BIOLOGICAL EVALUATION OF A THERAPEUTIC DEVICE THAT IS BASED IN PULSED-ELECTROMAGNETIC FIELDS AND STATIC MAGNETIC FIELDS ON A MURINE MODEL

Abraham O. Rodríguez-De la Fuente
José Antonio Heredia-Rojas
Pilar Carranza-Rosales
Omar Heredia-Rodríguez
Gerardo Lozano-Garza

Angel Zavala-Pompa
Pedro Antonio Noguera-Díaz
José Alberto Valadez-Lira
Ricardo Gómez-Flores
Pedro César Cantú-Martínez
María Porfiria Barrón-González

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.4172217018>

CAPÍTULO 9..... 107

SÍNTESE, CARACTERIZAÇÃO E ATIVIDADE BIOLÓGICA DO DERIVADO TIAZACRIDÍNICO LPSF/AA-57

Marcel Lucas de Almeida
Valécia de Cassia Mendonça da Costa
Michelly Cristiny Pereira
Ivan da Rocha Pitta
Marina Galdino da Rocha Pitta

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.4172217019>

CAPÍTULO 10..... 114

CONCEPÇÃO DE CLÍNICA AMPLIADA E OS DESAFIOS DAS PRÁTICAS EM SAÚDE MENTAL NA ATUALIDADE

Celian Araújo da Nóbrega Souza
Carmen Silva Alves

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170110>

CAPÍTULO 11 127

MADUREZ SEXUAL Y ESPECTRO TRÓFICO DE *Pterois volitans* (Linnaeus, 1758) EN EL PARQUE NACIONAL SISTEMA ARRECIFAL VERACRUZANO, MÉXICO

Emmanuel Velasco-Villalobos
Elizabeth Valero-Pacheco
Luis Gerardo Abarca-Arenas

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170111>

CAPÍTULO 12..... 139

POTENCIAL EVOCADO AUDITIVO DE LONGA LATÊNCIA: MONITORAMENTO DE EFICÁCIA DA INTERVENÇÃO FONOAUDIOLÓGICA EM ESCOLARES COM DISLEXIA

Ana Luiza de Faria Luiz
Yara Bagali Alcântara
Brena Elisa Lucas
Carolina Almeida Vieira
Simone Aparecida Capellini
Ana Cláudia Figueiredo Frizzo

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170112>

CAPÍTULO 13..... 149

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE EXTRAÇÃO DE LIPÍDIOS DA MICROALGA

Scenedesmus sp.

Alana Ramos Nobre
Karollyna Menezes Silva
Keilla Santos Cerqueira
Jacqueline Rego da Silva Rodrigues
Roberto Rodrigues de Saouza

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170113>

CAPÍTULO 14..... 164

EFFECT OF LACTIC ACID BACTERIA ON *Fusarium verticillioides* GROWTH AND FUMONISIN B₁ DETOXIFICATION

Melissa Tiemi Hirozawa
Mario Augusto Ono
Sandra Garcia
Jaqueline Gozzi Bordini
Andressa Jacqueline de Oliveira
Elisa Yoko Hirooka
Elisabete Yurie Sataque Ono

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170114>

CAPÍTULO 15..... 183

PARÂMETROS REPRODUTIVOS EM ESPÉCIES NEOTROPICAIS DE *Drosophila* (DIPTERA; DROSOPHILIDAE)

Lorena Tayrini de Oliveira da Silva
Silvana Aparecida Beira
Camila Heloíse dos Santos
Janaina Cosmedamiana Metinoski Bueno
Natana Maria Metinoski Bueno
Rogério Pincela Mateus
Luciana Paes de Barros Machado

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170115>

CAPÍTULO 16..... 207

BENZOFENONA E OCTOCRILENO COMO POLUENTES EMERGENTES: UMA PROBLEMATICA AMBIENTAL E DE SAÚDE PÚBLICA

Diego Espírito Santo
Andrielle Karine Ribeiro Mendes
Débora Cristina de Souza
Flávia Vieira da Silva Medeiros
Ana Paula Peron

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170116>

CAPÍTULO 17..... 228

MORFOLOGIA VEGETAL: UMA ABORDAGEM PALINOLOGICA DE *HIBISCUS ROSA-SINENSIS* L.

João Marcos Gomes Leite
Maristela Tavares Gonçalves

Alessandro Oliveira Silva

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170117>

CAPÍTULO 18.....236

CONSIDERAÇÕES SOBRE O FITOPLÂNCTON DO SUBMÉDIO RIO SÃO FRANCISCO: GRUPOS FUNCIONAIS DE REYNOLDS (GFR) E IMPLICAÇÕES PARA OS MÚLTIPLOS USOS DA ÁGUA

Vladimir de Sales Nunes
Mávani Lima Santos
Caio Carvalho Novais de Moraes
Bruno César Silva
René Geraldo Cordeiro Silva Júnior
Edson Gomes de Moura Júnior
Ludwig Lima Nunes
Carlos Vinícius da Silva Cabral
Angélica Barbosa Jericó
Nadiane Nunes da Silva
Gabriel Luiz Celante da Silva
Benoit Jean Bernard Jahyny

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170118>

CAPÍTULO 19.....251

AVALIAÇÃO DE MISTURAS TERNÁRIAS DIESEL-BIODIESEL-ETANOL PARA APLICAÇÃO COMO COMBUSTÍVEL EM MOTORES DE CICLO DIESEL

Guilherme Brandão Guerra
Gisel Chenard Díaz
Yordanka Reyes Cruz
Vinicius Rossa
Donato Alexandre Gomes Aranda
Rene Gonzalez Carliz

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170119>

CAPÍTULO 20.....265

EFICIÊNCIA DE INSETICIDAS EM TRATAMENTO DE SEMENTES DE FEIJOEIRO NO DESENVOLVIMENTO INICIAL

Stella Mendes Pio Oliveira
Guilherme Mendes Pio Oliveira
Luana Ranieri Massucato

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170120>

CAPÍTULO 21.....277

ANÁLISE DA APLICAÇÃO DO JOGO DIDÁTICO “ECOLOGIA NO LABIRINTO” PARA OS ALUNOS DO ENSINO MÉDIO

Milena Resende Nascimento
Mariana Fideles Ferreira
Francielly Felix da Silva Isaias
Mayra Luzia da Cruz e Souza

Frederico Miranda
Polyanna Miranda Alves
Polyane Ribeiro Machado

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170121>

CAPÍTULO 22.....281

AVALIAÇÃO DAS ALTERAÇÕES HEMATOLÓGICAS EM INDIVÍDUOS COM TALASSEMIAS ALFA E BETA E CORRELAÇÃO COM A INCIDÊNCIA NO MUNICÍPIO DE ASSIS E REGIÃO

Julia Amanda Rodrigues Fracasso
Luiz Fernando Moraes-Silva
Guilherme de Oliveira-Paes
Luisa Taynara Silvério da Costa
Maria José Malagutti-Ferreira
Lucinéia dos Santos
Renata Aparecida de Camargo Bittencourt

 <https://doi.org/10.22533/at.ed.41722170122>

SOBRE A ORGANIZADORA.....295

ÍNDICE REMISSIVO.....296

CAPÍTULO 2

MAPEAMENTOS GENÉTICO, CITOGENÉTICO E DE SEQUENCIAMENTO DO FEIJÃO-FAVA: UMA REVISÃO

Data de aceite: 10/01/2022

André Oliveira Melo

Departamento de Biologia, Universidade
Federal do Piauí
Teresina - Piauí
<https://orcid.org/0000-0001-6655-0476>

Marcones Ferreira Costa

Universidade Federal do Piauí
Floriano - Piauí
<http://orcid.org/0000-0001-8210-2673>

Michelli Ferreira dos Santos

Universidade Federal do Piauí
Picos - Piauí
<https://orcid.org/0000-0001-7668-0864>

Verônica Brito da Silva

Departamento de Fitotecnia, Universidade
Federal do Piauí
Teresina - Piauí
<https://orcid.org/0000-0001-7739-5061>

Maria Fernanda da Costa Gomes

Universidade Estadual do Piauí
São Raimundo Nonato - Piauí
<https://orcid.org/0000-0002-1089-8593>

Gleice Ribeiro Orasmo

Departamento de Biologia, Universidade
Federal do Piauí
Teresina - Piauí
<https://orcid.org/0000-0002-4342-3287>

Lidiane de Lima Feitoza

Departamento de Biologia, Universidade
Federal do Piauí
Teresina - Piauí
<https://orcid.org/0000-0001-7884-7058>

Lívia do Vale Martins

Departamento de Biologia, Universidade
Federal do Piauí
Teresina - Piauí
<https://orcid.org/0000-0003-4645-9055>

Raimundo Nonato Oliveira Silva

Universidade Federal do Piauí
Floriano - Piauí
<https://orcid.org/0000-0002-9987-0043>

Ângela Celis de Almeida Lopes

Departamento de Fitotecnia, Universidade
Federal do Piauí
Teresina - Piauí
<https://orcid.org/0000-0002-9546-5403>

Regina Lucia Ferreira Gomes

Departamento de Fitotecnia, Universidade
Federal do Piauí
Teresina - Piauí
<https://orcid.org/0000-0002-7700-6959>

Sérgio Emílio dos Santos Valente

Departamento de Biologia, Universidade
Federal do Piauí
Teresina - Piauí
<http://orcid.org/0000-0003-2953-7330>

RESUMO: *Phaseolus lunatus* L. (feijão-fava ou feijão-lima) é uma das quatro espécies do gênero *Phaseolus* L. mais exploradas comercialmente. O feijão-fava é uma fonte de emprego e renda para a população carente, além de ser uma importante fonte de proteínas, sendo usado tanto na alimentação humana como na ração para bovinos. Diante da sua reconhecida

importância, este trabalho realizou uma revisão bibliográfica, reunindo os principais trabalhos de diferentes pesquisas sobre mapeamentos genético, citogenético e sequenciamento do genoma do feijão-fava. Esses estudos foram separados em três categorias: (1) investigação da origem evolutiva e diversidade genética molecular, (2) mapeamento citogenético e de sequenciamento, e (3) melhoramento genético do feijão-fava. Estudos adicionais utilizando marcadores moleculares são necessários para analisar a diversidade inexplorada e para a identificação de genes associados a características agrônomicas de interesse dessa leguminosa economicamente importante.

PALAVRAS-CHAVE: Diversidade Genética. Germoplasma. Marcadores moleculares. *Phaseolus lunatus*.

GENETIC, CYTOGENETIC, AND SEQUENCING MAPPING OF FAVA BEANS: A REVIEW

ABSTRACT: *Phaseolus lunatus* L. (Fava beans, Lima beans), is one of the four most commercially exploited species of the *Phaseolus* L. genus. The Lima bean is an income generation for the low-income population; besides it is an important source of proteins used in human and animal nutrition. Because of its known importance, this work performed a bibliographical review, collecting the main works of different researches regarding to the genetic, cytogenetic and sequencing mapping of the fava bean genome. These works were separated into three categories: (1) investigation of evolutionary origin and molecular genetic diversity, (2) cytogenetic and sequencing mapping, and (3) genetic breeding of the fava bean. Additional studies using molecular markers are needed to analyze the unexplored diversity and the identification of genes associated with agronomic traits of interest of this economically important legume species.

KEYWORDS: Genetic Diversity. Germplasm. Molecular markers. *Phaseolus lunatus*.

1 | INTRODUÇÃO

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), popularmente conhecido por feijão-de-lima, fava-de-lima ou simplesmente fava, é superado, em termos de consumo e áreas cultivadas, apenas pelo feijão comum (*P. vulgaris* L.) (ARTEAGA *et al.*, 2018). No cenário mundial, o feijão-fava dispersou-se do seu local de origem, na região da Mesoamérica e dos Andes, para regiões subtropicais do globo (SERRANO-SERRANO *et al.*, 2010). Na América do Norte, os Estados Unidos são o maior produtor de feijão-fava no mundo. Na Europa, é cultivado em pequena escala nos países mediterrâneos (ARTEAGA *et al.*, 2018). No Brasil, o feijão-fava é produzido e comercializado por pequenos produtores na região Nordeste, sendo consumido na forma verde e madura (MORAES *et al.*, 2017).

Bonifácio *et al.* (2012) e Penha *et al.* (2016) destacam o potencial e a diversidade genética do feijão-fava e suas aplicações em programas de conservação e melhoramento genético dessa espécie. Penha *et al.* (2016) também ressaltam que, apesar da importância do feijão-fava, variedades melhoradas dessa leguminosa não são produzidas no Brasil, além de haver poucas informações sobre seu sistema de reprodução e da diversidade

genética existente.

O melhoramento genético atua diretamente na adaptabilidade e produtividade dos cultivos, sendo necessário o conhecimento detalhado da constituição genética das espécies (BERED; NETO; CARVALHO, 1997). Nesse contexto, estudos envolvendo a construção de mapas genéticos, citogenéticos e de sequenciamento têm sido bastante úteis na localização de genes que controlam características de importância morfoagronômica, sendo ferramentas-chave para o melhoramento genético de uma espécie-alvo (HA *et al.*, 2012; ANDARGIE *et al.*, 2013; SOUSA *et al.*, 2015).

Diante de sua reconhecida importância, o presente trabalho objetivou realizar uma revisão bibliográfica acerca dos mapas genéticos e citogenéticos disponíveis para *P. lunatus* e o recente sequenciamento do seu genoma, bem como sua aplicabilidade ao melhoramento genético, destacando as possíveis implicações dessas pesquisas, além de oferecer um panorama geral desses conhecimentos para futuras aplicações.

2 | METODOLOGIA

Este trabalho reuniu os principais conhecimentos acerca da genética, citogenética e genômica do feijão-fava obtidos por meio de marcadores moleculares e citogenéticos, a fim de determinar o seu panorama atual.

A busca pelos artigos foi realizada nas bases de dados Science Direct, Google Acadêmico, PubMed, Springer e biblioteca eletrônica Scientific Electronic Library Online (SCIELO). Foram utilizados os seguintes descritores: feijão-fava, marcadores moleculares, mapeamento genético, mapeamento citogenético, sequenciamento e melhoramento genético, *lima bean*, *molecular markers*, *genetic mapping*, *cytogenetic mapping*, *genetic breeding*, *sequencing* e *Phaseolus lunatus* L.

Fizeram parte da pesquisa os artigos que obedeceram aos seguintes critérios: estudos abordando dados genéticos e citogenéticos de feijão-fava, trabalhos utilizando marcadores moleculares e citogenéticos e estudos que oferecem conhecimentos relevantes para o seu panorama geral.

A partir desses trabalhos e seu compilado de informações, dividimos a revisão em três categorias: (1) investigação da origem evolutiva e diversidade genética molecular, (2) mapeamento citogenético e sequenciamento, e (3) melhoramento genético do feijão-fava. Para o entendimento da evolução do conhecimento obtido em cada categoria ao longo do tempo, os estudos selecionados foram postos, via de regra, em ordem cronológica, sendo cada estudo abordado separadamente.

31 MAPEAMENTO GENÉTICO, MAPEAMENTO CITOGENÉTICO E SEQUENCIAMENTO DO GENOMA DE PLANTAS

Diante da importância nutricional e alimentar das espécies vegetais no mundo todo e visando o desenvolvimento de espécies com maior rendimento e resistência a estresses bióticos e abióticos, como resistência a vírus e tolerância à seca, respectivamente, pesquisas genômicas têm sido voltadas ao melhoramento genético de plantas (VARSHNEY *et al.*, 2010; VARSHNEY, GRAMER; SORRELLS, 2005).

Nesse contexto, o desenvolvimento de mapas genéticos, citogenéticos e, mais recentemente, o sequenciamento do genoma de plantas têm se tornado abordagens genéticas clássicas e modernas cada vez mais utilizadas, permitindo a localização de regiões gênicas de interesse, sendo ferramentas-chave para o melhoramento genético vegetal, para o mapeamento genômico comparativo e para obtenção de um mapa de referência para a maioria das espécies vegetais.

Mapas genéticos disponíveis para espécies vegetais têm auxiliado a detecção de genes economicamente importantes. Vários tipos de marcadores podem ser utilizados na construção desses mapas, como: AFLPs (*Amplified Fragment Length Polymorphisms*; Polimorfismos de Comprimento de Fragmento Amplificado), RAPDs (*Random Amplified Polymorphism DNA*; Fragmentos de DNA Amplificado ao Acaso), SSRs ou microsatélites (*Simple Sequence Repeats*; Sequências Simples Repetidas) e SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*; Polimorfismos de nucleotídeo único) (DURAN *et al.*, 2009; ZOLET *et al.*, 2017). Tais marcadores são importantes para o mapeamento genético e para a seleção assistida por marcador (WANG *et al.* 2006).

Essas marcas genéticas podem, ainda, ser associadas e integradas a cromossomos específicos (mapas citogenéticos ou físicos), permitindo a comparação das distâncias genéticas e físicas, a análise da distribuição de sequências repetitivas no genoma de determinada espécie, bem como a determinação da origem do seu genoma (MARTINS, 2020). Essas marcas correspondentes em cada grupo de ligação são utilizadas como sondas para Hibridização *in situ* Fluorescente (FISH), permitindo a sua integração e localização física nos cromossomos de espécies-alvo (CARNEIRO; VIEIRA, 2002).

O sequenciamento do genoma possibilitou a associação de marcas relacionadas a genes de interesse, permitindo a identificação e clonagem desses genes. Mapear o genoma de uma espécie é um processo relativamente oneroso e laborioso, sendo limitado a apenas algumas espécies vegetais. A primeira espécie a ter o genoma sequenciado e montado foi *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. (*Arabidopsis Genome Initiative*, 2000), em 2000, tornando-a um organismo-modelo para o estudo de organização genômica e evolução de plantas (SOUSA *et al.*, 2015; DASH *et al.*, 2016).

Com os avanços das tecnologias de sequenciamento, aliados à sua redução de custo e de tempo, o sequenciamento do genoma de espécies vegetais tem se tornado

cada vez mais acessível, aumentando a disponibilidade de dados para espécies economicamente importantes. Schneider *et al.* (2018) afirmaram que a redução dos custos de sequenciamento e o aumento do investimento em pesquisas relacionadas à Biologia Molecular tem relacionado o uso de marcadores moleculares a estudos cada vez mais específicos.

Estudos comparativos e evolutivos, assim como programas de melhoramento de espécies cultivadas, realizados com uso de marcadores moleculares, permitem avaliar sistematicamente a diversidade genética entre cultivares de uma espécie, construir mapas de ligação mais detalhados e selecionar marcadores associados a características morfológicas de interesse (ALMEIDA, 2006).

A herança de caracteres quantitativos é fundamental para pesquisas no campo da genética agrícola e evolutiva. Através de um mapa genético supersaturado, é possível localizar genes e QTLs (*Quantitative Trait Loci*; *Loci* de características quantitativas) associados a características morfoagronômicas de interesse, além de estudos comparativos de sintenia entre espécies, contribuindo para o entendimento acerca da evolução dos genomas de plantas (ANDARGIE *et al.*, 2013; POLANCO *et al.*, 2019). O número de *loci*, suas posições genômicas, suas interações genéticas e sua resposta a fatores bióticos ou abióticos estão entre os parâmetros utilizados para quantificar a arquitetura genética de características individuais.

Mais recentemente, os avanços nas técnicas de edição do genoma baseados em CRISPR/Cas (*Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats*; Repetições palindrômicas curtas agrupadas e interespaçadas) aplicadas na agricultura possibilitam identificar características qualitativas e quantitativas de interesse, além da seleção de genitores (CHEN *et al.*, 2019).

4 | O FEIJÃO-FAVA

4.1 Descrição e taxonomia

O feijão-fava (*P. lunatus*) é distribuído do sul dos Estados Unidos ao norte da Argentina, desde o nível do mar até aproximadamente 2.700m de altitude (DOHLE, 2017). Essa espécie é proximamente relacionada ao feijão comum (*P. vulgaris*) ambas pertencentes à subfamília Papilionoideae, família Leguminosae (AZANI *et al.*, 2017).

O gênero *Phaseolus* L. é um grupo monofilético de origem Mesoamericana, representado por espécies majoritariamente difundidas nos Andes e nas Américas Central e do Sul, sendo o México seu principal centro de diversidade (com 90% das espécies distribuídas), enquanto a Europa e o Brasil são considerados centros de diversificação secundários do grupo (LIOI; RIERGIOVANNI, 2015). Esse gênero é composto por cerca de 75 espécies subagrupadas em dois clados maiores e divididos em oito grupos, sendo: *Pauciflorius*, *Pedicellatus* e *Tuerckheimii* pertencentes ao clado A; e *Filiformis*,

Leptostachyus, Lunatus, Polystachios e Vulgaris pertencentes ao clado B. Pelo menos sete eventos independentes de domesticação ocorreram dentro do gênero, o que gerou o isolamento reprodutivo de cinco espécies domesticadas: *P. acutifolius* A. Gray, *P. coccineus* L., *P. polyanthus* Greeman, *P. lunatus* e *P. vulgaris*, sendo as duas últimas de maior destaque mundial (DELGADO-SALINAS; BIBLER; LAVIN, 2006; BITOCCHI *et al.*, 2017).

Delgado-Salinas, Bibler e Lavin (2006) sugerem que a diversificação das espécies de *Phaseolus* ocorreu por volta de 2 milhões de anos atrás. De acordo com Baudoin (1988) e Bitocchi *et al.* (2017), *P. lunatus* é uma espécie predominantemente autógama que inclui arbustos anuais determinados e escaladores indeterminados que são frequentemente perenes devido à sua raiz principal alargada.

4.2 Importância econômica

Os feijões do gênero *Phaseolus* são uma importante fonte nutricional, com cerca de 30% de proteínas presentes nos seus grãos, além de serem ricos em carboidratos, ácido fólico e sais minerais, como zinco, cálcio, magnésio e fósforo, dentre outros (USDA, 2015). São amplamente adaptados, de ciclo de vida curto, de fácil produção e de alto consumo, especialmente em países em desenvolvimento. Esses feijões constituem a principal fonte de subsistência para a população de baixa renda, devido ao seu alto valor proteico, além de serem uma fonte geradora de emprego e renda para as famílias carentes (BOUKAR *et al.*, 2016).

O feijão comum é uma das leguminosas de grãos com maior consumo mundial em termos de rendimento total e área cultivada, apresentando um papel importante na alimentação em países em desenvolvimento da África e das Américas Central e do Sul (GIOIA *et al.*, 2019). Dados mais recentes disponibilizados pela da FAO (Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação), relativos ao ano de 2018, indicam que a sua produção mundial foi estimada em cerca de 55 milhões de toneladas métricas (t) (FAO, 2020). O Brasil é considerado o principal produtor de grãos de feijão comum com alta qualidade fisiológica, com área total de 1,5 milhão de hectares (ha), com produção em cerca de 2,4 milhões de toneladas e produtividade média de 1.500 kg/ ha, sendo o estado de Goiás responsável por 37% da sua produção (EMBRAPA, 2021).

O feijão-fava, por sua vez, apresenta produção e produtividade inferiores quando comparado ao feijão comum. Na América do Norte, os Estados Unidos são o maior produtor de feijão-fava no mundo. Na Europa, é cultivado em pequena escala nos países mediterrâneos, principalmente na Espanha, onde é um ingrediente da tradicional “*paella*” (ARTEAGA *et al.*, 2018). No Brasil, os estados do Ceará e da Paraíba são uns dos maiores produtores nacionais de feijão-fava (IBGE, 2019). Algumas regiões apresentam baixos níveis de produção em relação à quantidade de recursos utilizados, principalmente devido à falta de programas de pesquisas sobre nutrição mineral (OLIVEIRA *et al.*, 2004). Em 2019, a produção nacional dessa leguminosa contabilizou 11.449 t (IBGE, 2019).

4.3 Mapeamento genético do feijão-fava

As pesquisas com feijão-fava que utilizam marcadores moleculares geralmente possuem três objetivos principais: (1) investigação da origem evolutiva e diversidade genética molecular, (2) mapeamento citogenético e sequenciamento, e (3) aplicações no melhoramento genético. Tal divisão não é exclusiva, o que significa que uma mesma pesquisa pode obter informações e conclusões afins a um ou mais objetivos. Os três pontos acima mencionados são detalhados a seguir.

4.3.1 Origem evolutiva e diversidade genética molecular

Baseando-se em registros de exploradores e botânicos, Mackie (1943) propôs uma origem pré-colombiana para *P. lunatus*. Entretanto, mais informações seriam necessárias para confirmar tal hipótese. Nesse contexto, os avanços das técnicas de biologia molecular propiciaram ferramentas para a realização de estudos relativos à diversidade genética em espécies vegetais (DURAN *et al.*, 2009).

O estudo da evolução de uma espécie vegetal pode ser feito através de um mapa único de referência (CARNEIRO; VIEIRA, 2002). Desse modo, é possível entender a evolução de uma espécie com base nos dados genéticos obtidos de espécies evolutivamente próximas. No caso do feijão-fava, que sofreu domesticações desde os tempos pré-colombianos, a comparação das formas silvestres e cultivadas é de suma importância para a compreensão dos seus processos evolutivos.

A fim de compreender sua distribuição geográfica, Salgado, Gepts e Debouck (1995) analisaram as proteínas de sementes de feijão-fava silvestre e híbridos cultivados. Esses autores concluíram que as formas silvestres podem ser divididas em dois grupos: o primeiro, que possui sementes menores e uma área de distribuição que se estende desde o México, América Central à encosta oriental dos Andes; e o segundo, que possui uma distribuição mais circunscrita na costa oeste dos Andes no Equador e norte do Peru.

Análises da eletroforese de proteínas de sementes confirmaram essa subdivisão e mostraram que os cultivares de sementes grandes foram domesticados a partir de feijões-fava silvestres de sementes grandes no oeste da América do Sul. Lioi (1996) analisou a diversidade de feijão-fava silvestre utilizando a eletroforese da proteína faseolina e, a partir desses dados, sugeriu que a área de distribuição de formas selvagens Mesoamericanas de feijão-fava estende-se do México à Argentina; já as formas selvagens Andinas teriam uma distribuição mais limitada.

Maquet, Vekemans e Baudoin (1999) também realizaram análises comparativas de proteínas de sementes e investigaram as relações filogenéticas entre formas selvagens de feijão-fava e de outras espécies de *Phaseolus*, incluindo o feijão comum, de origem Mesoamericana e Andina. Os resultados sugerem que as espécies Mesoamericanas são filogeneticamente mais distantes do feijão-fava que as Andinas que, por sua vez, revelaram

grande semelhança com o *pool* gênico Mesoamericano de feijão-fava. Dessa forma, foi sugerida uma origem Andina para o feijão-fava e para as espécies selvagens Andinas, sendo candidatas a apresentarem genes de interesse para o melhoramento genético dessa cultura.

Serrano-Serrano *et al.* (2010), usando marcadores moleculares de DNA nuclear e de DNA não-codificante cloroplastidial, avaliaram a estrutura genética e a hipótese de uma origem Andina relativamente recente dessa espécie, conforme apontado por Delgado-Salinas, Bibler e Lavin (2006). Serrano-Serrano *et al.* (2010) analisaram uma coleção de feijão-fava silvestre, três espécies selvagens Andinas (*P. augusti* Harms, *P. pachyrrhizoides* Harms e *P. bolivianus* Piper) e três espécies Mesoamericanas (*P. leptostachyus* Bentham, *P. marechalii* Delgado e *P. novoleonensis* Debouck). Foram identificados 23 haplótipos de DNA não-codificante de cloroplasto e 28 haplótipos de DNA nuclear, sendo ambos bem estruturados com a distribuição geográfica. Os resultados corroboraram com a hipótese da origem Andina do feijão-fava silvestre na época do Pleistoceno e com uma divergência inicial de três *pools* gênicos que teriam evoluído e alcançado a distribuição geográfica atual, principalmente de forma isolada. Sendo assim, tais *pools* são importantes em programas de conservação e melhoramento (MAQUET; VEKEMANS; BAUDOIN, 1999).

Martínez-Castillo, Colunga-GarcíaMarín e Zizumbo-Villarreal (2008) usaram 90 marcadores SSRs para estimar a diversidade genética de 21 raças primitivas de espécies nativas de feijão-fava da Península de Yucatán no México, com o objetivo de analisar o risco de erosão genética e gerar dados moleculares aplicáveis à conservação *in situ*. Comparado ao *pool* genético silvestre, o *pool* genético domesticado apresentou menor diversidade genética e as variedades locais abundantes apresentaram uma diversidade genética mais baixa que as raças locais comuns e raras. Os dados moleculares confirmaram um alto risco de erosão genética para as raças de feijão-fava domesticado da Península de Yucatán e, por isso, precisam ser conservados *in situ*.

Martínez-Castillo *et al.* (2014) utilizaram 67 populações selvagens de feijão-fava mediante análise de 10 *loci* SSRs. Os resultados mostraram que a variação interpopulacional é maior que a variação intrapopulacional. Foi confirmada a existência de dois *pools* de genes (MI e MII) no México e, ainda, foi proposta a existência de dois subgrupos dentro de MI (MIa e MIb), confirmando que a estrutura genética do feijão-fava silvestre é mais complexa do que se pensava, sendo necessários mais estudos para a ratificação dos subgrupos MIa e MIb.

Andueza-Noh, Martínez-Castillo e Chacón-Sánchez (2015), a fim de avaliar a hipótese de dois eventos de domesticação para as raças indígenas Mesoamericanas com sementes pequenas, caracterizaram 62 acessos de feijão-fava domesticados, 87 selvagens e seis invasores com 10 *loci* SSRs. Os resultados sugerem que houve pelo menos um evento de domesticação na área do *pool* MI no centro-oeste do México e que algumas raças locais são geneticamente relacionadas a acessos selvagens do *pool* MII.

Os autores não conseguiram estabelecer, contudo, o local específico de origem das raças indígenas Mesoamericanas de feijão-fava. Entretanto, os resultados sugerem que essas raças não compõem um grupo geneticamente homogêneo, o que indica a ocorrência de mais de um evento de domesticação e múltiplos eventos de introgressão. Dessa forma, é necessária uma amostragem maior em áreas da América Central, especialmente em Honduras, Nicarágua e Panamá, no norte da América do Sul, além de mais dados do genoma desses acessos para ampliarmos o conhecimento a respeito dos processos de domesticação dessa espécie.

Chacón-Sánchez e Martínez-Castillo (2017) analisaram a estrutura genética do *pool* de genes selvagens de feijão-fava na Mesoamérica por meio de marcadores SNPs. Analisou-se dois eventos de domesticação para MI e MII separadamente, e um evento de domesticação do *pool* gênico MI sucedido por um fluxo gênico com populações selvagens. Os marcadores SNPs também foram usados para avaliar a estrutura genética do feijão-fava, o efeito de sua domesticação na diversidade genética e a detecção de genes candidatos à domesticação. Os resultados confirmaram a existência dos três *pools* de genes de feijão-fava: dois Mesoamericanos (MI e MII) e um Andino (AI), o que corrobora com as informações obtidas por Martínez-Castillo *et al.* (2014). Ainda, foi proposta a possibilidade da existência de outro *pool* gênico Andino (AII) no centro da Colômbia. Quanto aos possíveis cenários de domesticação, um único evento de domesticação do *pool* gênico MI seguido pela mistura com populações selvagens mostrou-se estatisticamente mais provável. As análises genéticas para domesticação indicam o envolvimento de efeitos fundadores, que resultaram na perda da diversidade genética e aumento do desequilíbrio de ligação (LD) nas raças locais. Além disso, as regiões genômicas relacionadas à domesticação dessa espécie foram detectadas.

Penha *et al.* (2016) buscaram estimar as taxas de cruzamento natural e os níveis de diversidade genética de *P. lunatus* var. *lunatus*, variedade botânica domesticada de feijão-fava do Brasil, por meio de 10 *loci* SSRs, a fim de obter informações para sua conservação e melhoramento. Os resultados mostraram que o feijão-fava brasileiro possui uma taxa de cruzamento natural de 38,1%, o que indica a predominância de autofecundação em um sistema de cruzamento misto. A maioria dos cruzamentos ocorreu entre parentes, gerando irmãos completos, meios-irmãos e irmãos que se autofecundam. Segundo os autores, as implicações dos resultados afetam positivamente os programas de melhoramento, uma vez que as altas taxas de cruzamento aceleram a geração de novas linhagens de variedades melhoradas. Entretanto, as implicações para os programas de conservação estão relacionadas à multiplicação e regeneração do material em bancos de germoplasma, que devem ser realizadas sob condições controladas visando evitar a troca de pólen entre as plantas. Além disso, um grande tamanho de amostra é necessário para reter o máximo de diversidade para a conservação *ex situ*. Ainda, percebeu-se que a diversidade de feijão-fava no Brasil é maior que a encontrada em outras regiões da América e comparável

à observada em populações selvagens da Península de Yucatán, no México, que é considerada o centro de diversidade genética de feijão-fava.

Gomes *et. al.* (2019) analisaram a diversidade genética de 153 acessos de feijão-fava, a fim de criar uma coleção nuclear de feijão-fava do Banco Ativo de Germoplasma de *P. lunatus* da Universidade Federal do Piauí (BGP-UFPI), já que bancos de germoplasma com alta variabilidade são excelentes recursos para o estudo da diversidade de uma espécie e para evitar sua erosão genética. Para isso, foram usados 11 marcadores SSRs, gerando um total de 113 alelos com média de 10,27 alelos por *locus*. Os resultados indicaram que esses mesmos alelos poderiam ser representados por um mínimo de 34 dos 153 acessos de feijão-fava, podendo formar uma coleção nuclear representada por 22% dos acessos do BGP-UFPI, com baixa redundância. A avaliação da coleção nuclear indicou que as culturas representativas possuem maior índice de diversidade que a coleção inteira do banco de germoplasma. Os autores concluem que a coleção nuclear irá auxiliar os estudos das variações morfológicas de interesse agrônomo, estudos de campo e estudos de associação genômica com feijão-fava, mas advertem que essa deve ser atualizada periodicamente, incluindo germoplasmas de feijão-fava adicionais na coleção de base, examinando sua resistência a doenças e à seca.

4.3.2 Mapeamento citogenético

A citogenética é uma ferramenta valiosa para caracterização da diversidade dos recursos genéticos vegetais. A análise de cariótipos envolvendo o número, morfologia e tamanho dos cromossomos, presença de constrição secundária e quantidade de heterocromatina são informações importantes para comparar espécies ou detectar polimorfismos entre cromossomos homólogos e não homólogos de indivíduos da mesma espécie ou entre homeólogos de espécies relacionadas (MOSCONI; LAMBROU; EHRENDORFER, 1996). Esses dados, associados a outras características citológicas, têm se mostrado importantes para o reconhecimento de variedades, híbridos e poliploides e na compreensão das relações filogenéticas dentro e entre táxons (GUERRA, 2000).

Os primeiros relatos sobre o número cromossômico em *Phaseolus* ocorreram em 1925, por Karpechenko, que obteve $2n = 22$ para as espécies de feijão comum (*P. vulgaris*), feijão escarlate (*P. coccineus*), feijão-fava (*P. lunatus*) e feijão tepário (*P. acutifolius*). Dessa forma, estabeleceu-se $x = 11$ como o número básico de cromossomos do gênero (MERCADO-RUARO; DELGADO-SALINAS, 2000). Mercado-Ruaro e Delgado-Salinas (2000) realizaram uma revisão bibliográfica de estudos citogenéticos no gênero *Phaseolus* e das diferentes hipóteses para explicar as alterações cromossômicas nesse gênero. Reduções no número cromossômico foram relatadas em três espécies relacionadas do gênero: *P. leptostachyus*, *P. micranthus* Hook. & Arn. e *P. macvaughii* A. Delgado, todos com $2n = 2x = 20$ cromossomos, sendo essa redução causada por eventos de displóidia

descendente (MERCADO-RUARO; DELGADO-SALINAS, 2000; FONSÊCA; FERRAZ; PEDROSA-HARAND, 2016).

Com o surgimento da técnica de FISH (Hibridização *in situ* Fluorescente), foi possível integrar marcadores genéticos a cromossomos específicos. As sequências de DNA comumente utilizadas como sondas em FISH são: DNA altamente repetitivo em tandem, como os sítios de DNA ribossomais (DNAr) 5 e 35S; sequências centroméricas; teloméricas; repetitivas dispersas, como os elementos transponíveis; e sequências repetitivas e cópia-única inseridas em vetores, como plasmídeos, cosmídeos, Cromossomos Artificiais de Leveduras (YACS) e de Bactérias (BACs) (GUERRA, 2004; JIANG; GILL, 2006).

Estudos citogenéticos moleculares têm sido conduzidos em espécies dos gêneros *Phaseolus*, utilizando como sondas sítios de DNAr (GUERRA *et al.*, 1996; MOSCONE *et al.*, 1999; PEDROSA-HARAND *et al.*, 2009), DNA centromérico, sequências teloméricas (IWATA-OTSUBO *et al.*, 2016), DNA satélite (RIBEIRO *et al.*, 2019) e BACs (PEDROSA-HARAND *et al.*, 2009; BONIFÁCIO *et al.*, 2012; ALMEIDA; PEDROSA-HARAND, 2013).

Lioi e Galasso (2002) investigaram polimorfismos em genótipos selvagens e cultivados de feijão-fava oriundas de *pools* gênicos Mesoamericanos e Andinos e de formas intermediárias. Foram utilizados oligonucleotídeos (oligos), marcados com digoxigenina, como sondas para FISH. Cinco dos marcadores utilizados, (AAT)₅, (ATG)₅, (GACA)₄, (GATA)₄, (GGAT)₄, exibiram bandas bem definidas e que revelaram altos níveis de variação intraespecífica, sendo uma ferramenta útil para a análise da diversidade genética em feijão-fava.

Almeida (2006) estudou a evolução cariotípica de feijão-fava e do feijão comum através da distribuição de heterocromatina e do número de sítios de DNAr 5S e 35S em acessos Mesoamericanos e Andinos de ambas as espécies e construiu um mapa citogenético comparativo baseado nos padrões de localização e distribuição de sítios DNAr e de regiões heterocromáticas [CMA/DAPI (Cromomicina A₃/ 4' 6'-diamidino-2-fenilindol)]. Em ambas as espécies, a heterocromatina está geralmente localizada na região pericentromérica da maioria dos cromossomos. O feijão-fava apresentou um par de sítios 35S, enquanto o feijão comum apresentou dois pares em todos os acessos analisados.

Almeida e Pedrosa-Harand (2011) determinaram a distribuição dos sítios de DNAr 5S e 35S em 17 acessos de feijão-fava pertencentes a diferentes centros de domesticação. Os cromossomos de *P. lunatus*, assim como os de *P. vulgaris*, possuem sítios de DNAr 35S localizados no cromossomo 6. Através de análises adicionais por BAC-FISH, foi observado que o cromossomo 6 é conservado entre as espécies previamente analisadas (*P. vulgaris*, *P. lunatus*, *P. microcarpus* e *P. leptostachyus*), sendo considerado o provável cromossomo ancestral dentro do gênero (ALMEIDA; PEDROSA-HARAND, 2013; FONSÊCA; FERRAZ; PEDROSA-HARAND, 2016).

O mapa físico do feijão comum foi primeiramente realizado por Pedrosa-Harand *et al.* (2009). Os autores mapearam fisicamente três cromossomos dessa espécie, sendo

posteriormente estabelecido por Fonsêca, Ferraz e Pedrosa-Harand (2016), que mapearam os sete pares cromossômicos restantes. Em seguida, a biblioteca de sondas BACs de *P. vulgaris* foi utilizada em estudos carioevolutivos em diferentes espécies do gênero, incluindo *P. lunatus*.

Bonifácio *et al.* (2012) realizaram uma análise comparativa entre os cromossomos do feijão-fava e do feijão comum usando BACs de feijão comum como sondas para FISH, que foram mapeados nos cromossomos do feijão-fava, permitindo estabelecer homeologias cromossômicas e os mecanismos evolutivos que moldaram os cariótipos analisados. Também foram mapeados os sítios de DNAr 5S e 35S, sequências repetitivas contidas em BACs e regiões de heterocromáticas por coloração CMA/DAPI. Corroborando com Almeida (2006), sete dos 22 BACs selecionados de diferentes cromossomos de feijão comum não puderam ser mapeados, pois demonstraram padrões pericentroméricos repetitivos no feijão-fava. Todos os cromossomos puderam ser identificados através de 16 clones de BACs cópia-única. Na maioria das extremidades cromossômicas do feijão comum, foi encontrado um padrão repetitivo subtelo mérico, o que não ocorreu com o feijão-fava, apontando falta de conservação dessa repetição subtelo mérica. Os resultados indicam alta conservação da macrossintenia (conservação de blocos cromossômicos entre espécies) e colinearidade (manutenção da ordem desses blocos cromossômicos entre espécies) envolvendo os 11 pares cromossômicos entre as espécies analisadas, apesar das diferenças que sugerem ocorrência de inversões pericêntricas nos cromossomos 2, 9 e 10. A pequena quantidade de rearranjos estruturais indica, portanto, alta estabilidade cariotípica do gênero *Phaseolus*.

Posteriormente, Almeida e Pedrosa-Harand (2013) construíram um mapa citogenético comparativo dos cromossomos 3, 4 e 7 do feijão comum e do feijão-fava usando 30 BACs e dois bacteriófagos. Nove BACs apresentaram um padrão repetitivo de DNA com distribuição pericentromérica. Vinte e três BACs cópia-única do feijão comum foram mapeados nos cromossomos 3 (9 BACs), 4 (8 BACs) e 7 (6 BACs) do feijão-fava, ratificando a alta sintenia e colinearidade previamente encontrada entre o feijão comum e o feijão-fava, sendo as principais diferenças cariotípicas associadas à fração repetitiva do DNA.

4.3.3 Sequenciamento do genoma

Durante os últimos anos, os avanços das pesquisas genômicas suportadas pelas plataformas de bioinformática e de sequenciamento de nova geração (NGS) permitiram um progresso nos estudos citogenéticos moleculares de sintenia e evolução cromossômica em plantas (CHÈVRE *et al.*, 2018).

Dentre as espécies de *Phaseolus*, o genoma de *P. vulgaris* (~587 Mb) foi o primeiro a ser publicado, mediante abordagem combinada pelas plataformas Roche 454, Illumina e Sanger (SCHMUTZ *et al.*, 2014). Posteriormente, Lobaton *et al.* (2018) ressequenciaram

o genoma inteiro de 35 variedades cultivadas e elites de *P. vulgaris* pertencentes a diferentes programas de melhoramento genético do gênero, bem como de *P. acutifolius* e *P. coccineus*. Os resultados permitiram identificar diferenças de variação genética entre e dentro espécies fornecendo, assim, informações valiosas para programas de melhoramento genético voltados para as espécies do gênero.

Recentemente, Garcia *et al.* (2021) sequenciaram e montaram o genoma (542 Mb) de um acesso de feijão-fava domesticado do *pool* genético MI coletado na Colômbia, mediante sequenciamento Pacific Biosciences e Illumina, além do sequenciamento do genoma completo (WGS), 10X Genomics, GBS (*Genotyping by Sequencing*; Genotipagem por sequenciamento) e sequenciamento de RNA (RNA-seq) associada à montagem do transcriptoma *de novo*. Dos ~28.500 genes anotados, 1.917 genes foram particularmente relacionados à resistência a fatores bióticos, além de identificação de 4.275 genes diferencialmente expressos que podem estar relacionados à deiscência da vagem e ao desenvolvimento das sementes. A montagem de alta qualidade do genoma de *P. lunatus* fornece, portanto, suporte e aplicabilidade para programas de melhoramento genético voltados ao gênero *Phaseolus*.

A comparação estrutural entre 22.180 genes ortólogos de feijão-fava com feijão comum corroborou a alta sintonia apontada por Bonifácio *et al.* (2012) e Almeida e Pedrosa-Harand (2013) e revelou cinco rearranjos cromossômicos: (1) inversão de 5 Mb no braço longo do cromossomo 3 de *P. luntatus* (PI03); (2) inversão de 10 Mb no braço longo do cromossomo PI07; (3) translocação complexa dentro do braço curto do cromossomo PI09; (4) inversão do braço curto do cromossomo PI10; (5) translocação da região pericentromérica do cromossomo 2 de *P. vulgaris* (Pv02) dentro do braço curto do cromossomo PI02. Esses resultados também sugerem que há uma organização em seis grupos com distribuições não sobrepostas e que as raças locais mesoamericanas podem ser subdivididas em três subaglomerados. Além disso, foram estabelecidas associações de *loci* genéticos com características relevantes para os processos de domesticação e melhoramento em feijão-fava.

Os dados obtidos por Garcia *et al.* (2021) são de interesse para todos os três objetivos de pesquisa abordados neste trabalho, uma vez que suas informações e conclusões contribuem para um maior entendimento da evolução e diversidade de *Phaseolus*, para o mapeamento genético de feijão-fava e também para o melhoramento genético do gênero, com ênfase em *P. lunatus*.

4.4 Melhoramento genético

Tecnologias capazes de identificar e selecionar genes que codificam características de interesse econômico têm revolucionado a agricultura (CARRER; BARBOSA; RAMIRO, 2010). Um exemplo disso são os estudos que avaliaram a resistência de feijão-fava a fatores abióticos, pragas e doenças.

Mhora *et al.* (2016) utilizaram GBS para obter 12 marcadores associados ao fenótipo de resistência à raça F de *Phytophthora phaseoli*, um oomiceto causador de míldio, em feijão-fava. Usando os marcadores específicos para alelo Kompetitive (KASP), foi possível mapear sete *loci* de resistência à raça F de *P. phaseoli* em 256 acessos de feijão-fava. Os ensaios utilizados obtiveram sucesso na genotipagem do painel de diversidade do feijão-fava e de um haplótipo com dois dos sete marcadores ligados, confirmando a funcionalidade dos métodos aplicados para prever os fenótipos de resistência do feijão-fava à raça F de *P. phaseoli*. Os autores apontam para a possibilidade da existência de mais de um gene de resistência à *P. phaseoli* e propõem que seu uso em conjunto, a fim de gerar uma resistência mais duradoura nos acessos de feijão-fava. Além disso, ao mapear esses *loci* no genoma do feijão comum, ratificou-se a alta colinearidade com o feijão-fava (Almeida e Pedrosa-Harand, 2013). Esses dados podem auxiliar programas de melhoramento genético dessa espécie, tanto em relação à pragas quanto a condições ambientais de estresse.

Preocupados com as consequências das mudanças climáticas para a agricultura e visando entender melhor a resposta do feijão-fava a tais mudanças, Martínez-Nieto *et al.* (2020) compararam as características e a adaptabilidade das sementes de três cultivares tradicionais valencianas locais ('Pintat', 'Ull de Perdiu' e 'Cella Negra') e um comercial (denominada 'Peru') de feijão-fava no processo germinativo, submetidas a estresses ambientais (temperatura e estresse hídrico). Para calcular o polimorfismo e a divergência entre os cultivares estudados, foram usados oito marcadores moleculares. Os resultados mostraram que a raça tradicional 'Pintat' apresentou significativa competitividade em relação à cultivar comercial 'Peru' quanto a tolerância à temperatura e à seca. Utilizando uma relação entre a porcentagem e o tempo médio de germinação, a temperatura de 30 °C foi considerada ideal para o grupo de cultivares estudados. Os autores também investigaram uma possível correlação entre as características genéticas e as respostas de germinação das cultivares. Porém, a técnica DNA *barcoding* não encontrou diferenças genéticas entre as raças valencianas. Os autores propõem que as diferentes respostas dessas raças geneticamente próximas podem ser explicadas por mecanismos epigenéticos ou por alguns genes que desempenham um papel relevante nas respostas aos estresses.

Algumas doenças transmitidas por insetos geram prejuízos em quantidade e qualidade para espécies cultivadas do gênero *Phaseolus*. Agarwal *et al.* (2021) avaliaram o feijão comum e feijão-fava em relação à resistência à doença do crumple da folha causada por dois begomovírus transmitidos pela mosca branca (*Bemisia tabaci*): o vírus do crumple da folha da cucurbitácea (CuLCrV) e o vírus do mosaico dourado sida da Flórida (SiGMFV). Foram examinados 82 genótipos de feijão comum e dois de feijão-fava para resistência contra CuLCrV e/ou SiGMFV. Desses, 20 apresentaram níveis altos a moderados de resistência a CuLCrV e/ou SiGMFV, sendo 21 considerados altamente suscetíveis. O sequenciamento permitiu identificar 645.729 SNPs, 30.169 inserções e 38.543 deleções

distribuídos nos 11 cromossomos dessas espécies, sendo o cromossomo 2 (49,67 Mb) com maior número de variantes (73.326). Segundo os autores, os dados obtidos serão úteis em estudos futuros de associação do genoma para identificar a base genética da resistência ao begomovírus em espécies do gênero *Phaseolus*.

5 | CONSIDERAÇÕES FINAIS

Marcadores moleculares e citogenéticos apresentaram uma grande importância nos estudos de feijão-fava. No que tange à origem evolutiva e à diversidade genética dessa espécie, as pesquisas corroboram a hipótese de uma origem Andina na época do Pleistoceno e sugerem a existência de dois *pools* gênicos Mesoamericanos (MI e MII) e dois Andinos (AI e AII). A diversidade de feijão-fava, apesar de ser afetada negativamente pela erosão genética, ainda pode ser bastante explorada por estudos filogenéticos usando marcadores moleculares, a fim de descobrir novas variações e desenvolver variedades melhoradas, principalmente no Brasil, que possui um potencial ainda pouco explorado.

A construção de mapas citogenéticos e o sequenciamento do genoma do feijão-fava elucidaram os mecanismos genéticos/genômicos responsáveis pela separação das linhagens de feijão-fava e feijão comum. As aplicações de melhoramento genético forneceram dados para a identificação de genes relacionados à resistência a fatores bióticos e abióticos, além de propor novos meios na identificação dos acessos de feijão-fava mais resistentes.

Diante disso, é necessário dar continuidade a trabalhos utilizando abordagens baseadas em mapas citogenéticos, sequenciamento e marcadores moleculares para identificar genes associados com características de interesse em *P. lunatus*. É necessária, portanto, a preservação dessa diversidade genética em bancos de germoplasma, além de realizar estudos que explorem a diversidade genética do feijão-fava.

REFERÊNCIAS

AGARWAL, G. *et al.* Field screen and genotyping of *Phaseolus vulgaris* against two begomoviruses in Georgia, USA. **Insects**, v. 12, n. 1, p. 49, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/insects12010049>. Acesso em: 22 de jun. 2021.

ALMEIDA, C. C. S. **Mapeamento físico e análise evolutiva em *Phaseolus vulgaris* L. e *P. lunatus* L., utilizando hibridação *in situ* fluorescente (FISH)**. 2006. Tese (Doutorado em Biologia Celular e Molecular) – Faculdade de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2006. Disponível em: <https://repositorio.ufpe.br/handle/123456789/2108>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

ALMEIDA, C.; PEDROSA-HARAND, A. Contrasting rDNA evolution in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) and common bean (*P. vulgaris* L., Fabaceae). **Cytogenetic and Genome Research**, v. 132, n. 3, p. 212-217, 2011. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/21063080/>. Acesso em: 22 de mai. 2021.

ALMEIDA, C.; PEDROSA-HARAND, A. High macro-collinearity between lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) and the common bean (*P. vulgaris* L.) as revealed by comparative cytogenetic mapping. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 126, n. 7, p. 1909-1916, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00122-013-2106-9>. Acesso em: 22 de mai. 2021.

ANDARGIE, M. *et al.* Quantitative trait loci analysis of flowering time related traits identified in recombinant inbred lines of cowpea (*Vigna unguiculata*). **Genome**, v. 56, n. 5, p. 289-294, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1139/gen-2013-0028>. Acesso em: 10 de out. 2021.

ANDUEZA-NOH, R. H.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J.; CHACÓN-SÁNCHEZ, M. I. Domestication of small-seeded lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) landraces in Mesoamerica: evidence from microsatellite markers. **Genetica**, v. 143, n. 6, p. 657-669, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10709-015-9863-0>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

ARABIDOPSIS GENOME INITIATIVE. Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana*. **Nature**, v. 408, n. 6814, p. 796-815, 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/35048692>. Acesso em: 05 de nov. 2021.

ARTEAGA, S. *et al.* Screening for salt tolerance in four local varieties of *Phaseolus lunatus* from Spain. **Agriculture**, v. 8, n. 12, p. 201, 2018. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2077-0472/8/12/201/htm>. Acesso em: 17 de jun. 2021.

AZANI, N. *et al.* A new subfamily classification of the Leguminosae based on a taxonomically comprehensive phylogeny: The Legume Phylogeny Working Group (LPWG). **Taxon**, v. 66, n. 1, p. 44-77, 2017. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.12705/661.3>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

BAUDOIN, J. P. Genetic resources, domestication and evolution of lima bean, *Phaseolus lunatus*. In: GEPTS, P. (ed.). **Genetic resources of Phaseolus bean**. Holland: Kluwer Academic Publishers, 1988. v. 6, p. 393-407. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-94-009-2786-5_16. Acesso em: 22 de mai. 2021.

BERED, F.; NETO, J. F. B.; CARVALHO, F. I. F. Marcadores moleculares e sua aplicação no melhoramento genético de plantas. **Ciência Rural**, v. 27, p. 513-520, 1997. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84781997000300026>. Acesso em: 15 de mai. 2021.

BITOCCHI, E. *et al.* Beans (*Phaseolus* ssp.) as a model for understanding crop evolution. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 722, 2017. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC5420584/>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

BONIFÁCIO, E. M. *et al.* Comparative cytogenetic mapping between the lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) and the common bean (*P. vulgaris* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 8, p. 1513-1520, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00122-012-1806-x>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

BOUKAR, O. *et al.* Genomic tools in cowpea breeding programs: status and perspectives. **Frontiers in plant science**, v. 7, p. 757, 2016. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2016.00757/full>. Acesso em: 10 de out. 2021.

CARNEIRO, M. S.; VIEIRA, M. L. C. Mapas genéticos em plantas. **Bragantia**, v. 61, p. 89-100, 2002. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052002000200002>. Acesso em: 19 jun. 2021.

CARRER, H.; BARBOSA, A. L.; RAMIRO, D. A. Biotecnologia na agricultura. **Estudos Avançados**, v. 24, p. 149-164, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-40142010000300010>. Acesso em: 22 de mai. 2021.

CHACÓN-SÁNCHEZ, M. I.; MARTÍNEZ-CASTILLO, J. Testing domestication scenarios of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Mesoamerica: insights from genome-wide genetic markers. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 1551, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01551>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

CHEN, K. *et al.* CRISPR/Cas genome editing and precision plant breeding in agriculture. **Annual Review of Plant Biology**, v. 70, p. 667-697, 2019. Disponível em: <https://www.annualreviews.org/doi/abs/10.1146/annurev-arplant-050718-100049>. Acesso em: 17 de mai. 2021.

CHÈVRE, AM. *et al.* Cytogenetics, a science linking genomics and breeding: The *Brassica* Model. In: Liu S, Snowdon R, Chalhoub B (eds) **The *Brassica napus* Genome**. Compendium of Plant Genomes. Springer Nature, Switzerland, pp 21–39, 2018. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-319-43694-4_2. Acesso em: 05 de nov. 2021.

DASH, S. *et al.* Legume information system (LegumeInfo.org): a key component of a set of federated data resources for the legume family. **Nucleic acids research**, v. 44, n. D1, p. D1181-D1188, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/nar/gkv1159>. Acesso em: 10 de out. 2021.

DELGADO-SALINAS, A.; BIBLER, R.; LAVIN, M. Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): a recent diversification in an ancient landscape. **Systematic Botany**, v. 31, n. 4, p. 779-791, 2006. Disponível em: <https://sci-hub.ee/10.1600/036364406779695960>. Acesso em: 17 de mai. 2021.

DOHLE, S. **Development of Resources for Lima Bean (*Phaseolus lunatus*) Breeding and Genetics Research**. 2017. Tese (Doutorado em Biologia Vegetal) – Faculdade de Ciências Biológicas, University of California, Davis, 2017. Disponível em: <https://www.proquest.com/openview/2dab14414d90935a5653893bec9ba9cd/1?pq-origsite=gscholar&cbl=18750&diss=y>. Acesso em: 22 de mai. 2021.

DURAN, C. *et al.* Molecular genetic markers: discovery, applications, data storage and visualization. **Current Bioinformatics**, v. 4, n. 1, p. 16-27, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.2174/157489309787158198>. Acesso em: 15 de mai. 2021.

EMBRAPA, **Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária**, 2021. Disponível em: <http://www.cnpaf.embrapa.br/socioeconomia/index.htm>. Acesso em: 09 de nov. 2021.

FAOSTAT, **Statistical database of the Food and Agriculture Organization of the United Nations**, 2020. Disponível em: <http://faostat.fao.org>. Acesso em: 09 de nov. 2021.

FONSÊCA, A.; FERRAZ, M. E.; PEDROSA-HARAND, A. Speeding up chromosome evolution in *Phaseolus*: multiple rearrangements associated with a one-step descending dysploidy. **Chromosoma**, v. 125, n. 3, p. 413-421, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00412-015-0548-3>. Acesso em: 10 de out. 2021.

GARCIA, T. *et al.* Comprehensive genomic resources related to domestication and crop improvement traits in Lima bean. **Nature Communications**, v. 12, n. 1, p. 1-17, 2021. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7846787/>. Acesso em: 22 de mai. 2021.

GIOIA, T. *et al.* Evolution of SSR diversity from wild types to US advanced cultivars in the Andean and Mesoamerican domestications of common bean (*Phaseolus vulgaris*). **PLoS One**, v. 14, n. 1, p. e0211342, 2019. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0211342>. Acesso em: 10 de out. 2021.

GOMES, R. L. F. *et al.* A lima bean core collection based on molecular markers. **Scientia Agricola**, v. 77, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1678-992X-2018-0140>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

GUERRA, M. Patterns of heterochromatin distribution in plant chromosomes. **Genetics and molecular biology**, v. 23, n. 4, p. 1029-1041, 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S1415-47572000000400049>. Acesso em: 10 de out. 2021.

GUERRA M. **Hibridização In Situ: Princípios Básicos. FISH – conceitos e aplicações na citogenética**, 2004. Sociedade Brasileira de Genética, Ribeirão Preto, pp 1–33.

HA, J. *et al.* Integration of the draft sequence and physical map as a framework for genomic research in soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) and wild soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.). **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 2, n. 3, p. 321-329, 2012. Disponível em: <https://academic.oup.com/g3journal/article-abstract/2/3/321/6026048>. Acesso em: 10 de out. de 2021.

IBGE, **Banco de dados agregados: pesquisa: produção agrícola municipal**, 2019. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612>. Acesso em: 26 de jul. de 2021.

IWATA-OTSUBO, A. *et al.* Fluorescence in situ hybridization (FISH)-based karyotyping reveals rapid evolution of centromeric and subtelomeric repeats in common bean (*Phaseolus vulgaris*) and relatives. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, v. 6, n. 4, p. 1013-1022, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1534/g3.115.024984>. Acesso em: 10 de out. 2021.

LIOI, L. Phaseolin diversity in wild Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in American centres of origin. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 43, n. 6, p. 575-579, 1996. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00138834>. Acesso em: 22 de jun. 2021.

LIOI, L.; GALASSO, I. Oligonucleotide DNA fingerprinting revealing polymorphism in *Phaseolus lunatus* L. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 49, p. 53-58, 2002. Disponível em: <https://doi.org/10.1023/A:1013809915096>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

LIOI, L.; RIERGIOVANNI, A. R. Common bean cultivation in the Mediterranean Basin. **Legume Perspect**, v. 10, p. 22-24, 2015.

MACKIE, W. Origin, dispersal, and variability of the lima bean, *Phaseolus lunatus*. **Hilgardia**, v. 15, n. 1, p. 1-29, 1943. Disponível em: <http://hilgardia.ucanr.edu/Abstract/?a=hilg.v15n01p001>. Acesso em: 22 de jun. 2021.

MAQUET, A.; VEKEMANS, X.; BAUDOIN, J. P. Phylogenetic study on wild allies of Lima bean, *Phaseolus lunatus* (Fabaceae), and implications on its origin. **Plant Systematics and Evolution**, v. 218, n. 1, p. 43-54, 1999. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF01087033>. Acesso em: 17 de mai. 2021.

MARTÍNEZ-CASTILLO, J. *et al.* Genetic structure within the Mesoamerican gene pool of wild *Phaseolus lunatus* (Fabaceae) from Mexico as revealed by microsatellite markers: implications for conservation and the domestication of the species. **American Journal of Botany**, v. 101, n. 5, p. 851-864, 2014. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/24778203/>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

MARTÍNEZ-CASTILLO, J.; COLUNGA-GARCÍAMARÍN, P.; ZIZUMBO-VILLARREAL, D. Genetic erosion and *in situ* conservation of Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) landraces in its Mesoamerican diversity center. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 55, n. 7, p. 1065-1077, 2008. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs10722-008-9314-1>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

MARTÍNEZ-NIETO, M. I. *et al.* Resilience capacity assessment of the traditional Lima Bean (*Phaseolus lunatus* L.) landraces facing climate change. **Agronomy**, v. 10, n. 6, p. 758, 2020. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/10/6/758/htm#B22-agronomy-10-00758>. Acesso em: 22 de jun. 2021.

MARTINS, L. V. **Mapeamento comparativo entre espécies de *Vigna savi* e *Phaseolus vulgaris* L. Mediante BAC- e oligo-FISH**. Tese (Doutorado em Genética) – Faculdade de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Pernambuco, Recife, 2020.

MERCADO-RUARO, P.; DELGADO-SALINAS, A. Cytogenetic studies in *Phaseolus* L. (Fabaceae). **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 4, p. 985-987, 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S1415-4757200000400043>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

MHORA, T. T. *et al.* Genotyping-by-sequencing to predict resistance to lima bean downy mildew in a diversity panel. **Phytopathology**, v. 106, n. 10, p. 1152-1158, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1094/PHYTO-02-16-0087-FI>. Acesso em: 22 de mai. 2021.

MORAES, C. S. *et al.* **Catálogo de fava (*Phaseolus lunatus* L.) conservada na Embrapa**. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. 2017. 46p.

MOSCONE, E. A.; LAMBROU, M.; EHRENDORFER, F. Fluorescent chromosome banding in the cultivated species of Capsicum (Solanaceae). **Plant systematics and evolution**, v. 202, n. 1, p. 37-63, 1996.

OLIVEIRA, A. P. *et al.* Produção de feijão-fava em função do uso de doses de fósforo. **Horticultura Brasileira**, v. 22, p. 543-546, 2004. Disponível em: <https://www.scielo.br/hb/a/SN4cpfzY4GGYL5cTFDvRXdX/?lang=pt>. Acesso em: 17 de mai. 2021.

PEDROSA-HARAND, A. *et al.* Cytogenetic mapping of common bean chromosomes reveals a less compartmentalized small-genome plant species. **Chromosome Research**, v. 17, n. 3, p. 405-417, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10577-009-9031-4>. Acesso em: 10 de out. 2021.

PENHA, J. S. *et al.* Estimation of natural outcrossing rate and genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L. var. *lunatus*) from Brazil using SSR markers: implications for conservation and breeding. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, n. 6, p. 1355-1364, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10722-016-0441-9>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

POLANCO, C. *et al.* Construction of a high-density interspecific (*Lens culinaris* x *L. odemensis*) genetic map based on functional markers for mapping morphological and agronomical traits, and QTLs affecting resistance to Ascochyta in lentil. **PloS one**, v. 14, n. 3, p. e0214409, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0214409>. Acesso em: 10 de out. 2021.

RIBEIRO, T. *et al.* Diversity of repetitive sequences within compact genomes of *Phaseolus* L. beans and allied genera *Cajanus* L. and *Vigna Savi*. **Chromosome Research**, v. 28, n. 2, p. 139-153, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10577-019-09618-w>. Acesso em: 10 de out. 2021.

SALGADO, A. G.; GEPTS, P.; DEBOUCK, D. G. Evidence for two gene *pools* of the Lima bean, *Phaseolus lunatus* L., in the Americas. **Genetics Resources and Crop Evolution**, v. 42, p. 15-28, 1995. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/BF02310680>. Acesso em: 22 de jun. 2021.

SCHMUTZ, L. *et al.* A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. **Nature Genetics** v. 46, p.707–713, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/ng.3008>. Acesso em: 05 de nov. 2021.

SCHNEIDER, T. *et al.* Biologia molecular aplicada à ciência das plantas daninhas. **Revista Brasileira de Herbicidas**, v.17, n.1, p.12-24, 2018. Disponível em: <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1092560/1/ID443442018v17n1p12RBH.pdf>. Acesso em: 19 jun. 2021.

SERRANO-SERRANO, M. L. *et al.* Gene *pools* in wild Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: evidences for an Andean origin and past migrations. **Molecular Phylogenetics and Evolution**, v. 54, n. 1, p. 76-87, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2009.08.028>. Acesso em: 20 de mai. 2021.

SOUSA, C. C. *et al.* Genetic map of cotton with molecular markers. **American Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 2, p. 289, 2015. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.4236/ajps.2015.62033>. Acesso em: 17 de mai. 2021.

THE ARABIDOPSIS GENOME INITIATIVE. **Analysis of the genome sequence of the flowering plant *Arabidopsis thaliana***. Nature, v. 408, n. 6814, p. 796-815, 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/35048692>. Acesso em: 10 de out. 2021.

USDA. **United States Department of Agriculture**. 2015. Disponível em: <https://www.usda.gov/>. Acesso em: 10 de out. 2021.

VARSHNEY, R. K. *et al.* More genomic resources for less-studied crops. **Trends in Biotechnology**, v. 28, n. 9, p. 452-460, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2010.06.007>. Acesso em: 10 de out. 2021.

VARSHNEY, R. K.; GRANER, A.; SORRELLS, M. E. Genomics-assisted breeding for crop improvement. **Trends in plant science**, v. 10, n. 12, p. 621-630, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2005.10.004>. Acesso em: 10 de out. 2021.

WANG, C. *et al.* Characterization, development and exploitation of EST-derived microsatellites in *Gossypium raimondii* Ulbrich. **Chinese Science Bulletin**, v. 51, n. 5, p. 557-561, 2006. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1007/s11434-006-0557-y>. Acesso em: 15 de mai. 2021.

ZOLET, A. C. T. *et al.* **Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2017. Disponível em: <https://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/206114/001056131.pdf?sequence=1>. Acesso em: 17 de mai. 2021.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Acetólise 228, 229, 232, 233

Antibiosis 76, 78, 81, 83, 85, 86

Antifungal activity 76, 79, 80, 83, 84, 85, 90, 164, 165, 166, 167, 168, 170, 171, 175, 176, 177, 179, 180, 181

B

Benzofenona 207, 209, 213, 214, 219, 224, 225, 226

Biodiesel 149, 150, 154, 162, 163, 251, 252, 253, 256, 258, 260, 261, 262, 263

C

Câncer 108, 109, 112, 113, 212

Características reprodutivas 183, 185, 199

Células planctônicas 66, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73

Clínica ampliada 114, 115, 116, 122, 123, 124

Combustíveis 154, 251, 252, 262, 263, 264

Covid-19 54, 55, 56, 57, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65

D

Diabrotica speciosa 265, 266, 273, 274

Dislexia 139, 140, 141, 142, 143, 144, 146, 147, 148

Drogadição 39, 42, 44, 52

Drogas 38, 39, 40, 41, 42, 43, 44, 45, 47, 48, 49, 50, 51, 52, 53, 126, 209, 210

Drosophila 183, 184, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 191, 192, 193, 194, 195, 196, 197, 198, 199, 200, 201, 202, 203, 204, 205, 206

E

Electromagnetic fields 93, 94, 95, 103, 104, 105, 106

Enfermedades genéticas 1, 2, 3, 5, 7, 8, 9, 10, 13

Espermatozoide 95, 184, 186, 187, 189, 196, 197

Etanol 109, 149, 155, 156, 157, 159, 160, 161, 162, 163, 188, 251, 252, 253, 254, 256, 257, 260, 261, 262, 263, 264

Eugenesia 1, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 10

F

Fatores de virulência 66, 67, 69

Fusarium graminearum 76, 77, 78, 86, 88, 89, 90, 92, 175, 178

G

Genética 1, 2, 4, 7, 8, 9, 10, 15, 16, 18, 20, 21, 22, 23, 24, 26, 28, 31, 32, 33, 34, 35, 44, 93, 202, 283, 290, 291

Genetics 7, 11, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, 106, 201, 202, 203, 205

H

Hibisco 228, 229, 231, 235

Hibiscus rosa-sinensis L. 228

I

Ingeniería genética 1, 7, 8, 9, 10

Inseticida 270, 275

Interdisciplinaridade 114, 117, 118, 121, 126

Intervenção fonoaudiológica 139, 141, 142, 143, 144, 145, 146

J

Jukart 109

K

K562 108, 109, 112

L

Lactobacillus 164, 165, 166, 175, 176, 178, 179, 180, 181

Leucemia 109

Levantamento taxonômico 237, 242, 247

Linfoma 109

Lipídios 149, 151, 152, 154, 155, 158, 159, 160, 161, 162, 163

M

Madurez sexual 127, 129, 131

Marcadores moleculares 15, 16, 18, 20, 21, 27, 28, 29, 33

Medidas eletrofisiológicas 139, 142

Microalga 149, 150, 151, 152, 156, 159, 160, 161, 163, 215

Micronuclei 94, 95, 97, 98, 101, 104

Mycotoxin 77, 78, 87, 89, 90, 92, 165, 166, 176, 177, 179, 180, 181

O

Octocrileno 207, 209, 213, 216, 217, 219

Óxido nítrico 67, 70, 72

P

Pez león 127, 130, 131, 132, 133, 135, 136, 137

Poluentes 207, 208, 209, 210, 211, 212, 215, 217, 218, 219, 220, 222, 223, 227

Pragas 26, 27, 265, 266, 267, 268, 269, 270, 272, 273, 274, 275

Professors 34, 35, 37

Pterois volitans 127, 128, 133, 134, 138

R

Reforma psiquiátrica 114, 115, 116, 117, 118, 122, 124, 125

Rio São Francisco 236, 238, 241, 242, 248, 249

S

Saccharomyces cerevisiae 76, 77, 78, 86, 87, 88, 89, 92, 178

Sars-Cov-2 54, 55, 61

Scenedesmus 149, 150, 151, 152, 155, 156, 159, 160, 163

Sequenciamento 14, 15, 16, 17, 18, 20, 25, 26, 27, 28

T

Tiazacridínico 107, 109, 110, 111

V

Vacinação 54, 55, 56, 58, 59, 60, 61, 64



2

CIÊNCIAS BIOLÓGICAS:

Gênese na formação multidisciplinar

-  www.atenaeditora.com.br
-  contato@atenaeditora.com.br
-  [@atenaeditora](https://www.instagram.com/atenaeditora)
-  www.facebook.com/atenaeditora.com.br


Ano 2022



2

CIÊNCIAS BIOLÓGICAS:

Gênese na formação multidisciplinar

-  www.atenaeditora.com.br
-  contato@atenaeditora.com.br
-  [@atenaeditora](https://www.instagram.com/atenaeditora)
-  www.facebook.com/atenaeditora.com.br


Ano 2022