

# Pré-Melhoramento e Melhoramento



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE ARROZ VIA MODELAGEM MISTA

Maxwel Rodrigues Nascimento<sup>1</sup>; Josilene Vargas Xavier<sup>2</sup>; Gérsia Gonçalves de Melo<sup>3\*</sup>; Rewysson Alves Ribeiro da Silva<sup>3</sup>; Gilvan Bezerra Barbosa<sup>3</sup>; Ana Paula Medeiros dos Santos Rodrigues Mendonça<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. <sup>2</sup>Instituto Federal Fluminense.

<sup>3</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco. \*gersiafera@gmail.com.

O arroz é considerado um alimento base na dieta alimentar de mais da metade da população mundial. Atualmente, o Brasil é o nono maior produtor de arroz do mundo. O objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e selecionar genótipos superiores por meio da modelagem mista pelo Método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e a seleção dos melhores genótipos pelo procedimento do Melhor Preditor Linear Não Viesado (BLUP), baseando-se pelo método da média harmônica da performance relativa dos valores genéticos preditos (MHPRVG). Foi empregado o modelo estatístico 54 do SELEGEN REML/BLUP. Foram utilizados dados de produtividade de grãos dos ensaios de VCU de 30 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea do programa cooperativo de melhoramento de arroz da Embrapa Arroz e Feijão em parceria com a Empresa de Pesquisa Agropecuária do estado do Rio de Janeiro. Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos ao acaso com quatro repetições. Os ensaios foram implantados na safra de 2005/2006 no Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduo, em Campos dos Goytacazes, e em uma propriedade particular, em Macaé. Os experimentos foram conduzidos em dois ambientes em cada município. Realizou-se a análise de deviance para verificar a significância dos efeitos de genótipos e a sua interação com os ambientes, obtendo-se a estabilidade e a adaptabilidade genotípicas, com os métodos da média harmônica dos valores genotípicos. Os efeitos de genótipos e genótipos x ambientes foram estatisticamente significativos. A herdabilidade média dos genótipos e a acurácia seletiva apresentaram valores de média a alta magnitude, respectivamente, o que possibilita a seleção de indivíduos agronomicamente superiores. Os genótipos BRS Alvorada, SCS 114 Andosan, SC 240, SC 237 e BRA 02701 apresentaram boa adaptabilidade e estabilidade produtiva de grãos. Houve concordância entre as estatísticas dos valores genotípicos médios nos ambientes avaliados ( $u+g+gem$ ), estabilidade de valores genéticos (MHVG), adaptabilidade de valores genéticos (PRVG) e estabilidade e adaptabilidade de valores genéticos (MHPRVG) na discriminação dos genótipos mais produtivos e com alta adaptabilidade e estabilidade. Podemos concluir que o método MHPRVG proporcionou seleção otimizada de genótipos com elevada produtividade de grãos e comportamento previsível e responsivos em razão dos estímulos ambientais.

**Palavras-chave:** *Oriza sativa* L.; adaptabilidade e estabilidade; REML/BLUP.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ADEQUAÇÃO DE PROTOCOLO PARA CRIOPRESERVAÇÃO DE GRÃOS DE PÓLEN DE *Musa SP.*

Maria Inês de Souza Mendes<sup>1</sup>; Eliane da Silva Braulio<sup>2</sup>; Mariana Conceição Menezes<sup>3</sup>; Janay Almeida dos Santos-Serejo<sup>2</sup>;

<sup>1</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. <sup>2</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>3</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. \*inessm123@gmail.com.

A criopreservação de pólen de banana constitui-se em uma relevante ferramenta na preservação da espécie por complementar a conservação da biodiversidade em programas de melhoramento genético, além de possibilitar cruzamentos na reprodução programada, distribuição e troca de germoplasma. O processo de dessecação constitui uma etapa fundamental para a manutenção da viabilidade polínica após a conservação em temperaturas ultrabaixas. Assim, esse trabalho teve como objetivo analisar diferentes períodos de dessecação de grãos de pólen de *Musa sp.*, através de testes de viabilidade, visando o aperfeiçoamento da técnica de criopreservação. No Laboratório de Cultura de Tecidos da Embrapa Mandioca e Fruticultura, três amostras de pólen dos acessos M53 e CNPMF0731, coletadas durante a antese, foram submetidas à dessecação em sílica gel pelos períodos de 0, 60, 90, 120, 150, 180 e 210 minutos. Como controle, foram utilizadas amostras recém coletadas que não foram congeladas em nitrogênio líquido. Após dessecação, as demais amostras foram submersas em nitrogênio líquido, por 30 minutos e em seguida, os grãos de pólen foram distribuídos em placas de Petri contendo meio de germinação de pólen composto por 100 mg L<sup>-1</sup> de H<sub>3</sub>BO<sub>3</sub>, 200 mg L<sup>-1</sup> de MgSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O, 300 mg L<sup>-1</sup> de Ca(NO<sub>3</sub>)<sub>2</sub>, 100 mg L<sup>-1</sup> de KNO<sub>3</sub>, 150 g L<sup>-1</sup> de sacarose e 8 g L<sup>-1</sup> de ágar. Os dados de germinação e de teor de umidade obtidos foram submetidos a análises estatísticas com o uso do programa estatístico R e para a comparação das médias foi aplicado o teste de Tukey (P<5%). O acesso CNPMF0731 apresentou maior percentual germinativo (57,86%) em comparação com o obtido para o M53 no tratamento controle (36,66%). Para os demais períodos de dessecação, de forma geral, não houve diferença estatística entre os acessos. O CNPMF0731 também apresentou valores de teor de umidade mais elevados em relação ao M53. Não houve diferença significativa entre os percentuais germinativos obtidos nos diferentes períodos de dessecação para ambos os acessos, mas apenas entre esses e o controle, que apresentaram valores médios bastante reduzidos (0,05% a 2,88%), em contraste com o controle (36,66% e 57,86%, para os acessos M53 e CNPMF0731, respectivamente). Houve uma pequena redução no teor de umidade conforme aumento do período de dessecação em sílica gel. No entanto, os tratamentos aplicados não apresentaram médias de germinação de pólen satisfatórias quando submetidas ao processo de criopreservação, sendo necessário novos ajustes, com base em intervalos maiores entre os períodos avaliados.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético, pólen, crioconservação.

**Agradecimentos:** Embrapa, CNPq, UFRB.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ANÁLISE DE COMPONENTES PRINCIPAIS EM LINHAGENS DE FEIJÃO-FAVA

Michelle dos Santos Nascimento<sup>1</sup>; Pedro James Oliveira Morais<sup>1</sup>; Natali de Sousa Silva<sup>1</sup>; Verônica Brito da Silva<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí-UFPI. \*michellebiouema@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma das principais leguminosas cultivadas mundialmente, sendo fonte de alimento e renda para pequenos agricultores. No Brasil, ainda não existem cultivares desenvolvidas pelos programas de melhoramento. Assim, objetivou-se avaliar diversidade entre linhagens F<sub>7</sub> de feijão-fava com hábito de crescimento determinado. O material genético foi constituído de 40 linhagens obtidas de cruzamentos biparentais, avaliadas em Tianguá – CE, com base em 14 descritores, conforme o *Internacional Plant Genetic Resources Institute*. Os dados coletados foram submetidos a análise multivariada, com auxílio do *software* R. Pela análise dos componentes principais, observou-se que os sete primeiros componentes explicam, respectivamente, 20,56%; 36,35%; 47,79%; 57,58%; 66,61%; 74,15%; e 80,39% da variação total. Na dispersão gráfica via *Biplot*, houve a formação de seis grupos, em função de descritores relacionados à vagem e à semente. As linhagens 13, 21, 27 e 37, das populações H46-41, H46-49, H25-55 e H25-65, respectivamente, se agruparam em relação ao caráter espessura de vagem. O grupo formado pelas linhagens 4, 12, 15, 20, 22, 24, 26 e 35, pertencentes às populações H81-32, H46-40, H46-43, H46-48, H46-50, H46-52, H25-54 e H25-63, respectivamente, apresentam semelhança quanto aos descritores espessura de semente, largura de vagem, massa de 100 sementes e comprimento de semente. O descritor comprimento de semente agrupou as linhagens 14, 16 e 17, das populações H46-42, H46-44 e H46-45, respectivamente. As linhagens 1, 2, 5, 7, 10, 19 e 30, das populações H94-29, H94-30, H81-33, H50/86-35, H50/86-38, H46-47 e H25-58, respectivamente, agruparam-se em relação ao descritor segunda cor padrão do tegumento da semente. O descritor cor de fundo da semente agrupou as linhagens 32, 36, 38, 39 e 40, das populações H25-60, H25-64, H25-66, H25-67 e H25-68, respectivamente. As linhagens 23, 28, 31, 33, 34 oriundas das populações H46-51, H25-56, H25-59, H25-61 e H25-62, respectivamente, foram às menos produtivas. A linhagem 29, da população H25-57, é a mais divergente. Os descritores número de vagem por planta, comprimento de vagem e espessura de vagem são os que mais contribuem para a variabilidade genética nas populações de feijão-fava em estudos.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; avaliação agrônômica; análise multivariada.

**Agradecimentos:** CAPES, UFPI, FAPEPI.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ANÁLISE DE FRUTOS DE QUATRO ACESSOS DE MANGUEIRA PERTENCENTES AO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA SEMIÁRIDO

Willamo Pacheco Coelho Junior<sup>1\*</sup>; Washington Carvalho Pacheco Coelho<sup>1</sup>; Maria Auxiliadora Coelho de Lima<sup>2</sup>; Francisco Pinheiro Lima Neto<sup>2</sup>; Raquel de Souza Silva<sup>3</sup>; Ronaldo Simão de Oliveira<sup>4</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. <sup>2</sup>Embrapa Semiárido. <sup>3</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco. <sup>4</sup>Instituto Federal de Educação Ciências e Tecnologia Baiano. \*willamojr11@gmail.com

Para que haja a determinação da qualidade dos frutos de um genótipo de mangueira (*Mangifera indica*) é preciso que seja feita uma análise de diferentes características externas e internas, uma vez que a aparência e o sabor são muito importantes para o consumidor. O presente trabalho teve como objetivo realizar uma análise física e físico-química em frutos de quatro acessos do Banco Ativo de Germoplasma da Manga pertencente à Embrapa Semiárido. Para a realização do estudo foram colhidos 40 frutos por acesso no banco que está localizado no Campo Experimental de Mandacaru, em Juazeiro, BA. As análises foram realizadas no Laboratório de Fisiologia Pós-colheita da Embrapa Semiárido e os acessos foram: Da Porta, Amarelinha, Manguito e Pingo de Ouro. Os frutos foram analisados individualmente quanto à massa (g), ao rendimento de polpa (g), ao diâmetro transversal (mm), ao diâmetro ventral (mm), ao comprimento (mm), ao teor de sólidos solúveis (%), à acidez titulável (%) e ao ratio (adimensional) que consiste na relação entre o teor de sólidos solúveis e a acidez titulável. Referindo-se à massa do fruto e ao rendimento da polpa, o acesso Pingo de Ouro se destacou, apresentando uma média de 426,90 g e 317,00 g, respectivamente. Quanto ao tamanho do fruto, os acessos Pingo de Ouro e Amarelinha se destacaram, sendo o primeiro acesso com destaque no diâmetro transversal e diâmetro ventral (89,56 mm e 82,05 mm, respectivamente) e o segundo acesso com destaque no comprimento do fruto (100,82 mm). Com relação ao teor de sólidos solúveis, os acessos Da Porta e Pingo de Ouro se destacaram apresentando 16,5°Brix e 16,8°Brix, respectivamente. Na acidez titulável houve destaque para os acessos Amarelinha com 0,34 e Manguito com 0,40. No ratio os maiores valores foram para os acessos Manguito com 39,50 e Amarelinha com 39,22. Quanto à correlação entre as características analisadas foram encontradas 11 correlações significativas, sendo cinco classificadas como fortes (0,99), sendo elas: massa/rendimento, massa/diâmetro transversal, rendimento/diâmetro transversal, rendimento/diâmetro ventral e diâmetro transversal / diâmetro ventral. A partir das análises realizadas, foi evidenciada a existência de variabilidade genética entre os acessos. As análises de correlação mostram que é possível a seleção de acessos com frutos grandes com uma boa massa e um bom rendimento de polpa para os trabalhos de hibridação.

**Palavras-chave:** Avaliação; Manga; Acessos.

**Agradecimentos:** Capes, Embrapa, UEFS.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ANÁLISE DE TRILHA PARA COMPONENTES DE PRODUÇÃO EM VARIEDADES DE MILHO

Maxwel Rodrigues Nascimento<sup>1</sup>; Josilene Vargas Xavier<sup>2</sup>; Matheus Rodrigues Pereira Lima<sup>3\*</sup>; Rewysson Alves Ribeiro da Silva<sup>3</sup>; Victoria Regina de Souza Moura<sup>3</sup>; Gérsia Gonçalves de Melo<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. <sup>2</sup>Instituto Federal Fluminense.

<sup>3</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco. \*matheus.pereiralima@ufrpe.br.

No estado do Espírito Santo, os agricultores familiares cultivam diversas variedades de milho, constituídas por populações de polinização aberta com valiosa importância para a subsistência de comunidades locais. Variedades de polinização aberta, em geral, apresentam menor rendimento do que as cultivares comerciais devido à sua ampla base genética. Embora essa variabilidade não garanta alto rendimento a curto prazo, representa uma fonte inestimável de alelos favoráveis para respostas genéticas a fatores bióticos e abióticos adversos, conferindo maior estabilidade de rendimento a longo prazo. Assim, objetivou-se avaliar as causas e os efeitos de associações entre características morfoagronômicas para o aumento da produtividade em variedades de milho comum. Foi instalado um experimento no município de Alegre com 16 variedades de milho em DBC, três repetições. Cada unidade experimental foi constituída de 4 linhas de 6 m com espaçamento de 0,9 m. As análises de variância e de trilha bem como as correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais foram estimadas utilizando-se o programa Genes. O efeito de genótipos foi altamente significativo ( $p \leq 0,05$  e  $p \leq 0,01$ ) para todas as características, indicando grande variabilidade, o que possibilita a identificação de genótipos mais promissores. A herdabilidade expressa a porção da variância decorrente da ação gênica e quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético. Caracteres com valores elevados de herdabilidade são menos influenciados pelo ambiente, com maior poder discriminatório. Já caracteres com valores inferiores de herdabilidade sofrem grande influência ambiental, diminuindo sua eficiência discriminatória. As variáveis altura de inserção da primeira espiga, altura de planta e estande final de plantas apresentaram herdabilidade superior a 80%. As maiores estimativas de correlações fenotípicas foram encontradas entre a altura de inserção da primeira espiga com a altura de planta (0,85) e o número total de espigas com o número de espigas por planta (0,86), estande final de plantas (0,84) e produtividade de grãos (0,82). Para as estimativas de correlações genotípicas, as maiores foram entre a altura de inserção da primeira espiga e a altura de planta (0,88); número de grãos por fileira com produtividade de grãos (0,85), número de espigas por planta (0,89); e número total de espigas com produtividade de grãos (0,838), número de espigas por planta (0,86) e estande final de plantas (0,88). A massa de mil sementes e o estande final de plantas foram observados como características que podem ser determinantes no aumento da produtividade de grãos.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; agricultura familiar; herdabilidade.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ANÁLISE MEIÓTICA EM BANANEIRAS DIPLÓIDES E AUTOTETRAPLOIDES

Alana do Carmo Silveira Santos<sup>1\*</sup>; Lucymeire Souza Morais-Lino<sup>2</sup>; Janay Almeida dos Santos Serejo<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura.  
\*alana.docarross@gmail.com

Durante a meiose, ocorre a recombinação genética através da troca de segmentos cromossômicos entre cromátides homólogas, gerando novas combinações de alelos que impulsionam a evolução e adaptação das espécies ao ambiente. No entanto, podem ocorrer irregularidades meióticas que afetam a biologia reprodutiva da planta. Com isso, a análise meiótica é fundamental para selecionar materiais promissores para uso como parentais masculinos em cruzamentos direcionados no melhoramento genético. Diante do exposto, o propósito deste estudo foi analisar a estabilidade meiótica de genótipos de bananeira diplóides e autotetraploides obtidos por indução da duplicação de cromossomos utilizando agentes antimitóticos. A pesquisa foi realizada no Laboratório de Cultura de Tecidos do Núcleo de Biologia Avançada da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Para a análise meiótica dos genótipos diplóides (Lidi e Thong Dok Mak) e respectivos autotetraploides foram utilizadas flores masculinas imaturas com menos de 1,5 cm de comprimento. As flores foram fixadas em Carnoy 3:1 (etanol: ácido acético - v/v) em temperatura ambiente por 24 horas, seguido por álcool 70% e submetidas a refrigeração. As anteras foram separadas, cortadas e esmagadas com três gotas de carmim acético 1% para liberação dos meiócitos. Após a remoção dos restos de tecidos, as lâminas foram cobertas por uma lamínula e aquecidas, e então observadas sob um microscópio Olympus BX51. O estudo se concentrou nos produtos da meiose. O genótipo diplóide Thong Dok Mak (TDM) seguiu um padrão normal, com 78,62% das tétrades apresentando características típicas e apenas 21,38% exibindo um ou mais micrócitos. Por outro lado, os genótipos autotetraploides TDM15 e TDM07 apresentaram proporções menores de tétrades típicas, com 28,93% e 17,47%, respectivamente. Os genótipos LIDI25-1 (diplóide) e LIDI07 (autotetraploide) apresentaram respectivamente 77,22% e 71,51% de tétrades típicas. Esses resultados indicam variações no comportamento meiótico entre os diferentes genótipos, com os diplóides TDM e o LIDI 25-1, mostrando uma proporção significativamente maior de tétrades normais em comparação com os genótipos autotetraploides TDM 15 e TDM 07. O autotetraploide LIDI 07, por apresentar elevada taxa de tétrades típicas, pode ser recomendado para uso em cruzamento para geração de triploides secundários.

**Palavras-chave:** anormalidades meióticas; análise meiótica; micrócitos.

**Agradecimentos:** À Fapesb pela concessão da bolsa de estudo.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ANÁLISE SENSORIAL DE GRAMÍNEAS ORNAMENTAIS UTILIZADAS EM TELHADOS VERDES EXTENSIVOS

Victor Gurgel Pessoa<sup>1\*</sup>; Maria Fernanda dos Santos Silva<sup>1</sup>; Alexsandra Costa dos Santos<sup>1</sup>; Marina Ramos de Moura Silva<sup>1</sup>; Ana Cecília Ribeiro de Castro<sup>2</sup>; Vivian Loges<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco. <sup>2</sup>Embrapa Agroindústria Tropical.  
\*victor.pessoa@ufrpe.br.

É comum o uso de gramados em jardins, entretanto, o uso dessas plantas em telhados verdes ainda é pouco estudado. No Brasil a maioria das espécies utilizadas em gramados, são exóticas, embora genótipos nativos brasileiros do gênero *Axonopus* e *Paspalum* apresentem grande potencial de uso como gramados. O objetivo dessa pesquisa foi avaliar a qualidade sensorial de acessos do gênero *Paspalum* e *Axonopus* para uso como gramas ornamentais. O estudo foi desenvolvido entre os meses de outubro/2022 e abril/2023, em Recife-PE. O delineamento adotado foi em blocos casualizados, com oito tratamentos, sendo seis acessos da espécie *Paspalum notatum* (PN01, PN02, PN03, PN05, PN06 e PN07), um da espécie *Axonopus parodii* (APA01) e a espécie *Zoysia japonica* (grama esmeralda) como testemunha, com quatro repetições. O material vegetal utilizado foi da EMBRAPA Pecuária Sudeste. O experimento foi conduzido em bandejas (área de 2220 cm<sup>2</sup> e profundidade de 14 cm), com 7 cm de substrato comercial e orifícios para drenagem. Em cada bandeja foi plantado uma muda de 10 cm de cada tratamento. Três vezes por semana, em cada bandeja, foi aplicada uma lâmina de irrigação de 5,56 mm.dia<sup>-1</sup>, sendo esta dispensada nos dias de chuva. A análise sensorial foi realizada aos 180 dias após o plantio (DAP), por meio de uma ficha de avaliação respondida por um público não treinado de 20 indivíduos, maiores de 18 anos. Os atributos avaliados foram: aparência geral; cor predominante; porcentagem de folhas secas; e potencial de uso. Para avaliação destes parâmetros, utilizou-se uma escala estruturada de 5 pontos. Os resultados foram divididos com base na frequência de aceitação, indiferença e rejeição. Nenhum dos tratamentos obteve 100% de aceitação. Os acessos PN01 e APA01 apresentaram maior frequência relativa de aceitação para aparência (71,25% e 66,25%), cor (73,75% e 61,25%) e uso (63,75% e 46,25%). Por outro lado, o acesso PN01 apresentou menor frequência de rejeição para o percentual de folhas secas, com valor de 3,75%. Este último percentual reflete que, para alguns avaliadores, o genótipo apresentou menos de 10% ou nenhuma folha seca. O acesso PN02 apresentou maior frequência relativa de rejeição para todos os aspectos, com índices de 48,75%, 42,50%, 40,00% e 55,00%, para os parâmetros aparência, cor, folhas secas e uso, respectivamente. A avaliação sensorial pode ser uma das ferramentas essenciais para seleção de gramas ornamentais para telhados verdes. Com base nesses resultados, o acesso PN01 pode ser recomendado como gramado para esta finalidade.

**Palavras-chave:** Gramado; infraestruturas verdes; recursos genéticos

**Agradecimentos:** Apoio do CNPq.





# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ASPECTOS REPRODUTIVOS DE *Wittmackia limae* (Leme) Aguirre-Santoro (BROMELIACEAE), UMA ESPÉCIE MICROENDÊMICA DA BAHIA

Gleice Quelle Silva dos Santos Nascimento<sup>1\*</sup>; Tiago Abreu da Silva<sup>1</sup>; Lidyanne Y. S. Aona<sup>1</sup>; Fernanda V. D. Souza<sup>2</sup>; Everton Hilo de Souza<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura.  
\*gleicequelle2022@outlook.com

Bromeliaceae é caracterizada por serem ervas epífitas, rupícolas ou terrestres com grande riqueza e diversidade de espécies. As bromélias são reportadas como um ótimo exemplo de radiação adaptativa, abrindo uma variedade de hábitos, tamanhos, colorações e potencialidades de uso, incluindo: ornamentais, alimentícios, produção de fibras, enzimas, entre outros. Este trabalho tem por objetivo avaliar alguns aspectos reprodutivos como a germinação *in vitro* dos grãos de pólen, a receptividade do estigma e a razão Pólen/Óvulo (P/O) com a finalidade de obter informações sobre a fertilidade e o sistema reprodutivo de *Wittmackia limae* (Leme) Aguirre-Santoro, uma espécie microendêmica da Bahia, com ocorrência apenas na Reserva Biológica da Michelin em Igrapiúna. Para germinação *in vitro* dos grãos de pólen foram avaliados dois meios de cultura (SM e BM). A receptividade do estigma foi avaliada na pré-antese, antese e pós-antese com Peróxido de Hidrogênio (3%) e  $\alpha$ -naftil-acetato + acetona e fast blue B salt. O número de grãos de pólen foi calculado por meio da contagem do número de grãos produzidos por flor em câmara de Neubauer. O número de óvulos foi contabilizado em estereomicroscópio. A razão P/O foi estimada por meio da divisão da média do número de grãos de pólen pelo número médio de óvulos. Para cada avaliação foram utilizadas cinco flores de plantas diferentes. *W. limae* apresentou alta germinação dos grãos de pólen nos dois meios de cultura SM (81%) e BM (88%). Em relação ao comprimento do tubo polínico, o meio de cultura SM ( $1,18 \pm 0,12\mu\text{m}$ ) foi superior ao BM ( $0,61 \pm 0,06\mu\text{m}$ ). A receptividade do estigma apresentou resposta positiva muito forte, independente da metodologia estudada e estágio de desenvolvimento floral. Em relação à quantificação dos grãos de pólen, *W. limae* possuiu uma estimativa de  $63.999 \pm 0,75$  grãos por flor e um número médio de óvulos de  $115 \pm 1,24$  por flor. A razão P/O foi de 556,52, apresentando indícios que a *W. limae* pode apresentar alogamia facultativa. Estudos como este servem como instrumento informativo para biologia reprodutiva contribuindo assim para a conservação de uma espécie microendêmica, além de auxiliar no melhoramento genético e futuros cruzamentos controlado.

**Palavras-chave:** Bromélia; Biologia Floral; Biologia Reprodutiva; Melhoramento Genético.

**Agradecimentos:** Reserva Biológica da Michelin; CAPES; FAPESB – FIOLE; Embrapa Mandioca e Fruticultura.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ATIVIDADE DE RETROTRANSPÓSONS EM SOMACLONES MUTANTES DE 'GRANDE NAINE' RESISTENTES À FUSARIOSE

Juliana Rodrigues Sampaio<sup>1\*</sup>; Ricardo Franco Cunha Moreira<sup>2</sup>; Wanderley Diaciso dos Santos Oliveira<sup>3</sup>, Cláudia Fortes Ferreira<sup>4</sup>

<sup>1</sup>UFRB. <sup>2</sup>UFRB. <sup>3</sup>UEFS. <sup>4</sup>EMBRAPA. \*sampaiojulianarodrigues@gmail.com

O cultivo da bananeira desafia a ciência ao demandar estratégias não convencionais de melhoramento genético que visem driblar a baixa resistência à doenças, como a murcha causada por *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* raça 4 subtropical (Foc ST4), a esterilidade de cultivares triplóides comerciais e a baixa variabilidade genética por propagação vegetativa. A indução de variação somaclonal, *in vitro*, tem-se mostrado promissora na geração de mutantes resistentes à estresses bióticos e abióticos. O objetivo deste estudo foi avaliar a ocorrência de variabilidade genética em somaclones mutantes derivados da cultivar Grande Naine, com resistência induzida à Foc ST4. Optou-se pela técnica de PCR-IRAP visando amplificação de polimorfismo entre retrotransposons, por reação em cadeia da polimerase. O DNA genômico (gDNA) avaliado foi extraído de folhas jovens de doze mutantes somaclonais estabelecidos em campo, representantes da cultivar Grande Naine comercial (controle), para fins de comparação. A partir da avaliação dos produtos da PCR, foi gerada matriz binária (0 – ausência; 1 – presença) e com o software Darwin, foram elaborados matriz de dissimilaridade, a partir do coeficiente de Jaccard, com 10.000 reamostragens por Bootstrap; gráfico PcoA e um dendrograma, pelo método UPGMA. Cinco perfis eletroforéticos mostram-se polimórficos em comparação ao controle: P1: 5'LTR2+SUKKULA; P2: 5'LTR2+3'LTR; P3: C0795+3'LTR; P4: 3'LTR+NIKITA e P5: 5'LTR+LTR6150. Os marcadores selecionados geraram 39 bandas totais, das quais 29 foram polimórficas e resultaram na amplificação de fragmentos de DNA, variando de 100 a 2.800 pb. De acordo com o gráfico PCoA gerado, 57.14% de toda variação detectada é explicada pelo genótipo da planta controle (34.91%) e de sete somaclones avaliados (22.57%). Padrão semelhante foi representado pelo dendrograma ao isolar a planta controle, juntamente com um dos somaclones, mantendo as demais plantas mutantes, em um grupo maior constituído por subgrupos. A dispersão dos somaclones nos subgrupos menores pode ser justificada por sua origem a partir de micropropagação de material biológico vegetal comum. O menor índice de dissimilaridade foi de 0.07, enquanto valores máximos foram de 0.34 a 0.46, considerados elevados por tratar-se de somaclones. A indução da mutação no cultivo *in vitro* foi capaz de ativar retrotransposons, com deleções e inserções de novos fragmentos de DNA nos somaclones, revelados por marcadores IRAP. O polimorfismo detectado gera variabilidade genética necessária ao melhoramento de *Musa* spp., e, mediante validações a campo, pode estar relacionado à resistência adquirida ao Foc ST4.

**Palavras-chave:** Inter-retrotransposon Amplified Polymorfism; variação somaclonal; mutação.

**Agradecimentos:** CNPQ, EMBRAPA e UFRB.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE PROGÊNIES DE PIMENTA COM POTENCIAL ORNAMENTAL

Raissa Matos Monção<sup>1</sup>; Gabriel Viana Ferraz<sup>1\*</sup>; Gerson do Nascimento Costa<sup>1</sup>;  
Maria Vitória de Paiva Oliveira<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>;  
Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*gvferraz000@gmail.com

As pimentas do gênero *Capsicum* são fonte valiosa de variabilidade para uso no mercado de plantas ornamentais, as quais oferecem diversidade morfológica e potencial para cultivo em vasos. O Brasil, centro de diversidade de *Capsicum* spp., abriga várias espécies domesticadas e silvestres. A utilização de espécies e variedades de pimentas com finalidade ornamental é uma tendência crescente, mas ainda pouco explorada no país, demandando estudos sobre o desenvolvimento de cultivares. Assim, objetivou-se avaliar progênies de pimenta (*Capsicum annuum* L.) do Banco de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BGC-UFPI), visando obter novas cultivares ornamentais com frutos roxos e pretos, a serem registradas no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento e recomendadas ao mercado de plantas ornamentais. O experimento foi conduzido em telado do Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias/UFPI, no qual a população de pimenta do acesso BGC-UFPI 199 foi submetida a um ciclo de seleção massal, cujas plantas foram autofecundadas para obtenção de linhagens com frutos roxos e pretos. A caracterização das plantas foi realizada com base em descritores qualitativos multicategóricos para a cor da flor, folha, fruto e formato do fruto, seguindo critérios estabelecidos pelo *Bioversity International*. Dentre as 100 plantas avaliadas, todas apresentaram frutos em cachos e diversidade de cores para a corola e folhas. Os frutos exibiram ampla variação de cores, incluindo roxo escuro e preto. A conformação triangular dos frutos foi observada, o que está de acordo com estudos prévios. Dez plantas foram selecionadas para autofecundação, visando a obtenção de linhagens com frutos roxos e pretos. A população do acesso BGC-UFPI 199 apresenta variabilidade genética relevante para uso como planta ornamental, especialmente em relação à cor da folha e do fruto. A seleção de plantas com características específicas permitirá o desenvolvimento de linhagens com frutos roxos e pretos, enriquecendo o mercado de plantas ornamentais.

**Palavras-chave:** *Capsicum annuum* L.; cor do fruto; seleção massal.

**Agradecimentos:** CNPq e UFPI.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## AVALIAÇÃO AGRONÔMICA DE PROGÊNIES F<sub>2:3</sub> DE TOMATE VISANDO RESISTÊNCIA À MURCHA BACTERIANA

Victoria Regina de Souza Moura<sup>1</sup>; Matheus Rodrigues Pereira Lima<sup>1</sup>; Bianca Galúcio Pereira Araújo<sup>2</sup>, Keyla Walescka Lopes da Silva<sup>1</sup>; Jacqueline Wanessa de Lima Pereira<sup>3</sup>; José Luiz Sandes de Carvalho Filho<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco. <sup>2</sup>Centro de Tecnologias Estratégicas do Nordeste. <sup>3</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco. \*matheus.pereiralima@ufrpe.br .

O tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é uma das hortaliças de maior importância econômica no mundo. O complexo de espécies do gênero *Ralstonia* (*R. solanacearum*, *R. pseudosolanacearum* e *R. syzigii*) são bactérias fitopatogênicas que infectam o xilema de plantas, causando a devastadora doença conhecida como murcha bacteriana, que ataca mais de 200 espécies vegetais em todo o mundo. O objetivo deste trabalho foi avançar e avaliar progênies F<sub>2:3</sub> de tomate para o programa de melhoramento da UFRPE que visa a resistência à murcha bacteriana. Inicialmente foi realizada a hibridação entre os genótipos Yoshimatsu e Caline IPA-7. O primeiro é resistente à *R. solanacearum* e à *R. pseudosolanacearum*, enquanto o segundo é suscetível a ambas as espécies, porém com características agronômicas desejáveis. Foram semeadas 20 progênies de tomate F<sub>2:3</sub>, além dos genitores Caline IPA-07 e Yoshimatsu. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, completo com quatro repetições. Os tratamentos foram as progênies F<sub>2:3</sub> e os dois genitores. Após a análise de variância e significância pelo teste de F ( $P < 0,05$ ), as médias dos tratamentos foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ( $P = 0,05$ ). Foram avaliadas as seguintes características agronômicas: Número de dias para antese (NDA); Número de dias para maturação do fruto (NDMF); Ciclo total (CT); Hábito de crescimento; Diâmetro longitudinal (DL) e Diâmetro transversal do fruto (DT); presença de rachaduras no fruto (PR); Número de lóculos (NL); Grupo de acordo com o formato do fruto; Calibre do fruto; Firmeza do fruto (FIR); e Brix e Acidez total titulável. De acordo com os dados, observou-se variabilidade entre as progênies. Considerando o hábito de crescimento, a maioria das progênies apresentaram hábitos semi-determinado ou indeterminado, assim como apresentam seus genitores Caline IPA-07 e Yoshimatsu, respectivamente. Quanto a classificação do formato dos frutos, também apresentaram variabilidade, sendo o maior percentual de frutos oblongos, o qual apresenta boa aceitabilidade entre os consumidores. Quanto a variável PR nos frutos avaliados, apenas as progênies 136, 55 e 134 tiveram frutos íntegros. Considerando o Brix das progênies e ambos genitores, todos apresentaram um valor na faixa de cinco, faixa aceitável e recomendado para o processamento industrial. Os resultados apresentados nas famílias indicam a possibilidade de novas linhagens resistentes que poderão ser avançadas e utilizadas no programa de melhoramento.

**Palavra-chave:** *Ralstonia solanacearum*; Tomateiro; Cultivar



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## AVALIAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MANGUEIRA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO.

Washington Carvalho Pacheco Coelho<sup>1\*</sup>; Willamo Pacheco Coelho Junior<sup>1</sup>; Luiz Cláudio Costa Silva<sup>1</sup>; Francisco Pinheiro Lima Neto<sup>2</sup>; Maria Auxiliadora Coelho de Lima<sup>2</sup>; Raquel de Souza Silva<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. <sup>2</sup>Embrapa Semiárido. <sup>3</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco. \*washington\_cpc@hotmail.com.

A manga (*Mangifera indica*) é uma fruta tropical muito popular no Brasil, sendo aproveitada tanto para consumo interno quanto para exportação. O Vale do São Francisco é uma das regiões produtoras mais importantes do país e continua expandindo sua área de produção para atender à crescente demanda por mangas. O melhoramento genético da cultura tem como um dos objetivos obter variedades com frutos apresentando características superiores, como textura e sabor, que possam melhorar a qualidade e conseqüentemente atender às exigências dos mercados externos e internos. Em 2012, foram coletados frutos de um exemplar da variedade Kent encontrado em um pomar da variedade Tommy Atkins no Vale do São Francisco. O objetivo foi de aproveitar as taxas de hibridação natural estimadas para a cultura. Os híbridos gerados foram cultivados no Campo Experimental de Mandacaru, localizado no município de Juazeiro, Bahia, e pertencente à Embrapa Semiárido. As plantas resultantes receberam irrigação por microaspersão e foram espaçadas a uma distância de 4 x 4m. Na safra de 2022-2023, os híbridos A7F02P07, A7F02P14, A7F03P03 e A7F03P07 foram identificados e os frutos maduros coletados, transportados e analisados no Laboratório de Fisiologia Pós-Colheita da Embrapa Semiárido. As análises preliminares, baseadas em um número limitado de caracteres, viabilizam a seleção de indivíduos superiores para as etapas seletivas posteriores que incluem um número muito maior de caracteres. Os caracteres considerados foram a massa do fruto (g), o comprimento (mm), o diâmetro transversal (mm), o diâmetro ventral (mm), o teor de sólidos solúveis totais (°Brix), a acidez total titulável (% de ácido cítrico) e o quociente calculado entre o teor de sólidos solúveis totais e a acidez total titulável. As análises mencionadas compreenderam todos os frutos produzidos de cada híbrido avaliado. O híbrido A7F02P14 apresentou a maior média de peso dos frutos equivalente a 498,4g e a menor acidez titulável com valor de 0,36, entretanto o híbrido A7F03P07 apresentou o maior teor de sólidos solúveis (20,21°Brix) e o híbrido A7F03P03 apresentou o menor quociente calculado entre o teor de sólidos solúveis totais e a acidez total titulável (cerca de 23,77). A avaliação dos híbridos comprova a geração de variabilidade genética nos cruzamentos intervarietais e, por conseguinte, a possibilidade de seleção de genótipos superiores.

**Palavras-chave:** *Mangifera indica*; cruzamento; progênie.

**Agradecimentos:** À CAPES e à UEFS pela bolsa de estudos e à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) pela disponibilização dos laboratórios e da estação experimental.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## AVALIAÇÃO DE POPULAÇÕES INDETERMINADAS EM F<sub>5</sub> e DETERMINADAS EM F<sub>8</sub> DE FEIJÃO-FAVA PARA RESISTÊNCIA A ANTRACNOSE

Giovana Bezerra França<sup>1\*</sup>; Marilha Vieira de Brito<sup>1</sup>; Carlos Humberto Aires Filho<sup>1</sup>; Verônica Brito da Silva<sup>1</sup>; Maruzante Pereira de Melo<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*giovanafranca@ufpi.edu.br

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) possui significativa importância socioeconômica na região Nordeste do Brasil. No entanto, um dos principais desafios que afetam essa cultura é a antracnose, doença encontrada frequentemente nos campos de produção, causando uma redução significativa na produtividade, principalmente se considerarmos a inexistência de cultivares melhorados e resistentes à referida doença. Assim, esse trabalho objetivou selecionar linhagens resistentes a antracnose em populações F<sub>5</sub> e F<sub>8</sub> de feijão-fava. A reação dos genótipos de feijão-fava à antracnose foi avaliada em condições de campo sem inoculação, no Centro de Ciências Agrárias (CCA) da Universidade Federal do Piauí (UFPI), em Teresina, Piauí, em uma área com o histórico de ocorrência da doença, nos meses de fevereiro a setembro de 2023. Foram avaliadas 40 linhagens F<sub>8</sub> de feijão-fava de porte determinado, em blocos casualizados com três repetições, sendo a parcela útil contendo 20 plantas. Enquanto as três populações F<sub>5</sub> de feijão-fava com hábito de crescimento indeterminado, foram avaliadas em mesmo delineamento experimental, mas com quatro fileira de 10 plantas. Aos 70 dias após o plantio, as plantas de cada experimento foram avaliadas visualmente, por três avaliadores. A severidade da doença foi estimada utilizando-se a seguinte escala de notas: nota 0 = ausência de sintomas de antracnose na planta; nota 1 = de 1 a 10% de sintomas; nota 2 = de 11 a 25% de sintomas; nota 3 = de 26 a 50% de sintomas; nota 4 = de 51 a 75% de sintomas e nota 5 = de 76 a 100% da planta com sintomas. Após a avaliação da severidade, obteve-se a média das notas atribuídas pelos avaliadores para as repetições de cada genótipo. Com base nas médias das notas da severidade da doença, os genótipos foram classificados em cinco categorias. Realizou-se a análise de variância dos dados, após a transformação para  $\sqrt{x + 1}$ . Para comparação de médias dos genótipos foi utilizado o teste de agrupamento Scott Knott. Não foi observado diferenças significativas entre os genótipos das três populações de crescimento indeterminado em F<sub>5</sub>. Já as notas das avaliações das 40 linhagens F<sub>8</sub>, 29 genótipos apresentaram níveis baixos de severidade da doença, enquanto 11 genótipos, foram os mais suscetíveis ao ataque da antracnose. Esses resultados sugerem a possibilidade de obtenção de linhagens com maior tolerância à antracnose que as variedades crioulas existentes.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; *Colletotrichum truncatum*; Pré-melhoramento.

**Agradecimentos:** CNPq, FAPEPI e UFPI.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## AVALIAÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES E COM HÁBITO DE CRESCIMENTO INDETERMINADO EM FEIJÃO-FAVA VIA METODOLOGIA REML/BLUP

Matheus Bezerra Martins<sup>1</sup>; Mariza Ribeiro dos Santos<sup>1</sup>; Maria Santa de Sousa Silva<sup>1</sup>; Carlos Humberto Aires Matos Filho<sup>1</sup>; Verônica Brito da Silva<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*marizaribeiroif@gmail.com

O feijão-fava apresenta uma grande variabilidade genética, sendo uma alternativa de renda e fonte de alimento para a agricultura familiar, principalmente na região Nordeste do Brasil. Embora um considerável avanço nas pesquisas nacionais tenha ocorrido nos últimos 20 anos, muito ainda precisa ser estudado, principalmente no que tange o melhoramento genético. O objetivo desse trabalho foi avaliar populações F<sub>5</sub> de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) com hábito de crescimento indeterminado para produtividade e qualidade dos grãos. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, em Teresina – PI, entre os meses de fevereiro a agosto de 2023. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso, com três repetições e quatro fileiras de 10 plantas, totalizando 120. Foram avaliados 12 caracteres em três populações de hábito de crescimento indeterminado (H53, H56 e H72). Os caracteres analisados, pelo modelo 121 do SELEGEN, foram: Número de dias para o início da floração (NDF); e Número de dias para maturação (NDM). O modelo 81 do SELEGEN foi usado para analisar a Altura da planta (AP); Comprimento da vagem (CV); Largura da vagem (LV); Espessura da vagem (EV); Número de lócus por vagem (NLV); Número de sementes por vagem (NSV); Número de vagens por planta (NVP); Comprimento da semente (CS); Largura da semente (LS) e Espessura da semente (ES). Os ganhos de seleção para o número de dias para o início da floração (NDF) e para o número de dias para maturação (NDM) foram maiores para a população H53, sendo a população mais tardia tanto para a floração quanto para a maturação. A população H56 foi a mais precoce para a floração e a população H72 foi a mais precoce para a maturação. Considerando os parâmetros genéticos estimados, nota-se que a variância genotípica ( $V_g$ ) foi menor que a variância ambiental entre as parcelas ( $V_{\text{parc}}$ ) em CV, LV, CS, LS e ES. Já os valores estimados para  $c^2_{\text{parc}}$  (coeficiente de determinação dos efeitos de parcela), demonstra que a herdabilidade para os genótipos estudados H53, H56 e H72 foram baixos. A média geral para todas as variáveis CV, LV, EV, NLV, NSV, CS, LS e ES foi favorável e se mostrou dentro do padrão esperado. Considerando os caracteres avaliados, conclui-se que a população H53 se mostrou superior em relação as demais e que possui potencial agrônomo para a agricultura familiar que opta por utilizar germoplasma de hábito de crescimento indeterminado e com ciclo mais tardio.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; ganhos genéticos; modelos mistos.

**Agradecimentos:** FAPEPI e CNPQ/UFPI



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## AVALIAÇÃO DE RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA A *Macrophomina phaseolina*

Rewysson Alves Ribeiro da Silva<sup>1\*</sup>; Marcones Andrade da Silva Barbosa<sup>1</sup>; Ana Paula Medeiros dos Santos Rodrigues Mendonça<sup>1</sup>; Antonio Félix da Costa<sup>2</sup>; Victoria Regina de Souza Moura<sup>1</sup>; Gérsia Gonçalves de Melo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco. <sup>2</sup>Instituto Agrônomo de Pernambuco.  
\*rewysson.alves@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), pertencente à família Fabaceae, é a segunda espécie de maior importância socioeconômica do gênero *Phaseolus*, por apresentar elevado potencial de cultivo, diversidade genética e adaptação a condições ambientais distintas. Segundo dados do IBGE, no ano de 2022 mais de 99% da produção nacional de fava foi oriunda da região Nordeste. A *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid, é um fungo de solo, agente causador da podridão cinzenta do caule, sintomas que tornam-se mais graves quando há baixa umidade e elevadas temperaturas. Este patógeno possui diversos hospedeiros, o que dificulta ainda mais o seu manejo. O objetivo do trabalho foi avaliar variedades de fava crioulas do Banco de Germoplasma (BAG) do Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), a fim de encontrar genótipos resistentes à podridão cinzenta do caule. Foram testados 45 acessos de feijão-fava do BAG do IPA. O isolado de *M. phaseolina* foi obtido a partir de uma colônia previamente isolada no IPA. Grãos de sorgos colonizados foram utilizados como inóculo do fungo. Os sintomas foram avaliados aos 10 e 20 dias após o plantio, segundo escala de notas. O delineamento foi inteiramente casualizado, e os dados foram submetidos a testes de médias Scott-Knott ( $P \leq 0,05$ ) com o programa estatístico SISVAR. Avaliando o comportamento dos 45 genótipos de feijão-fava a *M. phaseolina*, aos 10 dias após o plantio, 44 genótipos apresentaram suscetibilidade alta e um genótipo, o Fava 35, apresentou resistência média, com 44% de severidade da doença. Aos 20 dias, todas as plantas testadas frente ao patógeno estavam mortas. Durante a condução do experimento, as testemunhas não apresentaram sintomas da doença. A partir dos resultados observados, percebe-se a dificuldade na obtenção de fontes genéticas de fava com elevado grau de resistência a *M. phaseolina*, provavelmente devido ao processo de patogênese efetuado. Diante disso, o desenvolvimento de trabalho como esse é de grande importância para o cumprimento das etapas base dos programas de melhoramento, que necessitam do maior número de informações possíveis sobre os materiais.

**Palavras-chave:** Fava crioula; Fungo de solo; Suscetibilidade

**Agradecimentos:** UFRPE, IPA e CNPq.





# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## AVALIAÇÃO DE SOMACLONES DA CULTIVAR PRATA ANÃ DE BANANEIRA PARA RESISTÊNCIA AO *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense

Ana Carolina Lima Santos dos Santos<sup>1</sup>; João Pedro Falcón Lago de Jesus<sup>1</sup>; Mileide dos Santos Ferreira<sup>2</sup>; Wanderley Diaciso dos Santos Oliveira<sup>2</sup>; Tamyres Amorim Rebouças<sup>3</sup> e Janay Almeida dos Santos-Serejo<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. <sup>3</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. \*ana101lima@gmail.com

A banana (*Musa* spp.) é a quarta maior cultura alimentar no mercado global, depois do arroz, trigo e milho. Por seu alto índice de consumo, o cultivo é de grande importância para o setor socioeconômico e para agricultura. Porém, assim como outras culturas comerciais, a produção de banana é afetada por doenças causadas por fitopatógenos, com destaque para a murcha de Fusarium, causada pela ação do fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense (Foc), que ocasiona devastações nas plantações de bananeira em todo o mundo. A raça 1 tem causado problemas para cultivares do subgrupo Prata, com isso, se faz necessário produção de variedades resistentes à doença através de melhoramento genético. Esse trabalho teve o objetivo de obter genótipos de bananeira da cultivar 'Prata Anã' resistentes à murcha de Fusarium pela técnica de indução de variação somaclonal. O trabalho foi realizado no Laboratório de Cultura de Tecidos e em casa de vegetação da Embrapa Mandioca e Fruticultura, sendo utilizadas plantas da cultivar 'Prata-Anã'. Para a indução de variação somaclonal, os explantes foram submetidos ao meio de cultura MS, suplementado com 1 mg L<sup>-1</sup> de Thidiazuron (TDZ), 1,6 mg L<sup>-1</sup> de ácido indolacético (AIA), 80 mg L<sup>-1</sup> de hemissulfato de adenina e 30 g L<sup>-1</sup> de sacarose, com pH ajustado para 5,8 e solidificado com 2,4 g L<sup>-1</sup> de Phytigel<sup>®</sup> por elevado número de subcultivos. As mudas obtidas foram aclimatizadas e em seguida plantadas em canteiros contendo solo infestado com Foc 229A raça subtropical 4 (ST4). Após 90 dias de plantio, as plantas foram avaliadas quanto à resistência ao patógeno, seguindo a escala de notas que atribui notas de 1 a 5. Das 700 variantes somaclonais avaliadas, um total de 2% de plantas com nota 1, que corresponde a 14 plantas foram consideradas resistentes. As demais plantas foram consideradas suscetíveis e obtiveram: nota 2 - total de 13,57% (95 plantas); nota 3 - total de 23,14% (162 plantas); nota 4 - total de 28,14% (297 plantas); e nota 5 - total de 33,14% (232 plantas) com rizoma totalmente necrosado. Sendo assim, obteve-se uma seleção de 14 plantas consideradas resistentes, concluindo que a técnica de indução de variação somaclonal possui resultados promissores para a obtenção de variedades resistentes de bananeira da cultivar Prata Anã à murcha de Fusarium.

**Palavras-chave:** Biotecnologia; *Musa* spp; Resistência genética.

**Agradecimentos:** Agradecimentos, a Embrapa; CNPq; Fapesb; Capes.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## AVALIAÇÃO DO DESENVOLVIMENTO DE MUDAS MICROPROPAGADAS DO HÍBRIDO DE ABACAXIZEIRO BRS DIAMANTE MICROBIOLIZADAS EM CASA DE VEGETAÇÃO

Caroline dos Santos<sup>1</sup>; Danilo Silva dos Santos Andrade<sup>1</sup>; Daniele Candeias Santos<sup>1</sup>;  
Paulo Henrique da Silva<sup>2</sup>; Fernanda Vidigal Duarte Souza<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura.  
\*pphsilvaufbr@gmail.com

Apesar da qualidade da muda micropropagada, o setor produtivo de abacaxi tem rejeição à sua adoção, devido ao lento tempo de aclimatização, que eleva seu custo. A microbiolização consiste na inoculação de microrganismos benéficos, promotores de crescimento e pode ser uma opção para reduzir o tempo de aclimatização das plantas. Esse trabalho teve como objetivo avaliar o efeito de bactérias benéficas associadas ao gênero *Ananas* spp., na promoção de crescimento de mudas micropropagadas do híbrido BRS Diamante em casa de vegetação. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 7 tratamentos + controle e 50 repetições, sendo cada repetição 1 planta. A microbiolização foi realizada após 15 dias da aclimatização em casa de vegetação, com os isolados bacterianos (BAC25, BAC406 e BAC222), quatro combinações entre eles e mais o controle. Foi utilizado 10mL de cada inóculo com concentração bacteriana de  $10^8$  UFC mL<sup>-1</sup> em seus devidos tratamentos. Os efeitos da microbiolização foram avaliados 30 dias após a inoculação das mudas a posteriormente a cada 15 dias até completar um período de 120 dias. As variáveis avaliadas foram: número de folhas; altura da planta (cm); e comprimento da folha D (cm). Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott ( $P \leq 0,05$ ). De acordo com os resultados, houve diferença significativa entre os tratamentos das variáveis avaliadas aos 120 dias. O Mix composto pelos isolados BAC 25 e BAC 406 resultaram em efeito positivo no crescimento das plantas, promovendo um aumento na altura (8,93 cm) e comprimento (10,21 cm). Os demais tratamentos apresentaram resultados similares ou inferiores ao controle. Os resultados evidenciam que o uso de bactérias benéficas resultou em incremento de crescimento de mudas micropropagadas do híbrido BRS Diamante, em casa de vegetação.

**Palavras-chave:** Agricultura sustentável; Manejo de mudas; Melhoramento.

**Agradecimentos:** CAPES e CNPMF.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## AVALIAÇÃO FITOPATOLÓGICA DE POPULAÇÕES F<sub>5</sub> DE FEIJÃO-FAVA QUANTO A RESISTÊNCIA AO *Colletotrichum truncatum*

Marilha Vieira de Brito<sup>1</sup>; Kathully Karolaine Brito Torres<sup>1\*</sup>; Maruzanete Pereira de Melo<sup>1</sup>, Giovana Bezerra França<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*kathully@ufpi.edu.br

O feijão-fava é uma espécie economicamente importante do gênero *Phaseolus*. Contudo, os cultivos apresentam baixa produtividade, tendo como uma das causas a incidência de doenças, dentre as quais a antracnose, que tem como principal agente causal o fungo *Colletotrichum truncatum*. No Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI existem populações resultantes de cruzamentos entre genótipos de feijão-fava resistentes e suscetíveis ao patógeno. Nesse sentido, objetivou-se selecionar linhagens de feijão-fava na geração F<sub>5</sub> resistentes à antracnose. A avaliação fitopatológica foi conduzida entre os meses de fevereiro a abril de 2023, no telado do Laboratório de Fitossanidade, do Departamento de Fitotecnia da UFPI, em delineamento inteiramente casualizado, sendo a parcela constituída por uma planta. A inoculação do fungo foi realizada aos 40 dias da semeadura, quando quatro plantas de cada genótipo foram inoculadas com suspensão de esporos do isolado CT4 de *C. truncatum* com concentração ajustada em 10<sup>6</sup> esporos/mL e uma planta testemunha, inoculada com água destilada autoclavada. Após a inoculação, instalou-se as plantas em câmara úmida, por 24 horas. A avaliação dos sintomas foi efetuada com 10 dias da inoculação, conforme a escala de notas desenvolvida por Tamayo adaptada. Na análise estatística, inicialmente os dados de severidade foram transformados para  $\sqrt{x+1}$ , visando obter normalidade dos erros e homogeneidade da variância dos tratamentos. Em seguida, foram submetidos à análise de variância e agrupamento de médias pelo teste proposto por Scott e Knott (P < 0,05%), com auxílio dos programas R e Genes. Com base no agrupamento de médias, foram-se os grupos “a” e “b”, com 15 genótipos classificados como moderadamente resistentes, e um como altamente resistente, respectivamente. Porém, a classificação realizada com base nas notas dos avaliadores não coincidiu com o agrupamento pelo teste de Scott e Knott, sendo que o grupo “a” correspondeu a um genótipo classificado como moderadamente suscetível e três moderadamente resistentes; já o grupo “b” incluiu 11 genótipos classificados como moderadamente resistentes e um altamente resistente. Isso pode ser explicado pela progressão da doença, mudando a nota atribuída e, conseqüentemente, alterando a classificação. Tais resultados permitem selecionar progênies de feijão-fava com bom nível de resistência ao *C. truncatum*.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; antracnose; pré-melhoramento.

**Agradecimentos:** CNPQ, CAPES e UFPI.



# VI SIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS ORIUNDAS DO GÊNERO *Ananas* NO DESENVOLVIMENTO RADICULAR DE HÍBRIDOS DE ABACAXIZEIRO EM CASA DE VEGETAÇÃO

Caroline dos Santos<sup>1</sup>; Rannah Raquel Barreto Silva; Daniele Candeias Santos<sup>1</sup>;  
Laercio Duarte Souza<sup>2</sup>; Paulo Henrique da Silva<sup>2\*</sup>; Fernanda Vidigal Duarte Souza<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura.  
\*pphsilvaufbr@gmail.com

O abacaxizeiro é uma planta que apresenta um lento desenvolvimento do sistema radicular, com raízes concentradas nas camadas mais superficiais do solo. É uma planta que necessita de diversos nutrientes, pois seu estado nutricional tem grande influência no desenvolvimento vegetativo, na produção e qualidade do fruto. O uso de bactérias promotoras de crescimento pode auxiliar na melhoria do sistema de raízes, impactando no desenvolvimento da planta. Nesse sentido, este trabalho teve como objetivo, avaliar os efeitos de bactérias endofíticas associadas ao gênero *Ananas*, no desenvolvimento radicular de plantas de abacaxizeiro. Neste estudo, foram utilizados dois híbridos de abacaxi, BRS SolBahia e BRS Diamante. Plantas oriundas de micropropagação in vitro foram microbiolizadas em casa de vegetação, utilizando três isolados de bactérias (BAC25, BAC222 e BAC406) e quatro mix entre elas, que em avaliações prévias demonstraram potencial na promoção de crescimento. Ao final das avaliações sobre os efeitos dos isolados no desenvolvimento e crescimento das plantas (parte aérea), foi realizada uma análise destrutiva das raízes. As plantas foram distribuídas em cinco repetições por tratamento mais o controle de ambos os híbridos, totalizando 80 parcelas, das quais foram coletadas as raízes para avaliação. Essas raízes foram passadas em peneira de 1mm para que o solo e excessos do substrato fossem removidos, para sua posterior pesagem. Em seguida, foram submetidas ao processo de digitalização de imagem por meio de um escâner, modelo LaserJet M1132 MFP, utilizando o Programa Imaging. As imagens obtidas foram utilizadas para a leitura de raízes através do Programa GSRoot para medição do comprimento e diâmetro de cada tratamento. Os resultados para o híbrido BRS Diamante mostram que os tratamentos BAC406 e MIX BAC25+BAC406 favoreceram maiores médias para o comprimento das raízes nos diâmetros  $D < 0,25$ ,  $0,25 < D < 0,5$  e  $0,5 < D < 0,75$ , além do diâmetro  $D > 1,0$  para o Mix BAC25+BAC406. Para o híbrido BRS SolBahia, o isolado BAC406 promoveu os melhores resultados nos diâmetros  $D < 0,25$ ,  $0,25 < D < 0,5$  e  $D > 1$  em relação aos demais isolados, mas não diferiu estatisticamente do controle. Estes resultados demonstram que, nas condições do estudo, houve um efeito positivo destes tratamentos no desenvolvimento do sistema radicular dos híbridos BRS SolBahia e BRS Diamante, para as raízes de menor diâmetro, que são responsáveis por absorverem maior quantidade de água e nutrientes para as plantas.

**Palavras-chave:** Abacaxi; Melhoramento; Microrganismos.

**Agradecimentos:** CNPq, FAPESB, UFRB e a Embrapa Mandioca e Fruticultura.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-Melhoramento e Melhoramento

## CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE ACEROLEIRA (*Malpighia emarginata* Sessé & Moc. ex DC.) DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA SEMIÁRIDO

Flávio de França Souza<sup>1</sup>; Sérgio Tonetto de Freitas<sup>1</sup>; José Mauro da Cunha e Castro<sup>1</sup>; Magnus Dall'Igna Deon<sup>1</sup>; Tiago Lima do Nascimento<sup>2</sup>; Raquel de Souza Silva<sup>3\*</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Semiárido. <sup>2</sup>Facepe. <sup>3</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco.  
\*rakelslog@gmail.com

A acerola é uma fruta de alto valor nutracêutico, sobretudo, devido ao elevado teor de vitamina C e outros compostos bioativos, tais como polifenóis e carotenoides. Nos últimos anos, com a intensificação do uso de clones melhorados na formação dos pomares comerciais, tem-se observado uma rápida redução da variabilidade genética da espécie, no Brasil. Desde 2013, a Embrapa Semiárido possui um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) com 96 acessos conservados no Campo Experimental do Bebedouro, em Petrolina, PE. Os acessos são oriundos dos estados de Pernambuco, Bahia, Ceará, Paraíba, Paraná e São Paulo e foram introduzidos por meio de coletas em pomares de pés-francos e do intercâmbio com outras instituições de ensino e pesquisa. Cada genótipo encontra-se representado por duas plantas, resultantes de enxertia, conduzidas no espaçamento de 4m x 4m, sob sistema de irrigação por gotejamento e manejadas segundo as especificações técnicas para a cultura. No primeiro semestre de 2023, as plantas foram submetidas à caracterização fenotípica, utilizando-se descritores qualitativos e quantitativos de planta, folha e fruto maduro, a saber: hábito de crescimento da planta (HC), densidade de ramos (DR), posição da parte mais larga da folha (PF), ondulação da margem foliar (OM), intensidade da cor verde na face superior da folha (IV), forma do fruto (FF), profundidade dos sulcos intercapelares (PS), largura da cavidade peduncular (LC), massa de fruto (MF), sólidos solúveis totais (ST), acidez titulável (AT), teor de ácido ascórbico (AA) e firmeza do fruto (FZ). Os dados qualitativos foram tomados utilizando as escalas de notas propostas pelo Sistema de Proteção de Cultivares do MAPA, enquanto os quantitativos foram medidos utilizando-se os equipamentos e procedimentos específicos para cada descritor. Em relação às categorias dos descritores qualitativos, foram observados os seguintes percentuais de acessos: HC [18,4% eretos, 53,1% abertos e 27,6% pendente]; DR [24,5% baixa, 33,7% média e 39,8% alta]; PF [14,3% em direção à base, 67,3% no meio e 16,3% em direção ao ápice]; OF [29,6% fraca, 46,9% média e 21,4% forte]; IV [3,1% clara, 40,8% média e 53,1% forte]; FF [37,6% oblonga, 3,5% circular e 58,8% achatada]; PS [35,3% rasa, 55,3% média e 9,4% profunda], e LC [10,6% estreita, 41,2% média e 48,2% larga]. Os descritores quantitativos apresentaram as seguintes amplitudes: MF [2,6 g a 13,2 g]; ST [9,9 °brix a 14,4 °brix]; AT [0,12% a 1,75%]; AA [576,9 mg/100g a 3269,23 mg/100g] e FZ [37,0N a 46,7N]. Esses resultados demonstraram haver ampla variabilidade entre os acessos, o que confirma a importância do BAG de aceroleira da Embrapa Semiárido para a conservação e melhoramento genético da espécie.

**Palavras-chaves:** Diversidade genética; Acessos.

**Agradecimentos:** Embrapa, Universidade Federal do Vale do São Francisco e Facepe.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## CARACTERIZAÇÃO FÍSICA E FÍSICO-QUÍMICA DE ACESSOS DE MANGUEIRA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA SEMIÁRIDO.

Washington Carvalho Pacheco Coelho<sup>1\*</sup>; Wllamo Pacheco Coelho Junior<sup>1</sup>; Luiz Cláudio Costa Silva<sup>1</sup>; Francisco Pinheiro Lima Neto<sup>2</sup>; Maria Auxiliadora Coelho de Lima<sup>2</sup>; Cristina dos Santos Ribeiro Costa<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. <sup>2</sup>Embrapa Semiárido.  
\*washington\_cpc@hotmail.com.

Dentre as frutas tropicais, a manga tornou-se uma das frutas mais produzidas no mundo e no Brasil, que está entre os dez maiores produtores. A mangueira tem como centro de origem o sul da Ásia, existindo atualmente centenas de variedades espalhadas por todo o mundo, cada uma delas com características específicas. A diversidade das características é de extrema importância para atender às preferências dos consumidores. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar acessos de mangueira, baseando-se em atributos físicos e físico-químicos, visando ao fortalecimento do programa de melhoramento genético da cultura desenvolvido na Embrapa Semiárido. Os acessos caracterizados pertencem ao Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semiárido, localizado na Estação Experimental de Mandacaru, situada no município de Juazeiro, Bahia. Os acessos são constituídos por quatro plantas, no espaçamento 10 m x 10 m, irrigadas com o auxílio de microaspersores, com poda anual realizada após cada colheita. As análises foram realizadas no Laboratório de Fisiologia Pós-Colheita da Embrapa Semiárido. Os caracteres considerados foram a massa do fruto (g), o comprimento (mm), o diâmetro transversal (mm), o diâmetro ventral (mm), o teor de sólidos solúveis totais (°Brix), a acidez total titulável (% de ácido cítrico) e o quociente calculado entre o teor de sólidos solúveis totais e a acidez total titulável. As análises mencionadas compreenderam 40 frutos dos acessos Irwin, Juazeiro IV, Tinfan e Ubá. O acesso Tinfan apresentou as melhores médias nas variáveis peso do fruto, comprimento, diâmetro transversal e diâmetro ventral, entretanto foi o acesso Ubá que apresentou a maior média no teor de sólidos solúveis com um valor de aproximadamente 22,7° Brix. Para a acidez titulável os acessos Tinfan e Juazeiro IV apresentaram o menor valor (0,46). O acesso Juazeiro IV apresentou a maior média do quociente calculado entre o teor de sólidos solúveis e a acidez titulável com um valor de 59,12. Os resultados comprovam a existência de diversidade genética entre os parâmetros avaliados, o que viabiliza o planejamento de cruzamentos no programa de melhoramento genético conduzido pela Embrapa Semiárido. A caracterização é fundamental para selecionar combinações promissoras e obter novas variedades com características desejáveis.

**Palavras-chave:** Mangueira; acessos; pós-colheita.

**Agradecimentos:** À CAPES e à UEFS pela bolsa de estudos e à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) pela disponibilização dos laboratórios e da estação experimental.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DA MORFOMETRIA DO CÁLICE E OVÁRIO PARA A DIVERSIDADE DE *Adenium* sp.

Ezequiel de Lacerda Brandão<sup>1\*</sup>; Divina Sousa Reis<sup>1</sup>; Aldemir Oliveira da Costa<sup>1</sup>;  
Rosane Cláudia Rodrigues<sup>1</sup> e Jardel Oliveira Santos<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Maranhão - UFMA. \*ezequiel.lacerda@discente.ufma.br

No gênero *Adenium*, também conhecidas como rosas do deserto, são descritas plantas de ramos com diâmetros densos, caule alargado, folhas verde-escuras, e grande diversidade de coloração para as flores, desde tons de amarelos, vermelho, rosa, branca e mistas. Originário das regiões áridas e semiáridas da África e da Península Arábica, esse gênero é bastante explorado comercialmente devido à diversidade das cores das flores, apesar de poucos trabalhos disponíveis. Nesse sentido, objetivou-se identificar a contribuição relativa de características morfométricas da flor em 27 genótipos de rosas do deserto (*Adenium* sp.). Os genótipos utilizados pertencem a uma coleção particular de plantas “Ateliê da Zootecnista” de Chapadinha, MA. Foram coletadas aleatoriamente três flores em antese, em plantas com idade variando entre 2 e 5 anos de cultivo, durante o mês de setembro de 2023. As flores foram avaliadas quanto ao diâmetro da corola (DCF), comprimento da corola (CCF), diâmetro do ovário (DOF) e distância do ovário até a base da corola (DOB), todas as medidas aferidas em milímetro. A estrutura floral dos genótipos de *Adenium* sp. conservadas na coleção “Ateliê da Zootecnista” possuem características morfométricas altamente significativas, e o DCF (10,73mm), CCF (54,80mm) e DOB (8,49mm) possibilitam a diferenciação dos 27 genótipos em diferentes grupos de diversidade. A análise de contribuição relativa das medidas do cálice e ovário baseados no método de Singh para a divergência genética, evidenciou que o DCF (32,65%), CCF (16,35%), DOF (8,34%) e DOB (42,64%) contribuíram de maneira diferente. No entanto, as características de maior poder discriminatório dos genótipos das rosas do deserto avaliadas foram DFC (32,65%) e DOB (42,64%), capazes de representar 75,29% da diversidade genética entre os 27 genótipos avaliados. Os DCF e DOB são caracteres da flor chaves para estimar representativamente a diversidade dos genótipos das rosas do deserto (*Adenium* sp.) conservados na coleção “Ateliê da Zootecnista”. A diversidade genética das rosas do deserto (*Adenium* sp.) pode ser estimada por características morfométricas do cálice e ovário das flores.

**Palavras-chave:** Distância generalizada de Mahalanobis; Divergência genética; Método Singh

**Agradecimentos:** Ao laboratório de Genética e Recursos Genéticos Vegetais – GENEAL do CCCh/UFMA e ao Ateliê da Zootecnista pela disponibilização do material vegetal usado nesse estudo.

# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## CORRELAÇÕES ENTRE DESCRITORES DE FRUTO DE ACEROLEIRA EM DIFERENTES ESTÁDIOS DE MATURAÇÃO

Raquel de Souza Silva<sup>1\*</sup>; Sérgio Tonetto de Freitas<sup>2</sup>; Flávio de França Souza<sup>3</sup>; João Cláudio Vilvert<sup>3</sup>; Willamo Pacheco Coelho Júnior<sup>5</sup>; Washington Carvalho Pacheco Coelho<sup>6</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco. <sup>2,3</sup>Embrapa Semiárido. <sup>4</sup> Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia <sup>5,6</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. \*rakelslog@gmail.com

A acerola (*Malpighia emarginata* Sessé & Moc. ex DC.) tornou-se uma fruta de interesse econômico devido ao seu alto teor de ácido ascórbico. Sua produção destina-se, principalmente, a extração da vitamina C, em frutos verdes, para atender às indústrias de suplementos alimentares, cosméticos e fármacos. Os frutos maduros, geralmente, são comercializados na forma de polpa congelada e sucos. A espécie apresenta ampla variabilidade, inclusive para caracteres físico-químicos dos frutos, em diferentes estádios de maturação. Uma das estratégias para explorar essa variabilidade de forma eficiente e acelerar o ganho genético em programas de melhoramento é utilizar o conhecimento das associações entre os caracteres de interesse. O objetivo deste trabalho foi estimar as correlações entre descritores de frutos avaliados em acessos de aceroleira do Banco Ativo de Geromplasma (BAG) da Embrapa Semiárido. O acervo está instalado na Estação Experimental de Bebedouro, em Petrolina-PE, em solo do tipo argissolo vermelho-amarelo e clima tropical semiárido (BSwh). Utilizou-se delineamento de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de três plantas. As avaliações foram realizadas no segundo semestre de 2022, coletando-se, em cada acesso, três amostras de 500g de frutos, respectivamente, nos estádios fisiológicos verde (1), intermediário (2) e maduro (3). Avaliaram-se a massa média (MM); cor da casca em função dos parâmetros LCH; a firmeza (FIRM); a acidez titulável (AT); o teor de sólidos solúveis (SS); a relação SS/AT; e teor de ácido ascórbico (AA). Utilizando-se o programa GENES, os dados foram submetidos à análise de variância e as correlações foram calculadas com base no quociente das covariâncias entre os caracteres e os produtos dos respectivos desvios-padrão. A acidez titulável correlacionou-se negativamente, nos três estádios fisiológicos, com o teor de sólidos solúveis em frutos verdes, confirmando que conforme a maturação dos frutos avança, observa-se a redução da acidez. De modo geral, correlações altas ( $r > 0,70$ ) e positivas foram observadas entre os três estádios de maturação, quando considerado cada caráter separadamente. Destacaram-se as correlações envolvendo a massa de fruto ( $MF1 \times MF2 = 0,82$ ;  $MF1 \times MF3 = 0,79$  e  $MF2 \times MF3 = 0,79$ ) e ácido ascórbico ( $AA1 \times AA2 = 0,93$ ;  $AA1 \times AA3 = 0,79$  e  $AA2 \times AA3 = 0,68$ ). Esses resultados indicam a possibilidade de se fazer a seleção para esses caracteres utilizando apenas um estágio de maturação, o que torna o processo mais prático e econômico.

**Palavras-chaves:** Acerola; seleção; ácido ascórbico.

**Agradecimentos:** Embrapa, Univasf e Fapece.





# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## DESEMPENHO DE ACESSOS DE *Physalis angulata* PARA CARACTERÍSTICAS DE FRUTOS

Arsene Mariano Sebastien Toupe<sup>1</sup>; Elias Machado da Silva<sup>1</sup>; Adriana Rodrigues  
Passos<sup>1</sup>; Luiz Cláudio Costa Silva<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. \*lccsilva@uefs.br

O gênero *Physalis* possui seu centro de diversidade nas Américas, e várias espécies apresentam potencial para cultivo em condições brasileiras. A *Physalis angulata* L., conhecida no Brasil por nomes como camapu, juá-de-capote e balãozinho, é encontrada em quase todos os estados brasileiros. Apesar de ser considerada uma espécie invasora em muitos cultivos, apresenta grande aplicação na medicina tradicional, e seus frutos são comestíveis e com boas qualidades nutricionais, como a presença de vitamina C, carotenóides e compostos fenólicos. Neste sentido, o objetivo deste estudo foi avaliar o desempenho de quatro acessos de *P. angulata* para características de frutos. As sementes foram germinadas em copos de 200 mL contendo solo + substrato vegetal, e quando as mudas atingiram cerca de 20-25 cm, foram transplantadas para campo experimental do Horto Florestal da UEFS, em covas previamente adubadas com NPK. O experimento foi realizado, entre agosto de 2021 e janeiro de 2022, em delineamento inteiramente casualizado com 24 repetições, e parcela constituída de uma planta, com espaçamento de 0,5 m entre plantas e 1,0 m entre fileiras. Foi utilizada irrigação por gotejamento, cal em volta da área para controle do caramujo-gigante-africano, calda bordalesa para controle de oídios, e solução aquosa contendo etanol e vinagre para controle de ácaros. Os frutos foram colhidos no ponto de maturação (cor do cálice amarelada), e foram avaliadas as características número de frutos por planta (NFP), massa média de frutos (MMF) e teor de sólidos solúveis (TSS). Foi encontrada variação a 5% de significância entre os acessos para MMF e TSS, e herdabilidades no sentido amplo estimadas de 87,35% (MMF) e 74,18% (TSS), valores altos, considerando que estas são características quantitativas. Não foi encontrada variação significativa para NFP, importante característica produtiva, possivelmente por consequência de alta variação ambiental, especialmente devido ao ataque de patógenos, que levaram à morte de várias plantas. Pelo teste de Tukey (5%), os acessos de São Paulo e Itapetim-PE apresentaram maior massa média, e os acessos de Anguera-BA, Lajedinho-BA e Itapetim-PE apresentaram maior TSS. O acesso de Anguera atingiu 15,2 °brix, valor considerado adequado para comercialização de frutos de *Physalis*.

**Palavras-chave:** Camapu; Melhoramento genético vegetal; PANCs

**Agradecimentos:** CAPES (concessão de bolsa); FINAPESQ/UEFS 040/2021.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE UVAS BRASILEIRAS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE VIDEIRA DA EMBRAPA SEMIÁRIDO

Marcos Andrei Custodio da Cunha<sup>1</sup>; Francine Hiromi Ishikawa<sup>1</sup>; Cristina dos Santos  
Ribeiro Costa<sup>2</sup>; Patrícia Coelho de Souza Leão<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco. <sup>2</sup>Embrapa Semiárido.  
\*patricia.leao@embrapa.br.

A estimativa da diversidade dos recursos genéticos brasileiros de videira é de grande importância na conservação da espécie e subsidio dos programas de melhoramento genético. Desse modo, o objetivo do presente trabalho foi estudar a divergência genética entre as cultivares de uvas brasileiras, avaliadas no ciclo de produção do segundo semestre de 2022, no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de videira da Embrapa Semiárido. O BAG está localizado no Campo Experimental de Mandacaru, Juazeiro, BA. Foram avaliadas trinta e seis cultivares de uvas brasileiras, considerando-se as seguintes variáveis: índice de fertilidade de gemas (%); percentagem de brotação (%); massa fresca de ramos e folhas (g); produção (kg planta<sup>-1</sup>); número de cachos por planta; massa do cacho (g); comprimento do cacho (cm); largura do cacho (cm); massa da baga (g); comprimento da baga (mm); e diâmetro da baga (mm). Análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa Genes, obtendo as distâncias genéticas entre todos os pares de acessos, utilizando como medidas de dissimilaridade a Distância Generalizada de Mahalanobis (D2 ii'). Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre genótipos, foram identificadas as principais variáveis para determinar a divergência genética por meio do método hierárquico de ligação média entre grupos não ponderado (UPGMA). A menor distância genética foi observada entre as cultivares de uvas 'BRS Carmem' e 'Dona Zilá' (6.63), enquanto 'A Dona' e 'Benitaka' foram as mais distantes (193.33). De acordo com o dendrograma, utilizando-se o ponto de corte subjetivo 1.25 (137.09), foram formados 4 grupos, na qual vinte e seis cultivares (72,2%) incluindo uvas de mesa ('Aurora', 'BRS Melodia', 'BRS Tainá', 'BRS Vitória' e 'IAC 77526') e uvas para processamento ('BRS Carmem', 'BRS Cora', 'BRS Magna', 'Máximo' e 'Moscato Embrapa'), pertencentes aos programas de melhoramento genético da Embrapa e Instituto Agronômico de Campinas (IAC) foram integradas no mesmo grupo o que indica baixa variabilidade genética para os caracteres avaliados entre as cultivares de uvas brasileiras presentes no BAG de videira da Embrapa Semiárido.

**Palavras-chave:** *Vitis* spp.; Dissimilaridade; Análise multivariada.

**Agradecimentos:** Embrapa, Univasf e Capes.

# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## DIVERSIDADE GENÉTICA A PARTIR DE CARACTERES MORFOMÉTRICOS DA FLOR EM *Adenium* sp.

Ezequiel de Lacerda Brandão<sup>1\*</sup>; Divina Sousa Reis<sup>1</sup>; Aldemir Oliveira da Costa<sup>1</sup>;  
Rosane Cláudia Rodrigues<sup>1</sup> e Jardel Oliveira Santos<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Maranhão - UFMA. \*ezequiel.lacerda@discente.ufma.br

As rosas do deserto (*Adenium* sp.) vem sendo bastante utilizadas no Brasil como planta ornamental devido a beleza das flores e as formas únicas que o caule assume ao longo do seu crescimento. A partir da hibridação tem-se obtido novas combinações gênicas de *Adenium* sp. que expressão mais nuances de cor, forma, tamanho, quantidade de pétalas e além de muitas vezes exalarem odores diferenciados. Todavia, são incipientes as informações sobre a diversidade genética dos clones comercializados no Brasil. Nesse sentido, objetivou-se, com base em características da flor, estruturar grupos de diversidade genética 27 genótipos de rosas do deserto (*Adenium* sp.). Os genótipos utilizados pertencem a uma coleção particular de plantas “Ateliê da Zootecnista”, localizada em Chapadinha, MA. Foram coletadas aleatoriamente três flores em antese, em plantas com idade variando entre 2 e 5 anos de cultivo, durante o mês de setembro de 2023. As flores foram avaliadas quanto ao diâmetro da corola (DCF), comprimento da corola (CCF), diâmetro do ovário (DOF) e distância do ovário até a base da corola (DOB), todas as medidas aferidas em milímetro. A matriz obtida pela distância generalizada de Mahalanobis foi aplicada para estruturar grupos de dissimilaridade pelo método de otimização Tocher. Com base na análise dos agrupamentos estruturados por Tocher, foram identificados sete grupos de diversidade genética entre os genótipos de rosas do deserto (*Adenium* sp.). As distâncias dentro dos grupos evidenciaram que a maior distância intergrupo e intragrupo foram de 9,42 e 70,31, respectivamente, sugerindo que os grupos são bem distintos entre si em termos de diversidade genética. Já a maior distância intragrupo variou de 83,30 até 95,15, o que demonstra que mesmo dentro dos grupos ocorre variação genética apreciável. No Grupo 1 reuniram-se 66,67% dos genótipos de rosas do deserto (*Adenium* sp.), com médias de 11,55 mm para DCF; 57,06 mm para CCF; 4,57 mm para DOF e 9,76 mm para DOB. Os grupos 4, 5, 6 e 7, com características de flores bem peculiares alocaram genótipos isoladamente. Os 27 genótipos de rosas do deserto (*Adenium* sp.) conservados no “Ateliê da Zootecnista” podem ser estruturados em pelo menos sete grupos de diversidade genética baseados em características da flor.

**Palavras-chave:** Análise de agrupamento; Divergência genética; Recurso Genético

**Agradecimentos:** Ao laboratório de Genética e Recursos Genéticos Vegetais – GENEAL do CCCh/UFMA e ao Ateliê da Zootecnista pela disponibilização do material vegetal usado nesse estudo.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE ACEROLEIRA (*Malpighia emarginata* Sessé & Moc. ex DC.) POR MEIO DE MARCADORES ISSR

Flávio de França Souza<sup>1</sup>; Nataniel Franklin de Melo<sup>1</sup>; Tiago Lima do Nascimento<sup>2</sup>;  
Simone Sales Souza<sup>3</sup>; Mikaele de Souza Santos<sup>3</sup>; Raquel de Souza Silva<sup>4</sup>\*

<sup>1</sup>Embrapa Semiárido. <sup>2</sup>Facepe. <sup>3</sup>CNPq. <sup>4</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco.  
\*rakelslog@gmail.com

A introdução da aceroleira no Brasil ocorreu em poucos eventos e se deu a partir de um número reduzido de indivíduos, o que pode ter ocasionado deriva genética por meio do efeito fundador, restringindo a variabilidade da espécie, em território nacional. Desse modo, a caracterização do germoplasma disponível é importante para direcionar o manejo das coleções genéticas e a tomada de decisão nos programas de melhoramento. O presente trabalho objetivou estimar a diversidade genética das aceroleiras cultivadas no Brasil e conservadas no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semiárido. Atualmente, esse acervo possui 96 acessos mantidos *in situ*, no Campo Experimental de Bebedouro, em Petrolina, PE. As coletas para compor o BAG foram realizadas nos Estados de Pernambuco, Bahia, Ceará, Paraíba, Paraná e São Paulo, em pomares comerciais e em coleções de genéticas de outras instituições de ensino e pesquisa. Cada genótipo encontra-se representado por duas plantas, resultantes de enxertia, conduzidas no espaçamento de 4 m x 4 m, sob sistema de irrigação por gotejamento e manejadas segundo as especificações técnicas para a cultura. O DNA genômico foi extraído de folhas jovens pelo método Doyle & Doyle, amplificado utilizando-se 13 primers do tipo ISSR. Os dados foram analisados por meio do índice de coincidência de Jaccard, que produziu a matriz utilizada para o agrupamento dos acessos, pelo método UPGMA. A maior similaridade foi observada entre os acessos 'Flor Branca' e 'Junko' (0,024), enquanto 'Valéria' e 'Clone 47' (0,559) foram os acessos mais dissimilares. Observou-se a formação de dois grupos, sendo o primeiro, composto por 16 acessos, reunidos em dois subgrupos e o segundo, com 80 acessos, subdivididos em três agrupamentos. No caso dos acessos coletados em regiões cuja formação dos pomares se deu por meio de sementes, observou-se grande similaridade genética entre eles. Também foi observada similaridade, em nível molecular, entre clones oriundos do mesmo programa de melhoramento. Por outro lado, a divergência observada entre os grupos e subgrupos revelou haver variabilidade suficiente para ser explorada promovendo-se a recombinação entre acessos de grupos divergentes. Adicionalmente, o uso dos marcadores ISSR se mostrou como uma estratégia viável no estudo da diversidade genética em aceroleira, considerando o custo-benefício e a facilidade de aplicação.

**Palavras-chaves:** Marcadores moleculares; deriva genética, efeito fundador

**Agradecimentos:** Embrapa, CNPq, Universidade Federal do Vale do São Francisco e Facepe.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE ACEROLEIRA BASEADA EM DESCRITORES FÍSICO-QUÍMICO DE FRUTOS EM DIFERENTES ESTÁDIOS DE MATURAÇÃO

Raquel de Souza Silva<sup>1</sup>; Sérgio Tonetto de Freitas<sup>2</sup>; Flávio de França Souza<sup>3</sup>; João Claudio Vilver<sup>4</sup>; Willamo Pacheco Coelho Júnior<sup>5</sup>; Washington Carvalho Pacheco Coelho<sup>6</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco; <sup>2,3</sup>Embrapa Semiárido; <sup>4</sup>Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia; <sup>5,6</sup> Universidade Estadual de Feira de Santana.  
\*rakelslog@gmail.com

A Embrapa possui um Banco Ativo de Germoplasma de aceroleira (BAG), contendo um relevante acervo genético que pode ser útil no desenvolvimento de novas cultivares, tendo em vista as potencialidades que essa fruta possui. O presente trabalho objetivou estudar a diversidade dos últimos acessos introduzidos no BAG de aceroleira da Embrapa, conjuntamente com o germoplasma presente nas principais áreas tradicionais de cultivo. Para tanto, foram avaliados 14 acessos, a saber: CL3, CL8, CL9, CL12, CL13, CL14, CL20, CL26, CL27, CL30, CL31, CL36, CL38 e Tropicana; e 10 clones comerciais: 'BRS Sertaneja', 'BRS 366 Jaburu', 'BRS 238 Frutacor', 'BRS 237 Roxinha', 'BRS 236 Cereja', 'BRS 245 Apodi', 'Junko' e 'Costa Rica'. O acervo encontra-se conservado na Estação Experimental do Bebedouro, em Petrolina-PE, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de três plantas. As avaliações foram realizadas no segundo semestre de 2022. Os frutos foram colhidos em três estádios de maturação: (1) verde, (2) intermediário e (3) maduro. Avaliaram-se a massa média (MM); cor de casca expressa em escala  $L^*C^*h^{\circ}$ ; firmeza (FIRM); acidez titulável (AT); sólidos solúveis (SS); relação SS/AT e teor de ácido ascórbico (AA). Os dados foram submetidos a análise de variância, a estimação das distâncias generalizadas de Mahalanobis ( $D^2$ ), análise de componentes principais e importância relativa das variáveis, pelo método de Singh. Os acessos foram agrupados em um dendrograma baseado no método UPGMA, utilizando a matriz  $D^2$ . Os cálculos foram obtidos com o programa GENES. Verificaram-se diferenças altamente significativas entre os tratamentos para todas as características avaliadas, confirmando ampla variabilidade no germoplasma avaliado. Os caracteres que mais contribuíram para a divergência foram cor L (11,53%); AA-2 (11,61%); SS/AT-2 (10,62%) e os que menos contribuíram foram Cor H (0,36%); MM-2 (0,47%); AA-3 (0,71%). Os acessos CL02 e CL09 foram os genótipos mais dissimilares, e os mais similares foram o CL14 e CL16. Foi estabelecido a formação de cinco grupos distintos. O primeiro foi formado pelos genótipos: 'Junko', 'BRS Jaburu', 'BRS Cereja' e 'CL13'. O segundo foi o maior: 'BRS 237 Roxinha', CL12, CL31, CL08, 'BRS Sertaneja', 'BRS 235 Apodi', CL36, CL14 e CL27. O terceiro foi constituído por 'Costa Rica', 'BRS 238 Frutacor', CL20 e CL38. Os clones CL26 e CL30; CL09 e CL03 foram os genótipos mais divergentes, formando os grupos 4 e 5, respectivamente.

**Palavras-chaves:** Acerola; Diversidade genética; Acessos.

**Agradecimentos:** Embrapa, Univasf e Fapece.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE *Psidium cattleianum* SABINE PARA PRODUÇÃO DE MUDAS

Emanuel Regis Rodrigues de Amorim<sup>1</sup>; Larissa Santiago Ritt Ordonho<sup>1</sup>; Paulo César da Silva Santos<sup>1</sup>; Ramôn da Silva Santos<sup>1</sup>; José Severino de Lira Júnior<sup>2</sup>; Ricardo Gallo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). <sup>2</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA). \*emanuelrdeamorim@hotmail.com

A caracterização adequada dos recursos genéticos é fundamental para possibilitar ganhos genéticos promissores em programas de melhoramento e garantir a utilização eficaz de recursos genéticos. Assim, estudos de diversidade genética em bancos de germoplasma devem ser realizados a fim de caracterizar e classificar acessos quanto a sua divergência, incorporando-os em programas de melhoramento. Esta avaliação, pode ser realizada em diversos descritores agronômicos, em espécies de interesse socioeconômico, como o araçá-amarelo (*Psidium cattleianum*), endêmico do Brasil. Neste contexto, o estudo teve por objetivo avaliar a divergência genética de acessos de *P. cattleianum* por meio de descritores de emergência de sementes e produção de mudas. Foram coletados 15 frutos de 21 acessos em um banco de germoplasma da Estação Experimental do IPA de Itambé, sendo selecionadas 150 sementes de cada acesso para a produção de mudas. Foram avaliadas características relacionadas à emergência (porcentagem, índice de velocidade, tempo e velocidade média, e anormalidades). Após 150 dias foram avaliadas características de crescimento das mudas (altura, diâmetro do colo, número de folhas e brotos), bem como a sobrevivência. Os valores genéticos aditivos foram estimados utilizando metodologia de modelos mistos em delineamento de blocos casualizados considerando progênies de meio irmãos. Com base nos valores genéticos aditivos dos caracteres, foi realizado o agrupamento de Tocher, baseado na distância de Mahalanobis. Executando as análises via software Selegen – REML/BLUP. Como resultado, foi verificada divergência genética nos acessos de *P. cattleianum* do IPA de Itambé, em relação aos caracteres avaliados. A análise de agrupamento possibilitou a separação dos 21 acessos em 7 grupos distintos quanto a emergência de sementes e qualidade de mudas. Foi possível verificar a formação de um grupo formado com 67 % dos acessos, sendo os demais com representação de dois ou um acesso. Portanto, este estudo pode fornecer orientações relevantes para programas de melhoramento visando à produção de mudas, por meio da divergência genética entre acessos de *P. cattleianum*.

**Palavras-chave:** Araçá-amarelo; distância de Mahalanobis; Selegen – REML/BLUP.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco (APQ-0872-5.02/21) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (Processo: 408874/2021-0).



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES DE UVAS SEM SEMENTES NO VALE DO SÃO FRANCISCO

Patrícia Coelho de Souza Leão<sup>1\*</sup>; Jullyanna Nair de Carvalho<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Semiárido; <sup>2</sup>UNIBRAS. \*patricia.leao@embrapa.br.

O melhoramento genético de videira realizado pela Embrapa Semiárido tem como principal objetivo desenvolver novas cultivares de uvas de mesa sem sementes adaptadas ao ambiente tropical semiárido do Brasil e que atendam às principais demandas do setor produtivo e dos consumidores. O objetivo do presente trabalho foi estudar a diversidade genética existente entre indivíduos F1 de videiras com base em características agrônômicas. Foram estudados 44 genótipos de 11 progênies previamente selecionados para apirenia (ausência de sementes) e textura firme da baga. As progênies F1 estão implantadas no Campo Experimental de Mandacaru, Juazeiro, BA. Os valores médios das variáveis agrônômicas quantitativas foram utilizados para obter-se a distância euclidiana padronizada como medida de dissimilaridade e os agrupamentos pelo método hierárquico de ligação média entre grupos não ponderado (UPGMA). O ponto de corte no dendrograma foi definido pela metodologia Mojena 1. A menor distância genética foi observada entre os indivíduos 74\_10 e 74\_11 (1.05), enquanto 38\_121 e 64\_83 foram as mais distantes (9.04). O dendrograma evidenciou a formação de 8 grupos quando foi considerado ponto de corte a 4.23, sendo três grupos com apenas um indivíduo (49\_22, 64\_83, 38\_122 e 64\_61) e um grupo que concentrou 64% dos indivíduos. A análise de componentes principais indicou que os quatro primeiros CPs explicaram 77,8% da variação dos dados, sendo o PC1 (37%) correlacionado principalmente com o comprimento, diâmetro e peso da baga, e o PC2 com acidez titulável, comprimento do cacho e da baga. Os híbridos 28\_17, 28\_22, 28\_29, 38\_121, 38\_122 e 49\_171 foram agrupados no quadrante direito inferior destacando-se pelos valores elevados de peso, comprimento e largura do cacho, número de cachos e produção por planta. Enquanto 49\_22, 79\_04 e 79\_100, posicionados no quadrante direito superior, apresentaram valores elevados para comprimento, diâmetro e peso da baga. Análises estatísticas multivariadas podem ser utilizadas como estratégia para auxiliar na seleção de genótipos mais divergentes e superiores em relação às características de maior interesse do melhoramento genético.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético de videira; Dissimilaridade; Análise multivariada.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## EFEITO DA HETEROSE EM DESCRITORES DE FRUTOS EM *Physalis ixocarpa*

Jonathan Said Tejada Orellana<sup>1</sup>; Lucas Farias Almeida dos Santos<sup>1</sup>; José Márcio de Jesus Ribeiro<sup>1</sup>; Luiz Cláudio Costa Silva<sup>1</sup>; Adriana Rodrigues Passos<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. \*adrianarpassos@yahoo.com.br

O “tomate de cáscara” (*Physalis ixocarpa* Brot.) é uma espécie botânica nativa do México, pertencente à família Solanaceae que possui grande potencial na agroindústria, podendo ser uma substituta do tomate. É uma cultura que tem grande necessidade quanto à geração de híbridos que possuam altos rendimentos e, apesar da ampla exploração da espécie em países como o México, há necessidade de mais estudos para explorar seu potencial e melhorar seus atributos. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi estimar a Heterose através da geração de híbridos intervarietais de meio-irmãos, em *P. ixocarpa*, por meio da análise dialélica parcial. O experimento foi realizado no Horto Florestal da UEFS. A população foi composta por seis combinações híbridas (PI01, PI02, PI03, PI04, PI05, PI06) e cinco genitores, variedades verde (V) e roxo (R) (92V, 173V, 189V, 98R e 128R). Os cruzamentos foram realizados de outubro a dezembro de 2020, e a avaliação dos genitores e híbridos foi realizada de fevereiro a junho de 2021, utilizando o delineamento em blocos casualizados com três repetições, e parcela experimental de 10 plantas, com um espaçamento de 1,0 m entre fileiras e 0,50 m entre plantas. Foi utilizada irrigação por gotejamento. A adubação foi realizada conforme recomendação para a *Physalis peruviana*. As plantas foram conduzidas sob sistema tutorado. A manutenção da área consistiu em revisões periódicas para o controle efetivo de ervas daninhas, pragas e doenças. Foram avaliados os descritores produção de frutos (PF), número de frutos por planta (NFP), peso médio do fruto (PMF), eixo longitudinal do fruto (ELF), eixo transversal do fruto (ETF) e sólidos solúveis (SS). Utilizando as médias para cada progênie foram construídas as estimativas de heterose para cada descritor avaliado com o auxílio do software Genes. Não foram encontrados efeitos significativos para SS. Para o descritor ETF foram encontrados efeitos significativos para todos os híbridos, exceto para PI03, porém todos apresentaram valores negativos. Para PF, houve significância para todos os híbridos em questão, sendo que os híbridos com os maiores valores foram PI02 e PI05, com heterose de 34,25 e 44,46%, respectivamente. Quanto ao descritor NFP, verificou-se significância para os seis híbridos, com exceção de PI03 e PI04. Os híbridos com os maiores valores foram PI02 e PI05, obtendo-se heterose de 58,99 e 76,39%.

**Palavras-chave:** Tomate de cáscara; Melhoramento genético vegetal; Dialélio.

**Agradecimentos:** CAPES (concessão de bolsa); PPGRGV/UEFS.





# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## EFEITO DO PRÉ-TRATAMENTO COM PROMALIN® NA GERMINAÇÃO IN VITRO DE SEMENTES DE BANANEIRA

Mariana Conceição Menezes<sup>1\*</sup>; Maria Inês de Souza Mendes<sup>2</sup>; Fabiana Ferraz Aud<sup>2</sup>; Zalmar Santana Gonçalves<sup>2</sup>; Janay Almeida Santos-Serejo<sup>2</sup>; Edson Perito Amorim<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. <sup>2</sup>EMBRAPA Mandioca e Fruticultura. \*marimenezes\_6@hotmail.com.

A germinação de sementes provenientes de cruzamentos no gênero *Musa* é extremamente difícil em condições de viveiro, sendo utilizada a técnica de cultivo de embriões para promover o aumento de suas taxas de germinação e gerar híbridos de interesse em programas de melhoramento genético. Aliado a esta técnica, a embebição das sementes em fito hormônios pode ser uma alternativa para promover aumento da sua germinabilidade. O Promalin® é um produto formulado que contém ácido giberélico (18,8 g/L) e benziladenina (18,8 g/L) além de outros ingredientes, que pode melhorar o desempenho da germinação de sementes. Neste contexto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito do pré-tratamento por embebição em Promalin® na germinação *in vitro* de sementes de bananeira. Para isso, utilizou-se um lote de 105 sementes do genótipo CNPMF 0998 dividido em sete tratamentos, com três repetições com cinco sementes cada. Os tratamentos consistiram em mergulhar as sementes por 24 horas nas seguintes doses de Promalin®: sem embebição (controle); 0 mg.L<sup>-1</sup>; 200 mg.L<sup>-1</sup>; 300 mg.L<sup>-1</sup>; 400 mg.L<sup>-1</sup>; 500 mg.L<sup>-1</sup>; e 600 mg.L<sup>-1</sup>. As sementes foram desinfestadas em ambiente estéril de câmara de fluxo laminar e os embriões excisados e inoculados em placas de Petri com meio de cultura MS. Os embriões foram mantidos em incubadora BOD em temperatura alternada 20-30°C com fotoperíodo de 16h durante 20 dias. Os dados de porcentagem de germinação, número de raízes e massa fresca da planta foram submetidos à análise de variância e regressão polinomial com o uso do programa estatístico R. A menor porcentagem de germinação estimada (2,21%) foi obtida na dose de 200 mg.L<sup>-1</sup> de Promalin®, a partir da qual o percentual germinativo tende a aumentar, alcançando na dose de 600 mg.L<sup>-1</sup> 60% de germinação, em contraste com o tratamento sem embebição onde não houve germinação. Para as variáveis número de raízes e peso fresco das plântulas não houve diferença significativa entre os tratamentos. Dessa forma, novos estudos com o uso de doses mais elevadas ou de diferentes combinações dos fitorreguladores que compõem o Promalin® se faz necessário a fim de alcançar resultados ainda mais elevados no percentual germinativo de sementes de banana.

**Palavras-chave:** regulador de crescimento; *Musa* sp.; diploides melhorados.

**Agradecimentos:** Embrapa; Funarbe.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ESTRATÉGIAS PARA A SELEÇÃO GENÉTICA DE HÍBRIDOS DE UVAS SEM SEMENTES PARA O SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Patrícia Coelho de Souza Leão<sup>1\*</sup>; Jullyanna Nair de Carvalho<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Semiárido; <sup>2</sup>UNIBRAS. \*patricia.leao@embrapa.br.

O melhoramento genético de culturas perenes, como a videira, consome tempo e custos elevados, sendo de grande importância o uso de estratégias de biometria e estatística para seleção com maior acurácia, bem como, estimativas de parâmetros genéticos que permitam inferir sobre o controle e nível de variabilidade genética presente nas progênes. No melhoramento da videira, a seleção deve ser realizada com base em medições repetidas no mesmo indivíduo ao longo do tempo, o que maximiza a eficiência seletiva. Este estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos, coeficientes de repetibilidade e prever ganhos genéticos a fim de selecionar genótipos superiores em progênes de uvas de mesa sem sementes obtidas por meio de hibridizações controladas, utilizando a metodologia REML/BLUP (máxima verossimilhança residual/melhor predição linear não viciada). Foram avaliadas plantas individuais, na ausência de delineamento experimental, em relação às seguintes variáveis: produção; número de cachos; massa e comprimento do cacho; massa, comprimento e diâmetro da baga; teor de sólidos solúveis e acidez titulável. Quarenta e um híbridos pré-selecionados em relação a apirenia e textura firme da baga (carnosa ou crocante) oriundos de cruzamentos entre *Vitis vinifera* e híbridos interespecíficos foram avaliados no Campo Experimental de Mandacaru, da Embrapa Semiárido em Juazeiro, BA, durante pelo menos quatro ciclos de produção. Foram estimados coeficientes de repetibilidade que variaram desde 0,042 para produção por planta até 0,50 para diâmetro da baga, com valores de acurácia superiores a 80% em todas as variáveis com exceção de produção (59%). Nas variáveis massa, comprimento e diâmetro da baga são necessários apenas dois ciclos de produção para seleção com acurácia superior a 70%. Por outro lado, não é possível selecionar os híbridos com base na produção, onde 10 medidas repetidas (ciclos) ainda foram insuficientes e apresentaram baixa acurácia (56%). A seleção genotípica individual permite altos ganhos genéticos para características da baga e do cacho e ganhos moderados para teor de sólidos solúveis e acidez titulável. Considerando-se as variáveis massa, comprimento e diâmetro de baga, comprimento e massa do cacho, como as principais variáveis para a seleção genotípica, três híbridos (49\_171, 38\_122 e 38\_121) destacam-se entre os 10 superiores para estas variáveis simultaneamente e devem ser selecionados para avançar no programa de melhoramento genético de uvas de mesa no semiárido brasileiro.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético de videira; Dissimilaridade; Análise multivariada.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## FERTILIDADE MASCULINA EM ACESSOS DIPLOIDES E TRIPLOIDES DE BANANEIRA

Raísa da Silveira da Silva<sup>1\*</sup>; Lucymeire Souza Morais-Lino<sup>2</sup>; Janay Almeida dos Santos-Serejo<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB). <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. \*raisasilveira379@gmail.com.

O estudo da viabilidade e germinabilidade polínica fornecem informações que contribuem para a identificação de acessos promissores a serem usados como doadores de pólen em programas de melhoramento genético. O objetivo deste estudo foi avaliar e comparar a viabilidade polínica de 19 acessos diploides melhorados e 4 triploides do subgrupo Cavendish. Os acessos diplóides (AA) utilizados foram: BGB006 (M53), BMPG 043, BMPG048, BMPG049, BMPG062, BMPG063, BMPG069, BMPG073, BMPG094, BMPG097, CNPMF 0496, CNPMF0513, CNPMF0534, CNPMF0536, CNPMF0542, CNPMF 0612, CNPMF 0998, CNPMF 0731, CNPMF 1323; e os triploides (AAA) utilizados foram: Grande Naine, Nanicão, Valery e Williams. Amostras de grãos de pólen oriundos de flores masculinas na antese foram distribuídas em placas de Petri contendo meio de cultura para germinação de grãos de pólen de bananeira (300mg/L de Ca (NO<sub>3</sub>)<sub>2</sub>·2H<sub>2</sub>O, 200mg/L de MgSO<sub>4</sub>·7H<sub>2</sub>O, 100mg/L de KNO<sub>3</sub>, 100mg/L de HBO<sub>3</sub>, 150g/L de sacarose, 7% de ágar, pH 7,0). A avaliação da germinação *in vitro* (GIV) foi realizada 24 horas após a distribuição em meio de cultura, contabilizando 100 grãos de pólen/placa, sendo analisadas duas placas por genótipo. Para avaliação colorimétrica da viabilidade polínica foi usado o corante diacetato de fluoresceína (FDA). Amostras de grãos de pólen foram depositadas sobre uma gota do corante, incubada no escuro e observadas em microscópio óptico com fluorescência, contabilizando um total de 100 grãos de pólen por repetição/genótipo. Os resultados demonstram que de forma geral os acessos diploides apresentam maior porcentagem tanto para viabilidade quanto para germinação *in vitro* de grãos de pólen quando comparado aos triploides. O acesso diploide BMPG043, apresentou a maior média de viabilidade com 96,43% enquanto que para germinação *in vitro*, o maior índice registrado foi de 60,50% para o acesso BMPG097. Os acessos triploides apresentaram menores médias de viabilidade (Nanicão 18,76%) e GIV (Valery 6,00%). Nos acessos de bananeira é comum a identificação de anormalidades durante o processo meiótico, e essa é uma possível explicação para os baixos índices de viabilidade e germinação em alguns dos acessos analisados. Outro fator que também pode interferir sobre as variáveis analisadas são os fatores ambientais, como temperatura e umidade. Os resultados obtidos mostram que os acessos diploides avaliados podem ser utilizados como parental masculino no melhoramento genético da bananeira.

**Palavras-chave:** *Musa* sp; pólen; germinação *in vitro*.

**Agradecimentos:** UFRB, Embrapa e Capes.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE PIMENTEIRA ORNAMENTAL

João Gabriel Teixeira de Morais<sup>1\*</sup>; Maria da Conceição Martiniano-Souza<sup>2</sup>; Julio Carlos Polimeni de Mesquita<sup>2</sup>; Vania Trindade Barretto Canuto<sup>3</sup>; Regina Ceres Torres Rosa<sup>2</sup>; Jackson Silva<sup>1</sup>; Venézio Felipe Santos<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE. <sup>2</sup>IPA. <sup>3</sup>EMBRAPA.  
\*joao.gabrielteixeira@ufrpe.br// maria.martiniano@ipa.br.

O teste de germinação de sementes, por ser fundamental na agricultura para inferir a qualidade de sementes, possui um papel essencial para a produção de sementes para várias espécies de interesse econômico alimentar e ornamental. O objetivo deste estudo foi observar a influência em dois ambientes distintos de germinação para *Capsicum* spp. Foram utilizadas sementes de 120 acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da espécie *Capsicum* spp. do IPA em dois ambientes: Laboratório de Análise de Sementes/LAS-IPA; e telado (ambiente protegido). Os acessos estavam armazenados há três anos na Câmara Fria de Sementes do IPA. Na condução dos testes no LAS-IPA, foram usadas 10 sementes em cada caixa do tipo "Gerbox". Para superar a dormência utilizou-se Nitrato de Potássio (KNO<sub>3</sub>), seguindo as normas previstas nas Regras para Análise de Sementes (RAS). Na condução dos testes no telado, foram utilizadas bandejas plásticas de germinação de 200 células, onde de cada acesso, foi utilizada 1 semente em cada célula, totalizando 10 células por acesso, preenchidas com substrato comercial "Terra Nova", orgânico para horta "Maxxi". As análises incluíram a avaliação percentual do índice de velocidade de germinação (%IVG) no laboratório, bem como a medição do índice de germinação no telado, conforme descritores internacionais para o gênero *Capsicum* (IPGRI). As análises estatísticas foram realizadas considerando os dois ambientes (laboratório e telado), utilizando-se o método de estatística descritiva. Dentre os 120 acessos, os 12 que obtiveram germinação superior a 89%, nos dois ambientes, foram: "404×429" (96%); "423" (94%); "436×CNDS" (94%); "403×407" (93%); "404×435" (93%); "403×429" (92%); "414.1×CNDS" (92%); "416×423" (91%); "CNDS" (91%); "439" (90%); "410×439" (90%); e "439×CNDS" (90%). Os valores de desvio padrão da média variam de ±0,0 a ±10,0. Enquanto aqueles que apresentaram percentagem de germinação inferior a 30% foram: "408×410" (29%); "408×IFV" (28%); "411×414.1" (28%); "408" (27,5%); e "407×CNDS" (22%). Em ambiente de laboratório foram detectados os seguintes gêneros fúngicos: *Fusarium* spp.; *Colletotrichum* sp.; *Curvularia* sp.; e *Cladosporium* sp. Destaque é dado ao acesso "404" que apresentou uma germinação média de 78,57%, porém com um desvio padrão de ±21,4, o que denota grande variação entre os dados que definiram a referida média.

**Palavras-chave:** *Capsicum* spp.; emergência; acessos.

**Agradecimentos:** A todos os empregados que auxiliaram na instalação e condução deste trabalho no LAS-IPA.



# VI SIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## HERANÇA GENÉTICA DE CARACTERES AGRONÔMICOS DE MANJERICÃO

Lidiane Gonçalves Souza<sup>1\*</sup>; José Carlos Freitas de Sá Filho<sup>1</sup>; Valéria Jesus dos Santos<sup>1</sup>; Luís Fernando de Andrade Nascimento<sup>1</sup>; Daniela Aparecida de Castro Nizio<sup>1</sup>; Arie Fitzgerald Blank<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Sergipe. \*lidianegoncalvas@gmail.com

Massa seca de folhas (MSF), teor de óleo essencial (TOE) e rendimento de óleo essencial (ROE) são caracteres agronômicos importantes para o manjericão (*Ocimum basilicum* L.). A MSF é um indicador da biomassa da planta, que é importante para a produção de óleo essencial (OE). O OE é um produto valioso utilizado na culinária, na medicina tradicional e na produção de cosméticos. Através do melhoramento genético é possível incrementar as médias desses caracteres. No entanto, o conhecimento sobre a herança genética desses, ainda é limitado para a cultura. Deste modo, o presente estudo objetivou avaliar a herança dos caracteres MSF, TOE e ROE de manjericão. O experimento foi conduzido em campo aberto, entre setembro e dezembro de 2022, no “Campus Rural” da Universidade Federal de Sergipe. Os tratamentos incluíram as gerações P<sub>1</sub> (Cultivar Italian Large Leaf - ILL), P<sub>2</sub> (Híbrido simples do cruzamento entre as cultivares Anise e Cinnamon - HS), F<sub>1</sub> (ILL x HS = híbrido triplo - HT) e F<sub>2</sub> (autofecundação do HT). Utilizou-se 3 blocos casualizados. Em cada bloco cultivou-se 20 plantas das gerações P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub> e F<sub>1</sub>, e 60 plantas da F<sub>2</sub>. A MSF foi obtida em estufa de ar forçado, à 40 °C, durante 120 horas. Os OEs foram extraídos por hidrodestilação. Os parâmetros variância genética ( $\sigma_G^2$ ), ambiental ( $\sigma_E^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_{F_2}^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e heterose (H) foram estimados para MSF, TOE e ROE, com o auxílio do software GENES<sup>®</sup>. A  $\sigma_G^2$  representou a maior fração da  $\sigma_{F_2}^2$  para MSF ( $\sigma_G^2 = 31,28$  e  $\sigma_E^2 = 19,10$ ). Para as demais variáveis, a  $\sigma_E^2$  representou a maior fração da  $\sigma_{F_2}^2$  (TOE:  $\sigma_E^2 = 0,23$  de  $\sigma_G^2 = 0,21$ ; ROE:  $\sigma_E^2 = 0,014$  de  $\sigma_G^2 = 0,004$ ). A  $h^2$  foi alta para MSF (62,10%) e moderada para TOE (47,11%). Isso indica que a seleção genética pode ser eficaz para incrementar as médias para essa característica. Para o ROE (23,35%), a  $h^2$  foi baixa, indicando que a seleção genética é, provavelmente, menos eficaz. A H para MSF (-5,13) e ROE (-0,06) foi negativa, indicando uma perda de vigor genético. Para TOE a H foi positiva (0,45), indicando a possibilidade de seleção de indivíduos superiores à média dos parentais. Essas informações podem ser utilizadas para o desenvolvimento de estratégias de seleção visando ao aumento do ganho genético para produção de MSF, TOE e ROE de manjericão.

**Palavras-chave:** *Ocimum basilicum*, hibridação, variância genética.

**Agradecimentos:** UFS, FAPITEC/SE, CNPq e CAPES.

# VI SIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## HERDABILIDADE E HETEROSE NA MORFOLOGIA DE MANJERICÃO: IMPLICAÇÕES PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO

José Carlos Freitas de Sá Filho<sup>1</sup>; Lidiane Gonçalves Souza<sup>1</sup>; Fabiany de Andrade Brito<sup>1\*</sup>; Itamara Bomfim Góis<sup>1</sup>; Daniela Aparecida de Castro Nizio<sup>1</sup>; Arie Fitzgerald Blank<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Sergipe. \*faby.brito01@gmail.com

O manjericão (*Ocimum basilicum*) é uma planta aromática cultivada em todo o mundo. O melhoramento genético vegetal é uma área de pesquisa importante, que busca incrementar as características de interesse nas plantas, entre elas as morfológicas, como altura, área foliar e coloração. No entanto, o conhecimento sobre a herança genética desses caracteres ainda é limitado para a cultura. Deste modo, o presente estudo objetivou avaliar a herança de caracteres morfológicos de manjericão através de uma população segregante e seus parentais. O experimento foi conduzido em campo aberto, entre setembro e dezembro de 2022, no "Campus Rural" da Universidade Federal de Sergipe. Os tratamentos incluíram as gerações P<sub>1</sub> (Cultivar Italian Large Leaf - ILL), P<sub>2</sub> (Híbrido simples do cruzamento entre as cultivares Anise e Cinnamon - HS), F<sub>1</sub> (ILL x HS = híbrido triplo - HT) e F<sub>2</sub> (autofecundação do HT). Utilizaram-se três blocos casualizados. Em cada bloco cultivou-se 20 plantas de cada geração P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub> e F<sub>1</sub> e 60 plantas F<sub>2</sub>. Na ocasião da colheita, das 180 plantas F<sub>2</sub>, 142 sobreviveram e a altura (AP), diâmetro de copa (DC), comprimento foliar (CF), largura foliar (LF), área foliar (AF), cor de pétala (CP) e cor de caule (CC) foram avaliados. Os parâmetros variância genética ( $\sigma_G^2$ ), ambiental ( $\sigma_E^2$ ) e fenotípica ( $\sigma_{F_2}^2$ ), herdabilidade ( $h^2$ ) e heterose (H) foram estimados com o auxílio do software GENES<sup>®</sup>. A  $\sigma_G^2$  representou a maior fração da  $\sigma_{F_2}^2$  para AP ( $\sigma_G^2 = 67,12$  e  $\sigma_E^2 = 22,87$ ), DC ( $\sigma_G^2 = 90,31$  e  $\sigma_E^2 = 44,41$ ) e CF ( $\sigma_G^2 = 0,90$  e  $\sigma_E^2 = 0,56$ ). Já para as demais variáveis, a  $\sigma_E^2$  representou a maior fração da  $\sigma_{F_2}^2$  (LF:  $\sigma_E^2 = 0,23$  e  $\sigma_G^2 = 0,20$ ; AF:  $\sigma_E^2 = 10,05$  e  $\sigma_G^2 = 1,71$ ; CP:  $\sigma_E^2 = 0,17$  e  $\sigma_G^2 = 0,06$ ; CC:  $\sigma_E^2 = 0,17$  e  $\sigma_G^2 = 0,15$ ). A  $h^2$  foi alta para AP (74,59%), DC (67,04%) e CF (61,66%) e moderada para LF (46,12%) e CC (46,92%). Isso indica que a seleção genética pode ser eficaz para aumentar essas características. Já para AF (14,56%) e CP (27,37%), a  $h^2$  foi baixa, indicando que a seleção genética é provavelmente menos eficaz. A H para AP (-4,48) DC (-3,05), CF (-0,30) e LF (-0,02) foi negativa, indicando uma perda de vigor genético. Já a H positiva em AF (0,09), CP (0,17) e CC (0,67), indica um ganho de vigor genético em F<sub>1</sub>. Os resultados deste estudo sugerem que a seleção genética pode ser uma estratégia eficaz para melhorar AP, DC, CF, LF e CC no manjericão.

**Palavras-chave:** *Ocimum basilicum*, hibridação, melhoramento vegetal.

**Agradecimentos:** UFS, FAPITEC/SE, CNPq e CAPES.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## HIBRIDIZAÇÃO ARTIFICIAL DE *Phaseolus lunatus* E SEGREGAÇÃO DE MARCADORES MORFOLÓGICOS

Sheila Valéria Alvares-Carvalho<sup>1\*</sup>; Renata Silva Mann<sup>2</sup>; Gildemberg Amorim Leal Júnior<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Alagoas. <sup>2</sup>Universidade Federal de Sergipe.  
\*carvalhosva@gmail.com.

A fava é caracterizada por elevada diversidade genética e elevado potencial de produção. Entretanto, fatores como a falta de cultivares recomendadas para as regiões produtoras, o ataque de pragas e a incidência de doenças limitam o rendimento da cultura. A resistência genética a fitopatógenos associada a rusticidade das variedades é a estratégia mais sustentável de controle de doenças e manutenção da variedade no campo. Dessa forma, a diversidade genética e seleção de genótipos resistentes à fitopatógenos são fundamentais em programas de melhoramento genético, sendo a base para obtenção de genótipos que atendam a demanda dos produtores. O estudo teve como objetivo a seleção de variedades potenciais à hibridização e avaliação de segregação por meio de marcadores morfológicos. Foram realizados cruzamento entre as variedades: OVIC (♀ suscetível) X G65 (♂ resistente), G65 (♀) X OVIC (♂), STL (♀ suscetível) X G65 (♂) e G65 (♀) X STL (♂). Dos 34 cruzamentos realizados, foram obtidas duas vagens nos cruzamentos G65 (♀) X OVIC (♂) com duas sementes cada e uma vagem no cruzamento OVIC (♀) X G65 (♂) com uma semente. No cruzamento utilizando G65 como genitor feminino, as sementes (F1) apresentaram características morfológicas do genitor masculino (OVIC) como um leve achatamento e discreto aumento do tamanho. O genitor feminino apresenta sementes arredondas, vermelhas, do tipo batata e o genitor masculino apresenta sementes do tipo Big Lima, tegumento branco com manchas vermelhas e achatamento. No cruzamento reverso as características do genitor paterno não foram perceptíveis. Da geração F1 foram obtidas três plantas com características morfoagronômicas diferentes dos genitores. As plantas F1, que tiveram G65 como genitor feminino, apresentaram ausência de marcas transparentes ao longo das nervuras das folhas primárias (presente no genitor feminino). Outras características foram observadas nas três plantas dos dois cruzamentos, como: presença de antocianina no hipocótilo, no cotilédone e na inserção das folhas (ausentes nos genitores); flores de coloração rosa (diferentes dos genitores). Das três plantas F1 foram obtidas 400 sementes (F2) com tegumento variando de roxo escuro à preto. Os cruzamentos viáveis geraram indivíduos com caracteres distintos dos genitores e formação de populações segregantes (F2). Portanto, as variedades selecionadas apresentam potenciais para obtenção de híbridos, sendo de suma importância na geração de novas cultivares, principalmente quando relacionado a fatores capazes de prejudicar a produção de grãos.

**Palavras-chave:** Feijão-fava; recursos genéticos; segregação

**Agradecimentos:** Apoio da FAPEAL e do CNPq.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ÍNDICE DE ÁREA DO CLADÓDIO DE GENÓTIPOS PROMISSORES DE *Nopalea cochenillifera* Salm-Dick DESENVOLVIDOS EM REGIÃO SEMIÁRIDA

José Geraldo Eugênio de França<sup>1\*</sup>; Tânia da Silva Siqueira<sup>1</sup>; Mateus Ferreira  
Andrade<sup>1</sup>; Djalma Cordeiro dos Santos<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada.

<sup>2</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco. \*geraldo.eugenio@ufrpe.br

A palma é uma importante alternativa forrageira para ambientes áridos e semiáridos, tendo em vista sua alta produção de biomassa, ainda que em ambientes com elevados índices de evapotranspiração associados a baixas taxas de precipitação. Desta forma a palma surge como uma alternativa de suporte forrageiro. Seu rendimento pode ser dado em função do índice de área foliar, característica que está intimamente relacionada ao crescimento e desenvolvimento da planta, todavia o índice de área foliar limita-se às folhosas. No que se refere a palma forrageira, que tem a interceptação da radiação realizada pelo cladódio, este pode ser determinado pela estimativa do índice de área do cladódio (IAC), parâmetro que pode ser utilizado para representar a capacidade do dossel em interceptar radiação solar, sua eficiência fotossintética, análise de crescimento e ainda atuar como fator condicionante a produtividade. Portanto, o IAC atua como uma relevante medida na seleção de materiais forrageiros. Face ao exposto, o presente trabalho tem como objetivo avaliar o potencial produtivo de 11 materiais de palma forrageira pertencentes a espécie *Nopalea cochenillifera* Salm – Dyck, desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético do IPA em parceria com a UFRPE, na Estação Experimental de Arcoverde-PE. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados, com 11 tratamentos e 3 repetições. Cada parcela contendo três fileiras de 4,0 m de comprimento, espaçadas de 1,5 m e 0,20 m entre plantas. Os tratamentos em avaliação são: 01 - IPA-número17-02- (DP-Denominação provisória); 02 - IPA-número17-05 – (DP); 03 - IPA-F21 Melhorada – (DP); 04 - IPA-número17-19 – (DP); 05-IPA-número17-07 – (DP); 06 - IPA-número17-14- (DP); 07 - IPA100004-Miúda IPA; 08 - IPA-número17-17 – (DP); 09 - IPA200205-Sertânia; 10 - IPA-F21 cultura de tecido – (DP); 11 - IPA - F 21 x Miúda – (DP). Para verificação dos objetivos propostos foram realizadas mensurações das variáveis índice de área do cladódio de primeira e segunda ordem. Os resultados foram submetidos à análise de variância, comparando-se as médias dos tratamentos pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade. Os valores médios de IAC de primeira e segunda ordem para os 11 materiais avaliados foram de 0,10; 0,09; 0,08; 0,09; 0,09; 0,11; 0,07; 0,08; 0,13; 0,12; 0,10 e 0,09; 0,09; 0,09; 0,07; 0,07; 0,07; 0,07; 0,09; 0,11; 0,08; 0,08, respectivamente. Concluiu-se que não houve diferença significativa entre os tratamentos para as variáveis analisadas.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético; Palma forrageira; Forragicultura.

**Agradecimentos:** Ao Instituto Agronômico de Pernambuco.





# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ÍNDICE DE ÁREA DO CLADÓDIO DE NOVOS CLONES DE PALMA FORRAGEIRA DO GÊNERO *Opuntia*

Djalma Cordeiro dos Santos<sup>1</sup>; Natália Alves Santos<sup>2</sup>; José Geraldo Eugênio de França<sup>2\*</sup>; Eric Xavier de Carvalho<sup>1</sup>; Sérvulo Mercier Siqueira e Silva<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Instituto Agrônomo de Pernambuco. <sup>2</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada. \*geraldo.eugenio@ufrpe.br

A palma forrageira desempenha um papel significativo no contexto do Semiárido brasileiro. Quando manejada adequadamente, demonstra uma alta produtividade. Além disso, na região, desempenha um papel crucial na alimentação animal, especialmente durante os períodos de estiagem, devido à sua riqueza em água e ao coeficiente de digestibilidade que apresenta. O rendimento de uma cultura pode ser avaliado por meio do Índice de Área Foliar (IAF), que possibilita a análise tanto do crescimento quanto do desenvolvimento dos vegetais. No caso da palma forrageira, esse índice se chama Índice de Área do Cladódio (IAC). Tal parâmetro pode ser empregado para descrever a habilidade do dossel em capturar a radiação solar, sua eficiência na fotossíntese, e desempenha um papel crucial na produtividade. Logo, o índice desempenha um papel de destaque na seleção de materiais forrageiros promissores. Dessa maneira, o objetivo do presente trabalho foi o de avaliar o IAC de 10 materiais de palma do gênero *Opuntia* desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético do IPA em parceria com a UFRPE-UAST. A pesquisa foi conduzida na Estação Experimental do IPA, na cidade de Arcoverde-PE. Sua condução foi em Delineamento de Blocos Casualizados - DBC, contendo 10 tratamentos e 3 repetições. Cada parcela experimental constituiu-se de uma fileira de 4,00 m de comprimento, com espaçamento de 1,50 m entre filas e 0,40 m entre plantas, totalizando uma densidade populacional de 16.667 plantas por hectare. Foram avaliados os seguintes genótipos: IPA 200016 – OEM – Orelha de elefante mexicana Original (cultivar registrada) e cinco clones produzidos a partir desta; IPA 200174 – OEA - Orelha de Elefante Africana Original (cultivar registrada) e dois clones produzidos a partir da mesma; e IPA 100002 – IPA 20 (cultivar registrada). Para verificar o cumprimento dos objetivos estabelecidos, foram realizadas medições para obtenção do IAC. Os resultados foram submetidos à análise de variância, sendo as médias comparadas pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade. Dos resultados analisados foram constatadas diferenças significativas no que se refere ao IAC dos materiais. Os resultados obtidos mostraram que os materiais provenientes da OEA possuem valores inferiores de IAC. Comparando-se com os demais materiais, também se constatou que um dos clones desenvolvidos da OEM possui baixo IAC.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético; Palma forrageira; Semiárido.

**Agradecimentos:** A Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco (FACEPE) e ao Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA).



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ÍNDICE DE SELEÇÃO EM ACESSOS DE *Psidium cattleianum* SABINE PARA PRODUÇÃO DE MUDAS

Emanuel Regis Rodrigues de Amorim<sup>1</sup>; Larissa Santiago Ritt Ordonho<sup>1</sup>; Paulo César da Silva Santos<sup>1</sup>; Ramôn da Silva Santos<sup>1</sup>; José Severino de Lira Júnior<sup>2</sup>; Ricardo Gallo<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). <sup>2</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA). \*emanuelrdeamorim@hotmail.com

Os índices de seleção são importantes para identificar genótipos superiores, levando em consideração a avaliação simultânea de várias características e por meio de um único valor é possível melhorar a distribuição dos ganhos genéticos em comparação com a seleção direta. Estes índices podem ser utilizados para a seleção eficiente de recursos genéticos mais adequados à programas de melhoramento, objetivando a produção de mudas de qualidade. A aplicação desta metodologia, programas de melhoramento podem ser consolidados com variadas espécies de interesse, como o araçá-amarelo (*Psidium cattleianum*), planta endêmica do Brasil, de elevado valor nutricional e amplo potencial de uso. Neste contexto, o estudo teve por objetivo selecionar acessos de *P. cattleianum* superiores à produção de mudas, por meio do índice de seleção. Foram coletados 15 frutos de 21 acessos de *P. cattleianum* de um banco de germoplasma da Estação Experimental do IPA de Itambé e selecionadas 150 sementes de cada acesso para a produção de mudas. Foram avaliados caracteres relacionados à emergência (porcentagem, índice de velocidade, tempo e velocidade média, e anormalidades). Após 150 dias, foram avaliadas características de crescimento das mudas (altura, diâmetro do colo, número de folhas e brotos), bem como a sobrevivência. Os valores genéticos aditivos foram estimados utilizando metodologia de modelos mistos em delineamento de blocos casualizados considerando progênies de meio irmãos. Com base nos valores genéticos aditivos dos caracteres avaliados, foi estabelecido um índice de ranking médio, adaptado de Mulamba e Mock, para selecionar os melhores acessos. Realizando as análises via software Selegen – REML/BLUP. O índice de seleção permitiu identificar os cinco melhores e piores acessos de *P. cattleianum* no banco de germoplasma em relação aos valores genéticos aditivos das características avaliadas. Os acessos mais promissores para a produção de mudas de qualidade do IPA de Itambé foram os acessos 9, 18, 5, 13 e 7, enquanto os menos indicados foram os acessos 3, 1, 10, 14 e 19, ocupando as últimas posições. Portanto, este estudo possibilitou a seleção genética dos acessos mais promissores para produção de mudas de *P. cattleianum* de qualidade de um banco de germoplasma, contribuindo para futuros programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** Araçá-amarelo; índice de ranking médio; Selegen – REML/BLUP.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco (APQ-0872-5.02/21) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (Processo: 408874/2021-0).



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## INDUÇÃO DE VARIAÇÃO SOMACLONAL EM BANANEIRA PARA RESISTÊNCIA AO *Fusarium oxysporum* f. sp. *Cubense*

João Pedro Falcón Lago de Jesus<sup>1</sup>; Ana Carolina Lima Santos dos Santos<sup>1\*</sup>; Mileide dos Santos Ferreira<sup>2</sup>; Wanderley Diaciso dos Santos Oliveira<sup>2</sup>; Tamyres Amorim Rebouças<sup>3</sup>; Edson Perito Amorim<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. <sup>3</sup> Embrapa Mandioca e Fruticultura. \*ana101lima@gmail.com

A murcha de *Fusarium*, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc), é uma das doenças mais destrutivas da bananeira, assim a substituição de variedades suscetíveis por resistentes é o método mais eficaz de controle dessa doença. A indução de variação somaclonal é uma estratégia que utiliza técnica de cultura de tecidos visando a obtenção de plantas com características desejáveis para o melhoramento vegetal, incluindo a resistência a patógenos. O objetivo dessa pesquisa foi induzir variação somaclonal em genótipo pertencente ao subgrupo Cavendish visando a seleção de somaclones que apresentem resistência à murcha de *Fusarium*. Para a indução de brotações, utilizou-se ápices caulinares do genótipo 'Grande Naine', estabelecidos in vitro em meio de cultura MS, suplementado com 1 mg L<sup>-1</sup> de Thidiazuron (TDZ), 1,6 mg L<sup>-1</sup> de ácido indolacético (AIA), 80 mg L<sup>-1</sup> de hemissulfato de adenina e 30 g L<sup>-1</sup> de sacarose, com pH ajustado para 5,8 e solidificado com 2,4 g L<sup>-1</sup> de Phytigel®. As plantas foram subcultivadas por 5 vezes em intervalos de 30 a 40 dias. Para os testes de resistência foi utilizado o isolado 218A de Foc raça subtropical 4 (ST4). Na avaliação da resistência à murcha de *Fusarium*, as plantas regeneradas e suas testemunhas correspondentes (não tratadas com TDZ) foram aclimatadas e posteriormente transferidas para caixas de polietileno contendo solo infestado com Foc. Após 90 dias, avaliaram-se os sintomas internos, incluindo a descoloração do rizoma, segundo escala de notas que varia 1 a 5. Ao término da avaliação, calculou-se a frequência de cada nota, convertendo-as em porcentagem. Os somaclones que não apresentaram sintomas foram reintroduzidos in vitro e multiplicados em meio MS suplementado com 2,5 mg L<sup>-1</sup> de BAP, para obter um maior número de plantas de cada somaclone selecionado na primeira avaliação. Esse procedimento visou validar a resistência ao Foc, sendo utilizado o mesmo protocolo da primeira etapa, exceto pelo uso de 10 repetições para cada somaclone. Dentre os 503 somaclones avaliados, nenhum apresentou nota 5, 0,20% (1 somaclone) obteve nota 4, 7,35% (37 somaclones) obtiveram nota 3, 77,93% (392 somaclones) obtiveram nota 2 e 14,11% (71 somaclones) obtiveram nota 1, sendo selecionados como resistentes ao *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raça ST4. Assim a ferramenta de indução de variação somaclonal é viável para selecionar somaclones da variedade 'Grande Naine' que apresentem resistência ao patógeno *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*.

**Palavras-chave:** Variação somaclonal; *Musa spp*; Melhoramento genético.

**Agradecimentos:** Agradecimentos, a Embrapa; CNPq; Fapesb; Capes.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## MÉTODOS DE DESSECAÇÃO DE SEMENTES DE BANANEIRA E EFEITO NA GERMINAÇÃO

Eliane da Silva Braulio<sup>1</sup>; Maria Inês de Souza Mendes<sup>2</sup>; Mariana Conceição Menezes<sup>3</sup>; Janay Almeida dos Santos-Serejo<sup>2</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. <sup>3</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. \*eliane.braulio@gmail.com.

A dessecação das sementes é um fator formidável para extensão da viabilidade das sementes ortodoxas. No armazenamento de sementes, a dessecação é decisiva, uma vez que elas necessitam alcançar um nível de umidade ideal para manterem a viabilidade, sendo este um dos pontos cruciais para o sucesso da criopreservação. Sendo assim, o objetivo deste trabalho é avaliar a taxa de germinação de embriões de banana submetidos a desidratação em sílica e ventilação natural por diferentes intervalos de tempo. Para a elaboração do trabalho utilizou-se 2 lotes de sementes dos acessos CNPMF0542 e CNPMF0731 do Programa de Melhoramento Genético da Bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura. As sementes foram submetidas aos ambientes de dessecação por sílica e ventilação natural durante os intervalos de tempo: 0 (controle), 1, 3, 5 e 7 dias. Determinou-se o teor de umidade das sementes após cada tratamento. As sementes foram desinfestadas e submetidas à excisão dos embriões e estes foram dispostos em placas de Petri contendo 30 ml de meio de cultura MS e cultivados por 20 dias em BOD com fotoperíodo de 16h e temperatura alternada de 30/20°C. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2 x 2 x 5 (2 acessos, 2 ambientes e 5 períodos de dessecação) com três repetições (cada uma contendo 10 embriões). Os dados de teor de umidade e número de embriões germinados foram submetidos à análise de variância, sendo as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de significância e submetidas a análise de regressão por meio do programa estatístico R. Não houve diferença estatística para os teores de umidade alcançados nos acessos estudados e para os diferentes períodos de dessecação em ventilação natural, obtendo as sementes nesse ambiente um teor de umidade médio de 12,21%. O ambiente de sílica gel alcançou menores teores de umidade quando comparado à ventilação natural em todos os períodos analisados, alcançando a média de 4,90%. Nesse ambiente houve redução do teor de umidade até o período de 4,8 dias, no qual se obteve um teor de umidade médio estimado de 3,10%. A germinação alcançou um percentual mais elevado para o acesso CNPFF0731 (70,67%) em comparação com o obtido para o CNPMF0542 (51,33%). Os ambientes e os períodos de dessecação estudados não revelaram diferenças estatísticas entre si nos percentuais germinativos obtidos. Sementes dos acessos CNPFF0731 e CNPMF0542 toleraram a dessecação de até 4,34%, sem prejuízos na viabilidade germinativa dos embriões.

**Palavras-chave:** Teor de água, *Musa*, Viabilidade germinativa.

**Agradecimentos:** Embrapa, CNPq, UFRB.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## MORFOLOGIA E VIABILIDADE POLÍNICA EM ESPÉCIES DO GÊNERO *Wittmackia* (BROMELIACEAE) ARRANJADAS EM TÉTRADES

Gleice Quelle Silva dos Santos Nascimento<sup>1\*</sup>; Railson Alves Correia de Almeida Junior<sup>2</sup>; Lidyanne Y. S. Aona<sup>1</sup>; Fernanda V. D. Souza<sup>3</sup>; Mônica Lanzoni Rossi<sup>4</sup>; Everton Hilo de Souza<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. <sup>2</sup>Universidade Estadual de Feira de Santana. <sup>3</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura. <sup>4</sup>Universidade de São Paulo. \*gleicequelle2022@outlook.com

Os grãos de pólen arranjos em tetrade são amplamente relatados em várias famílias de Angiospermas. No entanto, em Bromeliaceae são poucos os registros. Fatores como estresse, causado por altas temperaturas e baixa disponibilidade de água, ou citomixia (migração de organelas, produtos gênicos e material genético entre meiócitos por meio de conexões citoplasmáticas ou canais citomíticos) são potenciais causas de desvios e interrupções no desenvolvimento dos grãos de pólen que pode ou não levar a essa conformação. O objetivo do trabalho foi avaliar a morfologia e a viabilidade polínica em espécies com grãos de pólen arranjos em tetrades de *Wittmackia brasiliensis* (E.Pereira & I.A.Penna) Aguirre-Santoro e *Wittmackia burle-marxii* (E.Pereira) Aguirre-Santoro. A morfologia polínica foi avaliada por Microscopia Eletrônica de Varredura (MEV) e Microscopia de Luz (ML) a partir da acetólise láctica (ACLAC 40). Para a viabilidade polínica foram avaliadas a germinação *in vitro* em dois meios de cultura (SM e BM) e dois testes histoquímicos (solução de Alexander a 2% de ácido acético e solução de Diacetato de Fluoresceína). As duas espécies apresentaram grãos de pólen arranjos em tetrades tetragonais, com grãos individuais de tamanho médio, simetria bilateral, 2-porados, exina tectada, psilada com âmbito ovalado. *W. brasiliensis* apresentou eixo polar de  $26,5 \pm 0,26$   $\mu\text{m}$  e eixo equatorial de  $37,1 \pm 0,18$   $\mu\text{m}$  com exina de espessura  $1,64$   $\mu\text{m}$ . *W. burle-marxii* apresentou grãos de pólen com eixo polar de  $30,8 \pm 0,15$   $\mu\text{m}$  e eixo equatorial  $38,9 \pm 0,13$   $\mu\text{m}$  com exina  $\pm 2,73$   $\mu\text{m}$ . A germinação *in vitro* dos grãos de pólen foram superiores a 90% independente do meio de cultura e espécie estudada. A média do comprimento do tubo polínico foi maior para o meio de cultura SM, com  $0,63$   $\mu\text{m}$  nas duas espécies e valores abaixo de  $0,50$   $\mu\text{m}$  para o meio de cultura BM. Para os testes histoquímicos, a viabilidade foi superior a 90% próximos aos submetidos à germinação *in vitro*. Os grãos de pólen arranjos em tetrades não interferem no potencial reprodutivo das duas espécies de *Wittmackia* e podem ser utilizadas em cruzamentos controlados para obtenção de sementes e para estudos de conservação desse recurso genético disponível.

**Palavras-chave:** Bromélia; Germinação *in vitro*; Teste histoquímico.

**Agradecimentos:** Reserva Biológica da Michelin; CAPES; FAPESB – FIOLE; CNPMF.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS DE VINCA (*Catharanthus roseus*)

Gérson do Nascimento Costa<sup>1\*</sup>; Michelle dos Santos Nascimento<sup>1</sup>; Heyd Yohana  
Angelo Portela<sup>1</sup>; Marcos Henrique do Nascimento Franco<sup>1</sup>;  
Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*gerson.nascimento@live.com

A vinca, pervinca ou boa-noite (*Catharanthus roseus* (L.) G. Don) é uma planta ornamental originária de Madagascar, na África oriental, que foi amplamente cultivada em diversos países, inclusive no Brasil, se distribuindo por todas as regiões tropicais e subtropicais. O seu principal uso no paisagismo, em vasos, jardineiras ou jardins, se deve ao fato de sua resistência aos estresses hídricos e térmicos, fácil propagação e manejo, além das inúmeras inflorescências singelas e coloridas. Os principais estudos têm sido em relação a cultura de tecidos, fitoquímica, aspectos metabólicos e de engenharia genética de vincas, porém a produção agrícola e vários aspectos do melhoramento de plantas receberam pouca atenção. Diante disso, este estudo teve como objetivo realizar hibridações artificiais em vincas visando obtenção de híbridos promissores. O experimento foi conduzido em telado (50% de sombreamento), situado no Sítio Jurema Norte, no município de Ibiapina, na Serra da Ibiapaba, Ceará, no período de setembro de 2021 a maio de 2022. As polinizações artificiais foram realizadas entre às 10h e 11h da manhã. O pólen foi coletado com pincel e aplicado nos estigmas das flores em pré-antese. Após a polinização, as flores foram protegidas com papel seda e identificadas com fita crepe. A geração F<sub>1</sub> foi obtida a partir de cruzamentos entre genitores contrastantes e caracterizada com 13 descritores morfológicos para a flor, elaborados pela UPOV, e as cores identificadas pela cartela de cores *RHS* (*Royal Horticultural Society Colour Charts*). O cruzamento entre plantas de flor vermelha clara (*RHS Colours* 51B) com plantas de flor rosa-escura (*RHS* 53C) gerou maior variabilidade em F<sub>1</sub>, 25 híbridos, sendo as cores mais promissoras as de tons laranja *RHS* 33C e N30A. O cruzamento entre flor vermelha clara (51B) e magenta (N74B) resultou em 10 híbridos de cor magenta médio (70B) e com manchas entre o rosa e o roxo, N74D e N87D. O cruzamento entre plantas de flor branca com plantas de flor rosa-médio (72D) gerou cinco híbridos, com cores variando do branco (NN155D) até o rosa arroxeadado (N78B). Os híbridos com caracteres similares ou superiores aos das variedades já disponíveis no mercado floricultor serão indicados para a comercialização, em contrapartida, os híbridos de vinca com caracteres distintos ou incomuns avançarão no programa de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** Cores; Flores; Hibridação.

**Agradecimentos:** À CAPES, CNPq, FAPEPI e UFPI.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## OCORRÊNCIA DE COCHONILHA-DE-ESCAMA EM 11 GENÓTIPOS PROMISSORES DE *Nopalea cochenillifera* Salm-Dick

José Geraldo Eugênio de França<sup>1</sup>; Djalma Cordeiro dos Santos<sup>2</sup>; Tânia da Silva Siqueira<sup>1</sup>; Mateus Ferreira Andrade<sup>1</sup>; Lara Carolini Lima Tenório de Barros<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada.

<sup>2</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco. \*geraldo.eugenio@ufrpe.br

A palma forrageira é indiscutivelmente uma cultura de grande potencialidade em ambientes semiáridos. Todavia, suas elevadas produtividades podem ser comprometidas em função da ocorrência de pragas, como a cochonilha de escama (*Diaspis echinocacti*), agente limitante da expressão do máximo potencial produtivo desta forrageira. Sendo assim, é imprescindível aos programas de melhoramento, a observação do nível de ocorrência deste inseto praga a fim de selecionar materiais resistentes. Com isso, objetivou-se avaliar a ocorrência de cochonilha de escama em 11 materiais de palma forrageira pertencentes a espécie *Nopalea cochenillifera* Salm – Dyck, oriundos do programa de melhoramento genético do IPA em parceria com a UFRPE-UAST, na Estação Experimental de Arcoverde-PE. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados, com 11 tratamentos e 3 repetições. Cada parcela contendo três fileiras de 4,0 m de comprimento, espaçadas de 1,5 m e 0,20 m entre plantas. Os tratamentos em avaliação são: 01 - IPA-número17-02- (DP-Denominação provisória); 02 - IPA-número17-05 – (DP); 03 - IPA-F21Melhorada – (DP); 04 - IPA-número17-19 – (DP); 05 - IPA-número17-07 – (DP); 06 - IPA-número17-14- (DP); 07 - IPA100004-Miúda IPA; 08 - IPA-número17-17 – (DP); 09 - IPA200205-Sertânia; 10 - IPA-F21 cultura de tecido – (DP); 11 - IPA - F 21 x Miúda – (DP). Para verificação dos objetivos propostos foram realizadas avaliações visuais quanto a ocorrência de cochonilha nos cladódios, sendo estabelecidas notas conforme nível de dano do patógeno. Nota 1 - Não há ocorrência; Nota 2 - Leve ocorrência; Nota 3 - Nível moderado, porém ainda sem severidade; Nota 4 – Severo, com danos econômicos; e Nota 5 – Intenso, danos econômicos podendo culminar em morte da planta. Os resultados foram submetidos à análise de variância, comparando-se as médias dos tratamentos pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade. Não foram observadas diferenças significativas no que se refere à ocorrência de cochonilha de escama entre os materiais avaliados.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético; Palma forrageira; Insetos pragas.

**Agradecimentos:** Ao Instituto Agronômico de Pernambuco.

# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e melhoramento

## PARÂMETROS GENÉTICOS EM LINHAGENS F<sub>8</sub> DE FEIJÃO-FAVA

Pedro James Oliveira Morais<sup>1</sup>; Michelle dos Santos Nascimento<sup>1\*</sup>; Isaan Bonfim Guimarães<sup>1</sup>; Carlos Humberto Aires Matos Filho<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>  
Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí-UFPI.\*michellebiouema@gmail.com.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa bastante valorizada na culinária brasileira, especialmente na região Nordeste, apresentando grande importância econômica e sendo fonte de renda para muitos pequenos agricultores. Atualmente, não existem cultivares melhoradas de feijão-fava. Assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar linhagens F<sub>8</sub> de feijão-fava com hábito de crescimento determinado. O material genético foi constituído 34 linhagens obtidas de cruzamentos biparentais provenientes do Banco de *Phaseolus* da UFPI, avaliadas em Tianguá – CE/2023, em delineamento experimental DBC. Foram utilizados 13 descritores, conforme o *Biodiversity Internacional*. Com base nos dados foram estimados parâmetros genéticos pelo método REML/BLUP utilizando o modelo 21 SELEGEN. Após as análises, foi possível verificar que a herdabilidade foi elevada para Número de dias para início da floração (0,69). Para Número de dias para maturação, Altura e Peso de cem grãos, as herdabilidades foram consideradas médias, e as para as variáveis Comprimento de vagem, Largura de vagem, Número de vagens, Espessura de vagem, Comprimento de semente, Largura de semente, Espessura de semente, Número de grãos por vagem e Orientação dos ramos foram consideradas baixas. Os coeficientes de variação genotípica foram baixos para as variáveis Comprimento de vagem, Largura de vagem, Espessura de vagem, Comprimento de semente, Largura de semente, Espessura de semente e Número de grãos por vagem indicando baixa possibilidade de segregação. As linhagens H25-66, H81-32, H25-64, H94-30, H25-62, H25-57 e H25-59, destacaram-se para as variáveis de florescimento e maturação, possibilitando a seleção de material mais precoce. As linhagens H81-34, H50/86-37, H25-56, H81-32 e H25-53 apresentaram menores médias para altura de planta, possibilitando seleção de linhagens para a colheita manual menos trabalhosa. Quanto aos tamanhos de vagem e semente, as linhagens H46-46, H46-47, H46-48, H46-49 destacaram-se. Em relação à Orientação dos ramos, as linhagens H46-47, H94-31, H50/86-38, H25-62 e H81-33 obtiveram menores ganhos, indicando que as mesmas estão mais próximas do esperado quanto ao hábito de crescimento determinado. A metodologia utilizada foi eficiente em estimar parâmetros nas linhagens de feijão-fava. As linhagens H81-32, H46-46, H46-49, H46-47 e H25-62 destacaram-se em relação aos componentes de produção e apresentam potencial para serem lançadas como cultivares.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; REML/BLUP, Melhoramento Vegetal.

**Agradecimentos:** FAPEPI, CAPES, CNPq e UFPI.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## POTENCIAL AGRONÔMICO DE POPULAÇÕES F<sub>5</sub> DE FEIJÃO-FAVA UTILIZANDO MODELOS MISTOS

Kathully Karolaine Brito Torres<sup>1\*</sup>; Marilha Vieira de Brito<sup>1</sup>; Carlos Humberto Aires Filho<sup>1</sup>; Maruzanete Pereira de Melo<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*kathully@ufpi.edu.br

No Nordeste brasileiro, o feijão-fava apresenta grande importância econômica, sendo um dos principais cultivos para a subsistência de pequenos agricultores e para a comercialização. Contudo, observam-se oscilações na sua produtividade, devido a inúmeros fatores, dentre os quais a ocorrência de antracnose. No Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (UFPI) existem populações provenientes de cruzamentos que incluem genitores resistentes ao fungo *Colletotrichum truncatum*, um dos agentes causais da antracnose. Assim, objetivou-se avaliar o potencial agrônomo de seis populações F<sub>5</sub> de feijão-fava, oriundas de cruzamentos biparentais. A avaliação agrônoma foi realizada em área experimental do Centro de Ciências Agrárias da UFPI, com base nos descritores estabelecidos pelo *Biodiversity International* para *Phaseolus lunatus* L. e análises estatístico-genéticas utilizando o modelo 81 do SELEGEN. A análise de Deviance mostrou efeito significativo das populações para os caracteres avaliados, indicando diferenças genéticas. Os maiores valores da variância genética ( $\sigma^2_g$ ) foram para número de dias para floração, número de dias para surgimento das vagens, número de dias para maturação e número de dias para o surgimento de sintomas de antracnose nas plantas, que também apresentaram coeficientes de herdabilidade de alta magnitude (064,06%, 74,47%, 73,88% e 91,64% respectivamente). Esses valores indicam que a maior parte da variação observada é decorrente dos efeitos genéticos, proporcionando alta precisão na seleção. A variância residual ( $\sigma^2_e$ ) foi inferior à  $\sigma^2_g$  para maioria dos caracteres avaliados. O coeficiente de variação genotípico (CVg%) variou de 1,71% para espessura da semente a 20,21% para número de dias para o surgimento de sintomas de antracnose nas plantas. Em relação ao ganho genético, as populações P5 e P6 destacam-se por apresentarem ciclo mais tardio e precoce, respectivamente. As populações resultantes dos cruzamentos “UFPI 1002 x UFPI 220”, “UFPI 832 x UFPI 798” e “UFPI 1001 x UFPI 220” se destacam por apresentar caracteres desejáveis em relação às vagens, sementes e resistência ao fungo *Colletotrichum truncatum*.

**Palavras-chave:** antracnose; parâmetros genéticos; *Phaseolus lunatus*.

**Agradecimentos:** CNPQ, CAPES e UFPI.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## PRESENÇA DE COCHONILHA-DE-ESCAMA EM NOVOS CLONES DE PALMA FORRAGEIRA DO GÊNERO *Opuntia*

Natália Alves Santos<sup>1</sup>; Djalma Cordeiro dos Santos<sup>2</sup>; José Geraldo Eugênio de França<sup>1</sup>; Luciana Gonçalves de Oliveira<sup>2</sup>; Maurício Luiz de Mello Vieira Leite<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada.

<sup>2</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco. \*lugoliveira@gmail.com

A palma forrageira desempenha um papel estratégico como cultura forrageira no semiárido. A maior produção de palma no semiárido está voltada para o gênero *Opuntia*, mais especificamente para a Orelha de Elefante Mexicana. Entretanto, a produtividade pode ser prejudicada devido à presença de pragas, como a cochonilha de escama (*Diaspis echinocacti*), que pode limitar o potencial produtivo dessa forrageira. Portanto, é fundamental que os programas de melhoramento observem a incidência desse inseto praga a fim de selecionar materiais resistentes, uma vez que se sabe dos danos causados pela praga. Dessa maneira o objetivo do presente trabalho é avaliar a ocorrência da cochonilha de escama em 10 genótipos de palma forrageira do gênero *Opuntia*, resultante de seleções realizadas pelo programa de melhoramento genético do IPA em parceria com a UFRPE-UAST. O ensaio foi conduzido na Estação Experimental do IPA, na cidade de Arcoverde-PE, em Delineamento de Blocos Casualizados - DBC, contendo 10 tratamentos e três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de uma fileira de 4,00 m de comprimento, com espaçamento de 1,50 m entre filas e 0,40 m entre plantas, totalizando uma densidade populacional de 16.667 plantas por hectare. Foram avaliados os seguintes genótipos: IPA 200016 – OEM – Orelha de Elefante Mexicana Original (cultivar registrada) e 05 clones produzidos a partir desta; IPA 200174 – OEA - Orelha de Elefante Africana Original (cultivar registrada) e 02 clones produzidos a partir da mesma; e IPA 100002 – IPA 20 (cultivar registrada). Para verificar o cumprimento dos objetivos estabelecidos, foram conduzidas inspeções visuais para avaliar a presença de cochonilha nos cladódios, atribuindo notas de 1 a 2, sendo a nota 1 correspondente a ausência da cochonilha e nota 2 a presença. Os resultados foram submetidos à análise de variância, sendo as médias comparadas pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade. Dos resultados analisados não foram constatadas diferenças significativas no que se refere à ocorrência de cochonilha de escama entre os tratamentos analisados.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético; Palma forrageira, Cochonilha de escama.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco (FACEPE) e Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA).



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICO EM POPULAÇÕES DE FEIJÃO-FAVA VIA PROCEDIMENTO RELM/BLUP

Isaan Bonfim Guimarães<sup>1</sup>; Michelle dos Santos Nascimento<sup>1</sup>; Pedro James Oliveira  
Morais<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1</sup>; Josieli Lima da Silva<sup>1</sup>; Ângela Celis de  
Almeida Lopes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí-UFPI. \*josielilima405@gmail.com .

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L) é uma leguminosa cultivada mundialmente. No Brasil sua produção é concentrada por pequenos produtores da região Nordeste, apresentando elevada diversidade genética e grande potencial de produção e adaptação ao clima tropical. Assim, objetivou-se estimar parâmetros genéticos em populações F<sub>8</sub> de feijão-fava com porte determinado via metodologia RELM/BLUP. O material genético foi constituído de 40 linhagens obtidas de cruzamentos biparentais provenientes do Banco de *Phaseolus* da UFPI, avaliadas em Teresina – PI, em 2023, no delineamento experimental de blocos casualizados. Foram utilizados 12 descritores, conforme o *Biodiversity Internacional*. Com base nos dados obtidos, foram estimados os parâmetros genéticos pelo método REML/BLUP, utilizando o modelo 21 SELEGEN, que se mostrou eficiente nesse sentido. Quanto às estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram classificados de acordo com a magnitude em baixa ( $0,01 \leq h^2 \leq 0,15$ ), média ( $0,15 < h^2 < 0,50$ ) e alta ( $h^2 \geq 0,50$ ). Foi observado que a estimativas dos coeficientes de herdabilidade para o número de dias para o início da floração foi alta (0,82); para altura da planta, largura da semente, número de vagens por planta, largura de vagem, peso de cem grãos, comprimento da semente, espessura da semente, números de dias para maturação, número de grãos por vagem e comprimento de vagem, foram de média magnitude; e espessura de vagem de baixa magnitude. Com relação ao coeficiente de variação genética, que quantifica a variação disponível para seleção, os caracteres número de vagem, número de dias para início da floração, número de dias para maturação peso de cem grãos e altura da planta apresentaram os maiores percentuais, evidenciando maior chance de sucesso com a seleção de linhagens precoces, mais produtivas e com altura que possibilite adaptação à colheita mecanizada. Destacam-se as linhagens das populações 46, 25 e 50/86, apresentando potencial para serem lançadas como cultivares mais precoces e produtivas.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L; análise genética; modelos mistos.

**Agradecimentos:** CNPq, UFPI, FAPEPI, CAPES.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MELOEIRO À *Macrophomina phaseolina*

Ruth Mainá Penha da Silva<sup>1\*</sup>; Adriano Ferreira Martins<sup>1</sup>; Denilson Eduardo Silva Dantas<sup>1</sup>; Camila de Souza Alves<sup>1</sup>; Glauber Henrique de Sousa Nunes<sup>1</sup>; Geovanna Alicia Dantas Gomes<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFRSA. \*rmayna1209@gmail.com

A Região Nordeste é a maior produtora de melão do Brasil, respondendo por aproximadamente 96% da produção e 100% das exportações. Concomitante ao sucesso da cultura na região está a ocorrência de doenças que reduzem a produção e qualidade dos frutos. Dentre as doenças radiculares que afetam a cultura, destaca-se a podridão-do-colo causada por *Macrophomina phaseolina*. Essa doença é de difícil controle, pois o patógeno produz microescleródios, que são estruturas de resistência que permanecem no solo por vários anos. O uso de cultivares resistentes é uma das melhores alternativas para a convivência com esse patógeno. Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a reação dos genótipos de meloeiro à *M. phaseolina*. O experimento foi realizado em casa de vegetação. Para isso foram utilizados 19 acessos de meloeiro e o híbrido Goldex, dispostos em delineamento inteiramente casualizado com cinco repetições. A inoculação das plantas foi realizada vinte dias após o plantio, seguindo o método do palito de dente infestado. Foi utilizado o isolado de *M. phaseolina* Me-248, presente na coleção de fungos do Laboratório de Fitopatologia e Microbiologia da UFRSA. A avaliação das plantas foi feita com base em uma escala de notas de severidade da doença que varia de 0 a 5, onde nota 0: planta assintomática e nota 5: mais que 50% dos tecidos infectados. Foi aplicado o teste de Kruskal-Wallis ao nível de 5% de probabilidade para a variável severidade, utilizando o software R. Os acessos C-14 e C-86 foram classificados como altamente resistentes a *M. phaseolina* e podem ser utilizados como fontes de resistência em programas de melhoramento visando resistência a esse patógeno.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; Patógeno; Podridão-do-colo.

**Agradecimentos:** CNPQ



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## RESISTÊNCIA À MURCHA-DE-FUSARIUM EM ACESSOS DE FEIJÃO COMUM (*Phaseolus vulgaris* L.)

Glenda Silva Pinto Correia<sup>1\*</sup>; Luciana Gonçalves de Oliveira<sup>1</sup>; Caio Victor de Brito  
Remigio<sup>2</sup>; Maria Cecília Nejaim Sansonio<sup>1</sup>; Antonio Félix da Costa<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto Agrônômico de Pernambuco - IPA. <sup>2</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco.  
\*correiaiglenda@gmail.com

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais consumidas no Brasil e constitui diversos pratos da culinária brasileira. Além do seu valor nutricional, é uma das culturas de maior importância para o cenário socioeconômico do país, sendo o Brasil um dos principais produtores desse feijão. O feijão comum tem potencial para uma alta produção, entretanto, suas plantas regularmente são danificadas por doenças e pragas. Entre os fatores que limitam essa produção, a murcha-do-fusarium, causada pelo patógeno *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* é uma das principais doenças que ocasionam grandes perdas para a cultura do feijão comum. Assim sendo, este trabalho teve como objetivo avaliar a resistência de oito variedades de feijão comum, advindas do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Instituto Agrônômico de Pernambuco (IPA), no que se refere à patogenicidade de *F. oxysporum* f. sp. *phaseoli*. Os ensaios foram realizados com oito acessos de feijão comum (BRS Agreste, BRS Campeiro, Guabiju, Gurgutuba, Harmonia, Jaula, Macanudo e Praia) em casa de vegetação, com quatro repetições. Antes do plantio, as sementes passaram pelo processo de desinfestação com álcool a 70%, hipoclorito de sódio 2% e, em seguida, lavadas com água destilada esterilizada. Em seguida, cinco sementes de cada variedade foram plantadas em vasos de 3 kg com solo previamente autoclavado. Para a inoculação foi utilizado o método de imersão de raízes. Depois de sete dias de germinação, as plantas foram retiradas dos vasos, o sistema radicular foi lavado com água corrente, cortado e submerso por cinco minutos em uma suspensão de conídios ( $10^7$  conídios/mL). Ao final, as plantas foram transplantadas para o vaso com solo autoclavado. Para a avaliação da patogenicidade, os sintomas de murcha, escurecimento dos vasos condutores e/ou morte das plantas foram observados 20 a 30 dias após inoculação do patógeno. Entre os oito acessos de feijão comum testados, seis genótipos apresentaram sintomas da murcha-de-fusarium após 20 dias da inoculação, sendo eles: BRS Agreste, BRS Campeiro, Guabiju, Jaula, Macanudo e Praia. Gurgutuba e Harmonia mostraram-se como resistentes nas condições desse ensaio. Com os resultados advindos deste trabalho, é de grande importância novos métodos que garantam o controle da murcha-de-fusarium nestes acessos de feijão comum, assim evitando perdas futuras de tais culturas.

**Palavras-chave:** Feijão comum; reação a doenças; Patógeno

**Agradecimentos:** À FACEPE, pelo apoio financeiro e ao IPA, pelo suporte físico



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## RESISTÊNCIA À PODRIDÃO CINZENTA DO CAULE EM ACESSOS DE FEIJÃO COMUM

Luciana Gonçalves de Oliveira<sup>1</sup>; Glenda Silva Pinto Correia<sup>1\*</sup>; Caio Victor de Brito Remigio<sup>2</sup>; Maria Cecília Nejaim Sansonio<sup>1</sup>; Antonio Félix da Costa<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA. <sup>2</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco. \*correiaiglenda@gmail.com

A agricultura constitui-se em processos biológicos dinâmicos e fatores bióticos e abióticos surgem periodicamente impactando nos cultivos e, posteriormente, na segurança alimentar da população. O Brasil é um dos maiores produtores de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e parte de sua variabilidade genética encontra-se preservada no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA) para utilização de acessos em programas de melhoramento genético. No entanto, grande parte desses acessos ainda não está caracterizada quanto à suscetibilidade a doenças provenientes de fungos do solo. *Macrophomina phaseolina* é um dos principais patógenos do solo que causam grandes perdas à produtividade do feijoeiro comum, ocasionando a doença podridão-cinzenta-do-caule, levando à perda de sementes e morte de plântulas, cancro e lesões cinzentas no caule, sobretudo em condições de alta temperatura e deficiência hídrica. Diante disso, este trabalho teve como objetivo avaliar a resistência de oito acessos de feijão comum, provenientes do BAG do IPA quanto a *M. phaseolina*. Os ensaios de patogenicidade a *Macrophomina* foram implantados com oito variedades de feijão comum (BRS Agreste, BRS Campeiro, Guabiju, Gurgutuba, Harmonia, Jaula, Macanudo e Praia) em casa de vegetação, em delineamento inteiramente casualizado com quatro repetições. Para a desinfestação das sementes foram utilizados álcool a 70% e hipoclorito de sódio 2%, e lavadas em água destilada esterilizada. Posteriormente, cada acesso foi plantado juntamente com sementes de sorgo infectadas com *M. phaseolina* em vasos de 3 kg com solo autoclavado. Os sintomas da doença foram avaliados aos 10 e 20 dias após o plantio, utilizando-se uma escala de notas (0: Plantas sem sintomas; 1: Sintomas nos tecidos cotiledonares; 2: Lesões radiculares; 3: Lesões no colo da planta; 4: Presença da estrutura de resistência, 5: Sem germinação). Dentre os oito genótipos testados, BRS Agreste, Gurgutuba, Harmonia, Macanudo e Praia foram identificados com suscetibilidade alta para *M. phaseolina* aos 10 dias após o plantio (DAP), havendo a morte das plantas. Os demais genótipos comportaram-se como resistentes. Diante dos resultados obtidos, é imprescindível a utilização de métodos de controle da podridão cinzenta do caule de tais acessos de feijão comum visando uma maior produtividade e segurança.

**Palavras-chave:** *Macrophomina phaseolina*; Melhoramento vegetal; *Phaseolus vulgaris*

**Agradecimentos:** À FACEPE, pelo apoio financeiro e ao IPA, pelo suporte físico.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## RESISTÊNCIA DE ACESSOS CRIoulos DE FEIJÃO-CAUPI A *Macrophomina phaseolina*

Luciana Gonçalves de Oliveira<sup>1\*</sup>; Glenda Correia<sup>1</sup>; Leandro Victor Silva dos Santos<sup>1</sup>;  
Maria Cecília Nejam Sansonio<sup>1</sup>; Antonio Félix da Costa<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto Agronômico de Pernambuco. \*lugoliveira@gmail.com

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é utilizado na alimentação humana e animal, usado como feno, ensilagem, além de cobertura do solo, adubação verde e recuperação de áreas degradadas. Essa cultura possui grande importância alimentar para as regiões tropicais e subtropicais do mundo, constituindo um dos principais componentes da dieta alimentar nas regiões Nordeste e Norte do Brasil. O feijão-caupi apresenta ampla variabilidade genética em áreas de agricultura tradicional no Nordeste, onde o cultivo é realizado em sistema de sequeiro. Além desses fatores, parte desse recurso genético é perdido devido a fatores adversos como as doenças. Dentre as doenças que podem causar perdas na produtividade do feijão-caupi cita-se a podridão cinzenta do caule, causada pelo fungo do solo *Macrophomina phaseolina*. Atualmente, há uma demanda do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) para que sejam fornecidas informações disponíveis dos recursos genéticos vegetais existentes nos BAG's em uma plataforma disponibilizada pela Embrapa/MAPA, com o objetivo de caracterizar cada acesso com maior número caracteres estudados. Portanto, os recursos genéticos devem ser devidamente caracterizados de modo que permitam obter ganhos genéticos mais promissores nas novas variedades, por meio do melhoramento e, também, para potencializar seu uso pelo próprio agricultor. Diante disso, esse trabalho tem por objetivo caracterizar quanto à resistência a *M. phaseolina*, 30 acessos de feijão-caupi do Banco de germoplasma (BAG) de feijão do Instituto Agronômico de Pernambuco (IPA). Os ensaios de patogenicidade foram avaliados com 30 acessos de feijão-caupi do BAG do IPA em casa de vegetação, em delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições. Para a desinfestação das sementes foram utilizados álcool a 70% e hipoclorito de sódio 2%, e lavadas em água destilada esterilizada. Posteriormente, cada semente de cada acesso foi plantada juntamente com sementes de sorgo infectadas com *M. phaseolina* em vasos de 3 kg com solo autoclavado. Os sintomas da doença foram avaliados aos 10 e 20 dias após o plantio, utilizando-se uma escala de notas. De acordo com os resultados obtidos, nas condições do presente ensaio, 20 acessos comportaram-se como suscetíveis a *M. phaseolina* e 10 acessos, como resistentes ao patógeno (Boca negra, Feijão bala, Feijão de placa, Maravilha, Portalegre 2, Paulistinha, Sempre verde, Tigre 2, Tucuruí 2 e Tucuruí 4). Diante desses resultados, tais acessos podem ser utilizados como progenitores em programas de melhoramento vegetal.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata*; patogenicidade; podridão cinzenta do caule.

**Agradecimentos:** À FACEPE pela concessão de bolsa de pesquisa e ao IPA pelo apoio.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE *Phaseolus vulgaris* AO VÍRUS DO MOSAICO COMUM DO FEIJOEIRO

Maria Cecília Nejaim Sansonio<sup>1\*</sup>; Leandro Victor Silva dos Santos<sup>1</sup>; Emmanuelle Rodrigues Araújo<sup>1</sup>; Thays Hyolanda Lins De Andrade<sup>1</sup>; Alana de Moura Lima<sup>1</sup>; Antonio Félix da Costa<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Instituto Agrônômico de Pernambuco - IPA. \*[cecilia.nejaim@gmail.com](mailto:cecilia.nejaim@gmail.com)

O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de *Phaseolus vulgaris* L., sendo este um grande aliado no controle de carências nutricionais, seja pela biofortificação ou pelo avanço de novas cultivares. Diversos fatores podem limitar a sua produção, entre estes as doenças de origem virótica, como o mosaico comum, causada pelo vírus do mosaico comum do feijoeiro (BCMV). Este potyvirus que causa sintomas como mosaico, lesões locais, necrose sistêmica, epinastia foliar, bolhosidade, encrespamento, redução no tamanho das vagens e sementes, amarelecimento generalizado e folhas coriáceas, cuja planta pode entrar em senescência sem que novas folhas se desenvolvam. A identificação de genótipos resistentes constitui-se no método mais direto para se chegar à geração de novas cultivares, que venha a expressar alto rendimento, permitindo um controle mais efetivo e econômico do BCMV. Diante disso, objetivou-se identificar de novos acessos resistentes ao BCMV em 10 cultivares crioulas de feijão-comum, visando selecionar os de melhor potencial para utilização no melhoramento genético. Os experimentos foram realizados em casa de vegetação, na sede do Instituto Agrônômico de Pernambuco (IPA), utilizando-se sementes crioulas de feijão-comum da coleção do Banco Ativo de Germoplasma (BAG-IPA). As sementes foram semeadas em vasos de 3L e, após sete dias, as folhas cotiledonares foram inoculadas de forma usual, com auxílio de Carborundum 600 mesh, cujo inóculo foi preparado a partir de folhas novas infectadas, maceradas em tampão fosfato, acrescido de silfite de sódio, pH 7,2, sendo lavadas em seguida com água corrente. As avaliações foram conduzidas por meio da leitura dos sintomas expressos nas plantas, como mencionado acima. Dos 10 acessos avaliados, quatro comportaram-se como resistentes ao BCMV (SC5; Causa 30; Feijão Serrano; IBM3 Fosco), e os demais (IBM4; Agreste 7; Tochinha; SC3; Cavalito Claro; Bagajó) exibiram sintomas típicos da doença, sendo considerados suscetíveis. Com este resultado, espera-se contribuir com a geração de cultivares resistentes a este patógeno, permitindo assim, menor uso de agroquímicos e menor perda na produtividade.

**Palavras-chave:** Fitovirose; Melhoramento; Sementes crioulas

**Agradecimentos:** A FACEPE pelo financiamento da pesquisa.





# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## SELEÇÃO DE *Heliconia* spp. PARA USO EM JARDINS DE CHUVA BASEADO NO DESENVOLVIMENTO INICIAL DAS PLANTAS

Jurandir de Almeida Pereira Junior<sup>1\*</sup>; Antônio Carlos Assis Reis<sup>2</sup>; Simone Santos Lira  
Silva<sup>1</sup>; Maria Fernanda dos Santos Silva<sup>1</sup>; Vivian Loges<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco. <sup>2</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e  
Tecnologia de Pernambuco–Campus Vitória de Santo Antão. \*jurandir.pereirajunior@ufrpe.br

As helicônias são plantas muito utilizadas como flor de corte para compor arranjos e amplamente utilizadas no paisagismo devido às cores exuberantes de suas brácteas. Além dos benefícios advindos da exploração das características ornamentais e paisagísticas, algumas helicônias também podem oferecer serviços ambientais devido ao seu potencial fitorremediador. O objetivo deste trabalho foi a avaliação do desenvolvimento inicial de dez genótipos de *Heliconia* ssp.: *H. episcopalis*; *H. bihai*; *H. stricta*; *H. latispatha*; *H. psittacorum*; *H. rostrata*; *H. richardiana*; *H. psittacorum* x *H. marginata* cv. Nickeriensis; *H. psittacorum* cv. Sassy; *H. psittacorum* x *H. spathocircinata* cv. Golden Torch Adrian. Os genótipos foram cultivados em mesocosmos experimentais com camadas de substrato que simulam jardins de chuva. Foi plantado um rizoma por mesocosmo, em casa de vegetação com plástico agrícola e tela de sombreamento de 50%, irrigados manualmente até atingir a capacidade de campo. Foram avaliadas a emissão de perfilhos e altura das plantas. O delineamento experimental foi em blocos casualizados com dez tratamentos (genótipos) e quatro repetições (blocos), onde cada tratamento foi repetido duas vezes nos quatro blocos. Foram realizadas avaliações a cada dois dias a partir da primeira emissão dos perfilhos até os 46 dias após o plantio (DAP) e avaliada a altura. Todos os genótipos emitiram perfilhos, no entanto, diferiram entre si em relação ao tempo para emissão e quantidade. Os genótipos que emitiram um maior número de perfilhos foi *H. stricta* com uma média de (1,29) seguida da *H. bihai* com (1,12). Além disso, *H. bihai* foi a mais precoce, emitindo perfilhos aos 23 DAP, em média, enquanto *H. rostrata* foi mais tardia, com emissão média de perfilhos aos 38 DAP. Com relação à altura das plantas, *H. bihai* obteve a maior altura entre os genótipos avaliados aos 46 DAP, com 0,50 m de altura em média. Já as *H. psittacorum* e *H. psittacorum* x *H. marginata* cv. Nickeriensis apresentaram menor altura, com uma média de 0,13 m no mesmo período. A partir desses resultados, é possível observar os genótipos que perfilham e se desenvolvem precocemente, o que pode ser uma vantagem em jardins de chuva, visto que isso significa que as plantas podem começar a desempenhar o papel de captação e filtragem da água da chuva mais rapidamente.

**Palavras-chave:** Soluções baseadas na natureza; Helicônia; Emissão de perfilhos

**Agradecimentos:** UFRPE, CAPES.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## SELEÇÃO DE LINHAGENS AVANÇADAS DE ALGODOEIRO CULTIVADAS EM CONDIÇÕES DE SEQUEIRO

Jailma Souza Thomaz<sup>1\*</sup>; Jean Pierre Cordeiro Ramos<sup>2</sup>; Rennan Fernandes Pereira<sup>2</sup>;  
Roseane Cavalcanti dos Santos<sup>2</sup>; José Jaime Vasconcelos Cavalcanti<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco (UFRPE). <sup>2</sup>Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Algodão). \*jailmathomaz@gmail.com

Períodos frequentes de baixa precipitação nas regiões semiáridas comprometem a produção do algodoeiro, com isso, a busca por cultivares tolerantes a seca é crescente. Este trabalho teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos e selecionar linhagens avançadas de algodoeiro cultivadas em condições de sequeiro, com base no desempenho agrônômico e de qualidade de fibra. Foram avaliadas 19 linhagens oriundas do cruzamento entre cultivares de algodoeiro herbáceo e mocó, previamente selecionadas para tolerância ao estresse hídrico e a testemunha BRS 286. Os experimentos foram conduzidos na Estação Experimental da Empaer, em Alagoinha – PB durante os anos 2021 e 2022, utilizando delineamento experimental em blocos casualizados (DBC), em arranjo fatorial simples 20 x 2 (genótipos x anos), com 4 repetições. A precipitação foi de 374,9 mm (2021) e 796 mm (2022). A unidade experimental foi composta por duas fileiras de 5 m, com espaçamento de 0,80 m entre linhas e 7 plantas por metro linear. As variáveis avaliadas foram: Produtividade de algodão em caroço; Produtividade de algodão em fibra; Porcentagem de fibras; Comprimento de fibra; Uniformidade de fibra; Índice de fibras curtas; Resistência da fibra; Alongamento à ruptura; Índice de micronaire; e Índice de fiabilidade. As análises estatísticas foram realizadas pelo programa GENES, versão 1990.2022.27. Foram realizadas análises de variância individual e conjunta por meio do teste F, o teste de agrupamento de médias Scott-Knott (1974) e o índice de seleção proposto por Mulamba e Mock (1978), utilizado para classificar os genótipos em relação a múltiplos caracteres, com intensidade de seleção de 25%. O coeficiente de determinação genotípico (CDG) foi elevado para todas as variáveis. As linhagens CNPA SA 2019 – 115, CNPA SA 2019 – 185, CNPA SA 2019 – 109 e CNPA SA 2019 – 165 foram selecionadas por apresentarem ganhos de seleção satisfatórios para produtividade e qualidade de fibra simultaneamente e médias favoráveis as exigências dos produtores e da indústria para a maioria dos caracteres. Tais linhagens oferecem potencial para recomendação no ambiente semiárido, devendo, contudo, serem avaliadas em mais locais de modo a atestar com confiabilidade a adaptação e estabilidade produtiva.

**Palavras-chave:** *Gossypium hirsutum* L.; Melhoramento genético; Índice de seleção.

**Agradecimentos:** A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela bolsa de estudo e a Embrapa Algodão e Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária (Empaer) – Alagoinha/PB pelo suporte financeiro.



# VI SIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI COM RESISTÊNCIA AO VÍRUS DO MOSAICO SEVERO DO CAUPI

Ramon Silva do Aragão<sup>1</sup>; José Luiz Sandes de Carvalho Filho<sup>1</sup>; Rewysson Alves Ribeiro da Silva<sup>1\*</sup>; Gércia Gonçalves de Melo<sup>1</sup>; Ana Paula Medeiros dos Santos Rodrigues Mendonça<sup>1\*</sup>; Antonio Félix da Costa<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco. <sup>2</sup>Instituto Agrônomo de Pernambuco.  
\*rewysson.alves@gmail.com

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma das leguminosas mais adaptadas e versáteis dentre as diversas espécies cultivadas da família Fabaceae, possuindo alta diversidade genética. Nas regiões Norte e Nordeste, o feijão-caupi é cultivado, principalmente, pela agricultura familiar, com pouca ou nenhuma tecnologia empregada. As doenças causadas por vírus estão entre os principais fatores que contribuem para baixos rendimentos da cultura. Dentre as viroses que acometem o feijão-caupi, o mosaico severo, causado pelo *Cowpea severe mosaic virus* (CPSMV), possui alta patogenicidade, ampla ocorrência e difícil controle. Selecionar genótipos de feijão-caupi do Programa de Melhoramento do Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA) resistente a esse vírus foi o objetivo dessa pesquisa. Os experimentos foram conduzidos em casas de vegetação na sede do IPA. Foram utilizados 79 genótipos de feijão-caupi do Programa de Melhoramento do IPA. Cada cultivar foi semeado em três vasos de quatro litros, com cinco sementes por vaso, em delineamento inteiramente casualizado. O vírus foi mantido em uma variedade de feijão-caupi suscetível, Pele de Moça. Para a infecção, os trifólios novos das plantas infectadas foram macerados em almofariz com um pistilo e auxílio de uma solução tampão fosfato 0,05M acrescido de sulfito de sódio a pH 7,2 até homogeneização, em seguida fez-se a inoculação na superfície das folhas primárias, antes polvilhadas com Carborundum 600 mesh. As avaliações foram feitas a partir do sétimo dias após as inoculações, até o trigésimo dia, segundo critérios visuais: BI - bolhosidade; Llc – lesões locais cloróticas; M - mosaico; MI - mosaico leve; Ms - mosaico severo; Ma - morte apical; Mt – morte da planta; Ne – necrose sistêmica; Rf - redução foliar; e Ss - sem sintoma. Dentre os 79 genótipos testados, 15 linhagens e duas variedades crioulas não apresentaram sintomas. Os demais genótipos apresentaram sintomas de moderado a severo e, destes, o genótipo Mosqueado apresentou sintomas mais severos, com morte de todas as plantas, antes mesmo de apresentar sintomas característicos. Os resultados indicam a necessidade de um número de indivíduos maior e com divergência genotípica para aumentar as chances de sucesso em encontrar mais materiais resistentes.

**Palavras-chave:** Doenças; Linhagens; Infecção

**Agradecimentos:** UFRPE, IPA e CNPq.



# VI SIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO-CAUPI NA ZONA DA MATA E SERTÃO PERNAMBUCANO UTILIZANDO A ANÁLISE AMMI-BAYESIANA

Jamile Erica de Medeiros<sup>1\*</sup>; Gérsia Gonçalves de Melo<sup>1</sup>; Leandro Victor Silva dos Santos<sup>2</sup>; Luciano Antonio de Oliveira<sup>3</sup>; José Luiz Sandes de Carvalho Filho<sup>1</sup>; Antonio Félix da Costa<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal Rural de Pernambuco. <sup>2</sup>Instituto Agrônomo de Pernambuco.

<sup>3</sup>Universidade Federal da Grande Dourados. \*jamileric@gmail.com

Pesquisas envolvendo avaliações que visem à adaptabilidade e estabilidade de recursos genéticos envolvendo o feijão-caupi no Estado de Pernambuco vem se tornando cada vez mais necessárias, apresentando grande relevância na produção de grãos. Como a produtividade é uma característica muito influenciada pelas condições edafoclimáticas de cada região, é necessária a identificação de genótipos adaptados e estáveis a fim de reduzir os efeitos ocasionados pela interação entre genótipos e ambientes (GxE). O objetivo deste trabalho foi analisar a adaptabilidade e estabilidade de linhagens de feijão-caupi nas regiões da Zona da Mata e Sertão de Pernambuco, utilizando o modelo AMMI bayesiano (BAMMI). Foram utilizadas 28 linhagens e duas testemunhas comerciais, avaliadas nos municípios de Goiana (E3), Belém de São Francisco (E1 e E4) e Araripina (E2). O delineamento foi em blocos casualizados, com quatro repetições, e a produtividade de grãos foi avaliada no ano de 2022. A incorporação de inferência aos parâmetros que descrevem a interação GxE no biplot, observada nas regiões de credibilidade, permitiu identificar os genótipos e ambientes que contribuíram menos com a interação e são, portanto, mais estáveis. Nesse sentido, os ambientes Araripina (E2) e Belém de São Francisco (E4) e todos os genótipos, com exceção de G10 e G16, demonstraram estabilidade. Ademais, a adaptabilidade ampla foi verificada em todos os genótipos avaliados, exceto G10 e G16, quando submetidos a todos os ambientes. As linhagens G10 e G16 apresentaram contribuição significativa com a interação GxE, entretanto não demonstraram adaptabilidade específica a nenhum ambiente, sendo indicadas apenas para os ambientes estáveis. Vale salientar que as linhagens G7, G26, G21, G28, G8, G20 e G30 se destacaram por apresentar efeito principal maior que zero, indicando que possuem maior contribuição com a média geral de produtividade, oferecendo maior confiabilidade para recomendação. De acordo com os resultados apresentados, pode-se concluir que as linhagens G7, G26, G21, G28, G8, G20 e G30 poderiam ser recomendadas para o cultivo nas regiões da Zona da Mata e Sertão Pernambucano, uma vez que apresentaram estabilidade, adaptabilidade ampla e alta produtividade.

**Palavras-chave:** adaptabilidade; estabilidade; pacote ammiBayes

**Agradecimentos:** À CAPES, pela bolsa de fomento e ao Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), pela disponibilidade de área e apoio na condução experimental.



# VI SIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## SELEÇÃO PARTICIPATIVA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-FAVA

Edmilson Gomes de Oliveira<sup>1\*</sup>; Michelle dos Santos Nascimento<sup>2</sup>; Maria Santa de Sousa Silva<sup>2</sup>; Verônica da Silva Brito<sup>2</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>2</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí, Campus José de Freitas-PI.

<sup>2</sup>Universidade Federal do Piauí. \*rlfgomes@ufpi.edu.br

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) caracteriza-se por apresentar grande variabilidade de variedades crioulas, destacando-se em demanda e nos preços de mercado as de sementes brancas em relações às demais. Assim, objetivou-se selecionar variedades crioulas de feijão-fava, do tipo branca, com potencial para o mercado, por meio de metodologias de melhoramento genético participativo. Esta ferramenta fomenta a conservação e agrega valor às variedades crioulas, sendo as pesquisas realizadas nas propriedades dos agricultores e a avaliação feita pelos próprios agricultores, tendo como referência os seus critérios de avaliação. O experimento foi conduzido na localidade Maracanã, município de Várzea Grande, estado do Piauí, no ano de 2023, com 20 variedades crioulas de feijão-fava do tipo branca, no delineamento em blocos casualizados e duas repetições. A avaliação foi realizada em oficina de pesquisa participativa, com 13 produtores, sendo 46% constituído de mulheres. Inicialmente foram estabelecidos os critérios de seleção com uso das ferramentas participativas: pergunta motivadora e tempestade de ideias. As características utilizadas como critério de seleção, adotados pelos produtores de feijão-fava, foram as seguintes: 1. carrego das vagens; 2. sementes sem mistura de cores; 3. qualidade da semente, representado por sementes maiores e cheias; e 4. sintoma e presença de pragas e doenças nas sementes. Tais critérios foram identificados com fichas com cores diferentes: Em seguida, procedeu-se a avaliação visual das variedades de feijão-fava em cada parcela experimental, com relação aos critérios de avaliação, atribuindo-se notas de um a dez, que foram registradas nas fichas inserida em uma urna fixada na frente da parcela. As notas atribuídas a cada característica, por parcela, foram apuradas e as médias registradas em uma matriz, com as variedades distribuídas em linhas e as características avaliadas em colunas. As variedades crioulas Fava branca (Buriti Bravo - MA), Fava branca (Crato - CE), Fava branca (Paraibano - MA), Fava branca (Fortaleza - CE) e Fava branca (Farias Brito - CE) foram selecionadas por apresentarem médias superiores à média de cada uma das características avaliadas.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L.; melhoramento participativo; padrão da semente.

**Agradecimentos:** Sindicato dos Trabalhadores e Trabalhadoras Rurais de Várzea Grande Piauí, UFPI.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## SELEÇÃO SIMULTÂNEA EM POPULAÇÕES F<sub>5</sub> DE FEIJÃO-FAVA VIA MODELOS MISTOS

Mariza Ribeiro dos Santos<sup>1</sup>; Matheus Bezerra Martins<sup>1</sup>; Maria Santa de Sousa Silva<sup>1</sup>;  
Carlos Humberto Aires Matos Filho<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>; Verônica Brito  
da Silva<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*marizaribeiroif@gmail.com

O feijão-fava apresenta uma elevada diversidade genética, e é uma cultura de muita relevância para a região Nordeste do Brasil. Entretanto, no Brasil não há estímulo para o desenvolvimento de variedades melhoradas de feijão-fava, tendo como consequência pouco conhecimento de suas características agrônômicas e potencialidades, o que faz com que seu cultivo seja limitado. Dessa forma, o trabalho teve por objetivo avaliar as populações F<sub>5</sub> de feijão-fava por meio da estimativa de parâmetros genéticos e predições de ganhos genéticos via modelos mistos. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Piauí, em Teresina – PI, entre os meses de fevereiro a agosto de 2023. As três populações F<sub>5</sub> de feijão-fava com hábito de crescimento indeterminado utilizadas, se originaram de cruzamentos biparentais entre genótipos pertencente ao Banco de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí. Os caracteres avaliados foram: Número de dias para o início da floração (NDF); Número de dias para maturação (NDM); Altura da planta (AP); Comprimento da vagem (CV); Largura da vagem (LV); Espessura da vagem (EV); Número de lócus por vagem (NLV); Número de sementes por vagem (NSV); Número de vagens por planta (NVP); Comprimento da semente (CS); Largura da semente (LS) e Espessura da semente (ES). Os dados das populações (H53, H56 e H72) foram analisados utilizando o modelo 121 do SELEGEN. Considerando os parâmetros genéticos estimados, verifica-se que a variância genética (V1) foi menor que a variância ambiental (V<sub>e</sub>) para as variáveis CV, LV, EV, NLV, NSV, CS, LS e ES. Considerando os valores estimados para c<sup>2</sup>e<sup>1</sup> (coeficiente de determinação), indica valores baixos para todos os caracteres. A média geral para as variáveis CV, LV, EV, NLV, NSV, CS, LS, ES foi favorável. Quanto ao ganho de seleção para o número de dias de floração (NDF) e número de dias de maturação (NDM), observa-se maiores valores para as populações H53 e H56 respectivamente. Dessa forma, a população H53 foi a mais tardia para floração e para maturação e H72 a mais precoce para ambas as características. A população H56 mostrou mais ganho de seleção quanto a comprimento e largura da semente, sendo uma característica de interesse para o programa de melhoramento. Considerando todas as características observadas, conclui-se que todas as população preditas devem avançar no melhoramento genético, para que posteriormente, após os ensaios de VCU possam ser disponibilizadas aos produtores rurais.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; Parâmetros genéticos; RELM/BLUP.

**Agradecimentos:** CNPQ/UFPI e FAPEPI



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## UTILIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA CONFIRMAÇÃO DE HÍBRIDOS EM FEIJÃO-FAVA

Marilha Vieira de Brito<sup>1</sup>; Gisele Holanda de Sá<sup>1</sup>; Maruzanete Pereira de Melo<sup>1</sup>;  
Guilherme Alexandre Luz da Costa<sup>2</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>; Regina Lucia  
Ferreira Gomes<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. <sup>2</sup>Universidade de São Paulo - USP. \*rlfgomes@ufpi.edu.br

O feijão-fava tem grande importância socioeconômica, sendo utilizado principalmente por agricultores familiares no Nordeste brasileiro, como cultura de subsistência. Na sua produtividade ocorrem oscilações, e uma das causas é a presença de doenças, como a antracnose. No Programa de Melhoramento Genético de *Phaseolus lunatus* da UFPI foram geradas populações híbridas do cruzamento entre os acessos: (i) BGP-UFPI 832, altamente resistente ao *Colletotrichum truncatum*, de ciclo tardio, com sementes pequenas e de cor vermelha, e BGP-UFPI 862, de ciclo precoce, com padrão comercial de sementes, mas suscetível ao patógeno; (ii) BGP-UFPI 1001, altamente resistente ao *Colletotrichum truncatum*, de ciclo curto, com sementes pequenas e de cor branca; e BGP-UFPI 860, de ciclo precoce, com padrão comercial de sementes, mas suscetível ao patógeno. As hibridações artificiais foram realizadas em Teresina – PI, no período de abril a junho de 2021, sem emasculação das flores do genitor feminino. Nesse sentido, objetivou-se identificar os híbridos de feijão-fava utilizando marcador molecular microssatélite. Os 226 cruzamentos foram realizados nos horários de 8 h às 11 h e de 16 h às 18 h, período estabelecido como de maior frequência de antese floral. Em abril de 2022, os prováveis híbridos F<sub>1</sub> foram semeados em telado. O DNA genômico total dos genitores e das gerações F<sub>1</sub>'s foi extraído de 50 mg de tecido foliar de feijão-fava, usando o protocolo CTAB modificado, no Laboratório de Biologia Molecular da UFPI. A qualidade do DNA foi avaliada por eletroforese em géis de agarose a 1% corados com SYBR Safe DNA. Foram testados 11 primers microssatélites, otimizados para feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), que possibilitaram a identificação de três plantas F<sub>1</sub>'s de feijão-fava, em gel de agarose. Nos híbridos, foi observada uma banda presente no genitor masculino e ausente no feminino. As demais plantas foram consideradas como resultantes de autofecundação, porque não apresentaram a banda presente no genitor masculino. Logo, os marcadores moleculares foram eficientes na identificação dos híbridos, que poderão gerar linhagens promissoras, após avanço das gerações.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; antracnose; SSR.

**Agradecimentos:** CNPQ, CAPES e UFPI.



# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agrônomo de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## USO DE MARCADORES MORFOLÓGICOS PARA CONFIRMAÇÃO DE HÍBRIDOS EM FEIJÃO-FAVA

Marilha Vieira de Brito<sup>1</sup>; Giovana Bezerra França<sup>1\*</sup>; Maruzanete Pereira de Melo<sup>1</sup>; Gerson do Nascimento Costa<sup>1</sup>; Ângela Celis de Almeida Lopes<sup>1</sup>; Regina Lucia Ferreira Gomes<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Piauí. \*giovanafra@ufpi.edu.br

O cultivo do feijão-fava no Nordeste do Brasil é realizado por agricultores familiares. Nessa região, a leguminosa é adaptada às condições edafoclimáticas, sendo considerada uma das principais alternativas econômicas, fonte de renda e segurança alimentar. É possível observar oscilações na sua produtividade, e uma das razões é a presença de doenças, tais como a antracnose. No Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da UFPI (BGP - UFPI) existem acessos tolerantes ao patógeno, todavia são de ciclo tardio, com sementes pequenas e de cor vermelha. Por isso, foram realizados cruzamentos com acessos de ciclo precoce e padrão comercial de sementes, utilizando-se a técnica que consiste em polinizar o estigma imaturo com pólen maduro, sem envolver emasculação da flor do genitor feminino. O uso de marcadores morfológicos na identificação de híbridos F<sub>1</sub>'s tem grandes vantagens, por ser rápido, seguro e não ter custos adicionais, gerando economia de tempo e recurso. No entanto, em feijão-fava, estes marcadores são limitados, principalmente devido ao pouco conhecimento sobre o controle genético da maioria dos seus caracteres. Nesse sentido, objetivou-se definir marcadores morfológicos para identificação de híbridos de feijão-fava, oriundos do cruzamento entre acessos tolerantes ao *Colletotrichum truncatum* e acessos com padrão comercial de sementes, para, posterior ao avanço das gerações, selecionar linhagens promissoras. O material genético constou de acessos provenientes do BAG-UFPI, sendo dois altamente resistentes a *C. truncatum* e com flor branca (UFPI 832 e UFPI 1001) e dois altamente suscetíveis e com flor roxa (UFPI 862 e UFPI 860). Os cruzamentos foram realizados em telados, no Sítio Jurema Norte, município de Ibiapina, no período de agosto de 2021 a fevereiro de 2022, e no município de Tianguá - CE, no período de agosto de 2022 a fevereiro de 2023, ambos na Serra da Ibiapaba. Das 211 polinizações realizadas entre os acessos UFPI 832 x UFPI 860 e UFPI 1001 X UFPI 862, 9,47 % das vagens foram confirmadas como híbridas, a partir dos marcadores morfológicos, gerando 34 sementes. Foram selecionadas as plantas com presença de antocianina nos ramos e cotilédones, e cor da asa da flor roxa. Os resultados obtidos nesse estudo contribuem para o desenvolvimento do programa de melhoramento de feijão-fava da UFPI, visando a seleção de linhagens resistentes a antracnose.

**Palavras-chave:** antocianina; cruzamentos artificiais; *Phaseolus lunatus*.

**Agradecimentos:** CNPq, FAPEPI e UFPI.





# VISIMPÓSIO

REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

RIQUEZAS DA TERRA PARA A  
SOBERANIA ALIMENTAR

7 A 10 DE NOVEMBRO 2023

Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA  
Recife - PE

Pré-melhoramento e Melhoramento

## UVAS DO BRASIL: CARACTERIZAÇÃO FENOLÓGICA E EXIGÊNCIAS TÉRMICAS DE CULTIVARES BRASILEIRAS CONSERVADAS NO BAG VIDEIRA DA EMBRAPA SEMIÁRIDO

Marcos Andrei Custodio da Cunha<sup>1</sup>; Francine Hiromi Ishikawa<sup>1</sup>; Cristina dos Santos Ribeiro Costa<sup>2</sup>; Patrícia Coelho de Souza Leão<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal do Vale do São Francisco. <sup>2</sup>Embrapa Semiárido.  
\*patricia.leao@embrapa.br.

A caracterização fenológica fornece informações importantes na tomada de decisão sobre a época adequada para realização das práticas culturais e colheita. Objetivou-se caracterizar a fenologia e o requerimento térmico de 36 cultivares de uvas brasileiras, conservadas no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de videira da Embrapa Semiárido. O BAG está localizado no Campo Experimental de Mandacaru, sendo cada cultivar representada por quatro plantas e avaliada durante dois ciclos de produção (2022/2 e 2023/1). A fenologia foi avaliada por meio da duração (em dias) dos estádios fenológicos e somatório térmico (em Graus-dia ou GD) para os períodos entre os seguintes estádios fenológicos: gemas dormentes; inchamento de gemas; gema algodão; ponta verde; inflorescência visível; início de floração; final de floração; frutificação; grãos tamanho 'chumbinho'; grãos tamanho 'ervilha'; início de compactação do cacho; início da maturação e final da maturação; e a duração do ciclo de produção desde a gemas dormentes até o final da maturação. Foram obtidas as médias para a duração e soma térmica dos estádios fenológicos e ciclo de produção. Houve variação nos requerimentos térmicos e duração do ciclo de produção entre as duas safras. No ciclo de produção do segundo semestre de 2022, a cultivar 'BRS Vitória' apresentou a menor exigência térmica, 1016,94 GD e, destacou-se pela sua precocidade (99 dias), enquanto 'A Dona', 'Branca Salitre', 'BRS Carmem' e 'Moscato Embrapa' apresentaram a maior exigência térmica 1350,00 GD que correspondeu a 134 dias. Por sua vez, no ciclo do primeiro semestre de 2023, a cultivar 'Paulistinha' apresentou ciclo fenológico de 90 dias e 918,16 GD, sendo a mais precoce, e 'A Dona', 'BRS Carmem' e 'Moscato Embrapa' foram as mais tardias, com 126 dias e 1316,87 GD. O período entre início até final de maturação teve maior duração nos dois ciclos de produção, com médias de 41 dias e 406,85 GD e 37 dias e 362,68 GD, respectivamente, no segundo semestre de 2022 e primeiro semestre de 2023. Por outro lado, o período entre início e final da floração apresentou menor duração e exigência térmica com médias de 3 dias e 43,35 GD no segundo semestre de 2022 e 3 dias e 38,09 GD no primeiro semestre de 2023. Condições extrínsecas (clima) e intrínsecas (cultivar) influenciaram o comportamento fenológico das cultivares brasileiras de uvas e explicam as diferenças observadas na duração dos estádios fenológicos e exigências térmicas nos ciclos de produção do segundo semestre de 2022 e primeiro semestre de 2023, no Vale do Submédio São Francisco.

**Palavras-chave:** Fenologia; Recursos genéticos; Graus-dia.

**Agradecimentos:** Embrapa, Univasf e Capes.



### Promoção



### Realização



Secretaria  
de Desenvolvimento  
Agrário, Agricultura,  
Pecuária e Pesca



MINISTÉRIO DA  
AGRICULTURA E  
PECUÁRIA

MINISTÉRIO DO  
DESENVOLVIMENTO  
AGRÁRIO E  
AGRICULTURA FAMILIAR



### Patrocínio



### Apoio



## Fale conosco

Revista RG News

E-mail: [revistargnews@recursosgeneticos.org](mailto:revistargnews@recursosgeneticos.org)

Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos – SBRG

E-mail: [sbrg@recursosgeneticos.org](mailto:sbrg@recursosgeneticos.org)

Acesse nosso site: [www.recursosgeneticos.org](http://www.recursosgeneticos.org)



**SBRG**  
Sociedade Brasileira  
de Recursos Genéticos

