

ANEXO V – FORMULÁRIO INDICADORES DE IMPACTOS



UNIVERSIDADE FEDERAL DE LAVRAS
PRÓ-REITORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO

Autor(a): Ednilson Barros Barroso

Orientador(a): Elaine Aparecida de Souza

Programa de Pós-Graduação em: Genética e Melhoramento de Plantas

Título: **Regiões genômicas associadas à resistência de linhagens de feijão comum ao cretamento bacteriano comum e virulência de isolados de *Xanthomonas* spp.**

Tipos de Impactos:

(x) sociais (x) tecnológicos (x) econômicos () culturais ()
outros: _____

Áreas Temáticas da Extensão:

- | | |
|-----------------------------------|-------------------------------|
| () 1. Comunicação | (x) 5. Meio ambiente |
| () 2. Cultura | () 6. Saúde |
| () 3. Direitos humanos e justiça | (x) 7. Tecnologia e produção |
| () 4. Educação | () 8. Trabalho |

Objetivos de Desenvolvimento sustentável (ODS) da ONU impactados

- | | |
|---|--|
| () 1. Erradicação da pobreza | () 10. Redução das desigualdades |
| (x) 2. Fome zero e agricultura sustentável | () 11. Cidades e comunidades sustentáveis |
| () 3. Saúde e Bem-estar | (x) 12. Consumo e produção responsáveis |
| (x) 4. Educação de qualidade | (x) 13. Ação contra a mudança global do clima |
| () 5. Igualdade de Gênero | () 14. Vida na água |
| () 6. Água potável e Saneamento | () 15. Vida terrestre |
| () 7. Energia Acessível e Limpa | () 16. Paz, justiça e instituições eficazes |
| () 8. Trabalho decente e crescimento econômico | () 17. Parcerias e meios de implementação |
| () 9. Indústria, Inovação e Infraestrutura | |

Impactos sociais, tecnológicos, econômicos e culturais

A presente pesquisa apresenta contribuições relevantes nos âmbitos científico, tecnológico, socioeconômico e ambiental, com potencial de impacto direto na produção agrícola e nos programas de melhoramento genético do feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). A identificação de regiões genômicas associadas à resistência ao cretamento bacteriano comum (CBC) e a caracterização da virulência de isolados de *Xanthomonas* spp. reforçam a importância do uso integrado de ferramentas genômicas e fenotípicas integradas no enfrentamento de doenças bacterianas limitantes à produtividade agrícola.

Do ponto de vista científico, a tese contribui para o avanço do conhecimento sobre a genética da resistência de *P. vulgaris* L. ao CBC, fornecendo dados relevantes sobre a diversidade genética de linhagens e sobre genes candidatos potencialmente envolvidos na resposta de defesa. O uso da seleção genômica ampla (GWAS), GGE Biplot e análise de SNPs fortalece a

base metodológica para futuros estudos de associação genômica em leguminosas. Em termos tecnológicos, os resultados apontam para a aplicação prática da seleção assistida por marcadores moleculares, possibilitando a incorporação mais precisa e eficiente de genes de resistência em programas de melhoramento. O mapeamento de QTLs e a definição de SNPs com efeito significativo sobre a resistência ao CBC oferecem alvos promissores para o desenvolvimento de cultivares resistentes.

No âmbito socioeconômico, destaca-se o potencial da pesquisa para a redução das perdas de produtividade causadas pelo CBC, promovendo maior estabilidade na produção e menor dependência de defensivos químicos, o que beneficia economicamente produtores, sobretudo os de base familiar.

Quanto ao impacto ambiental, o uso de cultivares resistentes pode reduzir o uso de agroquímicos, contribuindo para a preservação dos recursos naturais e a sustentabilidade dos sistemas agrícolas. A pesquisa alinha-se a diversos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da ONU, especialmente o ODS 2 (Fome Zero e Agricultura Sustentável), ODS 12 (Consumo e Produção Responsáveis), ODS 13 (Ação contra a Mudança Global do Clima) e ODS 4 (Educação de Qualidade), ao fomentar a inovação, a sustentabilidade e a formação de recursos humanos qualificados em ciência e tecnologia para o setor agropecuário.

Social, technological, economic and cultural impacts

This research presents significant contributions across scientific, technological, socioeconomic, and environmental domains, with direct potential impacts on agricultural production and common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding programs. The identification of genomic regions associated with resistance to common bacterial blight (CBB) and the characterization of *Xanthomonas* spp. virulence highlight the importance of integrating genomic and phenotypic tools to address bacterial diseases that constrain crop productivity.

From a scientific perspective, this thesis advances the understanding of genetic resistance in *P. vulgaris* to CBB by providing relevant insights into the genetic diversity of breeding lines and identifying candidate genes potentially involved in defense responses. The application of GWAS, GGE Biplot analysis, and SNP detection strengthens the methodological framework for future genomic association studies in legumes.

Technologically, the results support the practical application of marker-assisted selection, enabling more precise and efficient incorporation of resistance genes into breeding pipelines. The identification of QTLs and SNPs with significant effects on CBB resistance offers promising targets for the development of resistant cultivars.

On a socioeconomic level, this research has the potential to reduce yield losses caused by CBB, enhancing production stability and decreasing reliance on chemical inputs—an outcome that particularly benefits smallholder and family-based farming systems.

Environmentally, the use of resistant cultivars can lead to a reduced need for agrochemicals, thus contributing to the conservation of natural resources and promoting the sustainability of agricultural systems. This work aligns with several United Nations Sustainable Development Goals (SDGs), especially SDG 2 (Zero Hunger and Sustainable Agriculture), SDG 12 (Responsible Consumption and Production), SDG 13 (Climate Action), and SDG 4 (Quality Education), by fostering innovation, sustainability, and the development of skilled human resources in agricultural science and technology.

Assinatura do(a) autor(a)

Assinatura do(a) orientador(a)