

Pré-melhoramento e Melhoramento





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

ACURÁCIA SELETIVA E DIVERSIDADE GENÉTICA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS ELITE DE FEIJÃO-FAVA

Joara Milena da Silva Alves¹; Bruna dos Santos Torres²; Rôzy Maria Almeida Nunes
Carvalho¹; Regina Lucia Ferreira Gomes²; Angela Celis de Almeida Lopes²;
Raimundo Nonato Oliveira Silva¹

²Universidade Federal do Piauí, *Campus* Ministro Petrônio Portella. ¹Universidade Federal do
Piauí, *Campus* Amílcar Ferreira Sobral. *joaramilena2015@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa de ampla relevância social e econômica, principalmente no nordeste brasileiro, sendo parte importante do patrimônio genético e da agrobiodiversidade regional. Contudo, a produtividade ainda é limitada pela carência de genótipos geneticamente superiores e adaptados às condições edafoclimáticas locais. Nesse sentido, a caracterização e a valorização de recursos genéticos adaptados são etapas fundamentais para a sustentabilidade dos sistemas agrícolas. Objetivou-se avaliar o potencial agrônomo e estimar parâmetros genéticos em 16 genótipos de feijão-fava, visando não apenas à seleção de materiais superiores, mas também à identificação de genótipos com valor como recurso genético para as condições de Floriano-PI. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos incompletos do tipo látice parcialmente balanceado, com três repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o início da floração (NDF) e para maturação (NDM), comprimento (CV) e largura da vagem (LV), massa de 100 sementes (M100S), número de vagens por planta (NVPa) e produtividade de grãos (PROD). A análise revelou a existência de expressiva diversidade genética ($p < 0,01$) entre os genótipos para todos os caracteres, o que evidencia o potencial desses materiais como fonte de variabilidade para programas de conservação e uso de recursos genéticos. O delineamento em látice demonstrou superioridade, com ganhos de precisão experimental em comparação a um delineamento em blocos ao acaso, o que foi crucial para o controle da variabilidade ambiental. Essa expressiva redução do erro experimental, atestada pelos baixos coeficientes de variação para caracteres como M100S (4,65%), permitiu que a variação de natureza genética fosse evidenciada, refletindo-se diretamente nas estimativas de herdabilidade de alta magnitude. Para os caracteres-chave, a herdabilidade no sentido amplo (h^2) foi de 96,67% para produtividade de grãos e 98,32% para massa de 100 sementes, indicando forte controle genético e um cenário altamente favorável à seleção. A alta precisão experimental foi confirmada também pela acurácia seletiva, que superou 98% para a produtividade, conferindo confiabilidade na predição dos valores genéticos. Os genótipos PHCAFS23, PHCAFS19 e PHCAFS29 foram os mais promissores para a produtividade de grãos, destacando-se como recursos genéticos valiosos, com alto potencial para compor bancos de germoplasma e programas de melhoramento que visam à resiliência e adaptação.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L.; parâmetros genéticos; látice.

Agradecimentos: CAPES, UFPI, CAFS, CTF



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

AVALIAÇÃO DO TEMPO DE COZIMENTO EM LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.) CULTIVADOS EM DIFERENTES CONDIÇÕES AMBIENTAIS

Laureana Luiza Oliveira da Silva^{1*}; Izabel Cristina Veras Silva¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Veronica Brito da Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. *laureana@ufpi.edu.br.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma das quatro espécies comercialmente exploradas do gênero *Phaseolus*, cultivada em diversas regiões tropicais e subtropicais, incluindo as Américas, África, Ásia e Europa. No Brasil, o cultivo é realizado em quase todo o território nacional, com maior relevância na região Nordeste devido à sua elevada diversidade genética que permite um alto potencial de adaptação a diferentes condições edafoclimáticas. A utilização de seus recursos genéticos por meio de programas de melhoramento é crucial para o desenvolvimento de novas cultivares com atributos agronômicos e qualitativos superiores. Entre os atributos de qualidade demandados pelo mercado e pelos consumidores, o tempo de cozimento destaca-se como caráter fundamental, influenciando diretamente a aceitação do produto, o custo energético do preparo e a digestibilidade. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar o tempo de cozimento de linhagens de feijão-fava, obtidas através de cruzamentos, e selecionar a que apresente o melhor desempenho para este atributo, visando a futura disponibilização de uma nova cultivar para o mercado. Foram avaliadas três linhagens de feijão-fava (H53, H56 e H72), provenientes do Banco Ativo de Germoplasma da UFPI e cultivadas em três ambientes diferentes: Teresina-PI, Várzea Grande-PI e Tianguá-CE. O tempo de cozimento dos grãos foi determinado utilizando-se o cozedor de Mattson. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Houve diferenças significativas entre as linhagens nos três ambientes. As linhagens H53 e H72 apresentaram menor e maior tempo de cozimento, respectivamente. A consistência no desempenho da H53, que ocorreu mesmo com uma forte influência ambiental onde Teresina-PI proporcionou os menores tempos e Várzea Grande-PI os maiores, indica estabilidade e adaptabilidade da linhagem. Isso implica em redução no gasto energético e no tempo de preparo, atendendo a uma exigência do mercado. Portanto, a linhagem H53 consolida-se como um genótipo de grande potencial para o programa de melhoramento, por aliar um atributo agronômico de interesse a um caráter de qualidade fundamental.

Palavras-chave: Cocção; Características tecnológicas; Melhoramento genético.

Agradecimentos: Embrapa, FAPEPI e UFPI.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

CARACTERIZAÇÃO DO EFEITO DO ESTRESSE TÉRMICO NA BIOMETRIA E PIGMENTOS FOLIARES DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO- FAVA

Marcos Vinícius Carvalho de Castro^{1*}; Deivison Borge da Silva Almeida¹; Flavio
Ricardo da Costa Oliveira Santos¹; Carlos Humberto Aires Matos Filho¹; Ângela
Celis de Almeida Lopes¹; Verônica Brito da Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. *castromarcoscarvalho@gmail.com.

A cultura do feijão-fava, com a produção concentrada na agricultura familiar no Nordeste, possui seu cultivo na forma de sequeiro, sem o manejo adequado para o combate aos estresses abióticos, dentre eles o térmico. As folhas são estruturas sensíveis ao calor que quando submetidas a tais condições adquirem deformações estruturais. Assim, objetivou-se caracterizar 16 genótipos de feijão-fava do banco de germoplasma de *Phaseolus* da UFPI quanto ao acúmulo de biomassa, tamanho e distribuição foliar e concentração de pigmentos fotossintéticos diante ao estresse térmico. Para as avaliações biométricas da planta, observou-se as massas fresca e seca da parte aérea, número de folhas, área foliar, grau de suculência e índice de área foliar. A avaliação fisiológica ocorreu a partir da extração de discos foliares e avaliação da clorofila a, b e totais e os carotenoides. Os dados biométricos das folhas foram obtidos a partir da sua coleta e posterior registro, as fotografias foram submetidas ao software R, utilizando o pacote EImage. Os dados seguiram para a análise de variância entre os caracteres fisiológicos e biométricos, utilizando o teste F, a 5% de significância. Em seguida, foi calculada a matriz de correlação de Pearson para avaliação da correlação entre os caracteres. Os resultados da avaliação dos pigmentos revelaram a diversidade do desempenho entre os genótipos na produção e conservação de seus pigmentos, possuindo diferença significativa para os carotenóides e clorofila b, em que a linhagem H94-31, apresentou as maiores médias 1300,86 e 3411,21 ug/g, respectivamente, enquanto que a variedade tradicional UFPI-1356, concentrou as menores médias 377,39 e 1586,56. Na avaliação das variáveis biométricas, as massas seca e fresca revelaram diferenças significativas no seu acúmulo, destacando o H25-58 com 43,44 e 202,49 g, respectivamente. O genótipo UFPI-1356, destacou-se para os caracteres biométricos. Ademais, por meio da correlação de Pearson, não verificou correlação significativa entre as variáveis biométricas e fisiológicas evidenciando uma dissociação entre o crescimento vegetativo e a presença de pigmentos fotossintéticos sob condições de estresse térmico. Assim, verifica-se a presença de variabilidade possibilitando a seleção de genótipos de feijão-fava tolerantes ao estresse térmico.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; altas temperaturas; EImage.

Agradecimentos: Laboratório de recursos genéticos e melhoramento de plantas (RGMP-UFPI); Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI).



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA CULTIVADAS EM DIFERENTES AMBIENTES

Giovana Bezerra França¹; Raissa Matos Monção¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Izabel Cristina Veras Silva¹; Maurisrael de Moura Rocha²

¹Universidade Federal do Piauí. ²Embrapa Meio-norte. *giovanafranca@ufpi.edu.br

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa de grande importância socioeconômica e nutricional, especialmente em regiões do Nordeste brasileiro, onde constitui parte essencial da dieta e da renda de agricultores familiares. A composição físico-química dos grãos é influenciada tanto pelas características genéticas das linhagens quanto pelas condições ambientais de cultivo, o que pode impactar diretamente sua qualidade nutricional. Assim, este trabalho teve como objetivo selecionar linhagens de feijão-fava com características superiores em qualidade nutricional. Foram utilizadas linhagens F6 (H53, H56 e H72), de feijão-fava, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma da UFPI e cultivadas em três ambientes diferentes: Teresina-PI, Várzea Grande-PI e Tianguá-CE. As análises foram realizadas na Embrapa Meio Norte, Teresina, onde se avaliou a composição centesimal, umidade, cinzas, proteínas, lipídios, fibra alimentar, carboidratos totais e valor energético. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5%. Observou-se diferenças significativas ($p < 0,05$ e $P < 0,01$) para efeito de genótipos para umidade, lipídios, proteínas, carboidratos e VET, enquanto houve ausência de diferenças entre os genótipos apenas para os caracteres cinzas e fibra alimentar total, evidenciando a existência de variabilidade genotípica para maiorias dos caracteres analisados. O efeito de ambientes foi variável para a maioria dos caracteres, sendo similares apenas para os caracteres cinzas e carboidratos. A interação genótipo x ambiente foi significativa para a maiorias dos caracteres, não ocorrendo apenas para os caracteres umidade e cinzas, mostrando um comportamento diferencial dos genótipos frente às variações dos ambientes e a necessidade de estudos de adaptabilidade e estabilidade para a identificação dos genótipos mais estáveis frente às condições ambientais de cultivo. Com relação ao comportamento dos genótipos por ambiente, observa-se que os genótipos apresentaram variabilidade para todos os caracteres. Observou-se variação mais alta entre médias dos ambientes para os teores de lipídios, com Várzea Grande apresentando as maiores médias. Os resultados sugerem que as linhagens H53 e H56 apresentaram as maiores médias para os nutrientes avaliados na maioria dos ambientes de teste, o que evidencia que estas linhagens possuem características promissoras e potencial para o melhoramento de feijão-fava voltado à qualidade nutricional.

Palavras-chave: Qualidade nutricional; *Phaseolus lunatus*; Melhoramento

Agradecimentos: Fapepi, CNPQ, Embrapa Meio-norte, UFPI



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

CONTROLE BIOLÓGICO DE FITONEMATOIDES POR DIFERENTES ESPÉCIES DE *Bacillus* spp. NO ACESSO DE FEIJÃO FAVA - BOCA DE MOÇA (1235-UFPI)

Anna Beatriz dos Santos Silva¹; Heriksen Higashi Puerari¹; Maria Eduarda Borges de Lima¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Verônica Brito da Silva¹; Vivian Beatriz Ribeiro de Sousa¹

¹Universidade Federal do Piauí. *annabeatrizsilva@ufpi.edu.br

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa nutritiva e importante fonte de proteína, amplamente cultivada em regiões tropicais, especialmente no Nordeste brasileiro, onde possui também relevância cultural e histórica. Na UFPI, o banco de germoplasma reúne diversos acessos (recursos genéticos) utilizados em estudos voltados ao conhecimento e aprimoramento das características da cultura. A fava é vulnerável a nematoides fitoparasitas como *Pratylenchus* spp. e *Meloidogyne* spp., que parasitam as raízes, comprometem a absorção de nutrientes e causam perdas significativas na produtividade (variando entre 10-80% no caso de *Pratylenchus* em feijoeiro). O controle biológico tem ganhado destaque como estratégia de controle, pela ação de microrganismos antagonistas. Assim, o presente estudo, realizado na Universidade Federal do Piauí (UFPI) entre abril e agosto de 2024, teve como objetivo avaliar o efeito de produtos biológicos comerciais no controle de fitonematoides na cultura do feijão-fava do genótipo boca-de-moça (1235-UFPI). O experimento utilizou delineamento em blocos casualizados com quatro tratamentos: Testemunha não tratada (T1), aplicação de *Bacillus amyloliquefaciens* (T2), combinação de *B. amyloliquefaciens* e *Trichoderma harzianum* (T3) e mistura de *B. amyloliquefaciens*, *B. velezensis* e *B. thuringiensis* (T4), em área experimental de 200 m² e um total de 320 plantas. A coleta de dados incluiu a extração e contagem de nematoides de amostras de solo e raiz em três períodos (antes do plantio, 63 e 126 dias após o plantio), utilizando os métodos de Jenkins (1964) e Coolen; D'Herde (1972). Também foram avaliados os parâmetros reprodutivos, dentre eles o número de dias para o florescimento e aparecimento das vagens, número de vagens por planta, peso de sementes por planta e peso de 100 sementes. Concluiu-se que, nestas condições experimentais, não foram observadas diferenças estatísticas entre os tratamentos e a testemunha, tanto para parâmetros reprodutivos quanto para densidade populacional de nematoides. A única significância observada foi em relação ao fator época (tempo de avaliação), que demonstrou aumento gradual da população de nematoides (*Pratylenchus* spp., *Crictonemella* spp. e *Scutellonema* spp.) ao longo do experimento, o que, no caso de *Pratylenchus* spp., pode estar relacionado à presença do hospedeiro, fase reprodutiva, exsudados radiculares e eficiência dos produtos na cultura.

Palavras-chave: Nematoides das lesões radiculares; Controle biológico; *Phaseolus lunatus* L.;



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

DESEMPENHO AGROINDUSTRIAL DE CLONES DE CANA-DE- AÇÚCAR PROVENIENTES DE ACESSOS DE BANCO DE GERMOPLASMA

Tassiano Maxwell Marinho Câmara^{1*}; Adriane Leite do Amaral¹; Lizz Kezzy de
Morais².

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros. ²Embrapa Hortaliças. *tassiano.camara@embrapa.br.

Os bancos ativos de germoplasma (BAGs) conservam grande variabilidade genética disponível para uso, mas, muitas vezes pouco exploradas no desenvolvimento de ativos, principalmente quando esses BAGs não estão diretamente ligados a um programa de melhoramento genético ativo. O trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho agroindustrial de clones oriundos de acessos de cana-de-açúcar conservados no Banco Ativo de Germoplasma do Complexo Saccharum (BAGCana) da Embrapa Tabuleiros Costeiros. Foram utilizadas três testemunhas (SP 791011, RB 92579 e Vertix 1) e dois clones (110 e 210), selecionados de um total de 357 seedlings obtidos por polinização aberta dos acessos do BAGCana. Os clones avaliados correspondem a uma segunda fase de seleção (FT2) de programas clássicos de melhoramento da cana-de-açúcar. O experimento foi instalado no município de São Miguel dos Campos-AL, em 16 de julho de 2020. O plantio foi realizado utilizando-se mudas pré-brotadas de dois meses de idade. O delineamento adotado foi o de blocos casualizados com seis repetições. As parcelas foram constituídas de duas linhas de 4 m de comprimento e 2 m de espaçamento entre linhas, com 12 mudas plantadas por parcela. A colheita foi realizada em 29 de novembro de 2021. Foram coletados os dados de número de perfilhos por m² (NP), altura de planta (AP, m), vigor das plantas (V), °Brix (Brix, %), diâmetro do colmo (DC, cm), tonelada de cana por hectare (TCH, t.ha⁻¹), Pol (teor de sacarose aparente) do caldo (S, %), pureza do caldo (Q, %), açúcares redutores do caldo (AR, %), teor de fibra (F, %) e açúcar total recuperável (ATR, kg.ton⁻¹). Na análise de variância foram constatadas diferenças significativas para todas as características avaliadas. Na comparação de médias pelo teste de Scott & Knott a variedade Vertix 1 se destacou quanto aos valores das características agrônomicas NP, AP e V. O maior valor de DC foi obtido para o clone 110. Os maiores valores de TCH foram observados para Vertix 1 (196 t.ha⁻¹) e RB 92579 (171 t.ha⁻¹), diferindo dos demais genótipos. Em geral, para as características relacionadas à qualidade da biomassa, o teste agrupou os genótipos SP 791011, RB 92579, clones 110 e 210 como de melhor desempenho, diferindo de Vertix 1. Verifica-se potencial genético no BAGCana com possibilidade de uso desses recursos como fonte de germoplasma na geração de populações segregantes e desenvolvimento de novas cultivares.

Palavras-chave: *Saccharum*; Cultivares; Pré-melhoramento.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA COM HÁBITO DE CRESCIMENTO INDETERMINADO ESTIMADO POR MODELOS MISTOS

Heyd Yohana Angelo Portela¹; Letícia Santos de Oliveira¹; Francisco Wellington Lima Sousa¹; Verônica Brito Silva¹; Carlos Humberto Aires Matos Filho¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹.

¹Universidade Federal do Piauí. *heyhana18@gmail.com¹.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), de importância econômica e nutricional, é estudado no Programa de Melhoramento da Universidade Federal do Piauí, com o objetivo de desenvolver linhagens superiores quanto às características morfoagronômicas. Os recursos genéticos são fundamentais nesse processo, pois oferecem a variabilidade necessária para selecionar genótipos superiores, prever ganhos genéticos e direcionar o programa de melhoramento para diferentes ambientes. Este trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho agronômico de linhagens F₅ e F₈ de feijão-fava com hábito de crescimento indeterminado, por meio da aplicação de modelos mistos, visando subsidiar a seleção de genótipos superiores para programas de melhoramento genético. O experimento foi realizado no Departamento de Fitotecnia (CCA), avaliando quatro linhagens de porte indeterminado geração F₅ (H68, H90, H20) e geração F₈ (H72) em delineamento experimental em blocos casualizados em quatro repetições, a parcela útil possuindo 12 plantas, espaçadas com 0,7 m entre plantas e 2,0 m entre fileiras. Os caracteres foram avaliados com base nos descritores para *Phaseolus lunatus* L., sendo a análise realizada por meio do software SELEGEN. Segundo a herdabilidade média das linhagens, as características tiveram maiores herdabilidades para número de grãos por vagem (0,88%), número de vagem (0,85%). A linhagem H72, se mostrou superior para NDIF e produção (PROD), a linhagem H68 revelou superioridade quanto ao comprimento de vagem, número de grãos por vagem (NGV) e NV. Quanto à linhagem H90 possuiu uma maior média para massa de cem grãos (MCG), e PROD. A metodologia REML/BLUP foi eficiente na estimação dos parâmetros genéticos em predição de ganho nas linhagens F₈ e F₅ de feijão-fava de porte indeterminado. Observou-se variações genéticas maiores para os caracteres número de dias para maturação, produção e número de vagem, indicando a possibilidade de êxito na transmissão desses caracteres para as próximas gerações. As populações com destaques foram a H72 que possuiu ciclos precoces, número de vagem, número de grãos por vagem e produção e a H90 para a produção, massa de cem grãos, número de dias para maturação e número de dias para início de floração.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; Parâmetros; Ganhos genéticos.

Agradecimentos: A Universidade Federal do Piauí pela bolsa PIBIC CNPq/UFPI e Laboratório de Recursos Genético e Melhoramento de Plantas.





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFPI

João Pedro Souza Lima^{1*}; Regina Lúcia Ferreira Gomes¹; Vanessa Gomes de Moura¹; Verônica Brito da Silva¹; João Vitor Moraes Sousa¹; Carlos Humberto Aires Matos Filho¹.

¹Universidade Federal do Piauí. *Souzalimaj60@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa importante em regiões tropicais e subtropicais, com alto teor proteico e aminoácidos essenciais. No entanto, sua produtividade média é baixa. Isso ocorre, principalmente, devido ao uso de variedades tradicionais de crescimento indeterminado e à falta de cultivares geneticamente melhoradas. Estimar a diversidade genética presente nas variedades tradicionais como base para o desenvolvimento de linhagens superiores é fundamental. Este trabalho teve como objetivo a seleção de linhagens de feijão-fava do banco de germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (UFPI) que apresentem maior produtividade e padrão comercial, visando ao lançamento de novas cultivares. O ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU) foi conduzido no município de Francinópolis-PI, em delineamento de blocos ao acaso com três repetições e 16 tratamentos com 14 linhagens avançadas e duas variedades tradicionais testemunhas. Foram mensurados descritores morfológicos, caracteres agronômicos e parâmetros de produtividade, sendo os dados submetidos à análise de variância, teste de Scott-Knott e análise multivariada. A análise de variância revelou uma ampla variabilidade genética entre os genótipos, com uma visível diferenciação entre as variedades tradicionais e as linhagens melhoradas. As testemunhas VG5 e UFPI 1256, destacaram-se em caracteres de qualidade, apresentando grãos e vagens com maior comprimento, largura e peso. Dentre elas, H25-57, H81-32 e H25-56 foram os grandes destaques, com produtividades que ultrapassaram 1.000 kg/ha. Esse rendimento elevado foi diretamente associado a um número significativamente maior de vagens por planta. A linhagem H25-57 teve maior destaque em produtividade geral (1603,22 Kg/ha). O dendrograma isolou as variedades VG5 e UFPI 1256, distintas pela qualidade de sementes, enquanto as linhagens híbridas formaram subgrupos relacionados por diferentes caracteres, como produtividade e tamanho de sementes. Conclui-se que o programa de melhoramento da UFPI apresenta potencial para disponibilizar cultivares de feijão-fava adaptadas às condições do semiárido piauiense, capazes de indicar alta produtividade, qualidade comercial e estabilidade agronômica.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*, Seleção, análise multivariada

Agradecimentos: UFPI, CNPq.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI COM BASE EM DESCRITORES DA SEMENTE

Mariana Gomes Adriano^{1*}; Benedito Inácio de Abreu Neto²; Kaesel Jackson
Damasceno-Silva²; Maurisrael de Moura Rocha²

¹Universidade Federal do Piauí. ²Embrapa Meio-Norte. *marianagomes@ufpi.edu.br.

O feijão-caupi é uma das leguminosas de maior importância para a população das regiões Norte de Nordeste do Brasil, atuando como fonte de proteínas, minerais, vitaminas e compostos bioativos, bem como gerador de emprego e renda para milhares de pessoas. As características da semente como cor, forma, tamanho, brilho e textura são determinantes do valor comercial do grão. Assim, investigar a variabilidade genética de acessos dos bancos de germoplasma para as características físicas do grão é de suma importância para o pré-melhoramento e o melhoramento visando a qualidade comercial do grão, um dos objetivos dos programas de melhoramento do feijão-caupi. O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre acessos de feijão-caupi com base em caracteres relacionados à semente. Foram avaliados 234 acessos de feijão-caupi em condições de telado, sem repetições, no campo experimental da Embrapa Meio-Norte em Teresina Piauí, no ano de 2024, sob condição irrigada. Foram utilizados dez descritores da semente: número de cores da semente, cor primária da semente, presença de hilo na semente, cor do anel do hilo da semente, cor da membrana do hilo da semente, textura da semente, brilho da semente, forma da semente, peso de 100 grãos da semente (tamanho) e classe comercial da semente, segundo os descritores do feijão-caupi propostos pelo Bioversity International. A partir dos dados, realizou-se uma análise de dissimilaridade como variáveis multicategóricas. Utilizou-se como medida de dissimilaridade a distância euclidiana média. A partir das distâncias, o agrupamento dos genótipos foi realizado pelo método de otimização de Tocher. O método de Tocher agrupou os acessos em 10 grupos: 1 (141 acessos), 2 (24 acessos), 3 (28 acessos), 4 (14 acessos), 5 (8 acessos), 6 (8 acessos), 7 (7 acessos), 8 (2 acessos), 9 (1 acesso) e 10 (1 acesso). Com base na divergência evidenciada pelo agrupamento de Tocher, recomenda-se cruzamentos entre acessos pertencentes a grupos divergentes (Exemplo: acessos do grupo 1 x acessos dos grupos 7, 8, 9 ou 10), associando cor, formato, brilho, textura e tamanho aceitáveis pelo mercado e consumidor, o que aumentará a probabilidade de gerar populações com ampla segregação, a seleção de linhagens superiores aos parentais em gerações posteriores e o desenvolvimento de cultivares de feijão-caupi com alta qualidade comercial do grão.

Palavras-chave: *Vigna unguiculata*; diversidade genética, qualidade de grão.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte e UFPI.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

EFEITO DAS VARIÁVEIS CLIMÁTICAS SOBRE HIBRIDAÇÕES ENTRE ACESSOS DE *Capsicum annuum* L.

Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos^{1*}; Marcos Vinicius Carvalho de Castro¹;
Deivison Borge da Silva Almeida¹; Carlos Humberto Aires Matos Filho¹, Regina Lúcia
Ferreira Gomes¹, Jardel Oliveira Santos¹

¹Pós-graduação em Agronomia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Piauí,
*flavioricardo@ufpi.edu.br

No gênero *Capsicum*, espécies do mesmo complexo gênico compartilham características genéticas e reprodutivas que permitem a obtenção de híbridos, todavia as condições ambientais e as estratégias aplicadas na condução dos cruzamentos artificiais também possuem papel decisivo no sucesso das hibridações. Assim, objetivou-se avaliar a relação entre variáveis meteorológicas com a taxa de pegamento em cruzamentos de *Capsicum annuum* L. sob ambiente protegido. As hibridações foram realizadas com nove genótipos de *C. annuum* provenientes do Banco Ativo de Germoplasma *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI), durante os meses de agosto e setembro de 2025, no Departamento de fitotecnia, CCA/UFPI. As plantas foram cultivadas em vasos plásticos (2,8 L) e submetidas a cruzamentos controlados, totalizando 122 hibridações. As emascações foram conduzidas em flores em pré-antese entre 16:00 e 18:30h, e as polinizações artificiais na manhã seguinte até às 11:45h. Os dados de temperatura e radiação foram obtidos da estação meteorológica Ciclus-CCA-Fitotecnia (ITERES26). A temperatura média variou entre 26,2 e 35°C, e a radiação solar de 34 até 150W/m² durante a emascação, e de 26,2 a 29,1°C, e 37 a 150 W/m² durante a polinização, entre os acessos avaliados. Os maiores percentuais de pegamento foram observados nos acessos GEN 40 (23,07%), BAGC 257 (11,11%) E GEN 168 (11,11%). De modo geral, os cruzamentos com melhor desempenho ocorreram em condições de temperaturas mais amenas (27-30°C) e radiação moderada (até 400 W/m²), geralmente entre 7:00 e 9:30h. Em contrapartida, as temperaturas superiores a 32°C e radiações acima de 600 W/m², registradas após as 10:00h, resultaram em maiores taxas de abortamentos florais e menor sucesso de fecundação e desenvolvimento de frutos. As hibridações em *Capsicum annuum* L. em ambiente controlado devem ser realizadas entre 07:00 e 09:30h da manhã, sob temperaturas estáveis (27-30°C) e radiação solar até 400 W/m², reforçando a importância do conforto térmico e da escolha do horário de polinização em programas de melhoramento.

Palavras-chave: *Capsicum*; hibridação; clima.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI), ao Grupo de Pesquisas em Genética e Recursos Genéticos Vegetais com potencial Ornamental (GENEAL) e ao Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas (RGMP/UFPI).



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

EFEITO DA ENXERTIA EM PORTA-ENXERTOS RESISTENTES A *Meloidogyni incognita* NA MORFOLOGIA DE PLANTAS DE MELÃO AMARELO

Ruth Mainá Penha da Silva¹; Camila de Souza Alves¹; Adriano Ferreira Martins¹;
Bruno Vieira Dantas; Edicleide Macedo da Silva, Glauber Henrique de Sousa Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido UFRSA. *rmayna1209@gmail.com.

A enxertia tem sido uma prática eficaz para reduzir efeitos bióticos, como a ocorrência de nematoides, e abióticos, como estresse hídrico e salino, em hortaliças. Este trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da enxertia de híbridos de melão amarelo em porta-enxertos resistentes a *Meloidogyne incognita* sobre a morfologia das plantas. O experimento foi conduzido em casa de vegetação na UFRSA em 2024. Foram utilizados como porta-enxertos resistentes os acessos de meloeiro AC-09 e AC-51, e como enxertos os híbridos suscetíveis H1 e H2, totalizando oito tratamentos. Adotou-se o delineamento em blocos casualizados, com cinco repetições e quatro plantas por parcela. Quando as plantas de meloeiro atingiram dois metros, foram realizadas as seguintes avaliações biométricas com o auxílio de paquímetro digital: diâmetro do porta-enxerto a um cm abaixo do local da enxertia; diâmetro do porta-enxerto no local da enxertia e diâmetro do enxerto a um cm acima do local da enxertia. Após a colheita dos frutos, foram avaliadas a massa fresca total (MFT) e a massa seca total (MST) das plantas. Foi realizada a análise de contrastes utilizando o teste t de Student, com nível de significância de 5%, para comparar as médias dos tratamentos que envolvem os pés francos dos enxertos e as diferentes combinações de enxertia, sendo definidos os contrastes. As análises foram realizadas no software R Studio. O híbrido H1 apresentou maiores diâmetros no ponto e abaixo da enxertia em plantas enxertadas quando comparadas ao pé franco. Já para o híbrido H2, verificou-se maior diâmetro acima da enxertia em pé franco. No entanto, para o diâmetro no ponto da enxertia, a maior média foi observada em plantas enxertadas. A massa fresca e a massa seca total foram maiores em plantas de pé franco. Verificou diferenças entre a enxertia e a autoenxertia para os diâmetros abaixo, acima e no ponto de enxertia. Por outro lado, a enxertia proporcionou maior matéria fresca e seca quando comparada com a autoenxertia. A resposta morfológica à enxertia é dependente da combinação genética entre copa e porta-enxerto. A escolha adequada desses materiais pode promover maior crescimento, melhor estrutura e, em determinadas situações, desempenho semelhante ou superior ao pé-franco.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L., Compatibilidade, Acessos.

Agradecimentos: Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFRSA, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPQ.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

FAMÍLIA GÊNICA ACO EM *Solanum lycopersicum*: IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA ESTRUTURAL

Dalzearia da Silva Oliveira^{1*}; Izamara da Silva de Oliveira¹; Cleylton Conceição dos Santos¹; Jesuino da Silva Costa Martins¹; Artemisa Nazaré Costa Borges Martins¹

¹Instituto Federal do Maranhão Campus Buriticupu. *dalzearia.o@acad.ifma.edu.br.

O etileno (ET) é um fitormônio gasoso que desempenha papel crucial nas respostas vegetais a estresses abióticos. Sua biossíntese ocorre por uma via enzimática de três etapas, na qual a enzima ACC oxidase (ACO) catalisa a reação final e atua como reguladora chave do processo. Apesar da importância do ET na resposta vegetal a estresses, a compreensão detalhada dos genes envolvidos em sua biossíntese em espécies do gênero *Solanum* ainda é limitada. Esse estudo propôs realizar uma análise abrangente dos genes da família ACO em todo o genoma de *Solanum lycopersicum* (tomate). Para tanto, foi realizada a identificação a nível de todo o genoma, caracterização estrutural, classificação e identificação de motivos conservados de genes ACO nessa espécie, por meio de análises *in silico* com base em uma variedade de ferramentas de bioinformática. Foram identificados seis genes da família ACO em tomate (SIACO1 - SIACO6), classificados em três subfamílias (Tipos I, II e III), de acordo com a similaridade de sequências com *Oryza sativa* (OsACO) e *Musa acuminata* (MaACO). Essa classificação foi sustentada pelo padrão estrutural de éxons/íntrons e pela conservação de motivos, sendo que as subfamílias Tipo I e Tipo III apresentam três íntrons, enquanto a Tipo II possui dois. O alinhamento múltiplo revelou 19 resíduos-chave potencialmente críticos para a atividade enzimática. Entre eles, destacam-se os sítios de ligação ACO/bicarbonato/ascorbato, incluindo Arg-247 e Ser-249, que compõem o motivo conservado RXS em todos os membros SIACO. As proteínas SIACO Tipo I apresentaram o motivo conservado RMS; as SIACO do Tipo II, RL/IS; e as SIACO do Tipo III, RRS. Além disso, os sítios de ligação ao cofator Fe (II) mostraram-se conservados, consistindo em dois resíduos histidina (His-179 e His-237) e um grupo carboxilato (Asp-181), presentes em todos os membros SIACO e fundamentais para a ligação de ACC às enzimas ACO. Assim, este estudo, apresenta a primeira identificação e caracterização dos genes SIACO em todo o genoma de *S. lycopersicum*, e fornece candidatos para futuras investigações de expressão gênica sob diferentes condições de estresse abiótico, como déficit hídrico. Esses genes poderão contribuir para o melhoramento genético visando tolerância à seca em *Solanum* por meio da aplicação de ferramentas biotecnológicas.

Palavras-chave: Estresse; Genômica vegetal; Etileno

Agradecimentos: Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa e ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão (FAPEMA) e ao Instituto Federal do Maranhão Campus Buriticupu.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

FAMÍLIA GÊNICA NBS-LRR EM *Solanum lycopersicoides*: IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA ESTRUTURAL

Cleilton Conceição dos Santos^{1*}; Izamara da Silva de Oliveira²; Dalzearia da Silva Oliveira³; Jesuino da Silva Costa Martins⁴; Artemisa Nazaré Costa Borges Martins⁵

¹Instituto Federal do Maranhão Campus Buriticupu. * cleilton.s@acad.ifma.edu.br.

Os genes NBS-LRR são a principal classe de genes de resistência (*R*) em plantas, atuando como receptores intracelulares que ativam a imunidade desencadeada por efetores (ETI). Esses genes são essenciais na defesa contra patógenos, já documentado em *Solanum lycopersicoides*, espécie selvagem de tomate que se destaca como importante recurso genético, uma vez que é imune e/ou resistente a infecção por diversos patógenos. Esta pesquisa teve como objetivo identificar e caracterizar os genes *NBS-LRR* (*SlydNBS-LRR*) no genoma de *S. lycopersicoides*, por meio de análises e ferramentas de bioinformática. Inicialmente, foram identificados os genes *SlydNBS-LRR* em todo o genoma, seguido de alinhamentos múltiplos para identificação de domínios conservados e análise fenética. Caracterizou-se 351 genes da família NBS-LRR, distribuídos nos 12 cromossomos de *S. lycopersicoides* (*SlydNBS-LRR-1* a *SlydNBS-LRR-351*). O alinhamento múltiplo e a análise de motivos conservados revelaram cinco regiões conservadas no domínio NBS (*P-loop*, *Kinase-2*, RNBS-B, GPL e RNBS-D), que apresentaram diferentes padrões de conservação entre e dentro das subclasses. Os motivos *P-loop* e *Kinase-2* mostraram alta conservação tanto dentro de cada subclasse quanto entre as subclasses. Por outro lado, o motivo RNBS-B apresentou diferenças claras entre as subclasses, embora manteve-se conservado dentro de cada subclasse. Os motivos GLPL e RNBS-D, por sua vez, exibiram diferenças tanto entre as subclasses quanto dentro de cada subclasse. Os resultados demonstram que nem todos os genes apresentam os domínios típicos nas regiões N-terminal e C-terminal, sugerindo diversidade estrutural. A análise fenética possibilitou a classificação dos genes em duas subclasses: 57 genes do tipo *TIR-NBS-LRR* e 170 genes do tipo *CC-NBS-LRR*, a topologia da árvore fenética foi suportada pela conservação de motivos. Este trabalho constitui a primeira caracterização a nível de todo o genoma da família gênica NBS-LRR em *S. lycopersicoides* e fornece subsídios para futuras pesquisas experimentais, especialmente no contexto do melhoramento genético do tomate e no desenvolvimento de cultivares mais resistentes a patógenos.

Palavras-chave: Estresse biótico; Genômica vegetal; Genes R

Agradecimentos: Os autores agradecem à Fundação de Amparo à Pesquisa e ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão (FAPEMA) pela concessão da bolsa de iniciação científica e ao Instituto Federal do Maranhão Campus Buriticupu.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE HÍBRIDOS INTERGENÉRICOS DE MAMOEIRO ENTRE DOIS ACESSOS DO BAG MAMÃO DA EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA

José Augusto da Silva Santos¹; Juliana da Silva Lopes Pereira¹; Hellen Cristina da
Paixão Moura¹; Diego Fernando Marmolejo Cortes¹; Carlos Alberto da Silva Ledo²;
Fernanda Vidigal Duarte Souza²

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, Bahia. *asilvasantos253@gmail.com.

A germinação de sementes de híbridos intergenéricos entre *Carica papaya* e *Vasconcellea quercifolia* representa um dos principais desafios nos programas de melhoramento para obtenção de genótipos de mamoeiro resistentes ao vírus da mancha anelar (PRSV). A baixa viabilidade e dormência das sementes de híbridos interespecíficos dificultam o avanço das gerações subsequentes, exigindo tratamento de sementes ou técnicas de cultura de tecidos. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da giberelina na germinação de sementes de híbridos intergenéricos obtidos entre os acessos BGCA L78 (*Carica papaya*) e BGCA 259 (*Vasconcellea quercifolia*). O experimento foi conduzido no Laboratório de Sementes da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Os híbridos intergenéricos foram obtidos por meio de cruzamentos controlados entre *C. papaya* e *V. quercifolia*, utilizando-se os seguintes tratamentos aplicados aos estigmas no momento da polinização: i) solução de sacarose a 5%; ii) 5% de sacarose + 0,5% de ácido bórico; iii) 5% de sacarose + 0,5% de cloreto de cálcio; e um controle, sem aplicação de solução. Quatro meses após a polinização os frutos foram colhidos, e as sementes extraídas, lavadas e secas à temperatura ambiente. Foram utilizadas 160 sementes híbridas submetidas a dois tratamentos: com e sem giberelina (1000 mg L⁻¹) imersas por 30 minutos. No tratamento sem giberelina, as sementes foram imersas apenas em água destilada. Posteriormente as sementes foram colocadas em papel Germitest umedecido e mantidas em BOD a 25 °C. A contagem da germinação foi realizada diariamente, e a porcentagem final de germinação foi avaliada aos 30 dias. Na ausência de giberelina, a germinação foi praticamente nula, exceto no tratamento com 5% de sacarose + 0,5% de cloreto de cálcio (10%). Com a aplicação de giberelina, observou-se aumento significativo da germinação em todos os tratamentos, destacando-se as sementes obtidas pelo tratamento com solução de 5% de sacarose (75%), seguida por 5% de sacarose + 0,5% de ácido bórico (25%) e 5% de sacarose + 0,5% de cloreto de cálcio (15%). A aplicação de giberelina é essencial para a promoção da germinação de sementes de híbridos intergenéricas entre *C. papaya* e *V. quercifolia*. E auxilia no avanço de geração em programas de melhoramento

Palavras-chave: Mamoeiro; Porcentagem de germinação; Hormônio

Agradecimentos: CAPES, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

IDENTIFICAÇÃO GENÔMICA E CARACTERIZAÇÃO *in silico* DE GENES DA FAMÍLIA ACS EM *Solanum lycopersicum* E SEU PARENTE SELVAGEM TOLERANTE À SECA, *S. pennellii*

Izamara da Silva de Oliveira^{1*}; Dalzearia da Silva Oliveira¹; Cleylton Conceição dos Santos¹; Jesuino da Silva Costa Martins¹; Adriano Freire Pereira¹; Artemisa Nazaré Costa Borges Martins¹

¹Instituto Federal do Maranhão Campus Buriticupu. *izamarasilva@acad.ifma.edu.br

O etileno (ET) é um fitormônio envolvido na regulação de diversos processos biológicos relacionados à tolerância à seca em plantas. A via de biossíntese desse fitormônio já foi bem elucidada, sendo três enzimas responsáveis pela sua síntese, a saber: *S-adenosylmethionine synthetase* (SAM synthetase); *1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase* (ACS); e *1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase* (ACO), sendo as duas últimas consideradas enzimas limitantes da taxa de ET. Embora os genes que codificam para enzimas ACS tenham sido relatados em várias plantas, estudos envolvendo a compreensão dessa via em espécies do gênero *Solanum* L., são, contudo, escassos. Diante disso, o presente estudo teve como objetivo realizar a identificação e caracterização dos genes ACS nos genomas de *S. lycopersicum* (tomate) e *S. pennellii*, um parente selvagem tolerante à seca. Para tanto, foi realizada a identificação a nível de todo o genoma, caracterização estrutural, classificação e identificação de motivos conservados de genes ACS nessas duas espécies, por meio de diferentes análises de bioinformática. Foram caracterizados 14 genes ACS em *S. lycopersicum* (SIACS) e 15 em *S. pennellii* (SpACS). Os genes SIACS e SpACS foram classificados em quatro subfamílias (Tipo-I, Tipo-II, Tipo-III e Tipo-AT), de acordo com a similaridade de sequências de proteínas ACS, suportadas pela conservação de motivos e padrões estruturais de éxon/intron. A análise de motivos mostrou que todos os membros das duas espécies compartilham sete domínios conservados (BOX1–BOX7), sugerindo alta conservação funcional. Os resultados desta pesquisa fornecem subsídios teóricos para futuros estudos de genômica funcional e biologia molecular voltados à compressão das bases genéticas subjacentes à tolerância à seca e potenciais implicações na adaptação evolutiva de *Solanum* a esse estresse abiótico.

Palavras-chave: etileno; bioinformática; estresse hídrico

Agradecimentos: Os autores agradecem o apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa e ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico do Maranhão (FAPEMA) pela concessão da bolsa de iniciação científica e ao Instituto Federal do Maranhão Campus Buriticupu.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

INFLUÊNCIA DAS CONDIÇÕES CLIMÁTICAS NO SUCESSO DE AUTOFECUNDAÇÃO EM *Capsicum annuum* L.

Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos^{1*}; Raimundo Nonato Oliveira Silva¹;
Verônica Brito da Silva¹; Regina Lúcia Ferreira Gomes¹, Jardel Oliveira Santos¹

¹Pós-graduação em Agronomia, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Piauí,
*flavioricardo@ufpi.edu.br

A obtenção de linhagens puras, e consequentemente a manutenção da homogeneidade dos caracteres ao longo das gerações em *Capsicum annuum* L é naturalmente atingida, em decorrência da espécie compartilhar características que identificam o sistema reprodutivo de autogamia como o mais prevalente, como por exemplo, a monoiccia e o hermafroditismo das flores. Deste modo, objetivou-se avaliar as taxas de pegamento dos frutos obtidos por autofecundação em *Capsicum annuum* L. conduzidas sob ambiente protegido. As autofecundações foram conduzidas com nove acessos provenientes do Banco Ativo de Germoplasma *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC/UFPI), durante os meses de julho e agosto de 2025, no Departamento de Fitotecnia (CCA/UFPI). As plantas foram cultivadas em vasos plásticos (2,8 L) e submetidas a autofecundação protegidas com cola branca (PVA), totalizando 90 autofecundações. Os dados de temperatura e radiação foram obtidos da estação meteorológica Ciclus-CCA-Fitotecnia (ITERES26). As autofecundações foram realizadas no período da tarde entre 16:00 e 17:34h, sob temperaturas variando de 34,9 a 36,7 °C e radiação solar inferior a 100 W/m². Em pré-antese, as flores foram protegidas com cola branca, de modo a impedir a abertura das pétalas e evitar polinizações cruzadas durante a antese. A identificação de genótipos com diferentes padrões de respostas frente às alterações climáticas são úteis para programas de melhoramento genético e conservação de recursos genéticos de *Capsicum*. As taxas de pegamento sob ambiente protegido, variou entre 50% (BAGC 259 x BAGC 259), 44,4% (BAGC 224 x BAGC 224), 38,5% (BAGC 260 x BAGC 260), 35,7% (BAGC 199 x BAGC 199), 30% (BAGC 257 x BAGC 257), 7,1% (GEN 168 x GEN 168), e nula para os acessos BAGC 203, GEN 40 e GEN 75. As maiores taxas ocorreram sob temperaturas entre 36,2 e 36,4 °C, e radiação de 53 a 88 W/m², condições associadas a estabilidade térmica e menor abortamento floral. A maior taxa de pegamento de frutos obtida por autofecundações ocorreu entre o acesso BAGC/UFPI 259. As condições do ambiente protegido provocaram alterações nas taxas de pegamento de frutos, desde valores nulos (BAGC 203, GEN 40 e GEN 75) até a eficiência de 50% na taxa de pegamento (BAGC 259) entre *Capsicum annuum* L.

Palavras-chave: *Capsicum*; autofecundação; temperaturas.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI), ao Grupo de Pesquisas em Genética e Recursos Genéticos Vegetais com potencial Ornamental (GENEAL) e ao Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas (RGMP/UFPI).



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento.

LEVANTAMENTO DAS ESPÉCIES DE PASSIFLORACEAE NA REGIÃO SUL DO MARANHÃO

Ávila Stéfany Mota de Oliveira^{1*}; Laysa Regina Leite Alves¹; Luís Eduardo da Silva¹;
Ana Carolina de Assis Dantas¹; Maurício Eduardo Chaves Silva¹.

¹Instituto Federal do Maranhão; *avila.stefany@acad.ifma.edu.br.

O Brasil destaca-se como o maior produtor e centro de diversidade do maracujá, especialmente do gênero *Passiflora*, que reúne espécies de importância ecológica e socioeconômica. Dentre elas, o maracujá do mato apresenta ampla adaptação e variabilidade morfológica, sendo promissor para o uso em programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi realizar o levantamento florístico de Passifloraceae em municípios do sul do Maranhão, visando ampliar o conhecimento sobre a diversidade dessa espécie na região. A pesquisa foi conduzida em fragmentos do bioma Cerrado, nos municípios de São Raimundo das Mangabeiras, Riachão, Formosa da Serra Negra e Fortaleza dos Nogueiras. Foram realizadas coletas de estruturas vegetativas e reprodutivas, georreferenciadas via GPS, prensadas originando exsiccatas, todas as amostras foram analisadas com chaves taxonômicas para confirmação da espécie, em seguida cadastradas no SisGen (A9957FC). Para caracterização dos frutos, avaliaram-se coloração da casca, formato, diâmetro, comprimento, espessura da casca, massa fresca e coloração da polpa. Para identificação taxonômica foram utilizados chaves taxonômicas, pesquisas bibliográficas e aplicativos. Foram coletados 26 frutos, com peso variando de 8 a 46 g, diâmetro entre 2,5 e 4 cm e comprimento de 3,5 a 6 cm. Predominaram frutos oblongos (25 unidades), de casca laranja (21), amarela (5) e polpa amarela (15) e branca (8). A espessura média da casca variou de 0,5 a 1 cm. Após análise morfológica e confirmação taxonômica, todas as amostras foram identificadas como *Passiflora laurifolia* L., espécie com elevada variabilidade fenotípica decorrente de fatores genéticos e ambientais. Os resultados evidenciam a importância da caracterização morfológica como ferramenta para identificação botânica e conservação de recursos genéticos regionais. A confirmação de que todas as amostras coletadas pertencem à espécie *Passiflora laurifolia* L. demonstra a ampla adaptação dessa frutífera às condições locais do Cerrado, reforçando seu potencial para uso econômico e conservação da biodiversidade regional. Dessa forma, o estudo contribui para o conhecimento taxonômico da espécie e destaca o valor das análises morfológicas na valorização e manejo sustentável dos recursos naturais maranhenses.

Palavras-chave: Frutas nativas; Diversidade genética; Recurso genético.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

O QUE FALTA PARA A FAVA? ESTUDO PROSPECTIVO SOBRE DEMANDAS TÉCNICAS E DESAFIOS PARA O CULTIVO DE *Phaseolus lunatus* L. NO BRASIL.

Marília L. Burle^{1*}; Rafael da C. Almeida²; Rosa de B. das N. Alves¹; Ângela C. de A. Lopes³; Antônio F. da Costa⁴; Miguel Barreiro-Neto⁵

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. ²Instituto Federal do Piauí. ³Universidade Federal do Piauí-UFPI. ⁴Instituto Agrônomo de Pernambuco. ⁵Embrapa Algodão.
*marilia.burle@embrapa.br.

A fava ou feijão-fava é cultura tradicional e familiar no Brasil, sobretudo na região Nordeste. As variedades cultivadas no país não resultaram de programas institucionais de melhoramento, e uma ampla diversidade da espécie está conservada nas coleções de germoplasma da Embrapa e da UFPI. O objetivo desse trabalho foi levantar os desafios e demandas técnicas para o cultivo da fava, a fim de direcionar as estratégias de conservação dessas coleções e possibilitar arranjos que fortaleçam a cultura, no país. O estudo se baseou em questionário enviado principalmente a extensionistas, técnicos e profissionais que atuam com a cultura. Tivemos 60 respondentes, de 10 instituições de extensão rural e pesquisa, 7 institutos federais e universidades, 4 instituições municipais e 8 agricultores/guardiões, de 12 estados. O cultivo da fava consorciada predominou, mas o monocultivo e o cultivo de quintal também estiveram presentes, em geral sem o uso de máquinas. Além do milho, foram citadas diversas espécies arbóreas, palmeiras e ervas, nativas ou exóticas, sendo cultivadas em associação com a fava. Os respondentes indicaram uma diversidade de dificuldades técnicas/desafios, e as mais citadas, em ordem decrescente de frequência, foram as secas ou estiagens, a ausência de mão-de-obra, a falta de variedades de ciclo mais curto, falta de variedades mais produtivas e a falta de orientações técnicas para a cultura. A percepção de carência de atenção de instituições de pesquisa e extensão à cultura foi ainda mais evidente para os agricultores e guardiões. Observaram-se baixas frequências de citações de doenças e pragas, confirmando a rusticidade da cultura nos sistemas de cultivo. As características ainda ausentes nas variedades atuais foram: ciclo mais curto, maior produtividade, ausência de amargor, porte ereto, resistência à seca, cocção mais rápida, floração uniforme, menor número de ramificações, vagens mais moles e de fácil debulha, presença de dormência para perenização de cultivo, variedades para múltiplo uso e adaptação ao sistema de entressafra. Observaram-se também a carência de sementes disponíveis no mercado, inclusive de variedades crioulas. O estudo apontou ainda as demandas de aprimoramento de sistemas de produção, programas/políticas de incentivo ao cultivo, estabelecimento de preço mínimo e estudos de rendimento e comercialização.

Palavras-chave: feijão-fava; desafios técnicos; melhoramento.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

POTENCIAL GENÉTICO DE FEIJÃO-FAVA PARA TOLERÂNCIA ÀS ALTAS TEMPERATURAS

João Gilberto Soares Xavier¹; Marcos Vinicius Carvalho de Castro¹; Matheus Bezerra Martins¹; Felipe Soares Bezerra¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Verônica Brito da Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. *joaowp8@outlook.com

A elevada diversidade genética do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), permite a obtenção de cultivares adaptados aos vários estresses abióticos. Diante da atual problemática climática, em que o aumento das temperaturas representa um fator limitante para a obtenção de altas produtividades, torna-se imprescindível a seleção de genótipos superiores. Esses genótipos poderão ser utilizados em programas de melhoramento genético com o objetivo de desenvolver e lançar cultivares que aliem elevada produtividade à tolerância ao calor. Para tanto, foram analisados 24 genótipos do Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí no período de 2022 a 2023. O delineamento experimental utilizado foi de blocos casualizados, com três repetições, totalizando 72 parcelas, com 20 plantas cada. A área de cada parcela foi de 7,5 m², com espaçamento de 1 m entre fileiras e 0,7 m entre plantas, seguindo o padrão de espaçamento do milho. Os genótipos foram avaliados com base em 12 descritores morfoagronômicos do feijão-fava em detrimento do cultivo em altas temperaturas. Os genótipos apresentaram diferenças significativas apenas para número de dias para floração, comprimento da vagem e produtividade de grãos. Em relação ao comprimento de vagens houve a formação de dois grupos, com médias que variavam de 63,08 mm a 95,8 mm, respectivamente para os genótipos UFPI-1296 e UFPI-1243. Além disso, para produtividade de grãos verificou-se a formação de três grupos, mas destacando-se os genótipos UFPI-887, com produtividade 581,92 kg ha⁻¹ e UFPI-1232 com 509,68 kg ha⁻¹. Quanto ao agrupamento de médias, para o número de dias para floração, os genótipos foram divididos em dois grupos, estando apenas o acesso BGP- UFPI 1230 no grupo A, com o maior número de dias para floração (190 dias). Diante disso, observou-se que as variedades crioulas UFPI-1243, UFPI-887, UFPI-1244, UFPI-1232, UFPI 860, UFPI-1240, UFPI-1233 e UFPI-1228 destacaram-se para produtividade, peso de vagens, peso de 100 grãos, comprimento da semente, largura da vagem e comprimento da vagem, nas condições de altas temperaturas.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; diversidade genética, estresse térmico.

Agradecimentos: FAPEPI, UFPI.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento

QUALIDADE PÓS-COLHEITA DE HÍBRIDOS DE MELÃO AMARELO ENXERTADOS ME PORTA-ENXERTOS RESISTENTES A *Meloidogyne incognita*

Andrezza Maddalena^{1*}; Camila de Souza Alves¹; Adriano Ferreira Martins¹;
Anderson Soares da Silva; Edicleide Macedo da Silva, Glauber Henrique de Sousa
Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido UFERSA. * mandrezza@gmail.com

A enxertia é uma técnica muito utilizada para mitigar os efeitos bióticos como doenças e efeitos abióticos como estresse hídrico e salino sobre as culturas agrícolas, em especial as hortaliças. Este trabalho teve como objetivo avaliar o efeito a enxertia de híbridos de melão amarelo em porta-enxertos resistentes a *Meloidogyne incognita* na qualidade dos frutos. O experimento foi conduzido em casa de vegetação na Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), no ano de 2024. Foram utilizados como porta-enxertos resistentes os acessos de meloeiro AC-09 e AC-51, e como enxertos os híbridos suscetíveis H1 e H2, totalizando oito tratamentos. Adotou-se o delineamento em blocos casualizados, com cinco repetições e quatro plantas por parcela. A colheita foi realizada 65 dias após o transplante. Foram avaliadas as seguintes características: a) peso médio do fruto: obtido pela soma total dos pesos dos frutos da amostra da parcela dividido pelo número de frutos, em kg; b) espessura de polpa: foi medida com uma régua em ambos os lados da metade do fruto, calculando-se a média dessas duas medidas, em cm; c) firmeza de polpa: o fruto foi dividido longitudinalmente, e em cada parte foi medida a resistência por meio de um penetrômetro manual na região mediana da polpa de um dos lados do fruto (duas leituras por fruto em regiões distintas) e os resultados foram expressos em kgf; d) sólidos solúveis: estimados por meio de refratometria digital, pela leitura em duas partes da polpa de um dos lados do fruto cortado longitudinalmente, expressos em graus Brix (°Brix). A análise estatística foi realizada por meio do teste t de Student (p:0.05), com uso do software R. Os resultados indicaram boa compatibilidade entre as combinações testadas, com destaque para espessura da polpa, formato e diâmetro longitudinal. O híbrido H1 produziu frutos mais alongados, enquanto H2 apresentou maior espessura de polpa e maior teor de sólidos solúveis. Esses achados contribuem para a seleção de porta-enxertos resistentes a *M. incognita*, otimizando práticas de manejo e melhorando a qualidade dos frutos conforme as exigências do mercado.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L., Enxertia, Resistência.

Agradecimentos: Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPQ.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

QUALIDADE PÓS-COLHEITA DE LINHAGENS DE MELÃO AMARELO EM CONDIÇÕES SEMIÁRIDAS

Adriano Ferreira Martins^{1*}; Anderson Soares da Silva¹; Ruth Mainá Penha da Silva¹;
Bruno Vieira Dantas; Paulo Ricardo Chagas Oliveira, Glauber Henrique de Sousa
Nunes¹

¹Universidade Federal Rural do Semi-Árido UFERSA. *adrianomartinsfe@gmail.com

O melão é uma das principais hortaliças cultivadas na região Nordeste do Brasil. Atualmente, o semiárido nordestino é responsável por aproximadamente 98% da produção nacional, com destaque para os estados do Rio Grande do Norte, Bahia e Ceará, que lideram em volume produzido. A maioria dos cultivares utilizados pelos produtores é composta por híbridos simples. No entanto, o desenvolvimento desses híbridos depende, inicialmente, da seleção de linhagens produtivas, de alta qualidade e adaptadas às condições ambientais do semiárido. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho produtivo e qualitativo de linhagens de melão amarelo. Foram utilizadas sete linhagens desenvolvidas no Programa de Melhoramento de Cucurbitáceas da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), tendo a cultivar comercial 'Goldex' como testemunha. Os ensaios foram conduzidos em dois locais distintos no ano de 2024, em delineamento em blocos casualizados, com três repetições e dez plantas por parcela. A colheita foi realizada aos 65 dias após o transplante. Foram avaliadas as seguintes características: número de frutos por parcela, peso médio dos frutos, produtividade, espessura da polpa, firmeza da polpa e teor de sólidos solúveis totais (°Brix). Os dados foram submetidos à análise de variância, e as médias foram comparadas pelo teste de Scott-Knott (1974), ao nível de 5% de significância, utilizando o software estatístico R (versão 4.5.1). Os resultados indicaram que as linhagens não diferiram significativamente da testemunha em relação ao número de frutos por parcela. A linhagem L1 apresentou peso médio de frutos superior ao da cultivar 'Goldex'. As linhagens L1 e L7 apresentaram produtividade estatisticamente semelhante à da testemunha. Quanto ao formato dos frutos, apenas a linhagem L2 produziu frutos mais alongados, enquanto os demais genótipos apresentaram formato oval, semelhante ao da testemunha e dentro do padrão comercial para o melão amarelo. A maioria dos genótipos apresentou espessura e firmeza da polpa semelhantes às da cultivar 'Goldex', atendendo aos critérios exigidos para comercialização. Apenas a linhagem L5 apresentou teor de sólidos solúveis totais inferior ao da testemunha. As demais linhagens apresentaram teores iguais ou superiores a 10 °Brix, valor mínimo exigido para exportação. Dessa forma, as linhagens L1 e L7 se destacaram na maioria das características avaliadas, sendo consideradas as mais promissoras para a obtenção de híbridos produtivos e com alta qualidade comercial.

Palavras-chave: *Cucumis melo* L; Seleção; Acessos.

Agradecimentos: Universidade Federal Rural do Semi-Árido – UFERSA, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPQ.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

RESPOSTAS FISIOLÓGICAS E MORFOAGRONÔMICAS DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA SOB ESTRESSE TÉRMICO

Marcos Vinícius Carvalho de Castro^{1*}; Kaio Davi Veras Ribeiro¹; Teonis Batista da Silva¹; Rafael de Souza Miranda¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Verônica Brito da Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. castromarcoscarvalho@gmail.com.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), uma leguminosa de origem latino-americana com potencial comercial e nutritivo, apresenta boa adaptação a regiões úmidas e subúmidas. No Brasil, seu cultivo concentra-se predominantemente no Nordeste, onde predominam altas temperaturas. Diante desse contexto, este estudo avaliou a resposta de acessos de feijão-fava tolerantes a altas temperaturas, analisando aspectos produtivos e fisiológicos. Foram selecionados 16 genótipos do banco de germoplasma de *Phaseolus* da UFPI e cultivados em campo em delineamento de blocos casualizados com três repetições. O experimento foi conduzido entre março e agosto de 2025. No estágio de enchimento dos grãos, avaliaram-se parâmetros fisiológicos de trocas gasosas e eficiência fotossintética por meio de analisador de gases infravermelho (IRGA), além de características morfoagronômicas relacionadas à produtividade e à estrutura da vagem e semente. Os resultados foram submetidos à análise de variância para os 13 descritores morfoagronômicos, bem como às variáveis fotossintéticas, utilizando o teste F, a 5% de significância. Em seguida, foi calculada a matriz de coeficientes de correlação linear de Pearson para avaliação da correlação entre os caracteres agronômicos e fisiológicos. As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do programa R. Os resultados morfoagronômicos revelaram contrastes significativos entre genótipos, o genótipo H81-32 destacou-se pela alta produtividade e ciclo precoce, enquanto UFPI-1356 e VG5 foram superiores em massa de 100 grãos e exibiram ciclo de floração e maturação tardios. Nos parâmetros fisiológicos, os genótipos H25-56, H25-67 e H25-64 apresentaram as maiores médias de fotossíntese líquida, acompanhados de elevados valores de transpiração e condutância estomática. A análise de correlação de Pearson indicou alta correlação negativa entre as variáveis fisiológicas e morfoagronômicas. Portanto, conclui-se que a diversidade presente nos acessos avaliados oferece uma base sólida para a seleção e o desenvolvimento de cultivares de feijão-fava tolerantes às altas temperaturas, adaptadas às condições climáticas da região Nordeste do Brasil.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; altas temperaturas; variabilidade genética.

Agradecimentos: Laboratório de recursos genéticos e melhoramento de plantas (RGMP-UFPI); Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI).





VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

RESPOSTA DE LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA À INOCULAÇÃO COM BACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO DE PLANTAS

Deivison Borge da Silva Almeida^{1*}; Guilherme Damasceno de Sousa ¹; Karla Annielle da Silva Bernardo Brito¹; Ademir Sergio Ferreira de Araujo¹; Carlos Humberto Aires Matos Filhos¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹

¹ Universidade Federal do Piauí. *deivisonborges04@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é um importante recurso genético do gênero *Phaseolus*, caracterizado por ampla variabilidade e boa adaptação edafoclimática. Essa diversidade constitui-se como base para programas de melhoramento que visam o aumento da produtividade e à adaptação a diferentes ambientes, podendo ser otimizada por práticas como a inoculação de bactérias que favorecem a fixação biológica de nitrogênio. O objetivo deste estudo foi realizar a caracterização morfoagronômica de 10 linhagens de feijão-fava de porte prostrado, avaliando sua resposta à inoculação com *Paenibacillus* sp. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí (UFPI), entre março e setembro de 2025. Foram avaliadas 10 linhagens de feijão-fava de porte prostrado, em delineamento em blocos casualizados, em parcelas subdivididas, com quatro repetições, sob condições com e sem inoculação de *Paenibacillus* sp. Todas as sementes foram previamente tratadas, e a adubação química foi realizada conforme os resultados da análise de solo. Avaliaram-se oito caracteres morfoagronômicos: número de dias para o florescimento (NDF); número de dias até a maturação (NDM); comprimento da vagem (CV), número de grãos por vagem (NGV); peso de 100 grãos (PCG); produtividade de grãos (PG); caracteres comprimento da vagem (CV) e peso de 100 grãos (PCG). Para as análises estatísticas, utilizou-se a análise de variância e o agrupamento de Scott-Knott, ambos a 5% de significância. Os resultados indicaram variância significativa entre os genótipos para os caracteres (CV), (NDF), (NDM), (PG). Os genótipos H46-48 e H46-46 apresentaram os maiores comprimentos de vagem, enquanto H25-60 e H50/86-35 exibiram os menores valores. O genótipo H46-49 destacou-se pelo florescimento mais tardio, ao passo que o H25-60 apresentou o florescimento mais precoce entre os avaliados. De forma semelhante, H46-49 apresentou o maior ciclo de maturação, enquanto H25-60 manteve-se como o genótipo mais precoce. Em relação à produtividade, o genótipo H50/86-35 obteve o melhor desempenho, apresentando a maior média de produtividade de grãos. A interação entre genótipos e inoculação não foi significativa para nenhum dos caracteres avaliados, indicando desempenho consistente das linhagens frente aos tratamentos. Conclui-se que a existência de variabilidade genética entre as linhagens para comprimento de vagem, florescimento, maturação e produtividade. No entanto, a inoculação com *Paenibacillus* sp não influenciou significativamente os caracteres estudados, ou seja, sugerindo que não houve interação do inoculante com as características expressas.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; variabilidade genética; inoculante.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEPI





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

SELEÇÃO DE LINHAS PURAS DE FEIJÃO-FAVA PARA CARACTERES NUTRICIONAIS

Heyd Yohana Angelo Portela¹; Marcos Vinicius Carvalho de Castro¹; Izabel Cristina Veras Silva¹; Maurisrael de Moura Rocha²; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹

¹Universidade Federal do Piauí. ²EMBRAPA Meio-Norte *heyhana18@gmail.com.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é excepcionalmente nutritivo, desempenhando um papel importante na segurança alimentar, e está profundamente presente na cultura e culinária do Nordeste do Brasil. Essa cultura é símbolo de identidade e tradição, pois se relaciona diretamente com os recursos genéticos vegetais. O feijão-fava é a fonte de variabilidade genética natural para os teores de minerais, sem essa variabilidade, seria geneticamente impossível desenvolver cultivares mais nutritivas. Por meio de cruzamentos e seleção, a diversidade inicial é refinada e convertida em linhagens avançadas, e torna-se novos recursos genéticos para as gerações futuras de melhoristas. No presente estudo, utilizaram-se grãos de linhagens F9 (H53, H56 e H72) de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético do Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus*, vinculado à Universidade Federal do Piauí (UFPI), em Teresina-PI. Após a colheita, os grãos foram acondicionados em sacos de polietileno, transportados até o Laboratório de Bromatologia da Embrapa Meio-Norte e, posteriormente, armazenados sob refrigeração a 4 °C. No preparo das amostras, os grãos foram triturados em moinho de bolas de zircônia. Em seguida, determinaram-se as características da composição centesimal, com ênfase nos teores de umidade e minerais. A umidade foi avaliada por secagem em estufa, e o resíduo mineral, obtido por incineração em forno mufla a 550 °C. Os teores de ferro (Fe), zinco (Zn), cálcio (Ca) e magnésio (Mg) seguiram o método oficial 965.09 e quantificados por espectrofotometria de absorção atômica. As concentrações de Sódio (Na) e potássio (K) pelo método de fotometria de chama, enquanto o fósforo (P) foi quantificado por colorimetria em espectrofotômetro. Os dados obtidos passaram por análise de variância (ANOVA), com comparação das médias pelo teste de Tukey, utilizando-se o programa computacional R. A análise de variância para os minerais em Teresina foi significativa para P, Ca, Mg, Fe e Zn, destacando-se a linhagem H72 para maior teor de P, e a linhagem H53 para Fe. Em Várzea Grande foi significativo para P, Ca e Mg, o H56 se destacou para K, o H72 para Ca e Mg. Em Tianguá foi significativo para P, K, Ca, Mg e Zn, destacando-se o H72 para P, K, Zn e Mg e H56 para Ca. O genótipo H72 teve melhor desempenho nos três ambientes para a maioria dos minerais.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; Diversidade; composição centesimais.

Agradecimentos: FAPEPI, EMBRAPA Meio-Norte e RGMP (Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas/CCA/UFPI).





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

SELEÇÃO PARA CARACTERES AGRONÔMICOS EM POPULAÇÕES F₉ DE FEIJÃO-FAVA

João Gilberto Soares Xavier^{1*}; Pedro James Oliveira Morais¹; Karine Ferreira Pereira¹; João Vitor Morais Sousa¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹

¹Universidade Federal do Piauí. * joaowp8@outlook.com.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma cultura de grande importância no Brasil, especialmente na região Nordeste. Apesar de a espécie apresentar elevada variabilidade genética e alto potencial para o melhoramento, seu cultivo ainda não ocorre em larga escala devido à ausência de cultivares adaptadas ao manejo mecanizado. Portanto, este trabalho teve como objetivo avaliar linhagens da geração F₉ de feijão-fava com hábito de crescimento determinado. O experimento foi conduzido em Teresina - PI, utilizando o delineamento em blocos casualizados (DBC), com três repetições. Foram avaliadas 36 linhagens do banco de germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (UFPI). A avaliação foi realizada com base em 12 descritores morfoagronômicos, conforme os critérios estabelecidos pelo *Biodiversity International*. Estimaram-se parâmetros genéticos e previram-se ganhos de seleção pelo método REML/BLUP, empregando-se o modelo 21 do software SELEGEN. As análises revelaram alta herdabilidade para as variáveis massa de 100 grãos (0,84), número de dias para o início da floração (0,81) e comprimento da semente (0,78), indicando boa precisão nas estimativas genéticas. As linhagens H25-66, H25-53, H25-60, H25-64 e H50/86-35 destacaram-se pela precocidade, apresentando floração e maturação mais antecipadas. As linhagens H46-39, H46-43, H46-44, H46-45 e H46-46 sobressaíram quanto ao comprimento da vagem, demonstrando maior desenvolvimento desse caráter. Em relação ao tamanho da semente, as linhagens H46-45 e H46-48 apresentaram desempenho superior. A linhagem H46-42 mostrou destaque para número de vagens por parcela, número de grãos por vagem e massa de 100 grãos, refletindo um potencial produtivo elevado. No que se refere à produtividade geral, as linhagens H46-48, H46-42, H46-41, H50/86-35, H46-39, H46-43, H46-46, H46-44, H46-45 e H46-47 foram as mais promissoras. A metodologia REML/BLUP demonstrou-se eficiente para a estimativa dos parâmetros genéticos e predição dos ganhos, permitindo a identificação de genótipos superiores. Entre eles, as linhagens H25-66, H25-53, H25-60, H25-64 e H50/86-35 destacaram-se pela precocidade, enquanto as linhagens H46-42 e H46-44 se sobressaíram pelos componentes de produção, apresentando alto potencial para serem lançadas como futuras cultivares.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; hábito de crescimento determinado; REML/BLUP.

Agradecimentos: FAPEPI, UFPI.





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

USO DE GERMOPLASMA DE *Vasconcellea quercifolia* PARA AMPLIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Carica papaya* L. VISANDO INTROGRESSÃO DE GENES DE RESISTÊNCIA AO PRSV- P

Juliana da Silva Lopes Pereira¹; Hellen Cristina da Paixão Moura¹; José Augusto da Silva Santos¹; Diego Fernando Marmolejo Cortes¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza²; Carlos Alberto da Silva Ledo²

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, Bahia. *hcris20@yahoo.com.br

A mancha anelar, causada pelo *Papaya ringspot virus* (PRSV-P), é a principal doença do mamoeiro. Como *C. papaya* L. não apresenta resistência natural, os cruzamentos com espécies silvestres de *Vasconcellea* representam uma alternativa para transferência dessa característica, embora existam barreiras reprodutivas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a taxa de pegamento (%) e a formação de sementes em cruzamentos intergenéricos entre *V. quercifolia* e *C. papaya* L., sob diferentes soluções nutritivas. O estudo foi realizado no Campo Experimental do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas, Bahia. Foram realizados cruzamentos entre flores masculinas de *V. quercifolia* (BGCA-259) e flores femininas de *C. papaya* L. (BRS-L78, grupo Solo). No dia da antese, o pólen foi depositado manualmente sobre os estigmas, seguido da aplicação das soluções nutritivas: 5% de sacarose (T5); 5% de sacarose + 0,5% de ácido bórico (T12); 5% de sacarose + 0,5% de cloreto de cálcio (T13); e 5% de sacarose + 0,5% de ácido bórico + 0,5% de cloreto de cálcio (T14); o controle (T0) não recebeu solução. Após sete dias, avaliou-se a formação de frutos para cálculo da taxa de pegamento (%), e após quatro a cinco meses, os frutos foram colhidos no estágio de mudança de cor para retirada das sementes. Foram calculadas as diferenças absolutas e relativas em relação ao controle e índices de desempenho considerando conjuntamente o percentual de pegamento e o número de sementes viáveis. O T5 embora com baixo pegamento (16,7%), apresentou o maior número de sementes viáveis (45), indicando maior eficiência na formação e maturação de sementes após a fecundação. O T12 também se destacou pelo alto número de sementes (28), compensando o pegamento mais baixo (28,6%). O controle (T0) não apresentou pegamento nem sementes viáveis, evidenciando a necessidade dos tratamentos químicos para o sucesso dos cruzamentos intergenéricos. Esses resultados representam um passo inicial importante para otimizar protocolos de cruzamentos intergenéricos, contribuindo para a transferência de genes de resistência ao PRSV-P e sustentabilidade da cultura do mamoeiro.

Palavras-chave: Mamoeiro; Polinização; Melhoramento Genético.

Agradecimentos: CAPES, Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e Embrapa Mandioca e Fruticultura.





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS
28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

VARIAÇÃO NO TEOR DE ÁCIDO CIANÍDRICO DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.) EM DIFERENTES AMBIENTES

Laureana Luiza Oliveira da Silva^{1*}; Izabel Cristina Veras Silva¹; Raissa Matos Monção¹; Giovana Bezerra França¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹

¹Universidade Federal do Piauí. *laureana@ufpi.edu.br.

O ácido cianídrico (HCN) representa o principal fator antinutricional limitante ao consumo do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), leguminosa de relevante importância para o Nordeste brasileiro devido ao seu valor proteico e adaptação às condições edafoclimáticas da região. Como mecanismo de defesa natural, a planta armazena este composto na forma de glicosídeos cianogênicos, que liberam HCN por hidrólise enzimática quando os tecidos vegetais são danificados, representando sério risco à saúde quando ingerido em concentrações elevadas. Considerando que os diferentes genótipos de feijão-fava apresentam significativa variação na capacidade de acumulação deste composto, este trabalho teve como objetivo analisar os teores de HCN em linhagens de feijão-fava, visando identificar materiais com menores teores do composto para garantir o consumo seguro e o uso sustentável deste recurso genético. Foram avaliadas três linhagens de feijão-fava, nos municípios de Teresina - PI, Tianguá - CE e Várzea Grande - PI. A quantificação de ácido cianídrico foi realizada pelo método de titulação alcalina, Método 915.03. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias, comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. A análise do teor de cianeto (HCN) revelou que a linhagem H72 possui a maior concentração média deste composto antinutricional (6,06 mg/100g). Em contraste, H53 e H56 apresentaram teores significativamente mais baixos. A interação com o ambiente foi notável, pois em Tianguá - CE não houve diferença estatística entre os genótipos, enquanto em Várzea Grande - PI e Teresina - PI, a superioridade indesejável da H72 foi evidente. Este resultado reforça a importância de avaliar as linhagens de feijão-fava em múltiplos locais e direcionar a seleção para as linhagens H53 e H56.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus* L.; Compostos cianogênicos; Melhoramento genético.

Agradecimentos: Embrapa, FAPEPI e UFPI.



Promoção



Organização e Realização



Execução



Patrocínio



Apoio



Fale conosco

Revista RG News

E-mail: revistargnews@recursosgeneticos.org

Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos – SBRG

E-mail: sbrg@recursosgeneticos.org

Acesse nosso site: www.recursosgeneticos.org

