ANAIS DO EVENTO

2025

06 a 08 de outubro

UENF- Campos dos Goytacazes/RJ

I CONGRESSO REGIONAL DE BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Estratégias científicas e inovadoras para a agricultura e meio ambiente

Realização:

UENF
Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

GERMINAÇÃO
NÚCLEO DE ESTUDOS EM BIOTECNOLOGIA VEGETAL - PGBV - UENF

CBB-UENF

Apoio:

Sociedade Brasileira de Fisiologia Vegetal
Desde 1987

FAPERJ
Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro

CAPES

Patrocínio:

ALEMMAR 75+

HUMPBACK
COFFEE - BAKERY - BEER

revvity

LOBOV Científica

Waters

ZEISS

Campos dos Goytacazes/RJ - 2025

Comissão Coordenadora:

Claudete Santa Catarina - Presidente

Fábio Lopes Olivares - Vice-Presidente

Vanildo Silveira - Tesoureiro

Comissão Organizadora:

Aline Lemos Ferreira

Anne Reis Santos

Claudete Santa Catarina

Eduarda Ramos Contilho

Fábio Lopes Olivares

Franciane de Souza Pessanha

Gabriela Azevedo Alves Souza

João Pedro Campos Matos

Júlia Oliveira Schueler

Juliana do Prado Valeriano

Laíse Trugilio Moreira Marinho

Luciele de Léo Cardozo

Marcos Paulo da Conceição M. Silva

Margareth Vasconcelos

Monique de Souza Santos

Nathalia Souza Teixeira

Vanildo Silveira

Comissão Científica:

Ana Carolina Mendes Bezerra
Bianca Ortiz da Silva
Claudete Santa Catarina
Fábio Lopes Olivares
Gabriel Quintanilha Peixoto
Katia Fabiane Medeiros Schmitt
Layrana de Azevedo dos Santos
Letícia Oliveira da Rocha
Marciele Souza da Silva
Roberta Pena da Paschoa
Sara Sangi Miranda- **Presidente**
Sarah Rodrigues Ferreira
Uéliton Alves de Oliveira
Valdirene Moreira Gomes
Vanildo Silveira

Palestrantes:

Adésio Ferreira
Adriana Silva Hemerly
Antônio Teixeira do Amaral Junior
Augusto César Crivellari
Denise Maria Guimarães Freire
Fernanda Cristina Borini Mansur
Gonçalo Apolinário de Souza Filho
Lázaro Eustáquio Pereira Peres
Luciano Vilela Paiva
Márcio Alves Ferreira
Maria Sueli Soares Felipe
Maximiller Dal-Bianco L. Costa
Paulo Arruda
Rose G. Monnerat S. de Pontes
Thiago Motta Venâncio
Vanildo Silveira
Wagner Araújo

Como citar este documento:

I CONGRESSO REGIONAL DE BIOTECNOLOGIA VEGETAL, 1., 2025, Campos dos Goytacazes, RJ.
Anais do Congresso Regional de Biotecnologia Vegetal [recurso eletrônico]. Campos dos Goytacazes, RJ: Comissão Organizadora do Evento; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 2025.
Disponível em: https://pgbv.uenf.br/crbv/
© 2025 Comissão Organizadora | ICRBV 2025.

Nota:

Todos os resumos neste Anais foram reproduzidos de cópias fornecidas pelos autores e o conteúdo dos textos é de exclusiva responsabilidade dos mesmos. A organização do referente evento não se responsabiliza por consequências decorrentes do uso de quaisquer dados, afirmações e/ou opiniões que conduzam a erros publicados neste documento. É de inteira responsabilidade dos autores o registro dos trabalhos nos conselhos de ética, de pesquisa ou SisGen, caso se aplique.

SUMÁRIO

APRESENTAÇÃO ____ ***20***

PROGRAMAÇÃO ____ ***22***

ABORDAGENS ÔMICAS E BIOINFORMÁTICA EM BIOTECNOLOGIA VEGETAL ____ ***27***

Modulação proteômica associada à organogênese de novo em Passiflora edulis cv. FB 300 'Araguari' ____ ***28***

Laura Eliza de Oliveira Alves, Kaliane Zaira Camacho Maximiano da Cruz, Karina da Silva Vieira, Carlos Eduardo Assis da Silva, Lucas Rodrigues Xavier, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira ____ **28**

Integração de análises ômicas para identificar a influência da metilação do DNA na embriogênese somática em mamoeiro (Carica papaya L.) ____ ***29***

Karina da Silva Vieira, Roberta Pena da Paschoa, Laura Eliza de Oliveira Alves, Carlos Eduardo Assis da Silva, Jennyfer Silva Campos, Lucas Rodrigues Xavier, Vitor Batista Pinto, Vicente Vives-Peris, Aurélio Gómez-Candenas, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira. ____ **29**

Embriogênese somática do açaizeiro: análises proteômicas e metabolômicas ____ ***30***

Jennyfer Silva Campos, Karina da Silva Vieira, Laura Eliza de Oliveira Alves, Carlos Eduardo Assis da Silva, André Lucas de Souza Lopes, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira. ____ **30**

Catálogo GWAS da soja (2014–2025): 22 mil associações SNP-fenótipo e integração ao Soybean Expression Atlas ____ ***31***

Ana Luiza Martins Karl, Dayana Kelly Turquetti de Moraes, Daniel Correa da Silva, Thiago Motta Venancio ____ **31**

A plasticidade genômica do gênero Azospirillum em um contexto biotecnológico ____ ***32***

Sarah Henaut-Jacobs, Felipe F. Rimes-Casais, Gabriel Quintanilha-Peixoto, Gabriela Petroceli-Mota, Bruno da Costa Rodrigues, Isabella de Oliveira Pinheiro, Rodrigo Nunes-da-Fonseca, Fabio Lopes Olivares, Rampal S Etienne, Thiago Motta Venancio ____ **32**

Conservação e perda gênica no gênero Glycine: integração de pangenoma e expressão tecido-específica na soja ____ ***33***

Diego David Astete-Peña, Ana Luiza M. Karl, Dayana Kelly Turquetti-Moraes, Gabriel Quintanilha-Peixoto, Thiago Motta Venancio ____ **33**

Mineração genômica de isolados bacterianos do gênero Bacillus para biocontrole de fungos _ ***34***

Hector J. Acho-Vasquez, Sarah Henaut-Jacobs, Thiago M. Venancio ____ **34**

Associação de Dados Ômicos na Priorização de Genes Envolvidos no Acúmulo de Proteína no Grão de Soja [Glycine Max (L.) Merr] ____ ***35***

Daniel Corrêa-Silva, Dayana K. Turquetti-Moraes, Thiago M. Venancio _____ 35

Caracterização genômica e evolutiva da família de genes CHS em Solanum lycopersicum ____ 36

Gianmarco Castillo Huaccho, Kevin Roshbed Quiroz Hidalgo, Fray Luis Chacpi Santos, Thiago Motta Venancio. _____ 36

miRNAs e Resposta a Estresses Abióticos em Cultivares de Soja (Glycine max)_____ 37

Luciele de Léo Cardozo, Felipe Cruz Paula, Giulia Bousquet da Silva Pinto, Clícia Grativol _____ 37

Genômica comparativa do fungo patógeno da soja Rhizoctonia solani _____ 38

Ayrton Costa Silva, Gabriel Quintanilha Peixoto, Thiago Motta Venâncio. _____ 38

Transcriptômica comparativa do metabolismo de TAG em sementes de Fabaceae _____ 39

Victor William da Costa Souza, Dayana Kelly Turquetti-Moraes, Thiago Motta Venancio_____ 39

Seedling priming como modulador epigenético em cultivar de soja submetida a estresse abiótico

Maysa Lourenço Benvino, Giulia Bousquet da Silva Pinto, Lairton da Cruz Silva, Daniel Jardim da Silva, Felipe Cruz Paula, Clicia Grativol _____ 40

Análise proteômica e transcriptômica integrativa e determinação do papel de histonas deacetilases na embriogênese somática de mamoeiro (Carica papaya L.) _____ 41

Gilmara da Cruz Rangel, Lucas Rodrigues Xavier, Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Karina da Silva Vieira, Jennyfer Silva Campos, Laura Eliza de Oliveira Alves, Carlos Eduardo Assis da Silva, André Lucas de Souza Lopes, Roberta Pena da Paschoa, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira _____ 41

NaB como priming epigenético para tolerância ao estresse osmótico em plântulas de soja ___ 42

Lairton Da Cruz Silva, Maysa Lourenço Benvino, Giulia Busquet da Silva Pinto, Daniel Jardim da Silva, Felipe Cruz Paula, Clicia Grativol _____ 42

Respostas dose-dependentes de 2,4-D na indução de calos embriogênicos em Carica papaya L 43

Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Lucas Rodrigues Xavier, Roberta Pena da Paschoa, Carlos Eduardo Assis da Silva, André Lucas de Souza Lopes, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira_____ 43

Investigação genômica de bactérias do gênero Herbaspirillum _____ 44

Estephani Martins Fernandes, Sarah Henaut-Jacobs, Gabriela Petroceli Mota, Bruno Costa Rodrigues, Rodrigo Nunes da Fonseca, Fabio L. Olivares,Thiago Motta Venancio _____ 44

Efeito do inibidor da desacetilação de histonas no desenvolvimento das plântulas de milho (Zea mays L.) _____ 45

Daniel Jardim da Silva, Franciane de Souza Pessanha, Fernando Frasão Lubanco, Lairton da Cruz Silva, Maysa Lourenço Benvino, Clicia Grativol._____ 45

Modulação epigenética associada à deposição de calose em plântulas de soja (Glycine max) sob estresses bióticos_____ 46

Giulia Bousquet da Silva Pinto, Felipe Cruz de Paula, Maysa Lourenço Benvino, Lairton da Cruz Slva, Clicia Grativol ____ 46

Análise da divergência funcional de genes codificadores de fatores de transcrição duplicados em soja (Glycine max) ____ ***47***

Davi Barreto Alves de Souza, Daniel Corrêa-Silva, Thiago M. Venancio. ____ 47

Ciclo celular de plantas: estudo do complexo MAD1-MAD2 como estratégia molecular para o desenvolvimento de plantas resilientes a estresses bióticos e abióticos ____ ***48***

Paula Guimarães Custodio, Gabriela Pimentel Serodio, Izabela Silva dos Santos, Marco Antônio Lopes Cruz ____ 48

Sequenciamento de genoma completo de baixa cobertura (LP-WGS) de baunilhas brasileiras ____ ***49***

Tibério da Silva Vale, Ana Luíza Atella, Luís Willian Arge, Márcio Alves Ferreira, Andrea Furtado Macedo ____ 49

Efeito do sombreamento na metilação do DNA de mudas de Euterpe edulis Mart. ____ ***50***

Jônatas Gomes Santos[1], Isabella Sobreira Alexandre Assis[1], Aléxia Gonçalves Pereira[1], Shamara Cristina Paiva Felisberto[1], Anamaria Rissi Vargas[1], Brunno de Oliveira Penna[2], Marcia Flores da Silva Ferreira[1], Adésio Ferreira[1] ____ 50

Compostos bioativos em Coffea canephora: variabilidade e funcionalidade ____ ***56***

Lidiane dos Santos Gomes Oliveira[1], Mariana Rodrigues Lugon Dutra[1], Diego Pereira do Couto[1], Matheus Alves Silva[1], Jônatas Gomes Santos[1], Ramon Azevedo Braz[1], Fabiano Tristão Alixandre[1], Rodrigo da Silva Dias[1],Marcia Flores Ferreira[1],Adesio Ferreira[1]. ____ 56

Identificação e Caracterização da Família de Genes SnRK em Coffea canephora ____ ***62***

Vinicius Sartori Fioresi[1], Adésio Ferreira[1], Marcia Flores da Silva Ferreira[1] ____ 62

Análise de Trajetória Metabólica em Café Conilon ____ ***69***

Lidiane dos Santos Gomes Oliveira[1], Diego Pereira do Couto[1], Mariana Rodrigues Lugon Dutra[1], Jônatas Gomes Santos[1], Matheus Alves Silva[1], Vinicius Saroti Fioresi[1], Ramon Azevedo Braz[1], Fabiano Tristão Alixandre[1], Rodrigo da Silva Dias[1], Marcia Flores da Silva Ferreira[1], Adésio Ferreira[1] ____ 69

Estabilidade metabólica de composto bioativos em genótipos de Coffea Canephora Pierre ex A. Froehner ____ ***75***

Milena Barbosa Parreira da Silva[1], Mariana Rodrigues Lugon Dutra[1], Lidiane Gomes dos Santos Oliveira [1], Jônatas Gomes Santos[1], Diego Pereira do Couto[1], Matheus Alves Silva[1], Fabiano Tristão Alixandre [1], Rodrigo da Silva Dias [1], Ramon Azevedo Braz[1], Vinícius Rodrigues Alves Porto[1], Marcia Flores da Silva Ferreira[1], Adésio Ferreira[1] ____ 75

AÇÕES DE EXTENSÃO E ENSINO EM BIOTECNOLOGIA VEGETAL ____ ***82***

Solo Rico, Planta Forte: difusão de tecnologias agrícolas sustentáveis para pequenos produtores no município de Campos dos Goytacazes – RJ ____ ***83***

Marcela Rezende Cordeiro, Sara Nállia de Oliveira Costa, João Pedro Campos Matos, Juliana Dias Cardoso, Rayane Ormindo Miguel, Felipe Cruz Paula, Antônio Elison da Silva, Marcos Paulo da Conceição Moura da Silva, Aline Lemos Ferreira, Gabriela Azevedo Alves Souza, Letícia Cespom Passos, Letícia Oliveira da Rocha, Fábio Lopes Olivares, Sara Sangi 83

Extensão universitária e "uma só saúde": vivências em ecologia e biotecnologia na formação de pós-graduandos e estudantes de escolas públicas *84*

Laíse Trugilio Moreira Marinho[1], Maria Cristina Gaglianone[2], Anna Lvovna Okorokova Façanha[3], Samara Linhares Pereira[1], Eduarda Ramos Contilho[1], Lorran Yvez Machado de Sousa[3], Natália Borges de Melo[2], Karen Castilho Emilio[2], Mateus Santana Rodrigues[1], Gabriel Alves de Souza da Silva[1], Claudete Santa-Catarina[1] 84

Estágio Interno Complementar: capacitação em Biotecnologia Vegetal na Uerj *85*

Marlon Axel da Silva Jardim, Tatiana Carvalho de Castro, Thaís Rocha Cruz, Lívia da Silva Cordeiro, Deisellane da Silva Dias, Claudia Simões-Gurgel, Hannah Kelly Ross Ribeiro, Cecilia Azevedo de Souza, Lidiane Rangel de Sales, Norma Albarello 85

Verde in Vitro: integrando ações extensionistas, inovação e divulgação científica *86*

Norma Albarello, Tatiana Carvalho de Castro, Cecília Azevedo de Souza, Natasha Silva da Costa, Thaís Rocha Cruz, Deisellane da Silva Dias, Vitória Guarabira, Aline Saavedra, Lívia da Silva Cordeiro, Claudia Simões-Gurgel 86

Biotecnologia na Escola: divulgação da cultura científica, sustentabilidade e promoção da mobilidade social pela educação *87*

Paula Guimarães Custodio[1], Gabriela Pimentel Serodio[1], Vitor Alencar Chagas dos Santos[2], Juliana Silva Figueredo Alberto[1], Eldo Campos[2], Marinaldo Pacífico Cavalcanti Neto[3], Cintia Rodrigues Pinheiro[3], Izabela Silva dos Santos[1], Marco Antônio Lopes Cruz[1] 87

BIOPROSPECÇÃO, BIOFÁRMACOS, BIOMATERIAIS E NANOBIOTECNOLOGIA *92*

Purificação e caracterização de peptídeos antimicrobianos de frutos imaturos de Capsicum annuum com atividade antifúngica contra levedura do gênero Candida. *93*

Laura Irene Ferreira Alves, Larissa Maximiano Resende, Lorran Yves Machado, Valdirene Moreira Gomes 93

Efeitos do metil jasmonato na produção de polifenóis e atividades antioxidante e anti-inflamatória em calos de Coffea canephora *94*

Antônio Domingos de Souza Junior, Rayanne Gama Matos, Iana Soares Pessoa; Victor Paulo Mesquita Aragão; Marcio Fronza 94

Bioprospecção de bactérias endofíticas de Cattleya lobata com potencial para bioinsumos agrícolas sustentáveis *95*

Rafaella Ribeiro Rodrigues, Eduardo de Matos Nogueira 95

Peptídeos antimicrobianos de plantas do gênero Phaseolus: Isolamento, caracterização e atividade antifúngica sobre leveduras ___ ***96***

Maria Clara Menezes dos Santos, Layrana de Azevedo dos Santos, Thaynã Amanda Melo de Souza, Thâmara Figueiredo Menezes, Rosana Rodrigues, Valdirene Moreira Gomes. ___ **96**

Estudo fitoquímico dos galhos de Quararibea floribunda (Malvaceae) ___ ***97***

Anderson Ferreira da Silva Bento, Thalya Soares Ribeiro Nogueira, Kethleen Duarte Crespo Soares, Renata Rodrigues da Silva Robaina, Carlos Daniel Miranda Ferreira, Raimundo Braz Filho, Ivo José Curcino Vieira ___ **97**

Bioprospecção de 16 Extratos de Aspidosperma: Potencial Antiproliferativo em células HeLa _ ***98***

Carolina Sá Ribeiro, Ketlheen Duarte Crespo Soares, Thalya Soares Ribeiro Nogueira, Kaique Gonçalves de Souza, Vinícius D'Ávila Bitencourt Pascoal, Aislan Cristina Rheder Facundes, Ivo José Curcino Vieira

Potencial antifúngico de Trichilia elegans (Meliaceae) na inibição do crescimento de leveduras do gênero Candida ___ ***99***

Marcela Rezende Cordeiro, Saulo Pireda, Nicolly Lopes Bautz, Larissa Maximiano Resende, Valdirene Moreira Gomes, Ivo José Curcino Vieira e Maura Da Cunha. ___ **99**

Bioprospecção de microrganismos de frutos de cafeeiro, capazes de influenciar a qualidade sensorial da bebida ___ ***100***

Thatiana Aparecida Xavier Borges, Nicolas da Costa Ribeiro, Wálaci da Silva Santos, Gonçalo Apolinário de Souza Filho ___ **100**

Caracterização e expressão heteróloga de terpeno sintases de Artemisia vulgaris em Saccharomyces cerevisiae ___ ***101***

Ana Clara Silva Lopes March Frota de Souza, Kerolayne Rodrigues, Diogo Maciel Duarte da Mota, Ana Eliza Zeraik, Felipe Astolpho de Almeida ___ **101**

Bioprospecção de leveduras antagonistas como alternativa de controle biológico de fungos filamentosos em café ___ ***102***

Nicolas da Costa Ribeiro; Thatiana Aparecida Xavier Borges; Wálaci da Silva Santos; Gonçalo Apolinário de Souza Filho ___ **102**

Potencial Biotecnológico do Melianodiol: Uma Alternativa Natural para Controle do Aedes aegypti ___ ***103***

Kethleen Duarte Crespo Soares[1], Thalya Soares Ribeiro Nogueira[1], Carolina Sá Cruz Ribeiro[1], Maria Aparecida Aride Bertonceli[2], Katia Valevski Sales[2], Raimundo Braz Filho[3] e Ivo José Curcino Vieira[1]. **103**

Prospecção de substâncias bioativas em brotos de Tarenaya rosea produzidos em biorreatores

Matheus da Silva Tirado, Maria Fernanda Lima de Paula, Lidiane Rangel de Sales Almeida, Gustavo Dias da Silva Lima, Brenda Amaral de Souza, Iranilda Calado Santana, Norma Albarello, Claudia Simões-Gurgel ___ **113**

Potencial Larvicida da Flavona: Uma Abordagem Sustentável para o Controle de Vetores ___ ***122***

Thalia de Oliveira Mello[1], Lara Pessanha Soares Nascimento[1], Kethleen Duarte Crespo Soares[1], Renata Rodrigues da Silva Robaina[1,] Maria Aparecida Aride Bertoceli[2], Kátia Valevski Sales Fernandes[2], Raimundo Braz-Filho[3] e Ivo José Curcino Vieira[1] _____ **122**

MORFOGÊNESE IN VITRO DE PLANTAS _____ ***129***

Indução e desenvolvimento de calos in vitro de Trema micrantha (L.) Blume: avaliação do efeito de cinetina e 6-benzilaminopurina _____ ***130***

Whitney Santos Rolim, Monique Teixeira da Costa, Felipe Astolpho de Almeida _____ **130**

Efeito do explante e espectro de luz no desenvolvimento de brotações in vitro de Chloroleucon tortum (Mart.) Pittier. (Fabaceae) e no conteúdo de pigmentos fotossintéticos _____ ***131***

Débora Franquini Pasinato, Guilherme Oliveira da Silva, Mateus Santana Rodrigues, Júlia Oliveira Schueler, Vanildo Silveira, Claudete Santa-Catarina _____ **131**

A modulação de poliaminas e o perfil proteômico em segmentos nodais de Dalbergia nigra estão associados à capacidade de desenvolvimento in vitro de brotações _____ ***132***

Mateus Santana Rodrigues, Jociel Nascimento de Noronha, Marta Rodríguez-Ruiz, José M. Palma, Vanildo Silveira, Francisco J. Corpas, Claudete Santa-Catarina _____ **132**

6-benziladenina afeta o desenvolvimento das brotações in vitro de Albizia lebbeck e o peril hormonal, proteômico e de poliaminas _____ ***133***

Laíse Trugilio Moreira Marinho, Yrexam Rodrigues de Souza Ribeiro, Tadeu dos Reis de Oliveira, Jociel Nascimento de Noronha, Renan Carrari-Santos, Vanildo Silveira e Claudete Santa-Catarina _____ **133**

Proteômica e metabolômica revelam mecanismos do pré-tratamento com nitrato de prata na embriogênese somática de cana-de-açúcar _____ ***134***

Carlos Eduardo Assis da Silva, Lucas Rodrigues Xavier, Roberta Pena da Paschoa, Kaliane Zaira Camacho Maximiano Cruz, Caio Cezar Guedes Corrêa, Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Karina da Silva Vieira, Laura Eliza de Oliveira Alves, Jennyfer Silva Campos, André Lucas de Souza Lopes, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira. _____ **134**

Germinação in vitro e indução de calogênese em Trema micrantha (L.) Blume visando aplicações biotecnológicas _____ ***135***

Monique Teixeira da Costa, Whitney Santos Rolim, Felipe Astolpho de Almeida _____ **135**

Morfogênese in vitro de Trema micrantha (L.) Blume (Cannabaceae) _____ ***136***

Katherine Chavez Ccajma, Mateus Santana Rodrigues, Gonçalo Apolinário de Souza-Filho, Vanildo Silveira, Claudete Santa-Catarina _____ **136**

Germinação e desenvolvimento de brotações in vitro em Chloroleucon tortum (Mart.) Pittier. (Fabaceae) _____ ***137***

Guilherme da Silva de Oliveira, Mateus Rodrigues Santana, Renan Carrari dos Santos, Claudete Santa-Catarina ____ **137**

Análise multiômica integrativa com resolução temporal revela alvos moleculares para otimização da engenharia genética e propagação de cana-de-açúcar ____ ***138***

Lucas Rodrigues Xavier, Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Roberta Pena da Paschoa, Lucas Gomes do Espirito Santo, Vitor Batista Pinto, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira ____ **138**

Papel do transporte de auxina na regulação do proteoma associado à morfogênese in vitro de embriões somáticos de mamoeiro (Carica papaya L.) ____ ***139***

André Lucas de Souza Lopes, Lucas Rodrigues Xavier, Carlos Eduardo Assis da Silva, Laura Eliza de Oliveira Alves, Karina da Silva Vieira, Jennyfer Silva Campos, Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Roberta Pena da Paschoa, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira ____ **139**

Efeitos de AIA e BAP no cultivo in vitro de Vanilla cribbiana em meio MS ____ ***140***

Guilherme Pinto e Mendes, Ana Cristina Ferreira da Silva, Roberta Peres Tenório, Tibério da Silva Vale, Andrea Furtado Macedo ____ **140**

Estabelecimento da germinação in vitro de Aosa uleana, espécie endêmica do Parque Nacional do Itatiaia ____ ***141***

Natasha Silva da Costa, Marlon Axel da Silva Jardim, Luciano Marques Alves, Deisellane da Silva Dias, Thaís Rocha Cruz, Aline Saavedra, Iranilda Calado Santana, Lívia Cordeiro, Claudia Simões-Gurgel, Tatiana Castro, Norma Albarello ____ **141**

Cultivo in vitro de baunilhas nativas da Mata Atlântica e sua importância mercadológica ___ ***146***

Ana Cristina Ferreira da Silva[1], Roberta Peres Tenório[1], Tibério da Silva Vale[2], Andrea Furtado Macedo[2] ____ **146**

BIOTECNOLOGIA PARA AMBIENTES E AGRICULTURA SUSTENTÁVEIS ____ ***152***

Hipermetilação Modula a Comunicação Epigenética entre Milho e Herbaspirillum seropedicae ***153***

Pedro Igor Zocateli, Geovanna Olimpio de Paulo, Letícia Oliveira da Rocha, Sara Sangi, Fábio Lopes Olivares, Roberta Pena da Paschoa, Vanildo Silveira, Clícia Grativol. ____ **153**

Identificação do grau de toxicidade da proteína ricina em diferentes cultivares de semente de Ricinus communis, para aplicações industriais e biotecnológicas ____ ***154***

Rayza Barreto de Oliveira, Eduarda Ramos Contilho, Francianne Galossi de Souza, Olga Lima Tavares Machado ____ **154**

Formulação de um biofertilizante sólido sustentável à base de Priestia sp. utilizando pó de casca de café como agente carreador ____ ***155***

Flavio Alves da Silva, Felipe Barros da Silva, Elaine Cruz de Jesus, Lyvia Moraes Lobato, Alessandro Coutinho Ramos, Amanda Azevedo Bertolazi ____ **155**

Coleção de sementes: comportamento de armazenamento e tolerância à dessecação em sementes de espécies arbóreas da Mata Atlântica ____ ***156***

Yrexam Rodrigues de Souza Ribeiro, Joviana Lerin, Maria Izabel Azeredo Oliveira, Laíse Trugilio Moreira Marinho, Poliany Cristine Marques e Claudete Santa-Catarina ____ **156**

Efeitos da auxina e do composto orgânico oriundo do lodo de esgoto no enraizamento adventício ex vitro em Albizia lebbeck e no perfil de poliaminas e proteômico ____ ***157***

Samara Linhares Pereira, Laíse Trugilio Moreira Marinho, Yrexam Rodrigues de Souza Ribeiro, Mateus Santana Rodrigues, Jociel Nascimento de Noronha, Gonçalo Apolinário de Souza Filho, Vanildo Silveira, Claudete Santa-Catarina ____ **157**

Alterações proteômicas e hormonais em plântulas de Albizia lebbeck induzidas por sulfato de ferro (II) ____ ***158***

Jociel Nascimento de Noronha, Tadeu dos Reis de Oliveira, Mateus Santana Rodrigues, Renan Carrari-Santos, Vanildo Silveira, Claudete Santa Catarina ____ **158**

Efeitos de Carbon Dots na Germinação de Sementes F1 de Microtomateiros ____ ***159***

Renato Dantas Sabino, Daniel Basílio Zandonadi, Mirella Pupo Santos ____ **159**

Efeitos de um consórcio de microrganismos no desenvolvimento nutricional e morfológico de plantas de alface (Lactuca sativa) ____ ***160***

Lyvia de Moraes Lobato, Amanda Azevedo Bertolazi, Brena Gomes de Souza, Flávio Alves da Silva, Alessandro Coutinho Ramos ____ **160**

Efeito do ácido indol-3-butírico e do tipo de explante no enraizamento ex vitro, rustificação e sobrevivência em condições de campo de mudas de Paubrasilia echinata ____ ***161***

Júlia Oliveira Schueler, Laíse Trugilio Moreira Marinho, Débora Franquini Passinato, Gabriel Alves de Souza da Silva, Vanildo Silveira, Claudete Santa-Catarina ____ **161**

Avaliação do potencial herbicida do feromônio da formiga-cortadeira Atta sexdens (Hymenoptera: Formicidae) ____ ***162***

Laryssa Porto Tavares, Omar Bailez, Ana Maria Viana-Bailez ____ **162**

Toxicidade de sementes de genótipos de soja Glycine max (L) Merr para o inseto Callosobruchus maculatus (F) ____ ***163***

Lidiane Pereira Merence Vidal, Sarah Rodrigues Ferreira, Kayan Eudorico Ventury Baptista, Derivaldo Pureza da Cruz, Geraldo de Amaral Gravina, Kátia Valevski Sales Fernandes, Antônia Elenir Amâncio Oliveira ____ **163**

Toxicidade de sementes de espécies não domesticadas para o inseto praga Callosobruchus maculatus ____ ***164***

Karine Marques da Silva, Sarah Rodrigues Ferreira, Felipe Astolpho de Almeida, Vanildo Silveira, Katia V. Sales Fernandes, Antônia Elenir A. Oliveira ____ **164**

Avaliação de toxicidade de genótipos de Phaseolus vulgaris utilizando o inseto-praga Callosobruchus maculatus como modelo ***165***

Lívia Stellet Viveiros, Kayan E. V. Baptista, Sarah R. Ferreira, Derivaldo P. da Cruz, Geraldo A. Gravina, Ellen de Moura Vale, Vanildo Silveira, Kátia V. S. Fernandes, Antônia Elenir A. Oliveira **165**

Avaliação do potencial de bactérias nativas Isoladas do café arábica (Marechal Floriano, ES) no controle de Colletotrichum fructicola ***166***

Elaine Cruz de Jesus[1], Amanda Azevedo Bertolazi[1], Flavio Alves da Silva[1], Felipe Barros da Silva[1], Bianca de Barros Zaché[1], Lyvia Moraes de Lobato[1], Thielly Santos da Mata Marvila[1], Alessandro Coutinho Ramos[1] **166**

Estudo dos Mecanismos Moleculares da Tolerância ao Calor Induzida por Carbon Dots em Plantas ***167***

Nathália Souza Teixeira, Antônio Jesus Dorighetto Cogo, Mirella Pupo Santos, Thiago Motta Venâncio, Daniel Basílio Zandonadi **167**

Regulação do desenvolvimento vegetal via modulação da atividade de TORC1 e H^+-ATPases de membrana plasmática ***168***

Mayra dos Santos Gomes , Samara Alves Azeredo , Letícia Cespom Passos, Antônio Jesus Dorighetto Cogo **168**

Estabelecimento de protocolo de cultivo in vitro para análise da atividade de H^+-ATPase de membrana plasmática e TORC1 em raízes de Arabidopsis thaliana ***169***

Tainara Barreto Alves, Camile Freitas Tanos, Mayra dos Santos Gomes, Antônio Jesus Dorighetto Cogo **169**

Proteínas do genótipo UENF 7-7-7 DE Phaseolus vulgaris L: isolamento, caracterização e toxicidade ao inseto Callosobruchus maculatus (F.) ***170***

Roberta Bessa da Silva, Sarah Rodrigues Ferreira, Geraldo de Amaral Gravina, Derivaldo Pureza da Cruz, Ellen de Moura Vale, Vanildo Silveira, Katia Valevski Sales Fernandes, Antonia Elenir Amancio Oliveira. **170**

Uso da técnica de crioplacas na criopreservação de ápices caulinares de Tarenaya atropurpurea (Schult & Schult f.) Soares Neto & Roalson ***171***

Thaís Rocha Cruz, Deisellane da Silva Dias, Natasha Costa, Tatiana Carvalho de Castro, Claudia Simões Gurgel, Norma Albarello, Lívia da Silva Cordeiro **171**

Promoção do Crescimento de Plantas de Tomate ativada pela inoculação com a Bactéria UENFLBT303 Isolada da Mata Atlântica ***172***

Arthur José dos Santos Quirino, Vivian Ribeiro Pimentel, Elaine Gimenez Guimarães, Gonçalo Apolinário de Souza Filho, Fabiano Silva Soares **172**

Metagenômica De Comunidades Do Core-Microbioma Rizosférico De Plantas De Milho Sob Condições Contrastantes De Disponibilidade Hídrica E Suplementação De Nitrogênio ***173***

João Vitor Pereira de Sousa, Daniel Quintanilha Pacheco, Fabio Lopes Olivares _____ 173

Isolamento e caracterização de bactérias degradadoras de plásticos para aplicação em biorremediação _____ ***174***

Jéssica Luizi de Souza Andrade, Gonçalo Apolinário de Souza Filho _____ 174

Degradação de Glifosato por Bactérias Isoladas de Solos de Cultivo de Café Conilon _____ ***175***

Brena Gomes de Souza, Bianca Do Carmo Silva, Amanda Azevedo Bertolazi, , Lyvia de Moraes Lobato, Alessandro Coutinho Ramos _____ 175

Investigação da ação de nanomateriais por meio de imagens de fluorescência da clorofila __ ***176***

Filipe Júnior Gonçalves Nunes, Heitor Monteiro Duarte, Mirella Pupo Santos, Daniel Basílio Zandonadi _____ 176

Elucidação e Prospecção In Vitro de Microrganismos como Agentes de Biocontrole de Fitonematoides _____ ***177***

Letícia Oliveira da Rocha, Letícia Cespom Passos, Ellen Peixoto Azeredo, Rafael Chaves Ribeiro, Fabio Lopes Olivares. _____ 177

O papel da microbiota associada na modulação da resposta fisiológica da Microcystis aeruginosa ao estresse oxidativo _____ ***178***

Ewelyn Batista Gomes, Luan de Oliveira Silva, Sandra Maria Feliciano de Oliveira e Azevedo _____ 178

Desenho de bioinoculantes inspirados no recrutamento de comunidades microbianas no sistema solo-planta de milho (Zea mays L.) e seleção dirigida por déficit de nitrogênio _____ ***179***

Daniel Quintanilha Pacheco, João Vitor Pereira de Sousa, Fabio Lopes Olivares _____ 179

Composição volátil da fragrância de flores de Vanilla spp. (Orchidaceae) da biodiversidade brasileira _____ ***180***

Ana Laura Mourão da Silva, Renatha Tavares de Oliveira, Rafael Ferreira da Silva, Andrea Furtado Macedo_____ 180

Quando a seca aumenta, o milho-pipoca responde: seleção de linhagens tolerantes ao déficit hídrico _____ ***181***

Danielle Leal Lamêgo[1], Lucas Fresen Brazil[1], Samuel Pereira da Silva[1], Samuel Henrique Kamphorst[1], Letícia Peixoto Gomes[1], Valter Jário de Lima[2], Antônio Teixeira do Amaral Junior[1]_____ 181

Estratégias de Tolerância ao Déficit Hídrico em Milho-Pipoca: Uma Abordagem Morfoagronômica e Fisiológica _____ ***190***

Jardel da Silva Figueiredo[1], Flávia Nicácio Viana[1], Samuel Pereira da Silva[1], Letícia Panisset Costa[1], Bruna Rohem Simão[1], Monique de Souza Santos[1], Antônio Teixeira do Amaral Junior[1] _____ 190

Eficiência hídrica em milho-pipoca: identificando genótipos-chave para o futuro da agricultura _____ ***199***

Monique de Souza Santos[1], Samuel Henrique Kamphorst[1], Valter Jário de Lima[2], Uéliton Alves de Oliveira[1], Danielle Leal Lamêgo[1], Ivan Pedro Galvão Fernandes[1], Jardel da Silva Figueiredo[1], Gabriella Rodrigues Gonçalves[1], Antônio Teixeira do Amaral Junior[1], Cosme Damião Cruz[1] _____ 199

Brassinosteroide Modula Pigmentos Foliares Na Aclimatação De Mudas De Psidium _____ ***206***

Sydney Pereira Galvao[1], Raudielle Ferreira dos Santos [1], Rachel Martins da Rocha Silva [1], Antonio Elison da Silva[1], Cláudia Sales Marinho[1] _____ 206

Do geral ao individual": Diversidade genética de Trichoderma por meio de um guia molecular econômico _____ ***212***

Lucas Batista Rocha[1], Maria Beatriz Barbosa de Barros Barreto[1], Francisco Adriano de Souza[2] _____ 212

Análise GT Biplot de linhagens de feijão-vagem (Phaseolus vulgaris L.) submetidas à inoculação bacteriana _____ ***220***

Anderson Cordeiro de Oliveira Peris [1], Gabriela Ribeiro Senna [2], Derivaldo Pureza Cruz [3], Geraldo de Amaral Gravina [4]. _____ 220

WBI como ferramenta de fenotipagem não destrutiva em feijão sob diferentes níveis de irrigação _____ ***226***

Anderson Yusei Suzuki Fukuji[1] Karina Kazue Nakamura Fukuji[1], Cláudia Pombo Sudré [1]Rafael Malheiro da Silva do Amaral Ferreira [2], João Vytor Martins Bicock[3], Rosana Rodrigues[1] _____ 226

Supressão de Colletotrichum coccodes por bactérias antagonistas _____ ***231***

Kaio dos Santos Ribeiro Silvar[1], Janisson Bispo Lino[1], Cláudia Pombo Sudré[1], Rosana Rodrigues[1], Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti[1] _____ 231

Uma abordagem metanalítica para o uso de ulvana como bioinsumo na agricultura _____ ***234***

Henrique Boyd[1], Ana Carolina Mendes Bezerra[1], Tiphane Andrade Figueira[3], Vinícius Peruzzi de Oliveira[2], Fernanda Reinert[1;2] _____ 234

Caracterização de microrganismos no controle de fitonematoides e promoção do crescimento vegetal na interação bactéria-planta _____ ***242***

Ellen Peixoto Azeredo[1], Fabio Lopes Olivares[1], Letícia Cespom Passos[1], Rafael Chaves Ribeiro[2], Letícia Oliveira da Rocha[1] _____ 242

Expressões fisiológicas e proteômicas do milho-pipoca UENF WS01 inoculado com Bacillus cereus UENF-LMS 71 sob duas condições hídricas _____ ***250***

Uéliton Alves de Oliveira [1], Monique de Souza Santos [1], Samuel Henrique Kamphorst [1], Jardel da Silva Figueiredo [1], Samuel Pereira da Silva [1], Maria Luiza Ferreira Teixeira [1], Gabriella Rodrigues Gonçalves [1] e Antônio Teixeira do Amaral Junior [1] _____ 250

INOVAÇÃO E TECNOLOGIAS SUSTENTÁVEIS EM BIOTECNOLOGIA VEGETAL _____ ***258***

Avaliação da Utilização de Diferentes Gerações do Levedo na Produção e Qualidade de Cerveja Artesanal _____ ***259***

Yasmin Mathias Vasconcellos Lembrance, Jorge Alves Machado II, Maria Bremenkamp, Christiane Mileib Vasconcelos _____ 259

Diagnóstico de sustentabilidade em startups agrícolas: desenvolvimento e validação de um framework ESG _____ ***260***

Daniele Cruz Grangeiro; Gonçalo Apolinário de Souza Filho _____ 260

Bactéria do gênero Azospirillum revela eficiência metabólica e potencial para integrar consórcios microbianos em formulações de inoculantes biológicos da startup iMicro-Biotech _____ ***261***

Maria Gabrielly da Silva Maciel, Rafael Chaves Ribeiro, Bruna Sthefanie Paz Souza, Aline Chaves Intorne, Marília Amorim Berbert de Molina, Gonçalo de Apolinário de Souza Filho, Fabio Olivares, Júlia Rosa Moreira _____ 261

A densidade de tricomas foliares modifica a resposta de Solanum lycopersicum (cv. Micro-Tom) a nanomateriais? _____ ***262***

Juliana do Prado Valeriano, Aline Lemos Ferreira, Nathalia Souza Teixeira, Mirella Pupo Santos, Daniel Basílio Zandonadi _____ 262

Indicadores espectrais como ferramentas biotecnológicas na seleção de genótipos de feijão via análise de trilha _____ ***263***

Ana Caroline de Freitas Gonçalves[1], Karina Kazue Nakamura Fukuji[1], Anderson Yusei Suzuki Fukuji[1], Maria Lúcia Rangel Ferreira Gomes[1], Rosana Rodrigues[1] _____ 263

INTERAÇÕES PLANTA-MICRORGANISMO _____ ***268***

O estudo compartimentalizado dos microbiomas radicular e rizosférico como forma de aprimorar a prospecção e o desenvolvimento de bioinoculantes. _____ ***269***

João Pedro Campos Matos, Sara Sangi, Rafael Chaves Ribeiro, Letícia Oliveira da Rocha, Diego Vinicius de Sena Martins, Fabio Lopes Olivares _____ 269

O Papel da Arquitetura e Morfologia Radicular e da Sinalização de Auxina na Estruturação do Microbioma de Arabidopsis thaliana _____ ***270***

Gabriela Azevedo Alves Souza[1], Daniel Basílio Zandonadi[2], Antônio Jesus Dorighetto Cogoutor[1], Mirella Pupo Santos[2], Fábio Lopes Olivares[1] _____ 270

Melhoria da Qualidade da Água com Plantas Aquáticas: O Potencial do Extrato de Ruppia maritima _____ ***271***

Andressa Oliveira, Suema Branco, Michael Ribas, Mauro Villar, Sandra Azevedo _____ 271

Efeitos de compostos orgânicos voláteis de bactérias da Mata Atlântica na promoção do crescimento vegetal, perfil hormonal e proteômico de Arabidopsis thaliana _____ ***272***

Elaine Gimenez Guimarães, Kariny Marley De Castro Martins, Fabiano Silva Soares, Amanda Forte, Matheus Augusto Oliveira Ferreira, Gonçalo Apolinário de Souza Filho _____ 272

Caracterização e Identificação de Bactérias Solubilizadoras de Fosfato da Mata Atlântica ___ ***273***

Matheus Augusto Oliveira Ferreira, Jéssica Luizi de Souza Andrade, Elaine Gimenez Guimarães, Fabiano Silva Soares, Gonçalo Apolinário de Souza Filho _____ **273**

Microrganismos promotores do crescimento vegetal e eficiência fotossintética: estratégias para otimizar o uso de água e do nitrogênio em genótipos de milho-pipoca _____ ***274***

Talles de Oliveira Santos, Letícia Peixoto Gomes, Deyvid Victorio Tavares de Souza, Jussara Tamires de Souza Silva Goulart, Julia Caetano Vimecarti, Bruna Rohem Simão, Aline Chaves Intorne, Fábio Lopes Olivares, Danielle Leal Lamego, Eliemar Campostrini, Antônio Teixeira do Amaral Junior _____ **274**

Genes candidatos à resistência ao crestamento bacteriano comum revelados por GWAS em feijões brasileiros _____ ***275***

Karina Kazue Nakamura Fukuji[1], Anderson Yusei Suzuki Fukuji[1], Leandro Simões de Azeredo[2], Vania Moda Cirino[3], Rosana Rodrigues[1] _____ **275**

Seleção de Genótipos Superiores de Capsicum spp. com Resistência à Antracnose: Uma Estratégia para Fortalecer Programas de Melhoramento _____ ***281***

Francisco Sidicleiton Aguiar da Silva[1], Karina Kazue Nakamura Fukuji[2], Anderson Yusei Suzuki Fukuji[2], Maria Lúcia Rangel Ferreira Gomes[2], Claúdia Pombo Sudré[2], Kaio dos Santos Ribeiro Silva[2] e Rosana Rodrigues[2] _____ **281**

Prospecção de microrganismos associados ao tomateiro para o biocontrole de Alternaria solani _____ ***286***

Laysa Henrique Balbi de Oliveira[1], Ana Beatriz Silva Lopes March Frota de Souza[1], Gabriela Petroceli-Mota [1], Sarah Henaut Jacobs[2], Thiago Motta Venancio [2], Fabio Lopes Olivares[1], Sara Sangi[1] _____ **286**

Sinergia microbiana como estratégia para otimizar o uso de fósforo em milho-pipoca _____ ***295***

Bruna Rohem Simão[1], Talles de Oliveira Santos[2], Gabriela Petroceli Mota[2], Letícia Peixoto Gomes[3], Flávia Nicácio Viana[2], Diogo Calfa Galvão[4], Fabio Lopes Olivares[5], Antônio Teixeira do Amaral Junior[5] _____ **295**

APRESENTAÇÃO

É com grande satisfação que apresentamos os Anais do I Congresso Regional de Biotecnologia Vegetal, realizado de 06 a 08 de outubro de 2025, na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), em Campos dos Goytacazes – RJ.

O evento teve como objetivo reunir estudantes, pesquisadores, profissionais da área e representantes do setor produtivo, criando um espaço de diálogo, aprendizado e construção coletiva em torno da Biotecnologia Vegetal. A programação buscou fomentar o intercâmbio de conhecimentos, experiências e inovações voltadas para soluções sustentáveis, tecnologias emergentes e integração entre pesquisa, ensino e extensão.

A diversidade de atividades contemplou palestras magnas e mesas-redondas com pesquisadores de instituições de destaque nacional. O congresso também ofereceu minicursos, apresentações de pôsteres e atividades de popularização da ciência, ampliando as oportunidades de formação e interação entre os participantes.

A realização do congresso foi organizada pelo Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal, pelo Núcleo de Estudos em Biotecnologia Vegetal (GeminAção), pelo Centro de Biociências e Biotecnologia e pela UENF, com o apoio da Sociedade Brasileira de Fisiologia Vegetal (SBFV), da FAPERJ e da CAPES.

Os presentes Anais reúnem não apenas a programação, informações das comissões organizadoras e científicas, mas também os resumos dos trabalhos submetidos nas diferentes áreas temáticas.

Agradecemos a todos os participantes e apoiadores por contribuírem para o êxito deste evento, que marca um passo importante na consolidação da Biotecnologia

Vegetal como área estratégica para o desenvolvimento científico, tecnológico e social.

Profa. Claudete Santa-Catarina
Presidente da Comissão Organizadora
I Congresso Regional de Biotecnologia Vegetal

PROGRAMAÇÃO

06 OUT.

08:00 - 16:00	Credenciamento
08:30 - 12:30	Minicursos
16:30	Cerimônia de abertura
17:00	**Conferência de Abertura** *A biotecnologia e o dilema da produção sustentável de alimentos* Palestrante: Prof. Paulo Arruda (UNICAMP)
18:30	Coral da UENF
19:00	Coquetel

PROGRAMAÇÃO

07 OUT.

08:15 - 09:15	**Palestra Temática** *Plantas para uma agricultura sustentável e regenerativa: modulando a interação entre o ciclo celular, o metabolismo vegetal e a sinalização ambiental* **Palestrante:** Profa. Dra. Adriana Hemerly (UFRJ)
09:15 - 09:30	Coffee Break
09:30 - 12:00	Mesa Redonda: **"Integração de Abordagens Ômicas e Bioinformática na Pesquisa e Inovação em Biotecnologia Vegetal"** **Palestrante 1:** Prof. Dr. Maximiller Dal-Bianco L. Costa (UFV): Integrando genética clássica e biotecnologia para identificar genes/QTLs importantes para a agricultura **Palestrante 2:** Prof. Dr. Wagner Araújo (UFV): Análises metabólicas em plantas: importância e aplicações biotecnológicas em um contexto de mudanças climáticas **Palestrante 3:** Prof. Dr. Vanildo Silveira (UENF): Proteômica em Plantas: perspectivas e desafios para a Biotecnologia Vegetal **Palestrante 4 (Moderador):** Prof. Thiago Venâncio (UENF): Genômica comparativa aplicada à prospecção e priorização de isolados bacterianos para a agricultura
12:00 - 14:00	Almoço
14:00 - 15:15	**Palestra Temática** *Desvendando as respostas de memória molecular de Setaria viridis às mudanças climáticas* **Palestrante:** Prof. Márcio Alves Ferreira (UFRJ)

PROGRAMAÇÃO

07 OUT.

15:15 - 15:30	**Palestras Técnicas:** *1 – Empresa Além Mar Comercial e Industria S.A. - Eng. Agr. Larissa Longaray Machado: "Instrumentação e tecnologia: Desafios e Oportunidades para a Pesquisa"*
15:30 - 15:45	*2 – Revvity – Marcelo Moreira Tavares de Souza: "Imunoensaios Alpha: acelerando sua pesquisa em descoberta de fármacos"*
15:45 - 16:00	Coffee Break
16:00 - 18:00	Mesa Redonda: "Biotecnologia e Agricultura Sustentável: Soluções Tecnológicas Integradas, do Melhoramento Convencional à Edição gênica, para os Desafios do Século XXI" **Palestrante 1:** Prof. Dr. Adésio Ferreira (UFES/Alegre): Biotecnologia e melhoramento convencional na prática: caminhos para uma agricultura sustentável **Palestrante 2:** Prof. Dr. Lázaro Eustáquio Pereira Peres (Esalq/USP): Desconstruindo heranças poligênicas: mendelização por componentes fisiológicos na resistência a insetos em tomateiro **Palestrante 3:** Prof. Dr. Luciano Vilela Paiva (UFLA): Ferramentas de precisão: CRISPR, RNAi e Bt no futuro do melhoramento genético vegetal **Moderador:** Prof. Antônio Teixeira do Amaral Junior
18:00 - 19:30	Seção Banners
19:30	**Confraternização**

PROGRAMAÇÃO

08 OUT.

08:15 - 09:30	**Palestra Temática** *Semeando Inovação, Colhendo Sustentabilidade* Palestrante: Profa. Denise Maria Guimarães Freire (UFRJ)
09:30 - 09:45	**Palestra Técnica:** *1 – Carl Zeiss do Brasil LTD - Carolina Alcântara: "Microscopia Confocal Avançada aplicada a Biologia Vegetal"*
09:45 - 10:00	Coffee Break
10:00 - 10:30	Assembleia e escolha do local da II Edição do evento
10:30 - 12:00	Seção Banners
12:00 - 14:00	Almoço
14:00 - 15:45	**Mesa Redonda:** **"Inovação em Biotecnologia Vegetal: Conectando Pesquisa Acadêmica e Demandas do Setor Produtivo"** **Palestrante 1:** Dr. Augusto Cesar Crivellari (Bayer): Importância da biotecnologia na agricultura brasileira **Palestrante 2:** Dra. Fernanda Mansur (Pensabio): Tecnologias de genotipagem de larga escala no melhoramento genético de plantas **Palestrante 3:** Dra. Rose Gomes Monnerat Solon de Pontes (SoluBio Tecnologias Agrícolas): Bioinsumos para agricultura: mercado, legislação e interações entre setor público e privado **Moderador:** Prof. Gonçalo Apolinário de Souza Filho (UENF)

PROGRAMAÇÃO

08 OUT.

15:45 - 16:00	Coffee Break
16:00 - 17:15	**Conferência** *Biotecnologia no Brasil - perspectivas e futuros desafios* Palestrante: Profa. Maria Sueli Soares Felipe (UCB; Coordenadora Adjunta de Programas Acadêmicos área Biotecnologia da CAPES)
17:45 - 18:00	Premiações dos trabalhos e encerramento

I CONGRESSO REGIONAL DE BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Estratégias científicas e inovadoras para a agricultura e meio ambiente

2025

06 a 08 de outubro

ABORDAGENS ÔMICAS E BIOINFORMÁTICA EM BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Realização:

Apoio:

Patrocínio:

Modulação proteômica associada à organogênese de novo em *Passiflora edulis* cv. FB 300 'Araguari'

Laura Eliza de Oliveira Alves, Kaliane Zaira Camacho Maximiano da Cruz, Karina da Silva Vieira, Carlos Eduardo Assis da Silva, Lucas Rodrigues Xavier, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira

Passiflora edulis Sims é uma frutífera que apresenta grande importância econômica e social, sendo considerada uma alternativa relevante para a agricultura familiar. O cultivo *in vitro* da espécie tem contribuído para elucidar processos complexos de desenvolvimento, entre eles a organogênese *de novo*, regulada pelo balanço entre citocininas, etileno e outros moduladores fisiológicos. Neste estudo, avaliou-se a aplicação de 6-benziladenina (BA) e nitrato de prata ($AgNO_3$) na indução de brotos em explantes foliares de *P. edulis* cv. FB 300 'Araguari', com enfoque em perfis proteômicos. Foram testados tratamentos com BA (0, 5, 10 e 20 µM) e $AgNO_3$ (0, 1, 10, 20 e 100 µM) isoladamente e a combinações entre eles. A combinação 10BA10Ag promoveu maior número médio de brotos (18,4), contrastando com as respostas de explantes tratados apenas com BA (7,2–8,0 brotos) ou com $AgNO_3$ (sem brotação). Aos 14 dias, no início da formação de primórdios das brotações, coletaram-se amostras para análise proteômica, resultando na identificação de 1228 proteínas, das quais 445 foram diferencialmente reguladas (DAPs) em pelo menos uma das comparações. Na comparação 10BA10Ag/10BA, destacaram-se proteínas relacionadas à fotossíntese, como protochlorophyllide redutases (PORA, PORB, PORC) e a subunidade PSAD2, que foram up-reguladas, indicando maior ativação fotossintética e fornecimento de energia e carbono ao processo regenerativo no tratamento 10BA10Ag. Na via de aminoácidos, serina hidroximetiltransferases (SHM3 e SHM4) também se mostraram up-reguladas, sugerindo ajustes no metabolismo de serina para biossíntese de precursores. Proteínas da via do jasmonato, como 12-oxofitodienoato redutases (OPR2 e OPR3), se apresentaram up-reguladas, sugerindo papel regulador desse hormônio na diferenciação celular em interação com auxinas e citocininas. Já aminotransferases (ASP1 e ASP3), associadas à síntese de etileno, foram down-reguladas, reforçando o efeito inibitório do $AgNO_3$ sobre esse hormônio e seu favorecimento à regeneração. Assim, a combinação de BA e $AgNO_3$ (10BA10Ag) apresentou efeitos sobre o acúmulo de proteínas relacionadas à fotossíntese, ao metabolismo de aminoácidos, à respiração e à sinalização hormonal, sugerindo que essa combinação favorece condições propícias à organogênese *de novo* em *P. edulis*.

Palavras-chave: maracujazeiro; micropropagação; proteômica.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, FAPERJ e UENF.

Integração de análises ômicas para identificar a influência da metilação do DNA na embriogênese somática em mamoeiro (*Carica papaya L.*)

Karina da Silva Vieira, Roberta Pena da Paschoa, Laura Eliza de Oliveira Alves, Carlos Eduardo Assis da Silva, Jennyfer Silva Campos, Lucas Rodrigues Xavier, Vitor Batista Pinto, Vicente Vives-Peris, Aurélio Gómez-Candenas, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira.

Carica papaya é uma das principais frutíferas tropicais cultivadas mundialmente, além de se destacar como espécie promissora para estudos de plasticidade celular e reprogramação embriogênica. A embriogênese somática é um modelo de totipotência que envolve a reprogramação gênica mediada por uma complexa rede regulatória. Neste estudo, investigamos a influência de agentes moduladores da metilação do DNA por meio de análises temporais da metilação global (GDM), proteômica e do perfil hormonal na morfogênese de calos embriogênicos. Calos foram tratados com 5 µM de 5-azacitidina (5-AzaC) ou 5 µM hidroxiureia (HU) no terceiro subcultivo, sendo avaliados até 35 dias. Para GDM foi estabelecida na UENF uma metodologia inédita para determinação por espectrometria de massas em MRM, com maior sensibilidade e resolução em relação aos métodos convencionais cromatográficos. As análises proteômicas e hormonais foram conduzidas por espectrometria de massas bottom-up e metabolômica dirigida, respectivamente. As principais alterações na metilação ocorreram entre 7 e 14 dias, coincidindo com reprogramações em vias metabólicas energéticas e nutricionais. A análise proteômica revelou que 5-AzaC intensificou o ciclo TCA, a fosforilação oxidativa e o metabolismo de compostos sulfurados e nitrogenados, sugerindo alta demanda metabólica, enquanto HU promoveu alterações mais moderadas, voltadas à adaptação e detoxificação. A análise metabolômica dirigida de hormônios vegetais mostrou um aumento precoce dos níveis de ácido abscísico (ABA) e um pico de ácido indolacético (IAA) aos 14 dias, indicando transições funcionais no desenvolvimento embrionário, sugerindo que a interação entre metilação do DNA e sinalização hormonal direciona os estágios iniciais de diferenciação. Ácido jasmônico (JA) e ácido salicílico (SA) foram identificados como resposta adaptativa celular frente à reprogramação epigenética induzida pelo estresse. Essas respostas integradas refletiram a reorganização metabólica essencial para restabelecer o equilíbrio celular e promover a diferenciação embrionária. Os resultados ressaltam o papel funcional das modificações epigenéticas na regulação molecular da embriogênese somática.

Palavras-chave: Epigenética; Proteômica; Hormônios vegetais.

Agradecimentos: Capes, Faperj e CNPq.

Embriogênese somática do açaizeiro: análises proteômicas e metabolômicas

Jennyfer Silva Campos, Karina da Silva Vieira, Laura Eliza de Oliveira Alves, Carlos Eduardo Assis da Silva, André Lucas de Souza Lopes, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira.

O açaizeiro (*Euterpe oleracea L.)* é uma palmeira amazônica cujo fruto é considerado como “super fruto” devido às propriedades nutritivas e ao uso na alimentação, indústria e pesquisa. O Brasil é o principal produtor mundial, com o Pará sendo responsável por 93% da produção, devido à sua importância econômica, social, ambiental e cultural para região. Entretanto, a produção apresenta desafios como baixa germinação das sementes, germinação assíncrona, baixa uniformidade genética e problemas de fitossanidade. A embriogênese somática surge como alternativa para produção de mudas homogêneas, síncronas e geneticamente selecionadas. O objetivo deste estudo é estabelecer um protocolo de embriogênese somática em *E. oleracea*, visando indução, regeneração e conversão de embriões somáticos, integrando análises proteômicas e metabolômicas para compreender a morfogênese *in vitro*. Foram utilizados embriões zigóticos imaturos de frutos verdes, realizadas desinfestações nos frutos com e sem casca. Para indução, foi utilizado meio MS com sacarose (30 $g.L^{-1}$) e Phytagel (2 $g.L^{-1}$), e as auxinas ácido 2-diclorofenóxiacético (2,4-D) e ácido 4-amino-3,5,6-tricloropicolínico (Picloram), nas concentrações de 0, 200, 400 e 600 µM, com 10 repetições de 3 embriões cada, mantidos no escuro por 150 dias. Aos 7 dias, o tratamento controle (sem regulador de crescimento) e 200 µM 2,4-D apresentaram sinais de germinação, com raízes e folíolos aos 56 dias, o tratamento 400 µM 2,4-D germinou 50% dos explantes. Os tratamentos restantes formaram calos a partir de 14 dias, onde o tratamento 600 µM 2,4-D apresentou maior oxidação. Os tratamentos com Picloram promoveram formação de calos com diferentes texturas, com menor oxidação, com destaque para os tratamentos 200 e 400 µM, sem apresentar germinação. Após 150 dias, os explantes serão transferidos para meio de cultura de maturação para as etapas seguintes, com coletas para análises proteômicas e metabolômicas. Espera-se definir a concentração e fonte de auxina para o protocolo de embriogênese somática, identificar proteínas-chave da competência embriogênica e caracterizar o perfil metabólico relacionado à morfogênese *in vitro*.

Palavras-chave: Morfogênese *in vitro*; *Euterpe oleracea*; auxinas.

Agradecimentos: À CAPES, pelo incentivo financeiro ao estudo, à UENF pelo amparo estrutural e técnico.

Catálogo GWAS da soja (2014–2025): 22 mil associações SNP-fenótipo e integração ao *Soybean Expression Atlas*

Ana Luiza Martins Karl, Dayana Kelly Turquetti de Moraes, Daniel Correa da Silva, Thiago Motta Venancio

A soja (*Glycine max*) é uma das leguminosas mais cultivadas e economicamente relevantes do mundo, com papel central na alimentação humana e animal, além de aplicações industriais como biodiesel e cosméticos. Sua importância para agricultura e segurança alimentar cresce continuamente, impulsionada pela demanda por sistemas sustentáveis e nutritivos. O desenvolvimento de cultivares mais produtivas, nutritivas e resistentes a estresses é um dos principais objetivos do melhoramento genético. Nesse contexto, os estudos de associação genômica ampla (GWAS) destacam-se por identificar variantes genéticas ligadas a características complexas, apoiando a seleção assistida por marcadores. A efetividade desses estudos depende de dados de alta qualidade que integrem informações genotípicas, fenotípicas e contextuais de forma acessível e reprodutível. Bancos públicos são essenciais para acelerar a tradução de descobertas em práticas de melhoramento e apoiar o uso de inteligência artificial. Este trabalho apresenta a compilação e curadoria de um conjunto de dados de GWAS para Glycine max, reunido a partir de publicações e bancos públicos. O conjunto inclui mais de 22.000 registros associando SNPs a fenótipos, organizados em cinco categorias: (i) estresses biótico e (ii) abiótico, (iii) maturidade, (iv) características físicas e (v) fisiológicas. Os dados, de estudos publicados entre 2014 e 2025, foram organizados em tabelas com informações sobre experimentos, SNPs e genes, quando disponíveis, e enriquecidos com dados do Soybase. Os dados serão disponibilizados gratuitamente na terceira versão do Soybean Expression Atlas (SEA), ampliando o acesso e a reutilização pela comunidade científica. Essa integração permitirá relacionar SNPs e genes a dados de expressão gênica do SEA, apoiando a identificação de genes promissores e o treinamento de modelos de inteligência artificial para seleção de variantes associadas a características de interesse.

Palavras-chave: *Glycine max*, soja, GWAS, base pública de dados.

Agradecimentos: LQFPP, UENF, CAPES, CNPq e FAPERJ.

A plasticidade genômica do gênero *Azospirillum* em um contexto biotecnológico

Sarah Henaut-Jacobs, Felipe F. Rimes-Casais, Gabriel Quintanilha-Peixoto, Gabriela Petroceli-Mota, Bruno da Costa Rodrigues, Isabella de Oliveira Pinheiro, Rodrigo Nunes-da-Fonseca, Fabio Lopes Olivares, Rampal S Etienne, Thiago Motta Venancio

A agricultura sustentável busca alternativas a fertilizantes químicos, e o gênero *Azospirillum*, uma bactéria promotora do crescimento vegetal, é fundamental nesse contexto, embora sua aplicação comercial seja restrita a poucas espécies como *A. brasiliense*, contrastando com a vasta diversidade do gênero. Este trabalho teve como objetivo realizar uma análise genômica comparativa abrangente de *Azospirillum*, incluindo o sequenciamento de quatro novos isolados, para descrever seu pangenoma, reavaliar os limites taxonômicos e identificar o potencial biotecnológico de cepas pouco exploradas. A metodologia envolveu o sequenciamento de novos isolados, a curadoria de genomas públicos e análises de Identidade Média de Nucleotídeos (ANI), filogenia, pangenoma e prospecção de genes de interesse agronômico e de resistência a antibióticos. Os resultados revelaram que o limiar de 94% de ANI, em vez do tradicional 95%, define de forma mais coesa um grande complexo de espécies, denominado aqui "complexo *A. brasiliense*", que agrupa as principais espécies de interesse agrícola (*A. brasiliense*, *A. argentinense*, *A. baldaniorum*, *A. formosense*) e dois dos novos isolados. A análise do pangenoma demonstrou que este complexo compartilha um conjunto exclusivo de genes acessórios. Notavelmente, genes cruciais para a promoção do crescimento, como o *ipdC* (produção de auxina) e o *pqqA* (biossíntese de PQQ, cofator na solubilização de fosfato), foram encontrados predominantemente neste grupo. A identificação deste complexo, que possui alta identidade genômica apesar de distinções fenotípicas, sugere que o potencial biotecnológico do gênero permanece subexplorado. A presença de genes-chave para promoção de crescimento, aliada a um perfil de biossegurança favorável pela ausência de genes de resistência preocupantes, reforça o enorme potencial biotecnológico das espécies dentro deste complexo. Nosso estudo redefine a compreensão taxonômica de *Azospirillum* e destaca o complexo *A. brasiliense* como uma fonte promissora de novos candidatos para a formulação de bioinoculantes mais diversos e eficazes, impulsionando a agricultura sustentável.

Palavras-chave: Genômica comparativa, super pangenoma, pangenoma, PGPB.

Agradecimentos: UENF, Capes, CNPq, FAPERJ, Programa de pós-graduação em Biotecnologia Vegetal.

Conservação e perda gênica no gênero *Glycine*: integração de pangenoma e expressão tecido-específica na soja

Diego David Astete-Peña, Ana Luiza M. Karl, Dayana Kelly Turquetti-Moraes, Gabriel Quintanilha-Peixoto, Thiago Motta Venancio

A soja (*Glycine max*) é uma cultura de grande importância mundial devido ao seu alto teor de proteína e óleo. No entanto, a variabilidade genética da soja cultivada é limitada, o que tem incentivado a busca por genes e alelos em outras espécies do gênero *Glycine*, que inclui espécies anuais (subgênero *Soja*) e perenes (subgênero *Glycine*), com diferentes histórias evolutivas e resistências a patógenos. Este estudo tem como objetivo compreender a conservação e a perda de genes em diferentes tecidos de *G. max* em comparação com espécies silvestres do gênero *Glycine* e sua relação com a emergência de padrões de expressão tecido-específicos na soja cultivada. Para isso, foram integrados dados de um pangenoma da base SoyBase (https://www.soybase.org/) com uma lista de genes com expressão tecido-específica de *G. max*, obtida do SoyAtlas (https://soyatlas.venanciogroup.uenf.br/). O pangenoma analisado inclui 58 genomas, em sua maioria de *G. max*, além de *G. soja* e seis espécies perenes. Foram investigadas famílias gênicas preservadas na soja cultivada, mas que tiveram seus ortólogos perdidos em todas as espécies de soja cultivada. Por meio do teste exato de Fisher em espécies silvestres, foram identificados oito tecidos com maior enriquecimento em genes não conservados: broto, semente, cotilédone, suspensor, tegumento da semente, endosperma, vagem e pecíolo. Em contrapartida, a associação entre expressão tecido-específica e conservação em espécies silvestres foi observada apenas em raíz, sugerindo a existência de redes regulatórias ancestrais nesse tecido. Esses resultados sugerem que os genes perdidos em espécies silvestres foram preservados em *G. max* durante a domesticação e melhoramento, sendo provavelmente importantes em características agronômicas Após uma análise hierarquizada dos termos de ontologia gênica (GO) associados aos genes de cada tecido, foram obtidos 51 genes representativos vinculados a processos biológicos relacionados ao crescimento e preenchimento da semente. No futuro próximo, pretendemos também explorar os genes perdidos em *G. max*, visando identificar novos genes e alelos para reintrodução em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: expressão tecido-específica; ortologia; melhoramento genético.

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, CNPq, CAPES.

Mineração genômica de isolados bacterianos do gênero Bacillus para biocontrole de fungos

Hector J. Acho-Vasquez, Sarah Henaut-Jacobs, Thiago M. Venancio

Estima-se que até 2050 a produção agrícola global precise aumentar em 70% para atender a uma população projetada de 9,8 bilhões de pessoas. Além disso, entre 20% e 40% das perdas agrícolas são atribuídas a pragas e doenças fúngicas. Embora vitais para a agricultura moderna, o uso intensivo de fungicidas sintéticos resulta em toxicidade residual, surgimento de resistência e riscos ao meio ambiente e à saúde humana. Nesse contexto, os biofungicidas microbianos, em especial os derivados de *Bacillus*, surgem como alternativas sustentáveis, atuando por meio de mecanismos como antibiose e produção de enzimas hidrolíticas. Este trabalho propõe a mineração genômica de cepas de *Bacillus* com potencial biofungicida, sua classificação filogenética e a identificação de genes relacionados à atividade antifúngica, biofertilização, resistência a antibióticos e virulência. Foram analisados 10.839 genomas disponíveis no GenBank, abrangendo 114 espécies do gênero. A qualidade genômica foi avaliada com CheckM e BUSCO. A identidade entre os genomas foi estimada com Mash, resultando em um total de 10.276 genomas distribuídos em 85 comunidades. Ainda, identificamos 7 grupos com fortes conexões entre comunidades, formando complexos. Para delimitar os complexos, utilizamos fastANI, aplicando delimitação específicos, identificando 103 comunidades. Análise filogenética revelou sua organização em cinco grupos: *B. cereus sensu lato*, *B. pumilus, B. amyloliquefaciens*, *B. licheniformis* e *B. subtilis*. Paralelamente, realizamos uma revisão intensiva da literatura e identificamos 129 genes com potencial biofungicida, aqueles envolvidos na síntese de lipopeptídeo e enzimas líticas, o que foi corroborado pelo USEARCH e antiSMASH, tendo as espécies com maior potencial *B. spizizenii, B. velezensis* e *B. subtilis.* Quase todas as espécies mostraram potencial de biofertilização (e.g. aquisição de ferro, aquisição de nitrogênio, solubilização de fosfato). Quanto à resistência aos antibióticos, a maioria das espécies de *B. cereus sensu lato* carrega genes relacionados a essa característica, destacando-se o mecanismo de alteração do alvo antibiótico. Os genes ligados à virulência concentraram-se principalmente nas categorias exotoxinas, invasão e exoenzimas, presentes quase exclusivamente no grupo *Bacillus cereus sensu lato*. A identificação de cepas candidatas ao biocontrole visa a promover o desenvolvimento de bioinsumos agrícolas, contribuindo para práticas sustentáveis alinhadas com os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável da ONU.
Palavras-chave: Bacillus, biofungicida, biofertilização, resistência a antibióticos, virulência.

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, CNPq, CAPES

Associação de Dados Ômicos na Priorização de Genes Envolvidos no Acúmulo de Proteína no Grão de Soja [*Glycine Max* (L.) Merr]

Daniel Corrêa-Silva, Dayana K. Turquetti-Moraes, Thiago M. Venancio

A soja [*Glycine max* (L.) Merr] é extensivamente estudada por sua enorme relevância agronômica, que por sua vez está relacionada ao seu alto teor de óleo e proteína nos grãos. O acúmulo desses nutrientes é inversamente proporcional, i.e., o aumento no acúmulo de óleo reduz o de proteína e vice-versa. Portanto, elucidar as bases genéticas dessas características é essencial para melhorar a qualidade nutricional da soja. Neste estudo, integramos dados ômicos e genéticos para identificar genes promissores relacionados ao aumento do teor de proteína nos grãos de soja. A partir da literatura primária e de dados do Soybase.org, identificamos regiões de QTL (*Quantitative Trait Loci*) de SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*) e regiões sob pressão seletiva (*selective sweeps*) associadas ao teor de óleo e proteína na soja. Com base no genoma de referência (Glycine_max_Wm82.a4.v1) encontramos 33.293 genes nos intervalos de QTL, 5.624 em regiões de *selective sweeps* relacionados à domesticação e melhoramento e 1.150 SNPs associados às características de interesse. Posteriormente, identificamos oito genes codificadores de proteínas de armazenamento nos grãos, além de genes candidatos para favorecer a biossíntese de proteína, por meio da literatura. A partir da integração de dados de RNA-Seq, observamos que esses genes são preferencialmente expressos durante a maturação média das sementes, uma fase crucial para o acúmulo de proteínas e óleo. Analisamos a coexpressão desses genes candidatos e dos oito genes codificadores de proteínas de armazenamento utilizando o pacote BioNERO. Em seguida, associamos esses dados aos previamente integrados (QTL e *selective sweeps*), o que possibilitou a priorização dos candidatos mais promissores. Nossos resultados sugerem que a integração de dados promova avanços significativos nos estudos sobre a qualidade nutricional da soja, identificando genes-alvo para seu aprimoramento genético.

Palavras-chave: Proteínas de armazenamento, QTL, GWAS, Melhoramento, RNA-Seq.

Agradecimentos: FAPERJ, CNPq, CAPES, UENF.

Caracterização genômica e evolutiva da família de genes CHS em *Solanum lycopersicum*

Gianmarco Castillo Huaccho, Kevin Roshbed Quiroz Hidalgo, Fray Luis Chacpi Santos, Thiago Motta Venancio.

A família de genes CHS codifica a enzima chalcona sintase, responsável por iniciar a síntese de flavonoides, um grupo de metabólitos secundários com funções protetoras, incluindo fitoalexinas antimicrobianas produzidas em resposta a infecções. Neste estudo, foi relatada a identificação de 11 genes CHS (SlCHS), distribuídos em cinco dos doze cromossomos do genoma do tomate (*Solanum lycopersicum*). Análises filogenéticas os arguparam em cinco clados, que exibem diferenças estruturais em dez motivos conservados; observou-se ainda a alta divergência nas regiões terminais (≈210 aminoácidos na porção N-terminal e ≈100 aminoácidos na C-terminal). A estrutura gênica (número de éxons e íntrons) é estável dentro dos clados, exceto para SlCHS11 (clado 1). Além disso, oito genes de *S. lycopersicum* apresentam ortologia com *Glycine max* e *Arabidopsis thaliana*, enquanto três parecem resultar de eventos de duplicação na família CHS da linhagem de *S. lycopersicum*. As predições de localização subcelular indicam predominância no citoplasma, membrana plasmática e cloroplasto, sem presença de peptídeo sinal nas 11 proteínas. A análise de ontologia gênica (GO) sugere envolvimento principal em atividades de aciltransferase e processos biossintéticos coerentes com a rota de flavonoides, com possível participação em interações com membranas e vias de ácidos graxos—indicando integração à regulação metabólica de compostos secundários protetores. Este panorama da família CHS em *S. lycopersicum* fornece bases para compreender a conservação funcional e a diversificação evolutiva desses genes, apoiando futuras investigações funcionais e aplicações em melhoramento.

Palavras-chave: Evolução; Flavonoides; Genes CHS.

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, CNPq, CAPES.

miRNAs e Resposta a Estresses Abióticos em Cultivares de Soja (*Glycine max*)

Luciele de Léo Cardozo, Felipe Cruz Paula, Giulia Bousquet da Silva Pinto, Clícia Grativol

A soja (*Glycine max*) é uma das culturas agrícolas mais relevantes do mundo, tanto pela importância econômica quanto pelo valor nutricional. Entre os estresses abióticos que comprometem seu desempenho, a seca se destaca como o principal fator. Entre as estratégias biotecnológicas emergentes para mitigar estresses abióticos, destacam-se os microRNAs (miRNAs) e os micropeptídeos (miPEPs), pequenas moléculas regulatórias envolvidas na resposta ao estresse em plantas. Este trabalho tem como objetivo avaliar os efeitos da aplicação exógena de miRNAs e de seus miPEPs preditos em plântulas de soja submetidas a estresse osmótico induzido por manitol. As sementes de soja foram esterilizadas e distribuídas em placas de 12 poços. Cada poço recebeu 5 µg de miRNA , permanecendo em B.O.D. a 28 °C até 3 horas após embebição (3 HAE). Em seguida, as sementes foram transferidas para tubos contendo 20 mL de meio *Murashige e Skoog* (MS) 1/10, com ou sem manitol (150 mM) para indução de estresse osmótico, mantendo-se por 12 dias a 28 °C e fotoperíodo 12/12 h. Dois miRNAs sintéticos foram testados em quatro condições: controle, miRNA, manitol e manitol + miRNA. Foram realizadas análises fenotípicas (comprimento, massa fresca e seca das respectivas partes aéreas e raízes) para avaliação do impacto fisiológico dos tratamentos. Os dados indicam que o miRNA sintético 1, isoladamente, favorece o crescimento radicular e, sob estresse, atenua as perdas de comprimento e biomassa, possuindo efeito mitigador. Já o miRNA sintético 2 reduz comprimento e biomassa na ausência de estresse, mas, na presença de manitol, promove incrementos de biomassa, principalmente no sistema radicular. Esses resultados sugerem potencial para o uso dessas moléculas como ferramentas biotecnológicas, indicando possíveis efeitos dos miRNAs na promoção de crescimento ou mitigação do estresse.

Palavras-chave: miRNAs; Estresses abióticos; Soja.

Agradecimentos: Uenf; Capes; CNPq; Faperj.

Genômica comparativa do fungo patógeno da soja *Rhizoctonia solani*

Ayrton Costa Silva, Gabriel Quintanilha Peixoto, Thiago Motta Venâncio.

Rhizoctonia solani é um patógeno oportunista fúngico que afeta diversas plantas. *R. solani* pertence à ordem *Cantharellales* e é classificado em subespécies reprodutivamente isoladas, agrupadas em Grupos de Anastomose (AG). Esses AGs baseiam-se na capacidade de fusão de hifas entre isolados. *R. solani* se propaga comumente por meio dos escleródios, que são estruturas de resistência compostas por hifas compactadas que garantem a sobrevivência do fungo. Dessa forma, identificar os genes cruciais para o desenvolvimento e crescimento dessas estruturas pode contribuir para o controle da infecção em plantas. A genômica comparativa surge como uma ferramenta importante, que permite identificar genes associados à formação de escleródios a partir da comparação entre *R. solani* e outros fungos. Este trabalho tem como objetivo analisar genomas de *R. solani* por meio de genômica comparativa, visando elucidar estratégias de patogenicidade e formação de escleródios. Para isso, foram obtidos genomas disponíveis no banco de dados GenBank, que passaram por filtragem com o software BUSCO. A inferência filogenética foi realizada com os softwares OrthoFinder e IQTREE2. Funannotate foi utilizado para a anotação dos genes. A análise de CAZymes foi conduzida com o DBCan3, e a análise de expansões e contrações gênicas, com o software CAFE5. Os resultados mostram que *R. solani* apresenta maior quantidade de quatro enzimas relacionadas à via da quitina, fundamental na formação de escleródios, reforçando a importância dessa via metabólica para a sobrevivência e patogenicidade do fungo. Diversos genes estão sob expansão, incluindo um fator de patogenicidade similar à *Egh16*. Na literatura, a ação deste fator de patogenicidade tem sido descrita em outros fungos fitopatógenos e está associada à função de formação de lesão e penetração do hospedeiro. Até o momento, nossos resultados mostram indícios de como *R. solani* infecta seus hospedeiros e resiste no ambiente ao nível genômico.

Palavras-chave: CAZy, escleródio, quitina, soja.

Agradecimentos: Às agências de fomento FAPERJ, CNPq, CAPES e a UENF.

Transcriptômica comparativa do metabolismo de TAG em sementes de Fabaceae

Victor William da Costa Souza, Dayana Kelly Turquetti-Moraes, Thiago Motta Venancio
.

A família Fabaceae, conhecida como leguminosas, constitui um grupo monofilético distribuído globalmente, incluindo espécies de relevância agrícola e nutricional, como amendoim (*Arachis hypogaea*), grão-de-bico (*Cicer arietinum*), soja (*Glycine max*), feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*) e ervilha (*Pisum sativum*). Essas espécies são importantes fontes de carboidratos, proteínas e lipídios; estes atuam como componentes estruturais de membranas, moléculas de sinalização e reservas energéticas. Entre as leguminosas, o teor de óleo nas sementes varia amplamente (≈1%–50%) e é armazenado principalmente como triacilgliceróis (TAG). A síntese de TAG dá-se pela via de Kennedy e rotas alternativas mais complexas. Apesar dos avanços, ainda existem lacunas sobre como a biossíntese e a degradação de TAGs são reguladas entre espécies, especialmente durante o enchimento de grãos. Compreender os mecanismos genéticos desse processo é estratégico para subsidiar programas de melhoramento do conteúdo de óleo. Este trabalho objetiva identificar a expressão gênica de famílias relacionadas à biossíntese e degradação de TAGs nas cinco espécies mencionadas. Foram utilizadas amostras de RNA-Seq do *Sequence Read Archive* (SRA) por meio do SRA Toolkit, inicialmente para C. arietinum (74 amostras). O pré-processamento foi realizado com fastp e MultiQC, e a quantificação com Salmon, tendo como referência o transcriptoma não redundante de *C. arietinum* no banco PLAZA 5.0. As famílias gênicas relacionadas ao metabolismo de TAGs foram previamente identificadas pelo grupo. Até o momento, concluímos a filtragem e a quantificação da expressão para *C. arietinum*, o que permitirá consolidar um pipeline robusto para análise das demais espécies. Espera-se identificar genes candidatos altamente expressos em famílias homólogas, possibilitando discutir marcadores moleculares aplicáveis ao melhoramento genético e avançar na compreensão da complexidade metabólica de cada espécie no metabolismo de TAG.

Palavras-chave: Expressão gênica; Triacilgliceróis; Biotecnologia.

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, CNPq, CAPES..

Seedling priming como modulador epigenético em cultivar de soja submetida a estresse abiótico

Maysa Lourenço Benvino, Giulia Bousquet da Silva Pinto, Lairton da Cruz Silva, Daniel Jardim da Silva, Felipe Cruz Paula, Clicia Grativol

A soja (*Glycine max*), leguminosa da família Fabaceae, é de alta relevância econômica e nutricional. O Brasil é seu maior produtor mundial, reforçando o papel do país na segurança alimentar global. Embora a produção seja em grande escala, as perdas na cultura pelo aumento de eventos de seca, exigem estratégias que ampliem a tolerância ao estresse abiótico. Entre essas abordagens destaca-se o *seedling priming*, técnica que consiste na pré- exposição controlada de plântulas, capazes de induzir respostas adaptativas, potencialmente mediadas por regulações epigenéticas como a metilação do DNA. Neste contexto, o hipometilante 5-azacitidina (5-azaC), inibidor de DNA metiltransferases, é empregado para provocar reprogramações epigenéticas que possam modular a resposta de plantas ao estresse. Com intuito de revelar o impacto da metilação do DNA em cultivares de soja submetidas ao *seedling priming* quanto à tolerância à seca sob estresse osmótico, sementes de soja foram desinfetadas e germinadas em meio MS, contendo 25µM de 5-azaC que foi aplicado como *priming* por quatro dias. Posteriormente, as plântulas foram transferidas para meio líquido suplementado com 150 mM de manitol para indução do estresse osmótico por seis dias. Foram avaliados comprimento da parte aérea e raízes, massa fresca e seca, raízes laterais, além de investigar teores de clorofila e de carotenoides. O tratamento de 5-azaC e de 5-azaC + manitol, reduziu significativamente o desenvolvimento radicular, afetando especialmente o comprimento e o surgimento de raízes laterais, enquanto o tratamento somente com manitol não apresentou efeito significativo. No comprimento da parte aérea, houve uma diminuição em todos os tratamentos em relação ao controle. Adicionalmente, observou-se que no tratamento 5-azac + manitol, gerou maior acúmulo de clorofila *a* / *b* e carotenoides, sugerindo que o priming aumenta a biossíntese cloroplastidial e de ABA em plântulas. Esses achados sugerem que o priming com 5-azaC melhora o vigor das plântulas no estresse osmótico, possivelmente associado à ativação de vias reguladas por metilação do DNA, além de destacar o *seedling priming* como estratégia para modular respostas adaptativas ao estresse osmótico em soja.

Palavras-chave: *Seedling priming*; Metilação do DNA; *Glycine max*
Agradecimentos: UENF e CNPq

Análise proteômica e transcriptômica integrativa e determinação do papel de histonas deacetilases na embriogênese somática de mamoeiro (*Carica papaya* L.)

Gilmara da Cruz Rangel, Lucas Rodrigues Xavier, Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Karina da Silva Vieira, Jennyfer Silva Campos, Laura Eliza de Oliveira Alves, Carlos Eduardo Assis da Silva, André Lucas de Souza Lopes, Roberta Pena da Paschoa, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira

A cultura do mamoeiro (*Carica papaya* L.) apresenta grande relevância econômica no Brasil, mas enfrenta limitações como segregação sexual. A embriogênese somática surge como alternativa promissora para a clonagem de plantas hermafroditas e produção de mudas geneticamente uniformes, mas sua aplicação comercial ainda é restrita devido à complexidade dos mecanismos moleculares envolvidos. Entre os reguladores epigenéticos, as histonas deacetilases (HDACs) desempenham papel central na aquisição da competência embriogênica, sendo moduladas por modificações pós-traducionais e pela ação de inibidores específicos. Entretanto, pouco se sabe sobre sua atuação no mamoeiro. Esta proposta tem como objetivo elucidar as redes de proteínas moduladas por HDACs durante a embriogênese somática de mamoeiro e avaliar o efeito do butirato de sódio como inibidor epigenético na indução e maturação dos embriões somáticos. Para isso, calos embriogênicos serão estabelecidos a partir de embriões zigóticos imaturos da cv. Golden e cultivados em meio MS suplementado com diferentes concentrações de butirato de sódio, em associação ou não ao 2,4-D. Amostras serão analisadas por estratégias integrativas de transcriptômica e proteômica (LC-ESI-MS/MS), visando identificar HDACs diferencialmente expressos, proteínas quinases e fatores de transcrição regulados pelos tratamentos. Paralelamente, a expressão gênica será validada por qRT-PCR, e as interações proteína-proteína serão mapeadas para a construção de redes regulatórias associadas à reprogramação celular. Espera-se identificar genes e proteínas de HDACs envolvidos em diferentes etapas da embriogênese somática, determinar o efeito dose-dependente do butirato de sódio na competência embriogênica e definir concentrações capazes de otimizar a maturação dos calos. Os resultados fornecerão bases moleculares para protocolos aprimorados de micropropagação e potenciais alvos para engenharia genética, além de contribuir para o avanço do conhecimento em regulação epigenética da embriogênese somática.

Palavras-chave: Desenvolvimento vegetal, Micropropagação, mamoeiro, embriogênese somática

Agradecimentos: FAPERJ, CNPq, CAPES, UENF

NaB como *priming* epigenético para tolerância ao estresse osmótico em plântulas de soja

Lairton Da Cruz Silva, Maysa Lourenço Benvino, Giulia Busquet da Silva Pinto, Daniel Jardim da Silva, Felipe Cruz Paula, Clicia Grativol

A soja (Glycine max), leguminosa da família Fabaceae e de alto valor econômico, é amplamente afetada por estresses abióticos, tendência agravada pelas mudanças climáticas. Mecanismos epigenéticos podem modular a expressão gênica e favorecer a adaptação a ambientes adversos, ampliando a sobrevivência. Entender essas relações é crucial para desenvolver estratégias biotecnológicas, como o s*eed priming*, que visa aumentar a tolerância a condições de estresse. Com intuito de revelar o impacto do butirato de sódio (NaB), um inibidor de histona desacetilase (HDAC) que modula a regulação gênica, esta pesquisa investigou a ação do NaB em plântulas de soja. As sementes foram pré-germinadas em 10mL de uma concentração de 200µM em placas de petri por 5 horas, logo após foram transferidas para tubos de ensaio contendo 20 mL de meio MS 1⁄10 força, para induzir o estresse osmótico foi utilizado 150mM de manitol. Após o período de 10 dias foram avaliados comprimento, raízes laterais, biomassa e teores cloroplastidiais. Os tratamentos produziram perfis contrastantes de desenvolvimento. O NaB isolado estimulou o sistema radicular, elevando o comprimento da raiz principal, o número de raízes laterais e a biomassa fresca e seca. O manitol, por sua vez, suprimiu esses mesmos parâmetros, condizente com estresse osmótico. O tratamento NaB+manitol promoveu recuperação significativa das métricas radiculares, sugerindo efeito mitigador do NaB frente ao estresse. No componente cloplastidial, o NaB sozinho não diferiu do controle em clorofila *a/b e* carotenoides, mas na presença de manitol, as taxas desses pigmentos aumentaram, indicando perfil funcional do aparelho fotossintético sob estresse. Dessa forma, sugerisse que o butirato de sódio ameniza os impactos fenotípicos ocasionados pelo estresse, sendo uma ferramenta promissora na utilização de s*eed priming.*

Palavras-chave: Butirato de sódio; Estresse abiótico; *Glycine max*.

Agradecimentos: UENF e CNPq.

Respostas dose-dependentes de 2,4-D na indução de calos embriogênicos em *Carica papaya* L

Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Lucas Rodrigues Xavier, Roberta Pena da Paschoa, Carlos Eduardo Assis da Silva, André Lucas de Souza Lopes, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira

Carica papaya L. é uma frutífera tropical de alto valor econômico, cuja produção comercial depende de plantas hermafroditas. Como a determinação do sexo ocorre apenas meses após a semeadura, há aumento de custos e descarte de plantas femininas. A embriogênese somática (ES) constitui uma alternativa viável para a clonagem de plantas hermafroditas, permitindo a produção de embriões somáticos uniformes, além de servir como sistema modelo para estudos moleculares. O ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D) é amplamente utilizado para indução da ES, embora sua concentração ideal varie conforme a espécie e o contexto experimental. Neste estudo, investigamos respostas morfológicas e proteômicas de embriões zigóticos de *C. papaya* expostos a diferentes concentrações de 2,4-D (0; 0,2; 2; 20 e 200 µM). As avaliações morfológicas mostraram que apenas 20 µM promoveu a formação de calos embriogênicos aos 14 dias, enquanto concentrações elevadas (200 µM) atrasaram ou inibiram o processo. A análise proteômica *Bottom-up*, realizada no sétimo dia, identificou 1168 proteínas, das quais 726 exibiram acúmulo diferencial (DAPs). Proteínas associadas à resposta à auxina (CAND1 e PIN1-2), metabolismo de carboidratos (GRF2, GRF3, GRF8 e GRF12), biossíntese de aminoácidos (SAM1), embriogênese (SKP1A e SKP1B) e transporte de prótons (VDACs e VHA) foram reprimidas em 200 µM, indicando que o seu excesso compromete vias essenciais ao desenvolvimento embrionário. Em contrapartida, proteínas associadas à aquisição da competência embriogênica como CSP2, MIRO1 e eIF-3 foram acumuladas em concentrações intermediárias (20 µM). A análise funcional (GO/KEGG) confirmou a repressão de vias metabólicas e energéticas em 200 µM, acompanhada por respostas limitadas de estresse. Foram identificadas nove proteínas regulatórias, bem como mecanismos epigenéticos, relevantes para a indução de calos. Assim, 20 µM de 2,4-D ativa vias essenciais à embriogênese, enquanto doses elevadas induzem um perfil proteômico associado ao estresse, oferecendo base para melhorar protocolos em *C. papaya*.

Palavras-chave: *Carica papaya*; Embriogênese somática; Proteômica.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPERJ.

Investigação genômica de bactérias do gênero *Herbaspirillum*

Estephani Martins Fernandes, Sarah Henaut-Jacobs, Gabriela Petroceli Mota, Bruno Costa Rodrigues, Rodrigo Nunes da Fonseca, Fabio L. Olivares,Thiago Motta Venancio

O gênero *Herbaspirillum*, descrito pela primeira vez em 1986, compreende bactérias diazotróficas endofíticas com notável potencial biotecnológico para a agricultura, devido à sua capacidade de promoção de crescimento vegetal (PGP) por mecanismos como a produção de fitohormônios, síntese de sideróforos, solubilização de minerais e, principalmente, pela fixação biológica de nitrogênio. Algumas espécies, como *H. seropedicae*, se destacam pela colonização endofítica de gramíneas de interesse agrícola, como arroz e milho, o que as torna relevantes para a agricultura sustentável. Apesar de sua importância, a diversidade genômica do gênero permanece subexplorada, com os bancos de dados públicos apresentando vieses para poucas espécies, como *H. seropedicae*. Assim, este estudo busca realizar uma análise genômica comparativa e sistemática do gênero *Herbaspirillum*, para elucidação de sua filogenia, identificação de genes-chave relacionados a PGP, e caracterização de seu pangenoma, através da integração de genomas públicos com isolados recém-sequenciados da coleção da UENF. Para isso, foram obtidos 262 genomas do banco de dados NCBI, que passaram por um controle de qualidade utilizando as ferramentas CheckM2 e BUSCO. Após a remoção de genomas com completude inferior a 90% em ambas ferramentas, o conjunto refinado de 130 genomas passou pela análise de Identidade Média de Nucleotídeos (ANI) através da ferramenta Pyani para a confirmação da identidade taxonômica dos genomas remanescentes. Os resultados preliminares permitiram a construção de uma robusta árvore filogenética a partir de genes ortólogos de cópia única, identificados com o OrthoFinder. Esta investigação aprofunda o conhecimento sobre a evolução e a diversidade funcional do gênero *Herbaspirillum*, fornecendo uma base sólida para a seleção de novas cepas com alto potencial para o desenvolvimento de bioinoculantes mais eficientes e específicos, contribuindo para o avanço da biotecnologia agrícola.

Palavras-chave: Genômica Comparativa, Promoção de Crescimento Vegetal, Bioinformática

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, CNPq, CAPES

Efeito do inibidor da desacetilação de histonas no desenvolvimento das plântulas de milho (*Zea mays L.*)

Daniel Jardim da Silva, Franciane de Souza Pessanha, Fernando Frasão Lubanco, Lairton da Cruz Silva, Maysa Lourenço Benvino, Clicia Grativol.

A epigenética exerce um papel crucial no desenvolvimento vegetal e nas respostas a estímulos ambientais. Entre as marcas epigenéticas conservadas em plantas, as modificações de histonas exercem uma função crucial para a regulação da expressão gênica. Essas modificações, como metilação, acetilação, ubiquitinação e fosforilação, ocorrem predominantemente nas caudas N-terminais das histonas e modulam a acessibilidade a cromatina. A acetilação de histonas é particularmente relevante para o desenvolvimento das plantas. A inibição das histonas desacetilase (HDACs) promove a hiperacetilação, aumentando a acessibilidade dos genes à maquinaria transcricional. O butirato de sódio (NaB) é um inibidor da HDACs utilizado para induzir esse estado. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito da desacetilação de histonas no desenvolvimento de sementes de milho desinfestadas (SD) com hipoclorito e não desinfestadas (SND), por meio da aplicação do NaB. Seis dias após a embebição (6 DAE), realizaram-se análises fenotípicas da parte área e das raízes e, em seguida, a extração e quantificação de pigmentos cloroplastidiais. Utilizou-se NaB 0,2mM. As variáveis comprimento (cm), massa fresca (g) e massa seca (g) foram mensuradas em delineamento inteiramente casualizado (DIC). Os teores de clorofila, a clorofila b e carotenóides foram determinados por espectrofotometria. Aos 6 DAE, observou-se redução do comprimento da parte aérea e das raízes nas plântulas SND não tratadas. Em contraste, as plântulas tratadas com NaB, especialmente as SD, apresentaram maiores comprimentos da parte aérea e das raízes, além de teores superiores de clorofila a, clorofila b e carotenóides. Esses resultados indicam que o NaB favorece o desenvolvimento de plântulas SD. Ademais, sugerem que a interação entre o microbioma residente e a regulação epigenética podem estar relacionados ao desenvolvimento das plântulas de milho, recomendando-se estudos adicionais para esclarecer o impacto do tratamento SD e NDS com NaB sobre a regulação epigenética e a comunidade microbiana.

Palavras-chave: Epigenética; Desacetilação de Histonas.; Butirato de sódio (NaB).

Agradecimentos: UENF e LQFPP

Modulação epigenética associada à deposição de calose em plântulas de soja (*Glycine max*) sob estresses bióticos

Giulia Bousquet da Silva Pinto, Felipe Cruz de Paula, Maysa Lourenço Benvino, Lairton da Cruz Slva, Clicia Grativol

As mudanças climáticas afetam a produtividade das plantas ao induzir estresses abióticos e bióticos. A metilação do DNA tem sido associada à tolerância vegetal a patógenos, influenciando a remodelação da parede celular e o acúmulo de proteínas de defesa. Neste estudo, investigamos o papel da metilação do DNA em plântulas de soja submetidas ao peptídeo bacteriano flg22 e ao fungo patogênico *Sclerotium rolfsii*. As plântulas foram cultivadas por sete dias na presença de 25 µM do inibidor de metilação 5-azacitidina (5-azaC) e, posteriormente, transferidas para meio líquido contendo flg22 por 24 horas. O tratamento com 5-azaC reduziu o número de raízes laterais em comparação aos controles. A deposição de calose, avaliada por fluorescência após coloração com azul de anilina, foi maior em raízes e parte aérea tratadas com a combinação 5-azaC + flg22. A microscopia confirmou esse aumento, sugerindo indução de calose por ambos os tratamentos. Além disso, a expressão dos genes GSL4 e GSL21, envolvidos na síntese de calose, também se elevou no tratamento 5-azaC + flg22. Para avaliar o efeito do 5-azaC sobre o crescimento de *S. rolfsii*, o fungo foi cultivado em meio BDA com diferentes concentrações do inibidor, sem apresentar inibição. Plântulas inoculadas com *S. rolfsii* na presença de 5-azaC exibiram maior comprimento e massa fresca da parte aérea, indicando um efeito benéfico do 5-azaC sob estresse biótico. Observou-se que a cultivar BRS184 é mais sensível ao inibidor, motivo pelo qual a concentração foi reduzida para 10 µM. Nessa condição, verificou-se que, na raiz, o tratamento 5-azaC + *S. rolfsii* resultou em menor massa fresca em relação a *S. rolfsii* isolado, sem diferença significativa na massa seca. Na parte aérea, a massa seca permaneceu inalterada entre os grupos, apesar da redução na massa fresca. Os próximos passos incluem a análise da expressão gênica relacionada à biossíntese de calose em plântulas tratadas com flg22 e S. *rolfsii.* Esses resultados contribuem para a compreensão do papel da metilação do DNA na defesa vegetal.

Palavras-chave: 5-azacitidina; Parede celular; Flagelina; *Sclerotium rolfsii*.

Agradecimentos: Agradecemos ao CNPq, à UENF e ao LQFPP pelo apoio à pesquisa.

Análise da divergência funcional de genes codificadores de fatores de transcrição duplicados em soja *(Glycine max)*

Davi Barreto Alves de Souza, Daniel Corrêa-Silva, Thiago M. Venancio.

A soja (*Glycine max*) é uma cultura de elevada relevância agroindustrial, com aplicações na alimentação humana, animal e na bioindústria. Seu genoma foi moldado por dois eventos de duplicação completa (*Whole Genome Duplication - WGD*), sendo um deles exclusivo do gênero Glycine, o que expandiu o repertório gênico e favoreceu sua adaptabilidade. Genes duplicados podem seguir diferentes trajetórias evolutivas, como a neofuncionalização, na qual novas funções são adquiridas em relação ao gene ancestral. Embora os efeitos das duplicações genômicas sejam reconhecidos em plantas, o impacto sobre os fatores de transcrição (FTs), centrais na regulação da expressão gênica e adaptação da soja, ainda é pouco explorado. A retenção e especialização de FTs duplicados são fundamentais para diversificar as redes regulatórias, influenciando a capacidade adaptativa e o potencial produtivo da cultura. Neste estudo, foram analisados 3.711 FTs da soja, caracterizando padrões de duplicação a partir da integração de dados das bases PlantTFDB, PLAZA e DoubleTrouble, aliados a amostras de RNA-Seq do Soybean Expression Atlas. Por meio de abordagens computacionais em R, associou-se tipos de duplicação a padrões de expressão gênica. Foram identificados 363 FTs com expressão tecido-específica, distribuídos em 38 das 58 famílias de FTs, com destaque para WRKY, envolvida em diferenciação celular e resposta a estresses abióticos. A análise global em 14 tecidos mostrou que MADS-box tem expressão preferencial em flores, enquanto fatores com domínios zinc-finger exibem padrão mais generalista. Estudos recentes também revelam que genes duplicados apresentam maior número de regiões de início de transcrição e menor especificidade tecidual, contribuindo para a diversificação funcional e adaptabilidade da soja. Esses resultados reforçam a importância das duplicações gênicas e da regulação transcricional na evolução dos FTs, ampliando o potencial de melhoramento da cultura.

Palavras-chave: RNA-Seq; WGD; Expressão tecido específica.

Agradecimentos: Agradeço à FAPERJ, CNPq, CAPES e à UENF.

Ciclo celular de plantas: estudo do complexo MAD1-MAD2 como estratégia molecular para o desenvolvimento de plantas resilientes a estresses bióticos e abióticos

Paula Guimarães Custodio, Gabriela Pimentel Serodio, Izabela Silva dos Santos, Marco Antônio Lopes Cruz

O ciclo celular em plantas e animais é semelhante, passando por interfase, mitose e citocinese. No entanto, há diferenças importantes, especialmente na citocinese. As plantas modulam sua fisiologia e morfologia em resposta a estresses bióticos e abióticos, exigindo coordenação entre o ciclo celular e mecanismos moleculares de percepção ambiental. Avanços nessa área podem gerar variedades resistentes, mitigando os efeitos das mudanças climáticas na agricultura. Complexos proteicos participam desses mecanismos em diferentes etapas do ciclo celular. MAD1 e MAD2 são proteínas fundamentais no ponto de controle mitótico (Spindle Assembly Checkpoint - SAC), que garante a correta segregação dos cromossomos. O SAC impede a progressão prematura para a anáfase, assegurando o correto alinhamento dos cromossomos ao fuso mitótico. Em humanos, falhas nesse controle podem causar aneuploidia, condição associada a doenças como o câncer. Embora bem estudado em animais, o funcionamento do complexo MAD1-MAD2 em plantas ainda é pouco explorado. Nossos resultados sugerem que esse complexo pode interagir com proteínas como MAP kinases e 14-3-3, ligadas à resposta a estresses. Este estudo visa compreender a formação do complexo MAD1-MAD2 em *Arabidopsis thaliana* e *Phaseolus vulgaris*, identificando proteínas interativas. Os genes MAD1 e MAD2 adquiridos comercialmente serão clonados nos vetores pET28a e pET20b, expressos em BL21 (DE3) e purificados por cromatografia de afinidade a níquel. As etapas serão monitoradas por eletroforese em gel de agarose e acrilamida. As proteínas serão testadas para interação do tipo proteína-proteína contra extratos proteicos de calos de *Arabidopsis thaliana* induzidos. Por fim, essa pesquisa busca contribuir para o preenchimento de lacunas na compreensão dos mecanismos de controle do ciclo celular vegetal e contribuir com o conhecimento para o desenvolvimento de novas variantes resilientes aos diferentes tipos de estresses bióticos e abióticos.

Palavras-chave: Ciclo Celular, MAD1, MAD2

Agradecimentos: Agradeço à UFRJ pelo suporte institucional, ao CNPq pelo apoio à pesquisa e à FAPERJ pelo incentivo fundamental ao desenvolvimento deste trabalho.

Sequenciamento de genoma completo de baixa cobertura (LP-WGS) de baunilhas brasileiras

Tibério da Silva Vale, Ana Luíza Atella, Luís Willian Arge, Márcio Alves Ferreira, Andrea Furtado Macedo

A baunilha natural é uma das especiarias mais caras do mundo. Porém, decorrente de erosão gênica, a espécie mais cultivada, *V. planifolia*, apresenta grandes dificuldades de cultivo. Assim, atenção tem sido dada a seus parentes silvestres, que podem fornecer aromas, apresentar maior diversidade gênica e fenotípica. Assim, este trabalho busca caracterizar genomicamente 11 espécies de baunilhas silvestres brasileiras aromáticas. Para isto, amostras das espécies nativas foram coletadas e tiveram seu DNA extraído e purificado para sequenciamento de genoma completo de baixa cobertura (LP-WGS). DNAs de alto peso molecular foram extraídos de folhas de um indivíduo por espécie, como descrito a seguir: folhas de cada espécie foram maceradas em N_2 líquido; 1 a 3 gramas de macerado de cada acesso foi então adicionado a 5 ml de tampão de extração (TE) contendo álcool isoamílico, CTAB, EDTA e clorofórmio. Após, a suspensão resultante foi vortexada e centrifugada, sendo os sobrenadantes isolados, e nestes foi adicionado isopropanol absoluto. Após repouso a -20°C, foram feitas novas centrifugações, descartando os sobrenadantes e reservando os pellets. Estes foram lavados 2x a 4x com etanol 70% e secados e ressuspendidos em de tampão de eluição + RNAse. Após, foram incubados a 37°C para degradação de RNAs remanescentes. Foi feita adição extra de EDTA ao processo com base em Munch et al. (2019) para dissolver cristais de oxalato de cálcio que interferiam na quantificação de DNA via espectrofotometria. Os DNAs foram enviados para sequenciamento pela empresa Azenta em plataforma Illumina na configuração 2x 150bp. As bibliotecas de sequenciamento foram inicialmente submetidas a remoção de bases de baixa qualidade e de adaptadores com o software fastp. Subsequentemente, as bibliotecas foram mapeadas contra o genoma de *V. planifolia* com o software bwa-mem. A chamada de variantes, SNPs e Indels, foi feita com bcftools mpileup e call. Bcftools foi também usado para remover variantes de baixa qualidade e com excesso de dados perdidos. Plink foi usado para remover SNPs com alta correlação/ligação e para computar a distância genética e o PCA. Os resultados foram graficamente visualizados em R. Foi produzida uma filogenia preliminar, que resolveu relações conhecidas entre algumas das espécies, mas com menor precisão para grupos mais basais. Novos tratamentos são planejados com os dados, juntamente à adição de dados já publicados de outros autores.

Palavras-chave: *Vanilla; LP-WGS; Whole genome sequencing*

Agradecimentos: CAPES

Efeito do sombreamento na metilação do DNA de mudas de *Euterpe edulis* Mart.

Jônatas Gomes Santos[1], Isabella Sobreira Alexandre Assis[1], Aléxia Gonçalves Pereira[1], Shamara Cristina Paiva Felisberto[1], Anamaria Rissi Vargas[1], Brunno de Oliveira Penna[2], Marcia Flores da Silva Ferreira[1], Adésio Ferreira[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, Espírito Santo, Brasil; e-mail: gomesjonatas21@gmail.com.
[2]Crop Decision - Pesquisa e Desenvolvimento de Produtos, Maringá, Paraná, Brasil;

RESUMO

Euterpe edulis, conhecida com palmeira juçara é nativa da Floresta Atlântica e apresenta grande potencial econômico e nutricional. Entretanto, esta espécie apresenta limitações para estabelecimento de mudas em plantios comerciais devido a sua baixa tolerância a estresses bióticos e abióticos. Sendo assim, entender modificações epigenéticas podem auxiliar no melhoramento genético da espécie. Diante disso, este estudo investigou como diferentes condições de cultivo (irrigação e três níveis de sombreamento) influenciaram os padrões de metilação global do DNA em mudas de juçara. A maior taxa de metilação foi observada nas plantas submetidas ao menor nível de sombreamento (25%) para o tratamento sem irrigação com valores acima de 80% de 5-mC. Para as porcentagens de cobertura de 50% e 75% houve variação tanto entre dos tratamentos, quanto dentro de cada um deles. Os resultados demonstraram que o sombreamento exerceu efeito significativo (p = 0,000183), com as maiores taxas de metilação registradas sob menor sombreamento (25%), revelando uma resposta adaptativa ao estresse. A irrigação isoladamente não mostrou influência significativa. Os achados indicam que a modulação epigenética através do manejo do sombreamento pode representar uma estratégia promissora para o cultivo e conservação desta espécie.

Palavras-chave: 5-metilcitosina; Epigenética; Sombreamento.

INTRODUÇÃO

Euterpe edulis é nativa da Floresta Atlântica, popularmente conhecida como palmeira juçara. Esta espécie apresenta o status de ameaçada de extinção devido ao desmatamento e à exploração ilegal do seu palmito que resulta na morte da planta (MARTINELLI e MORAES, 2013). Apesar disso, a espécie apresenta um potencial bioeconômico para diferentes setores, como por exemplo, o alimentício e farmacêutico, uma vez que seus frutos apresentam características físicas e nutricionais interessantes, como alto teor de ácidos graxos, minerais, fibras, antocianinas, flavonoides e ácidos fenólicos (SCHULZ et al., 2016; CARVALHO et al., 2020). Estas caractetísticas podem ser utilizada como uma estratégia de conservação pelo uso, tornando-a um atrativo para ascensão no mercado da fruticultura (SCHULZ et al., 2016).

Considerando o potencial que a espécie apresenta, faz-se necessário viabilização do uso comercial para garantir a conservação da espécie, de modo a

possibilitar o plantio em grande escala. Entretanto, a expansão do cultivo de *E. edulis* para diferentes regiões do Brasil esbarra em diversos fatores que ainda dificultam o plantio, entre eles, informações sobre o manejo adequado e estabelecimento de mudas (SANTOS et al., 2007). Diferente do Açaí da Amazônia (*Euterpe oleracea*) que apresenta maior rusticidade, a palmeira juçara requer condições de plantio adequada, principalmente no que diz respeito a tolerância a estresses bióticos e abióticos. Neste sentido, estabelecer condições ideais para o cultivo e compreender os mecanismos que conferem tolerância aos estresses ambientais em *E. edulis* são fundamentais, visto que ainda não estão determinadas (CANAL et al., 2023).

As plantas possuem diferentes tipos de mecanismos para tolerância a estresse. Caracterizá-los epigeneticamente possibilita estimar a contribuição relativa de ambos os processos na formação dos fenótipos observados (MARTINS, 2018). Os estudos epigenéticos permitem avaliar como o manejo e os estresses bióticos e abióticos que plantas são submetidas durante os estádios iniciais de desenvolvimento podem alterar o padrão de expressão gênica sem promover modificações na sequência de DNA (AZIZ; BAROZAI, 2018). As alterações na sequência de DNA modulam a expressão de genes através de metilação do DNA, que consiste na ligação de um grupo metil (-CH3) na citosina em contextos simétricos, CG e CHG; e assimétricos, CHH (onde H é qualquer nucleotídeo exceto G), realizada por uma família de enzimas chamadas DNA metiltransferases (LUCIBELLI et al., 2022).

Diante disso, compreender os efeitos das modificações epigenéticas torna-se, essencial para estratégias de melhoramento genético voltadas à tolerância e adaptação a estresses ambientais, uma vez que diferentes respostas ao ambiente podem ser moduladas por alterações químicas e estruturais no DNA, que influenciam a ativação ou o silenciamento de genes (SAHU et al., 2013). Para isso, experimentos que buscam avaliar a influência de fatores como a irrigação e o sombreamento em condições de plantio são fundamentais para os avanços no estabelecimento de estratégias e técnicas que otimizem o desenvolvimento inicial da palmeira juçara. Neste sentido, objetivou-se neste trabalho, avaliar o efeito da irrigação e do sombreamento na variação da 5-mC global de mudas de *Euterpe edulis*.

METODOLOGIA

Área Experimental

A instalação do experimento foi realizada na área experimental da Universidade Federal do Espírito Santo, no Campus de Alegre, localizado no distrito de Rive, ES. O local de implantação possui declividade média de 20% caracterizando o relevo com ondulado. O estudo foi conduzido em esquema fatorial 2 × 3, avaliando dois fatores: Irrigação (2 níveis): com irrigação e sem irrigação; sombreamento (3 níveis): 25%, 50% e 75% de sombreamento (utilizando telas comerciais *Sombrite*). O delineamento adotado foi o de blocos casualizados (DBC), com 8 repetições por tratamento, totalizando 64 mudas. As parcelas foram distribuídas aleatoriamente dentro de cada bloco. O transplantio das mudas seguiram o arranjo espacial de covas individuais e um espaçamento de 1,0 m entre as plantas e 1,5 m entre as linhas. O desenvolvimento das plantas foram monitorados mensalmente durante o período de 20/12/2023 a 30/09/2024, totalizando 286 dias.

Análise de Metilação da 5-mC Global do DNA

Foram coletadas uma folha por muda de *Euterpe edulis* em casa de vegetação, antes de serem transplantadas no campo e depois de 240 dias de transplantio (8 meses). A extração de DNA genômico foi realizada a partir 80 mg de folhas liofilizadas utilizando o método de brometo de cetiltrimetilamônio (CTAB) de Doyle e Doyle (1990), com modificações (Carvalho et al., 2020; Ferreira e Grattaplaglia, 1998). O DNA purificado foi então quantificado no NanoDrop®, e as amostras que apresentaram uma razão 260/280 nm entre 1,8 e 2,0 foram selecionadas para as etapas seguintes.

Para a determinação do conteúdo global de metilação, 30 µg de DNA foram utilizados por amostra de material biológico. O DNA foi dissolvido em 100 µL de água ultrapura, seguido pela adição de 50 µL de ácido perclórico (70% v/v). A mistura foi aquecida a 100 °C durante 60 minutos. Após o aquecimento, o pH foi ajustado para o intervalo de 3 a 5 utilizando solução de KOH 1 M, e as amostras foram centrifugadas a 10.000 rpm por 5 minutos. O sobrenadante foi transferido para um novo microtubo, e 200 µL de água ultrapura foram adicionados para diluir o DNA residual presente no precipitado. As amostras foram centrifugadas novamente a 10.000 rpm por 5 minutos, e o sobrenadante foi transferido para outro tubo, sendo então seco em um Concentrador Plus Eppendorf® sob vácuo por 5 horas.

As amostras secas foram ressuspendidas em 100 µL de água ultrapura, centrifugadas a 10.000 rpm por 5 minutos. Após a centrifugação, as amostras foram transferidas para frascos com inserts para análise em cromatografia líquida de alta performance (HPLC), utilizando uma coluna de aço inoxidável Zorbax Eclipse XDB-C18 (4,6 × 250 mm, partícula de 5 µm; Agilent, Santa Clara, EUA). A análise foi realizada em comprimento de onda de 270 nm, com vazão de 0,5 mL/min.

A porcentagem de 5-metilcitosina (5mC) no DNA foi calculada para determinar a metilação, conforme a fórmula:

$$\%5mC = \left[\frac{A5mC}{(A5mC + AC)}\right] \times 100$$

onde A5mC é a área do pico correspondente à 5mC e AC é a área do pico correspondente à citosina.

As análises estatísticas foram executadas no software RStudio (POSIT TEAM, 2025). Cada característica foi examinada de forma independente para determinar a influência de diversos fatores ambientais e de manejo, assim como suas interações. Foram realizadas análises de variância (ANOVA) e Tukey utilizando-se os pacotes 'ExpDes.pt' (FERREIRA et al., 2021) e 'Agricolae' (DE MENDIBURU, 2023).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de porcentagem de metilação global do DNA mostrou uma variação entre os tratamentos testado. A maior taxa de metilação foi observada nas plantas submetidas ao menor nível de sombreamento (25%) para o tratamento sem irrigação com valores acima de 80% de 5-mC (figura 1). Este aumento no valor de 5-mC pode estar relacionado a uma resposta genética da planta quando submetida ao estresse hídrico e térmico como relatado por Shilpa et al. (2024), que em seu estudo, observou que as plantas sob condições de estresse hídrico apresentam níveis significativamente maior de citosinas metiladas.

O segundo maior valor de metilação foi observado nas plantas com menor nível de sombreamento (25%) com irrigação. Para as porcentagens de cobertura de 50% e 75% houve variação tanto entre dos tratamentos, quanto dentro de cada um deles (figura 1). Entretando, importante observar que no tratamento não irrigado, todos os valores foram superiores ao tratamento irrigado, evidenciando a importância irrigação para o desenvolvimento de mudas. A espécie *Euterpe edulis* é endêmica da Mata Atlântica que apresenta uma temperatura no período mais quente com valores variando de 16,8 ºC a 25,5 ºC (GOTARDO et al., 2019), além disso, as mudas em crescimento dentro das matas contam com a cobertura da grandes árvores, que diminui significativamente a incidência solar.

A metilação do DNA diante da condição que a planta foi exposta pode atuar diretamente na regulação, modulação e expressão de genes importantes (TALARICO et al., 2024). Esse processo desempenha um papel na capacidade da planta de adaptar suas respostas genéticas aos estressores específico, de modo que possa sobreviver e reproduzir sob condições ambientais adversas (SHILPA et al., 2024; TALARICO et al., 2024).

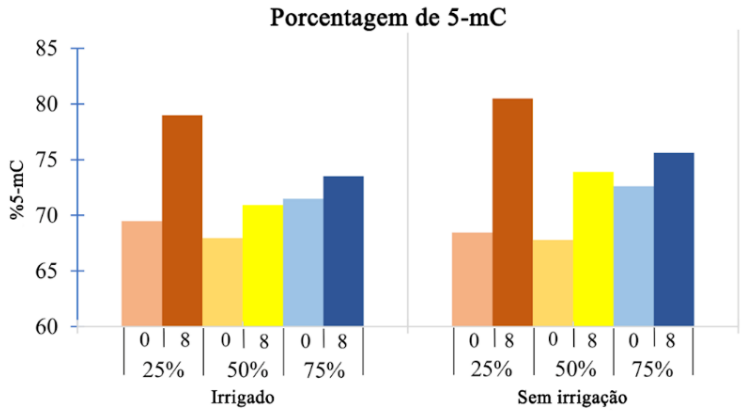


Figura 1. Porcentagem de 5 -mC no DNA de mudas de *Euterpe edulis* plantadas sob diferentes tipos de sombreamento e condição de irrigação.

A análise de variância para metilação oitos meses após o plantio indicou que o sombreamento teve um efeito significativo na metilação das amostras ($p = 1,83 \times 10^{-4}$), enquanto os efeitos dos sistemas de irrigação (irrigado e não irrigado) ($p = 0,14$) e da interação sistema x sombreamento ($p = 0,89$) não foram significativos (Tabela 1). A comparação entre o sombreamento de 50% e 25% e 75% e 25% foram significativas $p = 1,9 \times 10^{-4}$ e $p = 4,74 \times 10^{-3}$, respectivamente (Tabela 1). No entanto, a comparação entre o sombreamento de 75% e 50% não foi significativa ($p = 0.36$), indicando que a metilação não difere de forma significativa entre esses dois níveis de sombreamento (Tabela 1). Em relação a irrigação, não houve diferenças significativas entre irrigado e não irrigado para a metilação ($p = 0,14$) (Tabela 1).

De forma geral, os níveis de metilação encontrados neste estudo foram altos em comparação com o observado em outras espécies. Isso pode indicar um nível de regulação epigenética muito forte em mudas de 3 anos de idade de *E. edulis*, que pode ser uma característica adaptativa da espécie a diferentes condições ambientais. No entanto, a redução da metilação nas mudas sob 50% e 75% de sombreamento pode refletir uma maior plasticidade epigenética, permitindo maior flexibilidade na adaptação

local. Além disso, a maior porcentagem de cobertura pode ter influenciado na diminuição do extresse térmico causado pela incidência da luz solar sob as mudas de *Euterpe edulis.*

Tabela 1. Análise de variância das dos tratamento utilizados na germinação de mudas de *Euterpe edulis* sob diferentes condições de sombreamento e irrigação.

FV	GL	SQ	QM	Fc	p-valor
Sistema (F1)	1	36,7	36,7	2,2	0,14
Sombreamento (F2)	2	364	181,9	11,2	$1,83 \times 10^{-4}$
Interação F1*F2	2	3,5	1,73	0,1	0,89
Resíduo	34	552,2	16,2		

CONCLUSÃO

Os resultados demonstraram que o sombreamento é o principal fator que influencia a metilação do DNA em mudas de *Euterpe edulis*. A maior taxa de metilação, observada sob menor sombreamento, sugere que essa é uma resposta adaptativa ao estresse. Embora a irrigação não tenha tido efeito significativo, houve uma variação na metilação em geral indicando que pode haver uma influência epigenética. De modo geral, a metilação é um fator que pode estar influenciando na adaptação de *Euterpe edulis* as diferentes condições ambientais.

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

O apoio financeiro a este estudo foi fornecido pelo Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq, Brasil); Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Brasil)—Código de Financiamento 001, a Fundação de Amparo à Pesquisa do Espírito Santo (FAPES, Vitória—ES, Brasil), e ao Fundo Nacional de Biodiversidade – FUNBIO – chamada nº16/2023.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

BAROZAI, M. Y. K.; AZIZ, A. N. Recent plant growth and stress management related significant advancements in epigenetics. **Annals of Agrarian Science**, v. 16, n. 4, p. 416 421, 2018. DOI:10.1016/j.aasci.2018.07.002

CANAL, G. B.; OLIVEIRA, G. F.; ALMEIDA, F. A. N.; PÉRES, M. Z.; MORO, G. L. J.; OLIVEIRA, W. B. S.; AZEVEDO, C. F.; NASCIMENTO, M.; FERREIRA, M. F. da S.; FERREIRA, A. Genomic studies of the additive and dominant genetic control on production traits of Euterpe edulis fruits. **Scientific Reports**, v. 13, p. 9795, 16 jun. 2023. DOI: 10.1038/s41598-023-36970-z.

CARVALHO, M. S.; FERREIRA, M. F. S.; OLIVEIRA, W. B. S.; MARÇAL, T. S.; GUILHEN, J. H. S.; MENGARDA, L. H. G.; FERREIRA, A. Genetic diversity and population structure of *Euterpe edulis* by REML/BLUP analysis of fruit morphology and microsatellite markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Campinas: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas, v. 20, n. 4, 2020. DOI: 10.1590/1984 70332020v20n4a61.

CHEONG, J.-J. Genetic and Epigenetic Changes in Plants in Response to Abiotic Stress. **Genes**, v. 12, n. 10, 1603, 2021. DOI: 10.3390/genes12101603.

DE MENDIBURU, F. (2023). *agricolae: Statistical Procedures for Agricultural Research*. R package version 1.3-7. https://CRAN.R-project.org/package=agricolae

FENG,S.; JACOBSEN, S.E. Epigenetic modificationsinplants: An evolutionary perspective. Curr. Opin. **Plant Biol**. 2011, 14, 179–186.

FERREIRA, E. B., CAVALCANTI, P. P., & NOGUEIRA, D. A. (2014). ExpDes: An R Package for ANOVA and Experimental Designs. *Applied Mathematics*, 5(19), 2952–2958. https://doi.org/10.4236/am.2014.519280

GOTARDO, R. et al. Comparação entre variáveis microclimáticas de local aberto e florestal em um bioma da Mata Atlântica, sul do Brasil. **Ciência Florestal**, Santa Maria, v. 29, n. 3, p. 1415-1427, jul./set. 2019. DOI: https://doi.org/10.5902/1980509834832.

LUCIBELLI, F.; VALOROSO, M. C.; ACETO, S. Plant DNA methylation: an epigenetic mark in development, environmental interactions, and evolution. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 23, n. 15, p. 8299, jul. 2022. DOI: 10.3390/ijms23158299.

MARTINS, A. A. Caracterização da diversidade epigenética de cana-de-açúcar via MSAP (Methylation sensitive amplification polymorphism). Jaboticabal, 2018, v. 60, p. 29.

Posit Team (2025). *RStudio: Integrated Development Environment for R*. Posit Software, PBC, Boston, MA. URL https://www.posit.co/

REIS, M. S.; FANTINI, A. C.; NODARI, R. O.; REIS, A.; GUERRA, M. P.; MANTOVANI, A. Management and Conservation of Natural Populations in Atlantic Rain Forest: The Case Study of Palm Heart (Euterpe edulis Martius). **Biotropica**, v. 32, n. 4b, p. 894–902, 2000.

SAHU, P.; PANDEY, G.; SHARMA, N.; PURANIK, S.; MUTHAMILARASAN, M.; PRASAD, M. Epigenetic mechanisms of plant stress responses and adaptation. **Plant Cell Reports**, v. 32, n. 8, p. 1151-1159, 2013.

SCHULZ, M.; BORGES, G. S. C.; GONZAGA, L. V.; COSTA, A. C. O.; FETT, R. Juçara fruit (Euterpe edulis Mart.): Sustainable exploitation of a source of bioactive compounds. **Food Research International**, v. 89, p. 14–26, 2016. DOI:https://doi.org/10.1016/j.foodres.2016.07.027.

SHILPA et al. Regulação epigenética de respostas abióticas ao estresse em plantas. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - General Subjects**, v. 1868, n. 9, 130661, set. 2024. DOI: 10.1016/j.bbagen.2024.130661.

WANG, W. S. et al. Drought-induced site-specific DNA methylation and its association with drought tolerance in rice (Oryza sativa L.). **Journal of Experimental Botany**, v. 62, n. 6, p. 1951-1960, 2011.

Compostos bioativos em *Coffea canephora*: variabilidade e funcionalidade

Lidiane dos Santos Gomes Oliveira[1], Mariana Rodrigues Lugon Dutra[1], Diego Pereira do Couto[1], Matheus Alves Silva[1], Jônatas Gomes Santos[1], Ramon Azevedo Braz[1], Fabiano Tristão Alixandre[1], Rodrigo da Silva Dias[1],Marcia Flores Ferreira[1],Adesio Ferreira[1].

Filiação: [1]Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, Espírito Santo, Brasil; e-mail: lidianegomes31@gmail.com, correspondente.

RESUMO

Este estudo teve como objetivo caracterizar a diversidade de cafeína, trigonelina e ácidos clorogênicos em genótipos de Coffea canephora e analisar suas relações químicas. Os grãos verdes de genótipos selecionados com base em produtividade e qualidade sensorial foram submetidos à extração aquosa e análise por HPLC. Os resultados revelaram ampla variabilidade nos teores dos compostos: cafeína, trigonelina e ácidos clorogênicos. A cafeína mostrou maior estabilidade, enquanto a trigonelina e os ácidos clorogênicos apresentaram maior sensibilidade ambiental. Correlações positivas e negativas entre os metabólitos sugerem interações metabólicas complexas. A análise de agrupamento permitiu identificar genótipos com perfis distintos, indicando potencial para diferentes aplicações, como cafés funcionais ou com maior complexidade sensorial. Conclui-se que a variabilidade química observada oferece oportunidades para o melhoramento genético visando qualidade e valor agregado.

Palavras-chave: HPLC; Metabólitos; Melhoramento genético.

INTRODUÇÃO

O café desempenha um papel crucial na economia mundial, sendo uma das culturas mais produzidas e consumidas globalmente (Huded *et al*., 2020). O Brasil, é o maior produtor e exportador de café e o terceiro maior consumidor mundial. (USDA, 2023). É também o segundo maior produtor de *C. canephora*, com cerca de 65,5% da produção nacional de Conilon (MAPA, 2024).

A busca por valorizar o conilon não apenas pela sua participação no volume produzido, mas também pela possibilidade de explorar sua diversidade genética e química, está ampliando o interesse científico e industrial sobre a espécie, que passa a ser vista não apenas como complemento ao café arábica, mas como fonte de compostos que podem agregar valor funcional e sensorial à bebida (Baqueta *et al*., 2024).

Os compostos bioativos presentes nos grãos de café, como cafeína, trigonelina e ácidos clorogênicos, exercem papéis essenciais tanto na planta quanto no consumo humano. A importância desses compostos tem sido reforçada por diferentes estudos que evidenciam seu papel no sabor, aroma e nas propriedades funcionais da bebida (Awwad *et al*., 2021; Nguyen *et al*., 2024).

A caracterização química de *Coffea canephora* em grãos verdes é apontada como fundamental, pois permite compreender a variabilidade genética associada à

síntese desses compostos e possibilita a seleção de materiais superiores para programas de melhoramento (Francisco *et al*., 2024). Essa variabilidade representa não apenas uma oportunidade para atender às demandas do mercado consumidor, cada vez mais voltado para produtos diferenciados, mas também para o desenvolvimento de cafés funcionais que unam qualidade sensorial e benefícios à saúde. Portanto, este estudo tem como objetivo caracterizar os teores de cafeína, trigonelina e ácidos clorogênicos em genótipos de *Coffea canephora* e analisar as correlações e variabilidade entre esses compostos bioativos.

METODOLOGIA

O experimento foi instalado em Mimoso do Sul, as mudas, plantadas em abril de 2018, seguiram um delineamento experimental de bloco aumentado de Federer, com espaçamento de 2,5 metros entre linhas e 1,0 metro entre plantas. A seleção dos genótipos para esta análise levou em consideração critérios específicos, incluindo produção total da planta, pontuação na análise sensorial, retenção de grãos em peneiras de tamanho 17+, origem das plantas matrizes, precocidade de maturação e potencial produtivo visualizado em campo. Esses critérios garantirão uma seleção abrangente, abordando diferentes aspectos de produtividade, qualidade e características desejadas nos genótipos.

Os frutos foram coletados, submetidos à secagem e pilados para obtenção dos grãos analisados. Para a extração aquosa, 1 grama da amostra moída foram pesados e submetidos a lixiviação com 20 mL de água ultrapura a aproximadamente 100°C, sob pressão atmosférica e sem agitação. Os grãos moídos foram então submetidos a filtração utilizando filtros de papel qualitativo (80G) com diâmetro de 15 cm. Este processo foi repetido cinco vezes para garantir a eficácia da extração. Após cada extração, o extrato foi filtrado utilizando filtros de papel qualitativo e, em seguida, filtrado novamente com um filtro de seringa de PTFE (0,45 µm) para assegurar a pureza do extrato. Esse procedimento seguiu a metodologia de Do Carmo *et al*. (2022), com modificações. Após a filtração, o extrato foi preparado para análise por Cromatografia Líquida de Alta Eficiência (HPLC).

Para a análise de HPLC, foram utilizados padrões de cafeína, ácido clorogênico e trigonelina. O padrão de cafeína foi adquirido da Sigma-Aldrich, com pureza de 98%, e o ácido clorogênico foi obtido como ácido 5-cafeoilquínico, com pureza superior a 95%. O padrão de trigonelina foi 1-metilpiridinium-3-carboxilato monoidrato. A fase móvel foi composta por metanol, água e ácido acético, sendo a água obtida por sistema de purificação Milli-Q. As fases móveis foram filtradas e degaseificadas antes de serem usadas.

A quantificação dos compostos foi realizada em um cromatógrafo Shimadzu com coluna C18 e detector UV/Visível. A separação foi realizada utilizando uma fase móvel de metanol, água e ácido acético (20:80:1), com um volume de injeção de 20 µL, fluxo de 1 mL/min e temperatura de 30°C. Os comprimentos de onda para detecção foram 328 nm para ácidos clorogênicos, 272 nm para cafeína e 260 nm para trigonelina. A análise foi realizada em triplicata e a quantificação foi feita por padronização externa com curvas analíticas de 6 pontos, abrangendo intervalos de 10-60 µg/mL para cafeína, 1-30 µg/mL para trigonelina e 1-60 µg/mL para 5-CQA. Através dessas curvas, foram definidos os limites de detecção (LOD) e os limites de quantificação (LOQ) para os compostos.

Os dados de cafeína, trigonelina e ácido clorogênico foram submetidos análise de variância (ANOVA) para cada composto. Análises de correlação de Pearson foram realizadas para avaliar as relações entre os teores dos diferentes metabólitos, sendo apresentado no heatmap. Além disso, foi feito um agrupamento dos genótipos conforme seus perfis metabólicos. Para a análise foi utilizado os pacotes ggplot2, dplyr e reshape2 para visualização gráfica dos resultados. Todas as análises foram conduzidas utilizando o software R (R CORE TEAM, 2025).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A caracterização metabólica dos grãos de *Coffea canephora* revelou ampla variação nos teores de cafeína, trigonelina e ácidos clorogênicos entre os genótipos avaliados, confirmando a relevância do controle genético sobre a síntese e acúmulo desses compostos. Francisco *et al*. (2024), também observaram ampla variabilidade em estudos com *C. canephora* da Amazônia, para os mesmos compostos metabólicos.

A Tabela 1 apresenta os valores médios observados, evidenciando que a cafeína apresentou menor amplitude de variação (947,33 – 1831,08 mg/g) enquanto a trigonelina (163,83 - 413,33 mg/g) e os ácidos clorogênicos (797,79 – 1512,92 mg/g) exibiram variações mais de três vezes de diferença, refletindo maior sensibilidade às condições ambientais.

Tabela 1- Teores médios de cafeína, trigonelina e ácido clorogênico em genótipos de *Coffea canephora*.

Genótipo	Cafeína (mg/g)	Trigonelina (mg/g)	Ácido Clorogênico (mg/g)
104_4	947,33	218,50	797,79
129_5	1263,25	261,17	858,27
135_3	1339,42	330,25	2863,64
145_1	1831,08	413,33	1512,92
329_5	1402,50	163,83	1019,68

Entre os genótipos avaliados, o 135_3 destacou-se pelo elevado teor de ácidos clorogênicos (2863,64 mg/g), o que caracteriza como potencial para o uso de infusão de cafés verdes, bebdida muito consumida em virtude do potencial antioxidante associado a esse composto. Já o 145_1 apresentou os maiores teores de cafeína (1831,08 mg/g) e trigonelina (413,33 mg/g), indicando potencial para contribuir com diversos alimentos, bebidas e suplementos, além de maior complexidade aromática após a torra. Em contrapartida, o genótipo 104_4 apresentou os menores teores de cafeína e ácidos clorogênicos, podendo ser direcionado para usos específicos ou servir como base em estratégias de cruzamento que priorizem outras características agronômicas.

A cafeína destacou-se como o biomarcador mais estável entre os genótipos, o que pode ser explicado por sua função adaptativa essencial na planta, atuando na defesa contra insetos e patógenos. No entanto, evidências mostram que, embora estável durante a torra, o teor de cafeína no grão verde é significativamente influenciado pela interação entre genótipo e ambiente de cultivo (Francisco *et al*., 2024), conferindo maior conservação de seus níveis mesmo diante de variações ambientais. Esses resultados reforçam que a cafeína tende a manter-se estável, enquanto os ácidos clorogênicos sofrem maior influência do ambiente. Alguns genótipos apresentaram

elevados teores de trigonelina, indicando potencial para formação de compostos aromáticos durante a torra. É um precursor de piridinas, substâncias responsáveis por notas aromáticas características do café torrado, tornando-o importante para a qualidade sensorial.

Observou-se associação positiva entre cafeína e trigonelina (r = 0,679), sugerindo que parte da variação nesses compostos pode estar associada a rotas metabólicas convergentes no grão de café (Figura 1). Em contrapartida, a correlação negativa entre trigonelina e ácidos clorogênicos indica uma possível compensação metabólica, em que o direcionamento do carbono e energia para determinada rota limita a síntese de outra. Embora Francisco *et al*. (2024) tenham observado que trigonelina e clorogênicos podem responder de forma similar aos fatores genéticos e ambientais em alguns genótipos, a correlação negativa aqui encontrada revela que essa relação pode ser antagônica em determinadas populações, um achado relevante para programas de melhoramento.

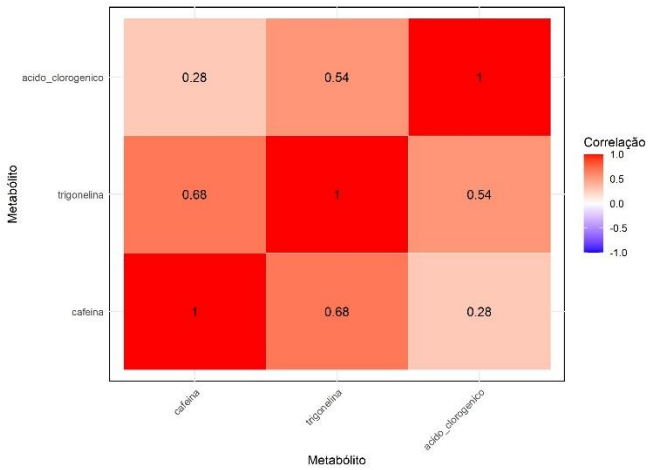


Figura 1- Correlação entre os teores de cafeína, trigonelina e ácidos clorogênicos em genótipos de *Coffea canephora*.

Os ácidos clorogênicos destacam-se por suas funções antioxidantes, anti-inflamatórias e de modulação metabólica, o que ajuda a explicar sua maior variabilidade entre os genótipos e sua relevância para cafés funcionais (Nguyen *et al*., 2024).

A Figura 2 permitiu identificar grupos de genótipos com perfis metabólicos semelhantes. Essa separação é estratégica para direcionar materiais tanto para cafés com maior apelo por compostos antioxidantes, associados a potenciais benefícios funcionais, quanto para cafés especiais, ligados à complexidade aromática derivada da trigonelina.

Além da importância agronômica e sensorial, os compostos bioativos avaliados apresentam relevância funcional para a saúde humana, Nguyen *et al*. (2024) reforçam que os ácidos clorogênicos exercem funções antioxidantes, anti-inflamatórias e de modulação metabólica. A cafeína, por sua vez, é reconhecida por seus efeitos estimulantes e tem sido estudada como moduladora do sistema purinérgico, com impacto na prevenção de doenças neurodegenerativas (Stefanello *et al*., 2019). Já a trigonelina apresenta propriedades hipoglicemiantes e neuroprotetoras, ampliando sua importância para além do impacto no aroma da bebida.

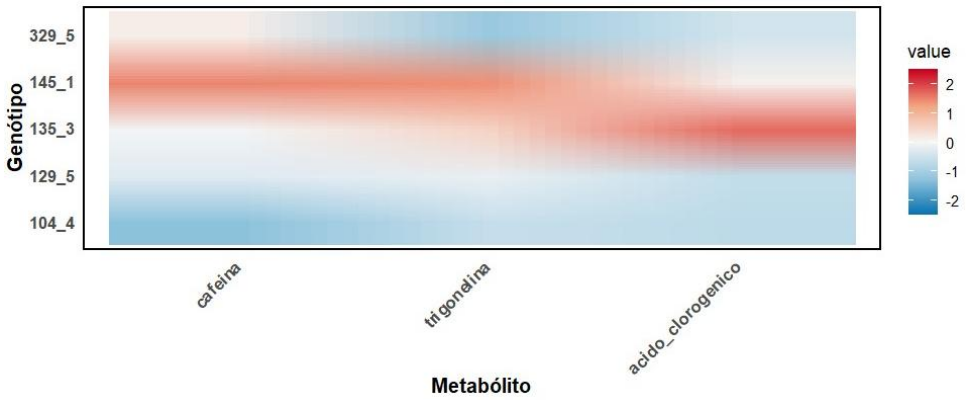


Figura 2- Análise de agrupamento dos teores de cafeína, trigonelina e ácidos clorogênicos em genótipos de *Coffea canephora*.

Os resultados reforçam que a seleção de genótipos superiores deve considerar a interação genótipo x ambiente (G x E), pois o desempenho de um material genético é dependente do local de cultivo (Francisco *et al*., 2024). Portanto, a variação química identificada entre os genótipos não apenas influencia a qualidade do café, mas também sua relevância como alimento funcional.

CONCLUSÃO

A análise química dos genótipos de *Coffea canephora* revelou diferenças nos compostos bioativos. O 135_3 destacou-se pelos elevados teores de ácidos clorogênicos, associados ao potencial antioxidante. Já o 145_1 apresentou as maiores concentrações de cafeína e trigonelina, indicando relevância para bebidas com maior efeito estimulante e complexidade aromática. Em contraste, o 104_4 apresentou baixos teores dos compostos avaliados. Esses resultados evidenciam a importância da diversidade química do conilon para seleção de genótipos, visando qualidade sensorial, funcionalidade e agregação de valor à cadeia produtiva.

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

O apoio financeiro a este estudo foi fornecido pelo Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq, Brasil); Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Brasil)—Código de Financiamento 001, a Fundação de Amparo à Pesquisa do Espírito Santo (FAPES, Vitória—ES, Brasil).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AWWAD, S.; ISSA, R.; ALNSOUR, L.; ALBALS, D.; AL-MOMANI, I. Quantification of Caffeine and Chlorogenic Acid in Green and Roasted Coffee Samples Using HPLC-DAD and Evaluation of the Effect of Degree of Roasting on Their Levels. Molecules, v. 26, p.24, p.7502, 2021.

BAQUETA, M.R.; DINIZ, P.H.G.D.; PEREIRA, L.L.; ALMEIDA, F.L.C.; VALDERRAMA, P.; PALLONE, J.A.L. An overview on the Brazilian Coffea canephora scenario and the current chemometrics-based spectroscopic research. Food Research International, v. 194, 2024.

DO CARMO, L. B.; BENINCÁ, D. B.; GRANCIERI, M.; PEREIRA, L. V.; LIMA FILHO, T.; SARAIVA, S. H.; SILVA, P. I; OLIVEIRA, D. S.; COSTA, A. G. V. Green Coffee Extract Microencapsulated: Physicochemical Characteristics, Stability, Bioaccessibility, and Sensory Acceptability through Dairy Beverage Consumption. International Journal of Environmental Research and Public Health, v. 19, n. 20, 2022.

FRANCISCO, J.S.; ALMEIDA, I.F.; PORTELA, C.S.; ALVES, E.A. Teores de trigonelina, cafeína e ácidos clorogênicos em cafés Coffea canephora híbridos intervarietais naturais cultivados na Amazonia Ocidental. Revista observatorio de la economia latinoamericana, v.22, n.7, p. 01-18. 2024.

HUDED, A. K. C.; JINGADE, P.; BYCHAPPA, M.; MISHRA, M. K. Genetic diversity and population structure analysis of Coffee (Coffea canephora) Germplasm Collection in India Gene Bank employing SRAP and SCoT markers. International Journal of Fruit Science, v. 20, p. 757–784, 2020.

Ministério da Agricultura e Pecuária. Sumário executivo: café – novembro de 2024. Brasília, DF: Secretaria de Política Agrícola, Departamento de Análise Econômica e Políticas Públicas, Coordenação-Geral de Políticas Públicas, 2024.

NGUYEN, V.; TAINE, E.G.; MENG, D.; CUI, T.; TAN, W. Chlorogenic Acid: A Systematic Review on the Biological Functions, Mechanistic Actions, and Therapeutic Potentials. Nutrients, v. 16, n. 7, p. 924, 2024.

RSTUDIO TEAM. RStudio: Integrated Development for R. RStudio, PBC, Boston, 2022.

STEFANELLO, N.; SPANEVELLO, R.M.; PASSAMONTI, S.; PORCIÚNCULA, L.; BONAN, C.D.; OLABIYI, A.A.; TEIXEIRA DA ROCHA, J.B.; ASSMANN, C.E.; MORSCH, V.M.; SCHETINGER, M.R.C. Coffee, caffeine, chlorogenic acid, and the purinergic system. Food Chem Toxicol, v. 123, p. 298-313, 2019.

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. Production, Supply and Distribution (PSD) on line. Disponível em: https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/advQuery. Acesso em: 17 set. 2025

Identificação e Caracterização da Família de Genes SnRK em *Coffea canephora*

Vinicius Sartori Fioresi[1], *Adésio Ferreira*[1], *Marcia Flores da Silva Ferreira*[1]

Filiação: [1] Laboratório de Genética e Melhoramento de Plantas, Departamento de Agronomia, Centro de Ciências e Engenharia Agrícolas, Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, ES, Brasil. vinicius_fioresi@hotmail.com

RESUMO

Os genes da superfamília SnRK (SNF1-related protein kinase) são reguladores-chave nas respostas das plantas a estresses e no metabolismo energético. Este estudo teve como objetivo realizar a identificação e a caracterização genômica da família de genes SnRK em café conilon (
Coffea canephora). Foram realizadas buscas por homologia, análises filogenéticas, predição de estruturas gênicas, localização subcelular e propriedades físico-químicas. Foram identificados e anotados 20 genes SnRKs em *C. canephora*. A análise filogenética permitiu classificar os genes em duas subfamílias, SnRK2, com 6 genes (30%), e SnRK3, com 14 genes (70%), nenhum gene da subfamília SnRK1 foi encontrado. As análises preditivas indicaram que a maioria das proteínas SnRKs atua no citoplasma e no cloroplasto. Este trabalho fornece a primeira caracterização da família SnRK em café, estabelecendo uma base para futuros estudos funcionais voltados ao melhoramento da cultura.

Palavras-chave: Estresse abiótico; Proteínas quinases; Filogenia.

INTRODUÇÃO

Os genes SnRKs são proteínas kinases que constituem importantes reguladores nas plantas, envolvidas no reconhecimento e transmissão de sinais ambientais (CAKMAK et al., 2012), essas proteínas são divididas em três subfamílias em plantas: SnRK1, SnRK2 e SnRK3 com base em similaridade de sequência e estruturas gênicas (Halford; Hey, 2009; Hrabak et al., 2003). A subfamília SnRK1 é relativamente pequena e está envolvida principalmente na regulação metabólica e afeta o desenvolvimento das plantas. Em *Arabidopsis thaliana*, por exemplo são descritos três genes para essa subfamíla (Hrabak et al., 2003) Além disso, o SnRK1 é semelhante ao SNF-1 de levedura, que está envolvido no metabolismo do carbono (Halford; Hey, 2009).

SnRK2 desempenha um papel importante na via de transdução de sinal ABA, estresse osmótico e no metabolismo do açúcar (Hrabak et al., 2003; Huai et al., 2008). Em *A. thaliana*, essa subfamília pode ser dividida em dois grupos com base na ativação ABA, um grupo composto por quinases ativadas por ABA e estresses hiperosmóticos (SnRK2-2, SnRK2-3, SnRK2-6, SnRK2-7, e SnRK2-8) e o outro composto por quinases ativadas apenas por condições hiperosmóticas (incluindo SnRK2-1, SnRK2-4, SnRK2-5 e SnRK2-10). Esta família de genes foi extensivamente estudada em diferentes plantas, como arroz (Kobayashi et al., 2004) milho (Huai et al., 2008) e soja, onde foram descritos 22 genes pertencentes a subfamília SnRK2 (Zhao et al., 2017). A

superexpressão de genes da subfamília SnRK2 em A. *thaliana*, *Zea mays* e *Nicotiana tabacum* é descrita como um fator para aumentar a tolerância das plantas ao sal e outros estresses principalmente por apresentares respostas tanto mediadas ou não por ABA (Feng et al., 2019; Zhang et al., 2011). Estudos de expressão gênica transitória em protoplastos, demostrou que os genes pertencentes a subfamília SnRK2s de *Arabidopsis thaliana*, exceto SnRK2.9, são rapidamente ativados por tratamento com diferentes osmólitos, como sacarose, manitol, sorbitol ou NaCl, e alguns deles também por ABA, sugerindo que essas cinases estão envolvidas em uma resposta geral ao estresse osmótico (Boudsocq; Barbier-Brygoo; Laurière, 2004; Boudsocq; Laurière, 2005).

A caracterização de genes de relevância agronômica em café é fundamental para o desenvolvimento de variedades com características desejáveis. No entanto, os genes SnRKs responsáveis por respostas das plantas a estresses e no metabolismo energético ainda são pouco explorados. Neste trabalho, objetivou-se realizar a anotação estrutural e filogenia dos genes SnRks em *coffea canephora*, com foco em identificar os candidatos envolvidos na via dos diterpenos, visando gerar conhecimento para futuros programas de melhoramento genético.

METODOLOGIA

O genoma de referência de *coffea canephor* a foi utilizado para a identificação dos genes SnRKs (Denoeud et al., 2014). Proteínas SNRks de *Arabidopsis thaliana* (Hrabak et al., 2003) foram usadas para realizar busca local usando BLAST (e-value 10^{-25}). A presença dos domínios caraterísticos foi verificada utilizando o banco de dados InterPro (https://www.ebi.ac.uk/interpro/).

O tamanho da sequência de aminoácidos (a.a.), o ponto isoelétrico teórico (pI) e o peso molecular (kDa) das sequencias foram estimados pela ferramenta compute pI/Mw no ExPASy (Artimo et al., 2012). A predição de localização subcelular obtida no banco de dados WoLF PSORT (http://wolfpsort.hgc.jp/) (Horton et al., 2007). Para identificar motivos conservados das proteínas SnRKs anotadas, utilizou-se o Multiple Expectation Maximization for Motive Elicitation (MEME) (http://meme.sdsc.edu/meme/itro.html) (BAILEY et al., 2009), utilizandoos seguintes parâmetros: número de repetições = qualquer, número máximo de motivos = 20; e comprimento ótimo do motivo = 6 a 100 resíduos de aminoácidos. A partir das proteínas anotadas foram identificadas as posições, os tamanhos e o número de éxons e íntrons de cada gene SnRK. As estruturas éxon-íntron dos genes analisados usando o Gene Structure Display Server (GSDS: http://gsds.cbi.pku.edu.ch) (HU et al., 2015). Posteriormente os arquivos gerados foram importados para o TBtools para visualização (Chen et al., 2020)

As sequências SnRKs identificadas neste estudo foram alinhadas utilizando o programa MAFFT v. 7.4 (Katoh et al., 2002), juntamente com sequencias de *A. thaliana*, *Eucalyptus grandis*, com os parâmetros blossum 62 e thread 20. Foi construído um alinhamento de sequência que foram utilizados para construir a árvore filogenética no programa IQ-TREE com o método de máxima verossimilhança (ML) com 1000 bootstrap (Nguyen et al., 2015) e a edição realizada em iTol (Letunic; Bork, 2021).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram anotados 20 gemes da família de SnRKs em *Coffea canephora*. Na árvore filogenética construída dos genes SnRKs de *Coffea canephora*, os ortológos de *A. thaliana*, *E. grandis* (Figura 1), auxiliou na classificação dos grupos de genes da família. As 20 proteínas SnRKs de *C. canephora* foram categorizadas em três grupos (grupos SnRK1. SnRK3 e SnRK3), (Figura 1). O grupo que apresentou maior quantidade de representantes foi SNRK3 com 70% (14 genes), o grupo SnRK2 apresentou 30% (6 genes), e o grupo SnRK1 não teve nenhum representante em *C. canephora.*

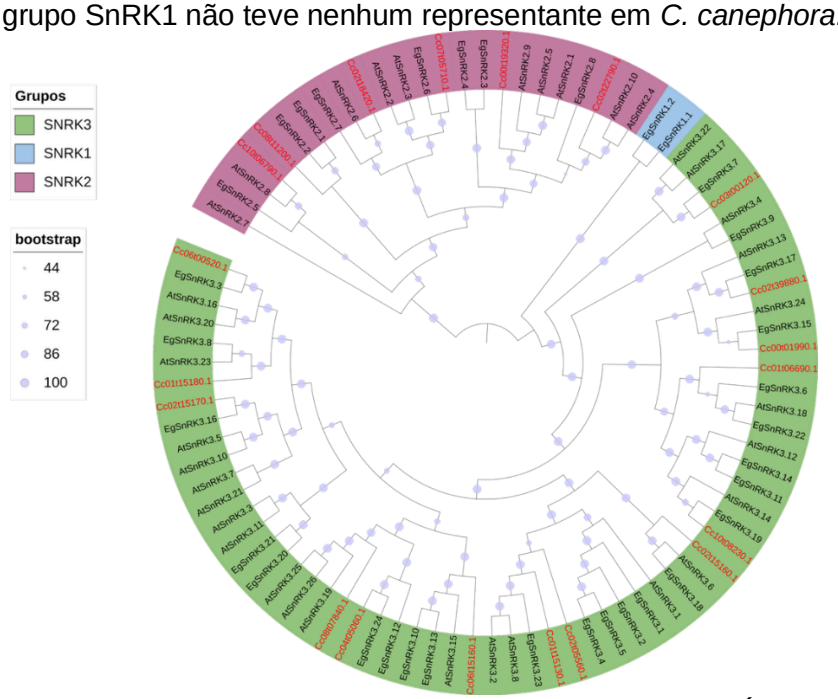


Figura 1. Filogenia dos genes de SnRKs de *Coffea canephora.* Árvore filogenética reconstruída pelo método de máxima verossimilhança (ML)**.** Genes SnRKs *de Coffea canephora* (marcados em vermelho)*, Arabidopsis thaliana, Eucalyptus grandis.* Todos os genes SnRKs foram agrupados em três clados, marcados com cores diferentes.

Os genes foram distribuídos quanto a sua localização cromossômica, foram identificados cromossomos com apenas um gene (Chr03, Chr04 e Chr07) a seis genes (Crh02) genes SnRKS por cromossomo, dois genes (Cc00t19320.1, Cc00t01990.1), foram anotados em regiões não montadas em cromossomos pele genoma usado (Figura 2). Os menores números de aminoácidos preditos nas proteínas foi de 377 na proteína Cc02t18420.1, pertencente ao grupo SnRK2. O maior número de aminoácidos (599) foi detectado no gene Cc01t15130.1 (grupo SnRK3). Pela predição da localização subcelular, 10 genes da família de SnRK de *C.canephora* apresentam localização citoplasmática dois genes nucleares, um gene com localização plastídial, e 7 cloroplastidial, indicando que a família desempenha um papel importante no controle do crescimento e desenvolvimento das plantas, principalmente no citoplasma e no cloroplasto com aproximadamente 85% dos genes. Os pesos moleculares estimados variaram entre 39,391 (Cc07t05710) e 55,141 (Cc01t15130.1) kDa. Os pontos isoelétricos variaram de 4,74 (Cc07t05710.1) no grupo SnRK2 a 9,30 (Cc08t0784.1) no grupo SnRK3.

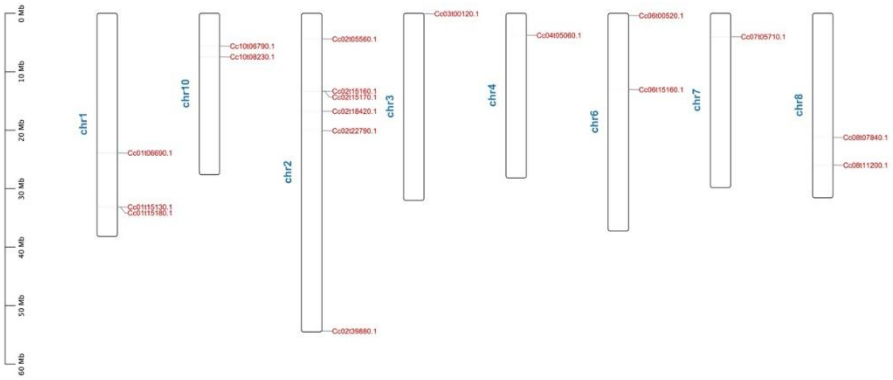


Figura 2: A- Distribuição cromossômica dos genes SnRKs em *Coffea canephora*. Representa os números dos cromossomos 01-11, não houve presença de genes no cromossomo 4, 5, 9 e 11, dessa forma foi retirado da figura.

Oito genes apresentaram número de exons igual a um, todos os genes pertencentes ao grupo SnRK3 e o gene o maior número foi cc10t08430.1 com 15 exons também pertencente ao grupo SnRK3. (Figura. 3a). Na análise do MEME foram detectados 20 motivos conservados (Figura 3b), o motivo 11 foi específico do grupo SnRK2 e o motivo 8 para o grupo SnRK3. Na análise no Pfam, identificou-se o motivo 1, 2, 3 e 5 foram anotados como proteína kinase e são comuns a todos as proteínas anotadas. O motivo 8 presentes no grupo SnRK3 foi anotado como NAF, domínio caraterístico desse grupo.

O gene Cc02t18420.1 de *C. canephora* é ortologo de AtSNRK2.6, estudos sugerem que a regulação negativa da atividade KAT1, necessária para o fechamento estomatal, provavelmente ocorre pela fosforilação do KAT1 Thr306 pela proteína quinase SnRK2.6 endógena que e ativada por estresse a seca (Sato et al., 2009). A superexpressão do CpSnRK2.6 Cucurbita *pepo* L. também ortologo de AtSnRK2.6 aumentou significativamente a tolerância à seca e ao estresse por sal, sua superexpressão também melhorou a resistência ao estresse modulando a atividade antioxidante mediada por ABA, a regulação estomática e a fotossíntese (Xu; Wang, 2025).

Em famílias de genes SnRK exibiram comprimento de gene e estruturas de éxon-íntron bastante divergentes. Alguns estudos demostraram que genes com menos quantidade de íntrons apresentaram maiores níveis de expressão em plantas (Chung et al., 2006; Jeffares; Penkett; Bähler, 2008). Uma estrutura compacta do gene, com menos números de íntrons permite a rápida ativação do gene e resposta oportuna a diversos estresses ambientais (Jeffares; Penkett; Bähler, 2008). Porém alguns estudos em plantas com diferentes tecidos, para os genes SnRKs sugerem que os níveis de expressão não apresentaram relação com a quantidade de éxons e íntrons dos mesmos (Zhu et al., 2020).

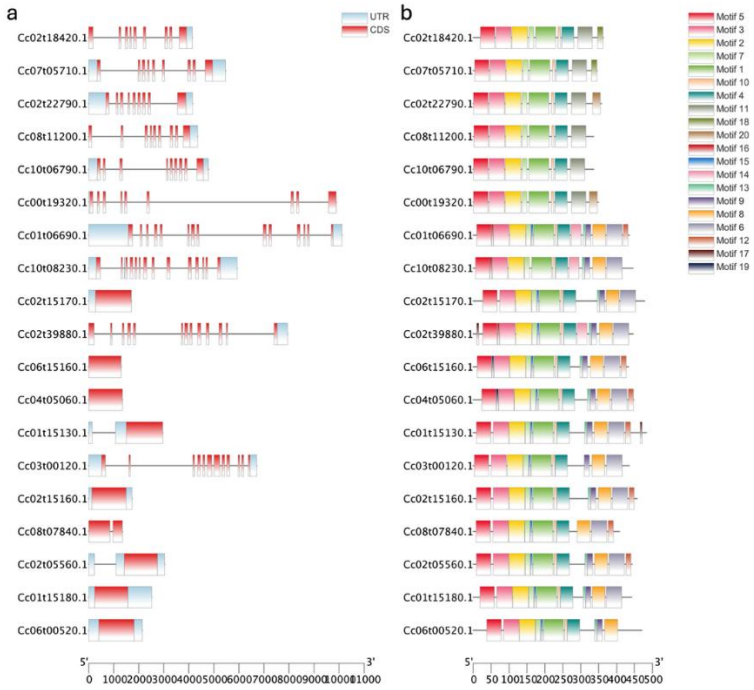


Figura 3: Estruturas de DNA e motivos proteicos da família de genes SnRKs em *Coffea canephora*. a- Exons e 5′ UTR/3′ UTR exibidos usando barras vermelhas e azuis respectivamente, linhas em pretas indicam íntrons, no eixo x podemos ver os genes divididos em seus grupos e no eixo y a tamanho estima em pares de base dos genes. **b-** Motivos proteicos nos membros SnRKs, as caixas coloridas identificam diferentes motivos no eixo y são os valores estiado do tamanho das proteínas.

CONCLUSÃO

Neste estudo, foram identificados 20 genes da família SnRK no genoma de *Coffea canephora*, classificados nos grupos SnRK2 e SnRK3, com a ausência de membros do grupo SnRK1. As análises de bioinformática revelaram suas relações filogenéticas, estruturas gênicas, e indicaram uma provável atuação no citoplasma e cloroplasto. Esses resultados fornecem uma dados de uma importante família de genes em café e abrem caminho para estudos que visem elucidar seu papel na sinalização de estresses e no desenvolvimento da planta, com potencial aplicação no melhoramento genético.

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

Os autores gostariam de agradecer ao Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq, Brasil), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Brasil) — Código de Financiamento 001, e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Espírito Santo (FAPES, Vitória—ES, Brasil) pelo apoio financeiro concedido a este estudo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARTIMO, P. *et al.* ExPASy: SIB bioinformatics resource portal. Nucleic Acids Research, v. 40, n. W1, p. W597–W603, 1 jul. 2012.

BAILEY, Timothy L. *et al.* MEME S UITE : tools for motif discovery and searching. v. 37, n. May, p. 202–208, 2009.

BOUDSOCQ, Marie; BARBIER-BRYGOO, Hélène; LAURIÈRE, Christiane. Identification of nine sucrose nonfermenting 1-related protein kinases 2 activated by hyperosmotic and saline stresses in Arabidopsis thaliana. Journal of Biological Chemistry, v. 279, n. 40, p. 41758–41766, 2004.

BOUDSOCQ, Marie; LAURIÈRE, Christiane. Osmotic signaling in plants. Multiple pathways mediated by emerging kinase families. Plant Physiology, v. 138, n. 3, p. 1185–1194, 2005.

CHEN, Chengjie *et al.* TBtools: An Integrative Toolkit Developed for Interactive Analyses of Big Biological Data. Molecular Plant, v. 13, n. 8, p. 1194–1202, ago. 2020.

CHUNG, Betty Y. W. *et al.* Effect of 5′UTR introns on gene expression in Arabidopsis thaliana. BMC Genomics, v. 7, p. 1–13, 2006.

DENOEUD, France *et al.* The coffee genome provides insight into the convergent evolution of caffeine biosynthesis. Science, v. 345, n. 6201, p. 1181–1184, 5 set. 2014.

FENG, Jialu *et al.* TaSnRK2.9, a sucrose non-fermenting 1-related protein kinase gene, positively regulates plant response to drought and salt stress in transgenic tobacco. Frontiers in Plant Science, v. 9, n. January, p. 1–17, 2019.

HALFORD, Nigel G.; HEY, Sandra J. Snf1-related protein kinases (SnRKs) act within an intricate network that links metabolic and stress signalling in plants. Biochemical Journal, v. 419, n. 2, p. 247–259, 2009.

HORTON, P. *et al.* WoLF PSORT: protein localization predictor. Nucleic Acids Research, v. 35, n. Web Server, p. W585–W587, 8 maio 2007.

HRABAK, Estelle M. *et al.* The Arabidopsis CDPK-SnRK superfamily of protein kinases. Plant Physiology, v. 132, n. 2, p. 666–680, 2003.

HU, Bo *et al.* GSDS 2.0: An upgraded gene feature visualization server. Bioinformatics, v. 31, n. 8, p. 1296–1297, 2015.

HUAI, Junling *et al.* Cloning and characterization of the SnRK2 gene family from Zea mays. Plant Cell Reports, v. 27, n. 12, p. 1861–1868, 2008.

JEFFARES, Daniel C.; PENKETT, Christopher J.; BÄHLER, Jürg. Rapidly regulated genes are intron poor. Trends in Genetics, v. 24, n. 8, p. 375–378, 2008.

KATOH, Kazutaka *et al.* MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. *[S.l.: S.n.]*.

KOBAYASHI, Yuhko *et al.* Differential activation of the rice sucrose nonfermenting1-related protein kinase2 family by hyperosmotic stress and abscisic acid. Plant Cell, v. 16, n. 5, p. 1163–1177, 2004.

LETUNIC, Ivica; BORK, Peer. Interactive Tree Of Life (iTOL) v5: an online tool for phylogenetic tree display and annotation. Nucleic Acids Research, v. 49, n. W1, p. W293–W296, 2 jul. 2021.

NGUYEN, Lam Tung *et al.* IQ-TREE: A fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. Molecular Biology and Evolution, v. 32, n. 1, p. 268–274, 1 jan. 2015.

SATO, Aiko *et al.* Threonine at position 306 of the KAT1 potassium channel is essential for channel activity and is a target site for ABA-activated SnRK2/OST1/SnRK2.6 protein kinase. Biochemical Journal, v. 424, n. 3, p. 439–448, 15 dez. 2009.

XU, Ke; WANG, Ping. Genome-wide analysis of SnRK2 gene family and functional characterization of CpSnRK2.6 in drought and salt resistance in Cucurbita pepo L. Plant Science, v. 359, p. 112638, out. 2025.

ZHANG, Hongying *et al.* Characterization of a common wheat (Triticum aestivum L.) TaSnRK2.7 gene involved in abiotic stress responses. Journal of Experimental Botany, v. 62, n. 3, p. 975–988, 2011.

ZHAO, Wei *et al.* Genome-wide identification and characterization of the GmSnRK2 family in soybean. International Journal of Molecular Sciences, v. 18, n. 9, 2017.

ZHU, Weizhuo *et al.* Genome-wide identification and characterization of SnRK family genes in Brassica napus. BMC Plant Biology, v. 20, n. 1, p. 1–14, 2020.

Análise de Trajetória Metabólica em Café Conilon

Lidiane dos Santos Gomes Oliveira[1], Diego Pereira do Couto[1], Mariana Rodrigues Lugon Dutra[1], Jônatas Gomes Santos[1], Matheus Alves Silva[1], Vinicius Saroti Fioresi[1], Ramon Azevedo Braz[1], Fabiano Tristão Alixandre[1], Rodrigo da Silva Dias[1], Marcia Flores da Silva Ferreira[1], Adésio Ferreira[1]

Filiação: [1]Programa de Pós Graduação em Genética e Melhoramento, Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, Espítito Santo, Brasil; e-mail: diego_couto@hotmail.com

RESUMO

O *Coffea canephora* (café conilon) possui grande importância socioeconômica, especialmente no Espírito Santo, maior produtor nacional. Apesar de historicamente associado à baixa qualidade, avanços recentes tem impulsionaram seu reconhecimento como café especial. Este estudo analisou a dinâmica temporal e a variabilidade interanual do perfil de compostos bioativos hidrossolúveis (cafeína, ácidos clorogênicos e trigonelina) em cinco genótipos superiores de café conilon, por meio de análise de trajetória metabolômica (PCA), a fim de identificar padrões de estabilidade e plasticidade metabólica em resposta a variações ambientais.
Os resultados revelaram padrões distintos de estabilidade (genótipo 135_3) e plasticidade metabólica (genótipo 145_1), influenciados pela interação genótipo x ambiente. Compostos como cafeína mostraram maior estabilidade, enquanto ácidos clorogênicos e trigonelina exibiram variabilidade interanual. A trajetória metabólica demonstrou ser uma ferramenta eficaz para identificar genótipos com potencial para cafés especiais ou adaptabilidade a condições ambientais variáveis, auxiliando programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: *Coffea canephora*; compostos bioativos; melhoramento genético.

INTRODUÇÃO

O café é uma das bebidas mais consumidas globalmente, com grande relevância econômica (Zarebska et al., 2022). Cultivado principalmente em regiões subtropicais da África, Ásia, Pacífico, Caribe e Américas (GIRAUDO et al., 2019; HALL, TREVISAN & DE VOS, 2022; ICO, 2023), e o Brasil é o maior produtor e exportador, responsável por mais de um terço da produção mundial (MAPA, 2023).

A espécie *Coffea canephora*, alógama, com autoincompatibilidade gametofítica e floração sincronizada que favorece polinização cruzada. Sua variedade Conilon destaca-se pelo porte arbustivo, ciclo precoce, folhas alongadas e maior resistência à seca (OLIVEIRA et al., 2018).

O Espírito Santo é o maior produtor nacional de café conilon entregando cerca de 70 % da produção total do país (VENANCIO et al, 2020). No estado cerca de 40 mil propriedades rurais cultivam café conilon, gerando cerca de 250 mil empregos diretos e indiretos, com uma contribuição de cerca de 37% do PIB agrícola (INCAPER, 2023).

Por muito tempo, *C. canephora* foi considerado um café de qualidade inferior, com valores de mercado mais baixos. No entanto, devido a uma maior vulnerabilidade

de *C. arabica* às mudanças climáticas, o interesse por essa espécie vem aumentando, acompanhado de significativos avanços em sua qualidade (Specialty Coffee Association of America, 2020). O café conilon já pode ser reconhecido como café especial pela Specialty Coffee Association of America (SCA) (LINGLE; MENON, 2017; TEIXEIRA et al., 2020).

Cafés especiais são produzidos seguindo protocolos de cultivo, seleção e processamento, que garantem um perfil sensorial diferenciado (OGUTU et al., 2022; VARADY et al., 2022). A qualidade única desses cafés, expressa em seu sabor e aroma, está diretamente ligada à composição química dos grãos (GIRAUDO et al., 2019; HALL, TREVISAN & DE VOS, 2022). Após a torra, compostos como cafeína, trigonelina, açúcares, lipídios e ácidos clorogênicos (Souza et al., 2019) originam voláteis como álcoois, ésteres, aldeídos e furanos, que definem atributos como aroma, corpo, acidez e doçura da bebida (MALTA et al., 2021; VARADY et al., 2022).

Devido às suas características agronômicas, como resistência a pragas, tolerância a estresse hídrico e alta produtividade, *C. canephora* é considerado como uma estratégia possibilitando sua expansão em muitas regiões no mundo (FERRÃO et al, 2024).

Assim, este estudo teve como objetivo analisar a dinâmica temporal e a variabilidade interanual do perfil de compostos bioativos hidrossolúveis (cafeína, ácidos clorogênicos e trigonelina) em cinco genótipos superiores de café conilon, por meio de análise de trajetória metabolômica (PCA), a fim de identificar padrões de estabilidade e plasticidade metabólica em resposta a variações ambientais.

METODOLOGIA

Foram analisados cinco genótipos de café conilon (*Coffea canephora).* Os genótipos analisados são provenientes de sementes coletadas em lavocuras antigas no sul do Espírito Santo. O expericmenvto está implantado em Mimoso do Sul – ES em delineamento de Blocos Aumentados de Federer. Os cinco genótipos foram selecionados a partir do resultado da avaliação de dois anos de produção (2022 e 2023) com base na produção de grãos por planta.

Os frutos foram coletados e, os frutos maduros (cereja) foram submetidos à secagem em terreiro suspenso até que atingissem o teor de umidade de 12%. Após a secagem foi realizado o processo de pilagem e assim obtidos os grão para análise neste trabalho.

Os extratos foram preparados utilizando o método de percolação. Inicialmente, foram selecionados 10 gramas de grãos de café, que foram submetidos a um processo de moagem utilizando um moinho do tipo Wiley para obtenção de um pó fino.

Para a extração aquosa, 5 gramas da amostra moída foram pesados e submetidos a lixiviação com 10 mL de água ultrapura a aproximadamente 100°C, sob pressão atmosférica e sem agitação. Os grãos moídos foram então submetidos a filtragem utilizando filtros de papel qualitativo (80G) com diâmetro de 15 cm. Este processo foi repetido para garantir a eficácia da extração. Após essas etapas, o extrato resultante passou por uma filtragem adicional com filtro de seringa de PTFE de 25 mm e 0,45 µm de porosidade para obtenção do extrato final a ser analisado.

Foi realizada a quantificação por meio da Cromatografia Líquida de Alta Eficiência (CLAE), utilizando cromatógrafo Shimadzu equipado com coluna de fase reversa C18 e detector UV/Visível.

Foi realizada a análise de trajetória metabolômica, conduzida por meio de Análise de Componentes Principais (PCA) dos dados normalizados de três metabólitos principais (cafeína, ácido clorogênico e trigonelina). A normalização foi realizada pela escala Z (subtração da média e divisão pelo desvio padrão). O PCA foi executado com a função prcomp do sottware estatístico R, extraindo-se os escores dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2).

A trajetória temporal foi visualizada mediante gráfico de dispersão com setas conectando as posições dos genótipos entre 2022 e 2023, onde o comprimento das setas representou a magnitude da mudança metabólica (calculada pela distância euclidiana). A análise e visualização foi realizada com os pacotes ggplot2, dplyr e ggrepel no ambiente R versão 4.3.1.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Figura 1 a trajetória metabolômica dos genótipos de café conilon em relação aos compostos avaliados. Observa-se padrões contrastantes de variação no perfil dos compostos bioativos hidrossolúveis nos dois anos de avaliação. As setas conectando os pontos correspondentes a cada ano demonstram a direção e magnitude das mudanças metabólicas, fornecendo uma visão dinâmica da plasticidade química dos genótipos.

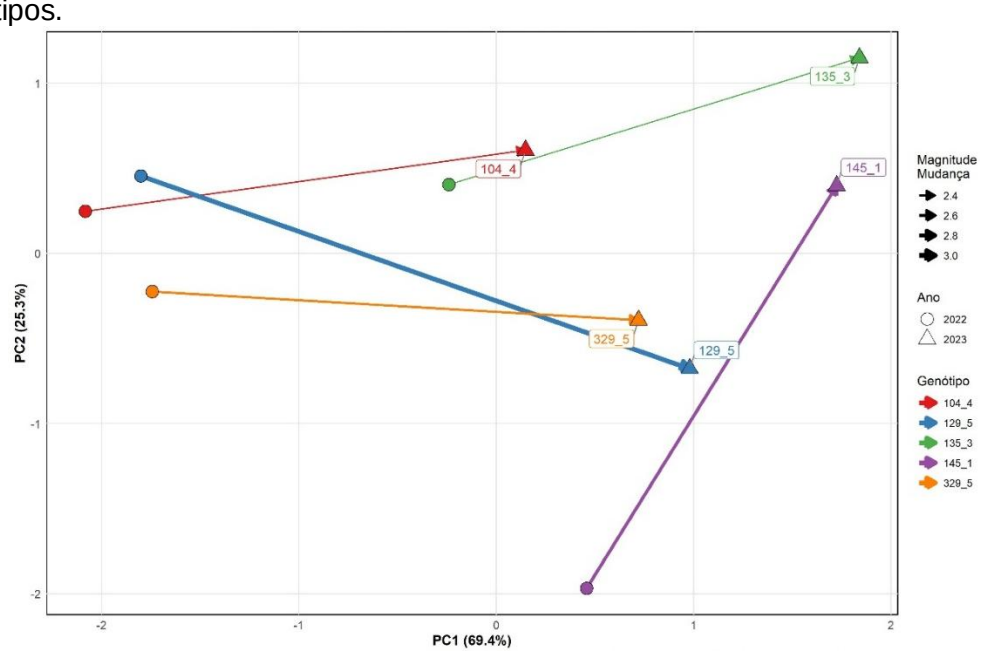


Figura 1. Análise de trajetória metabolômica de genótipos de *Coffea canephora* nos anos agrícolas de 2022 e 2023, representada no espaço dos dois primeiros componentes principais (PC1 e PC2). As setas indicam a direção e magnitude das mudanças metabólicas entre os anos.

Observa-se que o genótipo **135_3** manteve-se mais estável, ou seja, sua composição variou menos ao longo tempo, principalmente em relação a cafeína, que demosntra ser menos influenciada por variações ambientais. O genótipo 145_1 apresentou uma trajetória mais longa o que indica que seus composctos respondem com maior intensidade às condições do ambiente. Os demais genpotipos apresentaram

um comportamento intermediário mostrando um equilíbrio mais acentuado entre estabilidade e plasticicidade.

Esses padrões mostram como o genótipo e o embiente interagem. Alguns desses aspectos já foram foram documentodos em café. Francisco et al. (2024) observaram variações semelhantes em híbridos intervarietais cultivados na Amazônia Ocidental. Eles notaram que a cafeína e os ácidos clorogênicos estão entre os compostos que mais respondem as condições de cultivo. Mori et al (2019), destacaram que a composição química do café conilon varia bastante em função da base genética e do ambiente, influenciando diretamente atributos de qualidade da bebida(Mori et al., 2019).

Do ponto de vista biológico, a cafeína tende a se manter mais estável, pois tem papel importante na defesa da planta contra pragas e doenças, ou seja, é um composto de maior conservação adaptativa (Atlabachew et al., 2021). Já os ácidos clorogênicos, que são compostos antioxidantes, variam mais porque estão ligados a respostas da planta a situações de estresses ambientais (Lemos et al., 2023).

A trigonelina, por sua vez, além de atuar como regulador metabólico no grão, é precursora de compostos voláteis formados durante a torra, como piridinas, que contribuem para o aroma característico do café. Sua instabilidade ao longo dos anos pode ser resultado tanto de fatores ambientais quanto do estagio de maturação dos frutos e efeitos ambientais quanto a maturação fisiológica dos frutos (Heo et al., 2020).

A análise mostra que mesmo genótipos metabolicamente diferentes podem acabar seguindo trajetóeias semelhantes no espaço multivariado. Isso indica que, apesar das diferenças genéticas, alguns genótipos compartilham rotas metabólicas parecidas o que faz sentido, visto que cafeína e ácidos clorogênicos desempenham papel central no metabolismo do grão.

Estudos comparativos entre *C. arábica* e *C. canephora* mostram que *C. canephora* (conilon) tende a ter teores mais altos de cafeína e melanoidinas, compostos que conferem maior intensidade e corpo a bebida (Clarke & Macrae, 1985; Mori et al., 2019). Essa particularida pode ajudar a explicar por que alguns genótipos de conilon se aproximam quimicamente, mesmo quando colhidos em anos diferentes.

Vale destacar tambem que o deslocamento metabólico pode revelar o quão adaptável é um genótipo. Genótipos como o 145_1, com trajetórias mais longas, são mais plásticos, ou seja respondem com mais flexibilidade a variações ambientais. Essa caracterísctica é desejável em programas de melhoramento que visam a adaptação a diferentes condições de cultivo. Por outro lado, genótipos com menor variação, como o 135_3, são interessantes para a produção de cafés especiais, onde a uniformidade química é desejada para manter a qualidade e o perfil sensorial constante.

É importante lembrar, como mostra o estudo de Gloess et al (2013), que a qualidade final da bebida não depende apenas da genética e do ambiente mas també de processos pós-colheita como fermentação e torra. Enquanto a cafeína praticamente não se altera durante a torrefação, a trigonelina sofre reduções significativas (VIGNOLI et al, 2014). Por isso, variações na composição inicial do grão, como as que observamos nas trajetórias, podem afetar diretamente o sabor e o aroma do café.

CONCLUSÃO

A análise de trajetória metabolômica em café conilon, revelou genótipos estáveis (135_3) e plásticos (145_1), refletindo interações genótipo x ambiente. Enquanto a cafeína se menteve estável, trigonelina e ácidos clorogênicos variaram entre anos.

Essa abordagem auxilia na seleção de materiais. Os estáveis garantem a uniformidade em cafés especiais. Os plásticos oferecem diversidade sensorial. A compreensão da dinâmica metabólica amplia estratégias de melhoramento e valorização da cultura.

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

Os autores gostariam de agradecer as agências de fomento: Fundação de Amparo à Pesquisa do Espírito Santo (FAPES, Vitória—ES, Brasil); Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq, Brasil); Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Brasil) e, ao Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ATLABACHEW, M. et al. Rapid and simultaneous determination of trigonelline, caffeine, and chlorogenic acid in green coffee bean extract. Food Science and Nutrition, v. 9, n. 9, p. 5028–5035, 2021.

CLARKE, R. J.; MACRAE, R. Chemistry. In: CLARKE, R. J.; MACRAE, R. (Ed.). Coffee. London: Elsevier Applied Science Publishers, 1985. v. 1, p. 83–113.

FERRÃO, M. A. G. et al. Robust and smart: Inference on phenotypic plasticity of *Coffea canephora* reveals adaptation to alternative environments. Crop Science, v. 64, n. 5, p. 2709–2724, jul. 2024. DOI: 10.1002/csc2.21298.

FRANCISCO, J. S. et al. Teores de trigonelina, cafeína e ácidos clorogênicos em cafés *Coffea canephora* híbridos intervarietais naturais cultivados na Amazonia Ocidental. Revista Observatorio de la Economía Latinoamericana, v. 22, n. 7, p. 01-18, 2024.

GIRAUDO, A. et al. Determination of the geographical origin of green coffee beans using NIR spectroscopy and multivariate data analysis. Food Control, v. 99, p. 137–145, 2019. DOI: 10.1016/j.foodcont.2018.12.033.

GLOESS, A. N. et al. Comparison of nine common coffee extraction methods: instrumental and sensory analysis. European Food Research and Technology, v. 236, n. 4, p. 607–627, 2013. DOI: 10.1007/s00217-013-1917-x.

HALL, R. D.; TREVISAN, F.; DE VOS, R. C. H. Coffee berry and green bean chemistry – Opportunities for improving cup quality and crop circularity. Food Research International, v. 151, 2022. DOI: 10.1016/j.foodres.2021.110825.

HEO, J. et al. Analysis of Caffeine, Chlorogenic Acid, Trigonelline, and Volatile Compounds in Cold Brew Coffee Using High-Performance Liquid Chromatography and Solid-Phase Microextraction—Gas Chromatography-Mass Spectrometry. Foods, v. 9, p. 1746, 2020.

INSTITUTO CAPIXABA DE PESQUISA, ASSISTÊNCIA TÉCNICA E EXTENSÃO RURAL. Cafeicultura - Café Conilon.

LEMOS, M. F. et al. Chlorogenic acid and caffeine contents and anti-inflammatory and antioxidant activities of green beans of conilon and arabica coffees harvested with different degrees of maturation. Journal of Saudi Chemical Society, v. 26, 2022. DOI: 10.1016/j.jscs.2022.101467.

LINGLE, T. R.; MENON, S. N. Cupping and grading-discovering character and quality. In: FOLMER, B. (Ed.). The Craft and Science of Coffee. Cambridge: Academic Press, 2017. p. 181–203.

MALTA, M. R. et al. Selection of elite genotypes of *Coffea arabica* L. to produce specialty coffees. Frontiers in Sustainable Food Systems, v. 5, 2021. DOI: 10.3389/fsufs.2021.715385.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA E PECUÁRIA (Brasil). Brasil é o maior produtor mundial e o segundo maior consumidor de café. 2023.

MORI, A. L. B. et al. Coffee brews composition from coffea canephora cultivars with different fruit-ripening seasons. British Food Journal, v. 122, n. 3, p. 827-840, 2020.

OGUTU, C. et al. Comprehensive analysis of quality characteristics in main commercial coffee varieties and wild Arabica in Kenya. Food Chemistry, v. 14, 2022. DOI: 10.1016/j.fochx.2022.100294.

OLIVEIRA, L. N. L. et al. Selection of *Coffea canephora* parents from the botanical varieties Conilon and Robusta for the production of intervarietal hybrids. Ciência Rural, v. 48, n. 4, 2018.

SPECIALTY COFFEE ASSOCIATION OF AMERICA. Beyond *Coffea arabica*: Opportunities for Specialty Coffee with *Coffea canephora*. 2020. Disponível em: https://sca.coffee/sca-news/read/beyond-coffea-arabica-opportunities-for-specialty-coffee-with-coffea-canephora. Acesso em: 30 ago. 2022.

TEIXEIRA, J. A. et al. Carbohydrates as targeting compounds to produce infusions resembling espresso coffee brews using quality by design approach. Food Chemistry, v. 128613, 2020.

VARADY, M. et al. Effect of method of processing specialty coffee beans (natural, washed, honey, fermentation, maceration) on bioactive and volatile compounds. Lebensmittel-Wissenschaft & Technologie, v. 172, 2022. DOI: 10.1016/j.lwt.2022.114245.

VENANCIO, L. P. et al. Impact of drought associated with high temperatures on *Coffea canephora* plantations: a case study in Espírito Santo State, Brazil. Scientific Reports, v. 10, n. 1, 2020.

VIGNOLI, J. A. et al. Roasting process affects differently the bioactive compounds and the antioxidant activity of arabica and robusta coffees. Food Research International, v. 61, p. 279–285, 2014. DOI: 10.1016/j.foodres.2013.06.006.

ZAREBSKA, M. et al. Comparison of chemical compounds and their influence on the taste of coffee depending on green beans storage conditions. Scientific Reports, v. 12, p. 2674, 2022. DOI: 10.1038/s41598-022-06676-9.

Estabilidade metabólica de composto bioativos em genótipos de *Coffea Canephora Pierre ex A. Froehner*

Milena Barbosa Parreira da Silva[1], *Mariana Rodrigues Lugon Dutra*[1], *Lidiane Gomes dos Santos Oliveira* [1], *Jônatas Gomes Santos*[1], *Diego Pereira do Couto*[1], *Matheus Alves Silva*[1], *Fabiano Tristão Alixandre* [1], *Rodrigo da Silva Dias* [1], *Ramon Azevedo Braz*[1], *Vinícius Rodrigues Alves Porto*[1], *Marcia Flores da Silva Ferreira*[1], *Adésio Ferreira*[1]

Filiação :[1]Departamento de Agronomia, Universidade Federal do Espírito Santo, Alegre, ES, Brasil; e-mail: milenabarbosa15041999@gmail.com.

RESUMO

A qualidade sensorial do café está diretamente relacionada a qualidade dos grão crus. Diante disso, o objetivo deste trabalho foi avaliar a estabilidade metabólica de compostos bioativos hidrossolúveis, como cafeína, trigonelina e ácidos clorogênicos, em cinco genótipos superiores de *Coffea canephora* cultivados no sul do Espírito Santo durante as safras de 2022 e 2023. Os extratos foram preparados por percolação e quantificados utilizando Cromatografia Líquida de Alta Eficiência (CLAE). A estabilidade dos compostos foi analisada por meio do coeficiente de variação (CV). Os resultados revelaram significativas variações na concentração dos metabólitos. O genótipo 135_3 apresentou a menor variação para cafeína (CV = 12,57%), indicando maior estabilidade metabólica em comparação aos outros genótipos. No entanto, genótipos como 104_4 e 329_5 mostraram alta variabilidade, especialmente para trigonelina, com CVs superiores a 120%. Esses achados demonstram a importância da interação genótipo × ambiente na composição química dos grãos e sugerem que o genótipo 135_3 é promissor para programas de melhoramento focados na estabilidade do perfil químico. Os resultados demonstram a relevância da seleção de genótipos estáveis para garantir a consistência da qualidade do café, levando em consideração também a influência do ambiente no metabolismo dos compostos bioativos.

Palavras-chave: Cromatografia Líquida; Metabólitos Secundários; Perfil químico.

INTRODUÇÃO

A espécie *Coffea canephora*, pertencente à família Rubiaceae, é cultivada predominantemente em regiões subtropicais. O Brasil lidera a produção e exportação mundial de café, respondendo por mais de um terço da produção global, com destaque para o fornecimento de café verde e industrializado (MAPA, 2023). A safra brasileira de café alcançou 55,7 milhões de sacas de 60 kg, das quais 18,7 milhões são de *C. canephora*, representando 33,6% da produção nacional. O Espírito Santo se destaca com cerca de 13,1 milhões de sacas, sendo considerado o maior produtor dessa espécie (CONAB, 2025).

Historicamente, C. *canephora* era considerado de qualidade inferior, o que resultava em preços baixos no mercado. No entanto, com o aumento das mudanças climáticas e a menor resistência do *C. arabica*, o cultivo do *C. canephora* tem ganhado

crescente interesse, aliado ao aprimoramento da qualidade do produto (Specialty Coffee Association of America, 2020). Atualmente, a variedade *C. canephora* pode ser classificada como café especial pela Specialty Coffee Association of America (SCA) (Lingle e Menon, 2017; Teixeira *et al*., 2020). Os cafés especiais são aqueles cultivados, selecionados e processados de acordo com padrões rigorosos, o que reflete diretamente no perfil sensorial da bebida (Ogutu *et al*., 2022). Após a torra, os atributos sensoriais, como aroma, sabor, corpo, acidez e doçura, tornam-se decisivos para a preferência do consumidor, a classificação do produto e sua precificação (Agnoletti *et al*., 2022).

A qualidade sensorial do café está intimamente ligada à composição química dos grãos crus, que são compostos principalmente por carboidratos, proteínas, lipídios, aminoácidos, peptídeos, ácidos orgânicos, alcaloides e fenólicos (Giraudo et al., 2019; Hall, Trevisan & De Vos, 2022). E esses compostos se transformam durante o processo de torra, liberando voláteis como álcoois, ácidos, ésteres, aldeídos, cetonas e furanos, contribuindo para o aroma e sabor característicos da bebida, além de outros atributos sensoriais importantes (Varady et al., 2022). No café torrado, são detectados mais de 1000 compostos voláteis, com suas concentrações variando conforme parâmetros de torra, tempo de armazenamento e condições de embalagem (Hall, Trevisan & De Vos, 2022). Os principais metabólitos que influenciam a qualidade e o sabor do café são cafeína, trigonelina, açúcares, lipídios e ácidos clorogênicos (Souza *et al*., 2019).
Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi avaliar a estabilidade metabólica dos teores de cafeína, trigonelina e ácidos clorogênicos em cinco genótipos superiores de *Coffea canephora*, oriundos de uma lavoura de origem seminal do Sul do Espírito Santo, nas safras de 2022 e 2023, utilizando Cromatografia Líquida de Alta Eficiência (CLAE).

METODOLOGIA

Para a extração aquosa, foi utilizado 1 grama da amostra moída submetida a lixiviação com 20 mL de água ultrapura a aproximadamente 100°C, sob pressão atmosférica e sem agitação. Os grãos moídos foram então submetidos a filtração utilizando filtros de papel qualitativo (80G) com diâmetro de 15 cm. Este processo foi repetido cinco vezes para garantir a eficácia da extração. Após cada extração, o extrato foi filtrado utilizando filtros de papel qualitativo e, em seguida, repetiu-se o procedimento com um filtro de seringa de PTFE (0,45 µm) para assegurar a pureza do extrato seguindo o protocolo de Do Carmo et al. (2022), com modificações. Após a filtragem, o extrato foi preparado para análise por Cromatografia Líquida de Alta Eficiência (HPLC).

Para a análise de HPLC, foram utilizados padrões de cafeína, ácido clorogênico e trigonelina. O padrão de cafeína foi adquirido da Sigma-Aldrich, com pureza de 98%, e o ácido clorogênico foi obtido como ácido 5-cafeoilquínico, com pureza superior a 95%. O padrão de trigonelina foi 1-metilpiridinium-3-carboxilato monoidrato. A fase móvel foi composta por metanol, água e ácido acético, sendo a água obtida por sistema de purificação Milli-Q. As fases móveis foram filtradas e degaseificadas antes de serem usadas.

A quantificação dos compostos foi realizada em um cromatógrafo Shimadzu com coluna C18 e detector UV/Visível. A separação foi realizada utilizando uma fase móvel de metanol, água e ácido acético (20:80:1), com um volume de injeção de 20 µL, fluxo de 1 mL/min e temperatura de 30°C. Os comprimentos de onda para detecção foram 328 nm para ácidos clorogênicos, 272 nm para cafeína e 260 nm para trigonelina. A

análise foi realizada em triplicata e a quantificação foi feita por padronização externa com curvas analíticas de 6 pontos, abrangendo intervalos de 10-60 µg/mL para cafeína, 1-30 µg/mL para trigonelina e 1-60 µg/mL para 5-CQA. Através dessas curvas, foram definidos os limites de detecção (LOD) e os limites de quantificação (LOQ) para os compostos.

A análise estatística foi realizada utilizando o coeficiente de variação (CV) para cada metabólito (cafeína, trigonelina e ácido clorogênico) nos diferentes genótipos para os anos de 2022 e 2023. O CV foi calculado pela fórmula CV = (desvio padrão/média) × 100, proporcionando uma medida relativa de variabilidade. Os dados foram analisados utilizando os pacotes dplyr e ggplot2 no software R (R Core Team, 2024).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os ácidos clorogênicos (ACGs), compostos fenólicos do café, impactam diretamente a acidez e o amargor da bebida (Toci et al., 2006). A trigonelina, durante a torra, se degrada, liberando aromas de grãos torrados, caramelo e chocolate, além de equilibrar o sabor amargo e doce, sendo um importante marcador sensorial do café (Farah et al., 2006). A cafeína, conhecida por suas propriedades estimulantes, assim como os ácidos clorogênicos, atua contribuindo para o amargor do café. Sua concentração varia conforme a variedade e aumenta com a torra, impactando o corpo da bebida e associando-se à sensação de vigor buscada pelos consumidores (Souza et al., 2018).

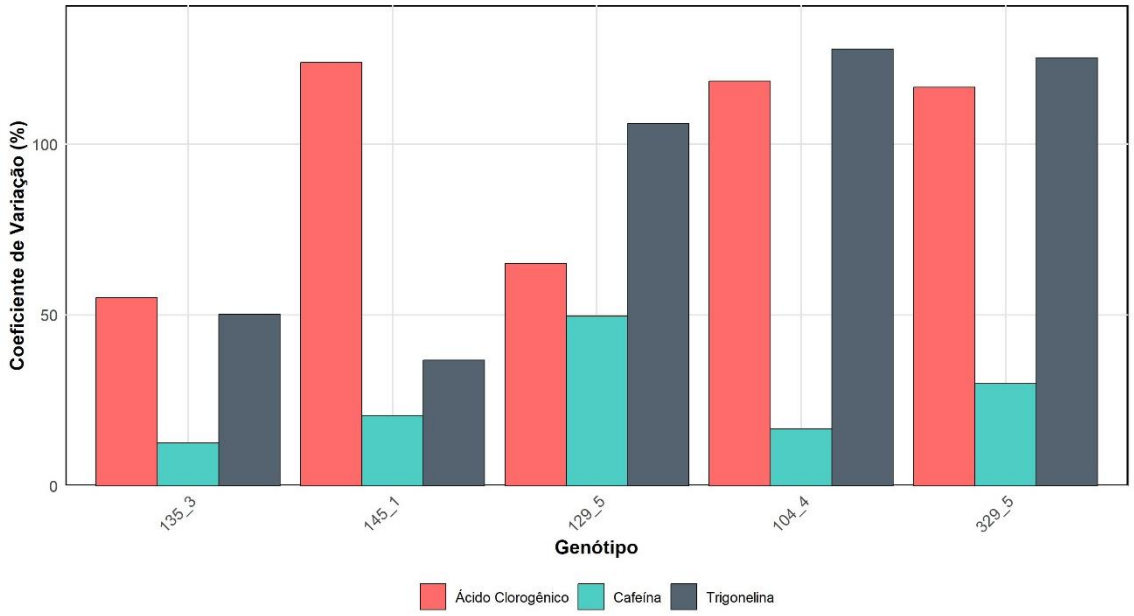
A caracterização metabólica por CLAE, demonstraram diferenças significativas entre os cinco genótipos avaliados para os compostos bioativos hidrossolúveis avaliados (Tabela 1). Essas diferenças refletem o efeito do controle genético sobre a síntese e acúmulo de metabólitos em *C. canephora*, como já relatado em estudos anteriores que demonstram ampla variabilidade química entre genótipos de café (Atlabachew *et al*., 2021; Lemos *et al*., 2022).

Tabela 1. Coeficiente de Variação (%) dos metabólitos cafeína, trigonelina e ácido clorogênico
avaliados para os cinco genótipos de *Coffea Canephora*

Genótipo	Cafeína	Trigonelina	Ácido Clorogênico
135_3	12,57	50,21	55,05
104_4	16,67	127,83	118,46
145_1	20,59	36,84	123,90
329_5	29,90	125,31	116,63
129_5	49,62	106,04	65,04

A análise de estabilidade, baseada no coeficiente de variação (CV), evidenciou diferenças significativas entre os genótipos, destacando variações importantes na consistência dos compostos bioativos. O genótipo 135_3 destacou-se pela menor variação na concentração de cafeína (CV = 12,57%), evidenciando maior estabilidade metabólica.No entanto, genótipos como 104_4 e 329_5 apresentaram elevada instabilidade para trigonelina, com CVs superiores a 120% (Figura 1). Esse resultado é consistente com estudos que relatam que a cafeína tende a ser mais estável frente às variações ambientais, enquanto os ácidos clorogênicos e a trigonelina são mais

sensíveis a fatores externos (Rocha *et al.*, 2023). A identificação de genótipos metabolicamente estáveis é relevante para programas de melhoramento, pois assegura consistência do perfil químico em diferentes condições de cultivo (Lemos *et al*., 2022).



A influência da interação genótipo × ambiente também foi evidente, uma vez que a variação entre os anos agrícolas afetou especialmente os teores de ácidos clorogênicos. Francisco et al. (2024) observaram comportamento semelhante em híbridos intervarietais de *C. canephora* cultivados na Amazônia Ocidental. De acordo com os autores a cafeína e ácidos clorogênicos apresentaram forte interação genética e ambiental, reforçando a importância de considerar múltiplos anos e ambientes na avaliação de estabilidade, os genótipos apresentaram forte interação genética e ambiental, reforçando a importância de considerar múltiplos anos e ambientes na avaliação de estabilidade. Além disso, os genótipos apresentaram bom perfil de compostos bioativos, mas os teores de trigonelina, cafeína e ácidos clorogênicos variaram entre os genótipos de acordo com o local de cultivo (Francisco et al., 2024) .

Essas variações podem ser explicadas pela função distinta dos metabólitos. A cafeína, além de conferir o amargor característico da bebida, desempenha um papel defensivo na planta contra insetos e outros estresses bióticos, sendo mais conservada sob diferentes condições ambientais (Wale *et al*., 2024). A trigonelina, precursora de compostos aromáticos formados durante a torra, também se mostrou instável, possivelmente devido à sua suscetibilidade a fatores de cultivo e maturação (Heo *et al*., 2020).

Nos ensaios funcionais descritos na literatura, compostos como ácidos clorogênicos e cafeína têm sido associados a atividades antioxidante e anti-inflamatória (Jeevitha & Kumar, 2025; Jeszka-Skowron; Stanisz & Peña, 2016). No entanto, a ausência de correlação direta entre os teores desses metabólitos e a bioatividade sugere que outros compostos, ou ainda efeitos sinérgicos, podem contribuir para a resposta observada (Lemos *et al*., 2022; Atlabachew *et al*., 2021). Esse aspecto reforça a necessidade de considerar a complexidade do metaboloma do café, e não apenas compostos isolados, para explicar suas propriedades funcionais.

CONCLUSÃO

Os resultados evidenciaram ampla variabilidade no perfil de compostos bioativos hidrossolúveis entre genótipos de *Coffea canephora* e influência significativa dos anos agrícolas, especialmente sobre os ácidos clorogênicos. O genótipo 135_3 destacou-se pela maior estabilidade na concentração de cafeína, configurando-se como promissor para programas de melhoramento voltados à uniformidade da qualidade química. Esses achados reforçam a importância da seleção de materiais geneticamente estáveis, sem negligenciar a contribuição do ambiente na expressão metabólica.

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

Os autores agradecem à Universidade Federal do Espírito Santo pelo fornecimento do ensino de qualidade; à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGNOLETTI, B. Z. et al. Multivariate calibration applied to study of volatile predictors of arabica coffee quality. Food Chemistry, v.367, n.130679, 2022. Doi: https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.130679

ATLABACHEW, M. et al. Rapid and simultaneous determination of trigonelline, caffeine, and chlorogenic acid in green coffee bean extract. Food Science Nutrition, v. 9, n. 9, p. 5028–5035, 2021. Doi: 10.1002/fsn3.2456

CONAB-Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de café, v.1, n.1, Brasília: Conab, 2025. Disponível em: http://www.conab.gov.br.

DO CARMO, L. B. et al. Green Coffee Extract Microencapsulated: Physicochemical Characteristics, Stability, Bioaccessibility, and Sensory Acceptability through Dairy Beverage Consumption. International Journal of Environmental Research and Public Health, v. 19, n. 20, 2022. Doi: https://doi.org/10.3390/ijerph192013221

FARAH, A; DONANGELO, C. M. Phenolic compounds in coffee. Brazilian Journal of Plant Physiology, v. 18, n. 1, p. 23-36, 2006. Doi: https://doi.org/10.1590/S1677-04202006000100003

FRANCISCO, J.S. et al. Teores de trigonelina, cafeína e ácidos clorogênicos em cafés *Coffea canephora* híbridos intervarietais naturais cultivados na Amazonia Ocidental. Revista Observatório de La Economia Latinoamericana, v.22, n.7, p. 01-18, 2024.

GIRAUDO, A. et al. Determination of the geographical origin of green coffee beans using NIR spectroscopy and multivariate data analysis. Food Control, 99, p. 137–145, 2019. Doi: https://doi. org/10.1016/j.foodcont.2018.12.033

HALL, R. D., TREVISAN, F., & DE VOS, R. C. H. (2022). Coffee berry and green bean chemistry – Opportunities for improving cup quality and crop circularity. Food Research International, v.151, 110825. Doi: https://doi.org/10.1016/j. foodres.2021.110825

HEO, J. et al. Analysis of Ca eine, Chlorogenic Acid, Trigonelline, and Volatile Compounds in Cold Brew Coffee Using High-Performance Liquid Chromatography and Solid-Phase Microextraction—Gas Chromatography-Mass Spectrometry. Foods, v. 9, p. 1746, 2020. Doi: https://doi.org/10.3390/foods9121746

JEEVITHA, J.; KUMAR, L. S. Evaluation of antioxidant, anti-inflammatory properties of Juglans regia L. and *Coffea canephora L*. combination extract capsule—In vitro study. International Journal of Environmental Sciences, v. 2190–2198, 2025. DOI: 10.64252/cjm91536

JESZKA-SKOWRON, M; STANISZ, E; PEÑA, M. Relationship between antioxidant capacity, chlorogenic acids and elemental composition of green coffee. Lwt , v. 73, p. 243-250, 2016. Doi: https://doi.org/10.1016/j.lwt.2016.06.018

LEMOS, M.F. et al. Chlorogenic acid and caffeine contents and anti-inflammatory and antioxidant activities of green beans of conilon and arabica coffees harvested with different degrees of maturation. Journal of Saudi Chemical Society, v.26, p. 101467, 2022. Doi: https://doi.org/10.1016/j.jscs.2022.101467

LINGLE, T.R., Menon, S.N. Cupping and grading-discovering character and quality. In: The Craft and Science of Coffee, pp. 181–203, 2017. Doi: https://doi.org/10.1016/B978-0-12-803520-7.00008-6

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA E PECUÁRIA (MAPA). O Brasil lidera a produção e exportação mundial de café, respondendo por mais de um terço da produção global. Disponível em: https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/noticias/brasil-e-o-maior-produtor-mundial-e-o-segundo-maior-consumidor-de-cafe. Acesso em: 19 set. 2025.

OGUTU, C., Cherono, S., Ntini, C., Wang, L., & Han, Y. (2022). Comprehensive analysis of quality characteristics in main commercial coffee varieties and wild Arabica in Kenya. Food Chemistry, v.14, 100294. Doi: https://doi.org/10.1016/j.fochx.2022.100294

R Core Team. (2024). *R: A language and environment for statistical computing* (versão 4.3.0) [Software]. R Foundation for Statistical Computing. Disponível em https://www.R-project.org/

ROCHA, R.B. et al. Caffeine and chlorogenic acid content of *Coffea canephora* cultivars in different environments. Coffee Science, v. e182164, 2023. Doi: https://doi.org/10.25186/.v18i.2164

SOUZA, C.A. et al. Characterization of beverage quality in *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner. Coffee Science, v.13, p. 210–218, 2018. Doi:https://doi.org/10.25186/cs.v13i2.1419

Specialty Coffee Association of America. 2020. Beyond *Coffea arabica*: Opportunities for Specialty Coffee with *Coffea canephora*. Retrieved August 30, 2022 from: https://sca.coffee/sca-news/read/beyond-coffea-arabica-opportunities-for-specialty-coffee-with-coffea-canephora

TEIXEIRA, J.A. et al. Carbohydrates as targeting compounds to produce infusions resembling espresso coffee brews using quality by design approach. August Food Chem., 128613, 2020. Doi: https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2020.128613

TOCI, A.; TRUGO, L. C.; FARAH, A. Efeitos do processo de descafeinação com Diclorometano sobre a composição química dos cafés arábica e robusta antes e após a torração. Revista Química Nova, v. 29, n. 5, p. 965-971, 2006. Doi: http://dx.doi.org/10.1590/S0100-40422006000500015.

VARADY, M. et al. Effect of method of processing specialty coffee beans (natural, washed, honey, fermentation, maceration) on bioactive and volatile compounds. Lebensmittel-Wissenschaft & Technologie, 172, 114245, 2022. Doi: https://doi.org/10.1016/j.lwt.2022.114245

WALE, K. et al. Level of caffeine, trigonelline and chlorogenic acids in green coffee (*Coffea arabica L.)* beans from Amhara region, Ethiopia. Journal of Agriculture and Food Research, v. 16, p. 101082, 2024. Doi: https://doi.org/10.1016/j.jafr.2024.101082

I CONGRESSO REGIONAL DE BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Estratégias científicas e inovadoras para a agricultura e meio ambiente

2025

06 a 08 de outubro

AÇÕES DE EXTENSÃO E ENSINO EM BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Realização:

Apoio:

Patrocínio:

Solo Rico, Planta Forte: difusão de tecnologias agrícolas sustentáveis para pequenos produtores no município de Campos dos Goytacazes – RJ

Marcela Rezende Cordeiro, Sara Nállia de Oliveira Costa, João Pedro Campos Matos, Juliana Dias Cardoso, Rayane Ormindo Miguel, Felipe Cruz Paula, Antônio Elison da Silva, Marcos Paulo da Conceição Moura da Silva, Aline Lemos Ferreira, Gabriela Azevedo Alves Souza, Letícia Cespom Passos, Letícia Oliveira da Rocha, Fábio Lopes Olivares, Sara Sangi

A extensão universitária desempenha papel central na democratização do conhecimento científico, aproximando academia e comunidade por meio de ações educativas, formativas e de impacto social. No campo agrícola, essa aproximação possibilita a difusão de tecnologias sustentáveis e acessíveis que contribuem para a segurança alimentar, a conservação ambiental e o fortalecimento da agricultura familiar. Nesse cenário, o uso de bioinsumos se destaca como alternativa ao modelo convencional, reduzindo a dependência de insumos químicos e seus efeitos negativos sobre a saúde humana e o meio ambiente. Nesse sentido, o projeto de extensão “Solo Rico, Planta Forte”, desenvolvido pela Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, visa difundir o conhecimento sobre bioinoculantes e promover a capacitação de agricultores familiares de Campos dos Goytacazes (RJ) quanto ao seu uso. Foram aplicados questionários diagnósticos junto a 47 produtores, revelando predominância da fruticultura e horticultura, mas baixo conhecimento sobre bioinsumos (23%). Apesar do uso frequente de insumos químicos, há interesse crescente em práticas agroecológicas. As ações de extensão incluíram elaboração de materiais educativos, oficinas, feiras, visitas técnicas e implantação de áreas experimentais com aplicação de biofertilizantes em feijão, permitindo comparações entre manejo convencional e biológico. Tais atividades possibilitaram o diálogo direto entre estudantes, pesquisadores e agricultores, valorizando os saberes locais e fortalecendo a produção participativa. Os resultados evidenciam que a extensão universitária é um caminho para sensibilizar, capacitar e engajar produtores na adoção de tecnologias sustentáveis. A integração entre ciência e prática agrícola reforça o papel da universidade como agente transformador em prol da agricultura sustentável.

Palavras-chave: Bioinsumos; Segurança Alimentar; Meio Ambiente

Agradecimentos: FAPERJ, UENF

Extensão universitária e “uma só saúde”: vivências em ecologia e biotecnologia na formação de pós-graduandos e estudantes de escolas públicas

Laíse Trugilio Moreira Marinho[1], Maria Cristina Gaglianone[2], Anna Lvovna Okorokova Façanha[3], Samara Linhares Pereira[1], Eduarda Ramos Contilho[1], Lorran Yvez Machado de Sousa[3], Natália Borges de Melo[2], Karen Castilho Emilio[2], Mateus Santana Rodrigues[1], Gabriel Alves de Souza da Silva[1], Claudete Santa-Catarina[1]

O conceito de Uma Só Saúde (Saúde Única) evidencia a interdependência entre saúde humana, animal e ambiental, sendo essencial diante de desafios como mudanças climáticas, perda de biodiversidade e resistência antimicrobiana. Inserida nesse contexto, a UENF, por meio dos Programas de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal (PPGBV), Biociências e Biotecnologia (PPGBB) e Ecologia e Recursos Naturais (PPGERN), desenvolve projetos de extensão que integram ciência, educação e sociedade. Nesse contexto, o projeto “Expo Ciência e Extensão: Ações integrativas em ecologia e biotecnologia para uma só saúde” articulam diferentes iniciativas de divulgação científica em escolas públicas. Em 2025, as atividades foram realizadas no CIEP 057 Nilo Peçanha e no CIEP 463 João Borges Barreto, ambos em Campos dos Goytacazes (RJ), reunindo 24 discentes da pós-graduação, respectivamente. Nessas edições, foram promovidas oficinas de compostagem, hortas ecológicas, demonstrações de microbiologia, palestras sobre biodiversidade, conservação da Mata Atlântica, papel dos polinizadores e aplicações da biotecnologia na preservação de espécies ameaçadas. As atividades ocorreram em formato interativo, estimulando a participação ativa dos estudantes e aproximando conceitos científicos do cotidiano escolar. Os resultados demonstram impacto positivo na consciência socioambiental de alunos do ensino básico, quanto na formação acadêmica dos pós-graduandos, que desenvolvem competências em comunicação, liderança e engajamento social. Conclui-se que a integração entre pós-graduação e extensão fortalece o papel transformador da universidade, ao contribuir para a construção de comunidades mais conscientes e resilientes frente aos desafios socioambientais contemporâneos.

Palavras-chave: Saúde Única, Educação ambiental, Sustentabilidade

Agradecimentos: UENF; PPGBV; PPGBB; PPGERN; FAPERJ; CAPES; CNPq.

Estágio Interno Complementar: capacitação em Biotecnologia Vegetal na Uerj

Marlon Axel da Silva Jardim, Tatiana Carvalho de Castro, Thaís Rocha Cruz, Lívia da Silva Cordeiro, Deisellane da Silva Dias, Claudia Simões-Gurgel, Hannah Kelly Ross Ribeiro, Cecilia Azevedo de Souza, Lidiane Rangel de Sales, Norma Albarello

A Universidade do Estado do Rio de Janeiro, na esfera da Pró-reitoria de Graduação, possui um departamento de estágios e Bolsas, o Cetreina, responsável pela oferta de atividades discentes visando à complementação da formação acadêmico-profissional e ao desenvolvimento de conhecimentos teóricos e práticos. Dentre as modalidades de estágios oferecidos pelo Cetreina, exclusivamente aos alunos da Uerj, destaca-se o Programa de Estágio Interno Complementar (EIC), que compreende as atividades técnico-profissionais realizadas pelo estudante, no âmbito de projeto relacionado à sua área de graduação, para desenvolver habilidades e receber uma contribuição efetiva na sua formação profissional. O Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan/Uerj) possui cinco projetos aprovados com bolsas EIC, coordenados por docentes e técnicos do laboratório. As propostas visam treinar os alunos dos Cursos de Biologia e de Farmácia nas técnicas de Biotecnologia Vegetal, com ênfase na produção e conservação de plantas e substâncias de espécies medicinais. São eles: Micropropagação de Plantas Medicinais; Produção e avaliação de plantas e metabólitos de interesse medicinal obtidos *in vivo* e *in vitro*; Criopreservação de culturas *in vitro* de espécies vegetais com potencial medicinal; Monitoramento de materiais biotecnológicos de plantas após cultivo *in vitro* e criopreservação; Horto Botânico da UERJ: integrando educação, ciência e empreendedorismo. Neste último, também está prevista a aclimatização das espécies produzidas no Labplan. Os projetos têm apresentado resultados positivos com as espécies selecionadas e no atendimento de várias etapas dos projetos de pesquisa do grupo, permitindo o reconhecimento do desempenho discente pela concessão contínua das bolsas e de premiações. Além disso, após o período de estágio, os alunos EIC estão aptos a desenvolver projetos de Iniciação Científica e muitos dão prosseguimento aos estudos com a entrada na pós-graduação.

Palavras-chave: Criopreservação; Micropropagação; Plantas Medicinais.

Agradecimentos: FAPERJ; Cetreina/Uerj

Verde in Vitro: integrando ações extensionistas, inovação e divulgação científica

Norma Albarello, Tatiana Carvalho de Castro, Cecília Azevedo de Souza, Natasha Silva da Costa, Thaís Rocha Cruz, Deisellane da Silva Dias, Vitória Guarabira, Aline Saavedra, Lívia da Silva Cordeiro, Claudia Simões-Gurgel

As ações extensionistas desempenham um papel fundamental na democratização do conhecimento, aproximando a universidade do público em geral e promovendo a educação científica. A Verde in Vitro (ViV) é uma iniciativa do projeto de extensão "Ações de divulgação e inovação no setor de produção vegetal", vinculado ao Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan/Uerj) e ao Horto Botânico da Uerj, e visa à aplicação do conhecimento da área de Biotecnologia Vegetal para a produção de plantas cultivadas *in vitro*, associando o valor ornamental e de outros setores econômicos à divulgação científica. A proposta se insere nos objetivos da Bioeconomia, que concilia a economia inovadora com o uso sustentável dos recursos biológicos para fins comerciais. Por outro lado, reúne ciência, educação e inovação, contribuindo para a redução da distância entre o saber acadêmico e a sociedade, despertando o interesse pela conservação e uso consciente da biodiversidade vegetal. As atividades ocorrem por meio da divulgação de temas nas áreas de produção vegetal, educação e meio ambiente, tanto pelas redes sociais (@labplan.uerj), quanto por distribuição do material produzido biotecnologicamente em eventos científicos, escolas, atividades da própria instituição e feiras, como a Rio Innovation Week. São preparadas plantas, principalmente bromélias, cultivadas em meio sólido, e em recipientes de diferentes tamanhos, incluindo pequenos frascos usados como pingentes. O material vegetal produzido *in vitro* possui informações científicas em etiquetas sobre a sua importância e seu status de conservação. As atividades propostas demandam dos estagiários a pesquisa de conteúdo nas áreas de biotecnologia vegetal, produção e conservação vegetal, inserindo-os também em atividades de "popularização da ciência". A interação com a comunidade interna e externa tem permitido consolidar a formação técnico-científica dos estudantes, o aumento do conhecimento e o espírito de equipe.

Agradecimentos: FAPERJ; Depext/Uerj

Palavras-chave: Biotecnologia; Extensão universitária; Inovação tecnológica; Produção vegetal.

Biotecnologia na Escola: divulgação da cultura científica, sustentabilidade e promoção da mobilidade social pela educação

Paula Guimarães Custodio[1], Gabriela Pimentel Serodio[1], Vitor Alencar Chagas dos Santos[2], Juliana Silva Figueredo Alberto[1], Eldo Campos[2], Marinaldo Pacífico Cavalcanti Neto[3], Cintia Rodrigues Pinheiro[3], Izabela Silva dos Santos[1], Marco Antônio Lopes Cruz[1]

Filiação: [1]Laboratório de Biotecnologia Vegetal - NUPEM/CCS/UFRJ-Macaé – Macaé, Rio de Janeiro, Brasil.
[2]Laboratório Integrado de Bioquímica "Hatisaburo Masuda" - NUPEM/CCS/UFRJ-Macaé - Macaé, Rio de Janeiro, Brasil.
[3]Laboratório Integrado de Ciências Morfofuncionais - NUPEM/CCS/UFRJ-Macaé – Macaé, Rio de Janeiro, Brasil.
Apresentador: paulaufrj22@gmail.com
Correspondente: marcocruz@macae.ufrj.br

RESUMO

A biotecnologia é uma área essencial das Ciências Biológicas, com grande impacto na ciência e tecnologia do Brasil. Seu potencial vai além do desenvolvimento sustentável, abrangendo setores como indústria alimentícia, farmacêutica e agricultura. No entanto, seu conhecimento ainda é bastante restrito aos ambientes acadêmicos. Dessa forma, a percepção sobre o impacto das diferentes áreas de aplicações das biotecnologias em nosso cotidiano ainda é muito restrita do público leigo. Mesmo nos ambientes escolares dos seguimentos do Ensino Fundamental e Médio, essa percepção é precária em escolas da rede pública. Nesse sentido, o projeto de extensão busca reduzir essa barreira por meio da aproximação entre pesquisadores e agentes do Ensino Básico. A metodologia inclui palestras/oficinas para alunos do Ensino Fundamental II e Médio. Os temas que serão abordados incluem Biotecnologia Vegetal e Engenharia genética. O projeto busca evidenciar as aplicações práticas da biotecnologia presentes no cotidiano dos laboratórios universitários. Espera-se que a iniciativa fortaleça a cultura científica por meio do esclarecimento de dúvidas e combate à desinformação. Além disso, pretende-se estimular o pensamento crítico e destacar o papel da biotecnologia na promoção do desenvolvimento sustentável, reforçando sua relevância para atingirmos as metas dos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS).

Palavras-chave: Biotecnologia, Ensino Fundamental, Ensino Médio, Cultura Científica, Sustentabilidade

INTRODUÇÃO

A Biotecnologia consolidou-se como um dos campos mais estratégicos das Ciências Biológicas, desempenhando papel essencial na promoção de inovações científicas e tecnológicas aplicadas à saúde, agricultura, indústria e meio ambiente

(Silveira; Borges; Buainain, 2005). No Brasil, país detentor de uma das maiores biodiversidades do planeta, a Biotecnologia apresenta um potencial singular para o desenvolvimento sustentável, associando a exploração racional dos recursos naturais à geração de produtos e processos inovadores (Brasil, 2020).

Entre os diversos ramos, a Biotecnologia Vegetal ocupa uma posição de destaque, especialmente diante da crescente necessidade de adaptação agrícola às mudanças climáticas, da demanda por aumento de produtividade e da busca por alternativas ambientalmente menos impactantes (Machado et al., 2022). Técnicas como cultura de tecidos, micropropagação, engenharia genética e edição gênica vêm sendo aplicadas para a obtenção de plantas mais resistentes a estresses bióticos e abióticos, além da produção de metabólitos secundários de interesse econômico (Gagliard et al., 2018). Esses avanços contribuem não apenas para a segurança alimentar, mas também para setores como a farmacologia, a cosmetologia e a bioenergia.

Apesar do potencial transformador, a Biotecnologia ainda é pouco compreendida pela sociedade em geral e, muitas vezes, cercada por mitos ou informações distorcidas, sobretudo quando se trata da engenharia genética (Pinheiro; Pantoja; Salmito Vanderley, 2017). A aproximação entre universidade e escolas pode estimular o interesse de estudantes pela ciência, ao mesmo tempo em que fornece a professores ferramentas para enriquecer o ensino de Biologia com conteúdos práticos e contextualizados (Gagliard et al., 2018).

Nesse contexto, a própria natureza das atividades relacionadas à Biotecnologia nos diferentes aspectos das sociedades contemporâneas, possui intrinsicamente, um caráter de interdisciplinaridade e interprofissionalidade e necessita da integração entre de diferentes setores da academia e produtivo para melhor aproveitamento do potencial para beneficiar a sociedade como um todo. Dessa forma, divulgar conhecimento e promover a cultura científica (Xavier, 2012; Fonseca & Oliveira, 2015) entre diferentes segmentos do ensino fundamental e médio pode estimular o interesse na qualificação profissional, utilizando a formação acadêmica qualificada como uma base para aperfeiçoamento técnico, seja na própria academia ou em setores produtivos que requerem conhecimento especializado.

A proposta se ancora na perspectiva de que o ensino de Biotecnologia, quando associado a práticas laboratoriais e ao diálogo com a realidade dos alunos, contribui para a inclusão social e para a formação de cidadãos críticos, conscientes e preparados para lidar com os desafios socioambientais contemporâneos (Machado et al., 2022; Pinheiro; Pantoja; Salmito Vanderley, 2017). Dessa forma, o projeto “Biotecnologia na Escola: ensinando e desmistificando”, desenvolvido no Laboratório de Biotecnologia Vegetal (NUPEM/UFRJ-Macaé), tem como objetivos (i) aproximar o conhecimento científico especializado dos agentes da educação básica em Macaé e região; (ii) utilizar os conhecimentos de Biotecnologia (vegetal, animal e microbiana) para estimular o debate sobre a importância do conhecimento científico no desenvolvimento sustentável das sociedades contemporâneas; (iii) promover a discussão sobre a importância dos Objetivos do Desenvolvimento Sustentável da Agenda 2030 (ODS 2030) e como a Biotecnologia pode contribuir nesse processo; (iv) promover a educação tecnológica, econômica e ambiental, baseados em conhecimento científico.

METODOLOGIA

Nosso público pensado para o projeto de extensão Biotecnologia na escola: divulgação científica para enfrentar as mudanças climáticas compreende as esferas Municipal, Estadual e Federal. Todos que fazem parte do universo das unidades escolares do Município de Macaé parceiras do projeto e que tenham interesse em conhecimento relacionado com Biotecnologia, são bem-vindos. Mais especificamente, teremos como principal foco para divulgação, Professores (Ensino Fundamental e do Ensino Médio) e alunos (Ensino Fundamental II e do Ensino Médio) de escolas parceiras do projeto. Nosso universo aproximado de alunos que podem ter acesso indireto as informações do projeto compreende de aproximadamente 4.200 alunos. Desse total, cerca de aproximadamente 700 alunos estão dentro do público planejado para receber de forma direta as informações repassadas através do projeto. Nós pretendemos estimular a troca de conhecimento entre os alunos para ampliar o alcance do projeto.

Nosso projeto conta com parcerias de escolas do Ensino Fundamental e Médio de do Município de Macaé: Colégio Municipal Elza Ibrahim (CNPJ: 10.420.037/0001-22); Colégio Estadual 1º de Maio (CNPJ: 01.117.890/0001-89); Colégio de Aplicação de Macaé (CNPJ: 16.986.691/0001-84); Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Fluminense - Campus Macaé (CNPJ: 10.779.511/0005-30).

Nossa estratégia principal consiste em apresentações temáticas/expositivas para escolas parceiras do projeto no Município de Macaé ou em visitas ao Laboratório de Biotecnologia Vegetal (NUPEM/CCS/UFRJ).

Sempre que possível, faremos reuniões preparatórias com os professores de Biologia, Química, Física e Matemática para tentar alinhar as apresentações com conteúdo ministrados por estes professores.

Apresentações nas escolas parceiras do projeto

1) Apresentações introdutórias sobre Biotecnologia, enfatizando marcos históricos e aplicações contemporâneas. Abordaremos temas relacionados com Biotecnologia (vegetal, animal e microbiana) enfatizando exemplos de suas respectivas aplicações. Daremos ênfases aos temas relacionados com produção de alimentos, saúde e meio ambiente/sustentabilidade.

2) Apresentações expositivas sobre biotecnologia vegetal, com apoio de material previamente preparado no Laboratório de Biotecnologia Vegetal. Por exemplo: cultura de tecidos vegetais (calos de *Arabidopsis thaliana*), e germinação in vitro.

3) Apresentações introdutórias sobre engenharia genética e algumas de suas aplicações principalmente na área da saúde. Utilizaremos. material didático previamente preparado pelos docentes e alunos participantes do projeto. Também utilizaremos modelos plásticos que simulam a estrutura da molécula de RNA, DNA e proteína para introduzir a ideia de manipulação do DNA.

Curso teórico/prático no Laboratório de Biotecnologia Vegetal

Quando possível ministraremos cursos de curta duração (teórico/prático) para professores da rede municipal e região no Laboratório de Biotecnologia Vegetal (NUPEM/CCS/UFRJ-Macaé). Faremos apresentações expositivas no Laboratório com diferentes temas:

a) Noções de biossegurança em laboratórios;
b) Preparo de meio de cultura;

c) Preparação de amostras para cultivo *in vitro* de plantas;
d) Extração e análise de DNA.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Durante os meses de maio e junho de 2025, foram realizadas atividades em duas escolas do município de Macaé, totalizando três eventos presenciais. Nos dias 15 e 28 de maio, foram realizadas visitas ao Colégio Municipal Elza Ibrahim com o objetivo de promover atividades de extensão voltadas à divulgação científica. A programação incluiu uma palestra sobre Biotecnologia Vegetal, ministrada pelo Prof. Dr. Marco Antônio Lopes Cruz, seguida de uma oficina expositiva conduzida pelas extensionistas Paula Guimarães e Gabriela Pimentel. As ações envolveram a participação de 195 estudantes do 6º ao 9º ano do Ensino Fundamental II.

Na palestra, foi discutido a importância do estudo das plantas como ferramenta fundamental para a compreensão dos processos biológicos, ecológicos e tecnológicos que envolvem o ambiente natural e as práticas agrícolas. Além de abordar o papel das plantas na produção de alimentos, na conservação ambiental e no desenvolvimento de soluções sustentáveis. Também foi apresentado conceitos como micropropagação de plantas, biofábrica vegetal e aplicações dessas tecnologias, assim como o papel das plantas no equilíbrio ambiental e os impactos das mudanças climáticas. Posteriormente, os estudantes tiveram a oportunidade de observar e manusear germinações in vitro de Feijão, Sorgo e *Arabidopsis thaliana*, por meio de tubos de ensaio contendo os respectivos cultivos vegetais. Esses materiais foram previamente preparados pela aluna extensionista Paula, no Laboratório de Biotecnologia Vegetal do NUPEM/UFRJ, com o intuito de compor a oficina expositiva.

No dia 5 de junho, a mesma dinâmica, palestra seguida de oficina expositiva foi replicada no Colégio Estadual 1º de Maio, desta vez direcionada às turmas do 3º ano do Ensino Médio. Além de abordar os mesmos tópicos, a linguagem utilizada foi adaptada ao nível dos estudantes, enquanto nas turmas do Ensino Fundamental II a comunicação foi mais acessível e com termos populares, no Ensino Médio foi possível utilizar uma abordagem mais técnica. Ao final da atividade, as extensionistas incluíram orientações e incentivos para a realização da prova do ENEM e ingresso ao Ensino Superior, com o objetivo de ampliar as perspectivas acadêmicas dos discentes e fomentar o interesse pela continuidade da formação educacional.

Em ambas as escolas, foi possível observar um elevado nível de curiosidade e participação por parte dos estudantes. Demonstraram interesse ativo ao formular perguntas, manusear os cultivos e expressar entusiasmo diante das técnicas laboratoriais aplicadas ao desenvolvimento vegetal. A combinação entre exposição teórica e atividade prática revelou-se especialmente eficaz para aproximá-los dos conceitos de biotecnologia vegetal. Enquanto a palestra ofereceu os fundamentos científicos necessários, a oficina permitiu a manipulação direta dos cultivos, tornando os processos menos abstratos e facilitando a compreensão de técnicas como a micropropagação.

A escolha de espécies vegetais familiares, como Feijão (*Phaseolus vulgaris*) e Sorgo (*Sorghum bicolor*), contribuiu para a identificação dos alunos com os organismos estudados. Por outro lado, a introdução da *Arabidopsis thaliana* possibilitou o contato

com o conceito de planta-modelo, amplamente utilizada em pesquisas científicas. Essa abordagem pedagógica, ao articular elementos de familiaridade com aspectos de inovação, promoveu uma visão integrada entre aplicações práticas do cotidiano e os avanços do estudo científico.

CONCLUSÃO

Durante as ações nas escolas Elza Ibrahim (Fundamental II) e 1º de Maio (Ensino Médio) os alunos demostraram bastante interesse na Biotecnologia. Também observamos curiosidade durante o manuseio dos tubos de cultivo in vitro de feijão e *Arabidopsis thaliana*. Além disso, no curso de curta duração para o Centro de Formação Professora Carolina Garcia os participantes demostraram interesse em atualizar e aprofundar seus conhecimentos em Biotecnologia. Nossos resultados mostram que o ensino de Biotecnologia é ainda escasso na educação básica. Dessa forma, é imperativo mais ações para prover professores e alunos dessa importante área de conhecimento das Ciências Biológicas.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: PROFAEX- Programa Institucional de Fomento Único de Ações de Extensão (UFR).

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS (Não há limite de palavras)

BRASIL. Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovações. *Estratégia Nacional de Ciência, Tecnologia e Inovação 2016–2022*. Brasília: MCTI, 2020.

FONSECA, M. A., & OLIVEIRA, B. J. D. (2015). Variações sobre a" cultura científica" em quatro autores brasileiros. *História, Ciências, Saúde-Manguinhos*, *22*(2), 445-460.

GAGLIARDI, R. F.; SILVA, C. R. da; SOARES, B. O.; GARCIA, R.; PETTINELLI, J. A.; SOUSA, I. B. de. Produção e conservação *in vitro* de plantas medicinais: introdução da biotecnologia vegetal no ensino médio. *Interagir: pensando a extensão*, Rio de Janeiro, n. 24, p. 1-11, 2018.

MACHADO, B. O.; TONELLO, C. Z.; REICHERT JÚNIOR, F. W.; BRAMMER, S. P.; PACE PEREIRA LIMA, G.; CHIOMENTO, J. L. T. Melhoramento genético e biotecnologia vegetal aplicados à fruticultura: uma revisão sistemática. *Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais*, v. 13, n. 1, p. 234-252, 2022.

MORANDI, M. A. B.; PACKER, A.; MENDES, R.; TANURE, J. P. M.; ANDRADE, C. A. de; MENEZES, C.; MORANDI, A. R. I. N. Agricultura & meio ambiente: a busca pela sustentabilidade, 2024.

PINHEIRO, J. P. S.; PANTOJA, L. D. M.; SALMITO VANDERLEY, C. S. B. Ensino de biotecnologia: o conhecimento docente e abordagem na perspectiva do Exame Nacional do Ensino Médio. *Revista Ibero-Americana de Estudos em Educação*, Araraquara, v. 12, n. esp., p. 776-792, 2017.

SILVEIRA, J. M. F. J.; BORGES, I. C.; BUAINAIN, A. M. Biotecnologia e agricultura: da ciência e tecnologia aos impactos da inovação. *São Paulo em Perspectiva*, São Paulo, v. 19, n. 2, p. 101–114, abr./jun. 2005.

XAVIER, L. N. (2012). Universidade, pesquisa e educação pública em Anísio Teixeira. *História, Ciências, Saúde-Manguinhos*, *19*, 669-682.

I CONGRESSO REGIONAL DE BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Estratégias científicas e inovadoras para a agricultura e meio ambiente

2025

06 a 08 de outubro

BIOPROSPECÇÃO, BIOFÁRMACOS, BIOMATERIAIS E NANOBIOTECNOLOGIA

Realização:

Apoio:

Patrocínio:

Purificação e caracterização de peptídeos antimicrobianos de frutos imaturos de *Capsicum annuum* com atividade antifúngica contra levedura do gênero *Candida*.

Laura Irene Ferreira Alves, Larissa Maximiano Resende, Lorran Yves Machado, Valdirene Moreira Gomes

O aumento da resistência aos antifúngicos tem se tornado uma grande ameaça à saúde global. Assim, os peptídeos antimicrobianos (AMPs) vegetais surgem como alternativas terapêuticas. O objetivo do trabalho foi purificar e caracterizar AMPs de frutos imaturos da pimenta *Capsicum annuum* UENF 1381 e avaliar as propriedades antimicrobianas na inibição do crescimento de leveduras do gênero *Candida*. Para a obtenção dos frutos, sementes de pimenta foram germinadas e, após quinze dias, quando apresentaram dois pares de folhas definitivas, as mudas foram transplantadas para vasos e cultivadas em casa de vegetação. Os frutos foram colhidos 30 dias após a antese e submetidos ao processo de extração que seleciona peptídeos com carga líquida positiva e baixa massa molecular. O extrato apresentou proteínas com massa molecular entre 6,5 e 14 kDa em SDS-Page. Sequencialmente, a atividade antifúngica do extrato foi avaliada contra *Candida albicans* e *Candida buinensis* nas concentrações de 25-200 µg/µL. O extrato promoveu inibição do crescimento fúngico com redução de 80% para *C. albicans* e 84% para *C. buinensis* na maior concentração testada. Na etapa seguinte, o extrato foi submetido à cromatografia de fase reversa em coluna C18 para a separação dos peptídeos, resultando em cinco frações denominadas F1 a F5. A fração F1 apresentou atividade antifúngica, com 35% de inibição em *C. albicans* e 34% em *C. buinensis*, na concentração de 200 µg/µL. Adicionalmente, foi observada permeabilização da membrana em *C. buinensis*. As próximas etapas envolvem a caracterização da fração F1 e a análise do modo de ação sobre as leveduras.

Palavras-chave: Peptídeos antimicrobianos de plantas, *Candida albicans, Candida buinensis, Capsicum annuum.*

Agradecimentos: UENF, CNPq, CAPES e FAPERJ.

Efeitos do metil jasmonato na produção de polifenóis e atividades antioxidante e anti-inflamatória em calos de *Coffea canephora*

Antônio Domingos de Souza Junior, Rayanne Gama Matos, Iana Soares Pessoa; Victor Paulo Mesquita Aragão; Marcio Fronza

O café conilon Coffea canephora Pierre ex A. Froehner possui compostos bioativos com ação antioxidante e anti-inflamatória, promovendo benefícios a saúde que despertaram o interesse farmacológico do gênero nas últimas décadas. A cultura de tecidos vegetais in vitro surge como uma alternativa em relação a produção tradicional para a obtenção desses compostos bioativos de interesse, permitindo a biossíntese em ambiente com condições controladas, assépticas e em larga escala. O presente estudo investigou o efeito do metil jasmonato (MeJa) como elicitor na produção in vitro de compostos bioativos, assim como nas atividades antioxidante e anti-inflamatória em extratos de calos de C. canephora, nas concentrações de 0, 100, 200 e 400 µM no 1º e 4º estágio de subcultivo. O teor de proteínas totais foi determinado utilizando o método de Bradford, enquanto compostos fenólicos e flavonoides foram determinados com os métodos de Folin-Ciocalteau e Polifenóis, respectivamente. Para determinar a atividade antioxidante nos extratos, foram utilizados os ensaios químicos colorimétricos de eliminação de radicais livres ABTS e DPPH. Para avaliar o efeito anti-inflamatório, foram avaliadas a redução na produção do radical do ânion superóxido (O2•-), de óxido nítrico (NO), e das citocinas (TNF- α, IL-1 e IL-6) em cultura de macrófagos estimulados com LPS. Os resultados demonstraram que o tratamento com 100 µM de MeJa no 1º subcultivo promoveu o maior acúmulo de polifenóis, com maior atividade antioxidante e inibição significativa dos mediadores inflamatórios O_2^{-}•, NO, TNF-α, IL-1 e IL-6. A resposta celular com o tratamento do elicitor no 4º subcultivo foi reduzida, o que pode indicar um impacto na senescência da biossíntese metabólica. Os resultados demonstram que tanto o número de subcultivos quanto a concentração do elicitor MeJa são fatores que influenciam na otimização da produção de extratos bioativos a partir de calos de C. canephora. Os achados reforçam o potencial do cultivo in vitro na obtenção e no desenvolvimento de produtos, com destaque para aplicações voltadas ao controle de processos inflamatórios e combate ao estresse oxidativo.

Palavras-chave: café, tecidos vegetais, elicitor, metil jasmonato

Agradecimentos: Os autores agradecem a Fundação de Amparo à Pesquisa do Espírito Santo (FAPES) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

Bioprospecção de bactérias endofíticas de *Cattleya lobata* com potencial para bioinsumos agrícolas sustentáveis

Rafaella Ribeiro Rodrigues, Eduardo de Matos Nogueira

A busca por alternativas biotecnológicas que reduzam a dependência de insumos químicos na agricultura tem despertado crescente interesse, especialmente no contexto da sustentabilidade e da produção orgânica. Nesse cenário, as bactérias endofíticas destacam-se por seus múltiplos mecanismos de promoção de crescimento vegetal, como a produção de fitormônios, a solubilização de nutrientes e a tolerância a estresses ambientais. O presente trabalho teve como objetivo isolar e caracterizar bactérias endofíticas associadas a *Cattleya lobata*, espécie de orquídea brasileira criticamente ameaçada, a fim de avaliar seu potencial como bioinsumos agrícolas. Amostras de raiz e parte aérea foram desinfetadas superficialmente, maceradas em condições estéreis e cultivadas em meio sólido Circle Grow, sendo posteriormente mantidas em meio líquido CG e preservadas em glicerol 20% a -20 °C. Os isolados foram avaliados quanto à produção de ácido indolacético, fixação biológica de nitrogênio, solubilização de fosfato e resistência a estresses abióticos. Foram obtidos 24 isolados, com diversidade morfológica, dos quais diferentes cepas apresentaram múltiplos mecanismos de promoção de crescimento. Esses resultados reforçam o potencial dessas bactérias como fonte de biofertilizantes e biomoléculas de interesse agrícola, oferecendo alternativas viáveis para reduzir o uso de fertilizantes químicos e contribuir para uma agricultura mais sustentável. Além disso, os achados ampliam as perspectivas de aplicação de microrganismos endofíticos no desenvolvimento de tecnologias verdes voltadas para a biotecnologia vegetal

Palavras-chave: bioprospecção; bactérias endofíticas; *Cattleya lobata*; bioinsumos; biotecnologia vegetal.

Agradecimentos: À Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro (UNIRIO) pelo suporte institucional e a Financiadora de Estudos e Projetos (FINEP), Sociedade Orquidófila de San Diego e a Companhia Caminhos Aéreos Pão de Açúcar pelo suporte financeiro.

Peptídeos antimicrobianos de plantas do gênero *Phaseolus*: Isolamento, caracterização e atividade antifúngica sobre leveduras

Maria Clara Menezes dos Santos, Layrana de Azevedo dos Santos, Thaynã Amanda Melo de Souza, Thâmara Figueiredo Menezes, Rosana Rodrigues, Valdirene Moreira Gomes.

Peptídeos antimicrobianos (AMPs) são moléculas do sistema imune, que atuam na defesa contra patógenos, incluindo bactérias, vírus, parasitas e fungos. Dentre os AMPs vegetais, destacam-se as defensinas que exercem diversas funções, como a inibição de síntese proteica, α-amilases, proteases e canais iônicos, além da permeabilização de membranas celulares de patógenos. O trabalho objetivou isolar, purificar e caracterizar peptídeos antimicrobianos, especialmente da família das defensinas presentes em sementes de feijões do gênero *Phaseolus*, e avaliar suas atividades inibitórias sobre o crescimento de leveduras do gênero *Candida* e sobre enzimas das famílias serino proteases e α-amilase salivar humana. Inicialmente, realizou-se a extração proteica de sementes de uma variedade local de feijão do gênero *Phaseolus*, resultando na obtenção de um extrato total. Esse extrato foi submetido à cromatografia de troca iônica em coluna de DEAE-Sepharose, com eluição por gradiente de NaCl para separação das frações proteicas (D1 e D2), com posterior quantificação e análise do perfil proteico por eletroforese em gel SDS-PAGE/TRICINA. As frações também foram avaliadas em ensaios antifúngicos sobre as leveduras *Candida tropicalis*, *Candida albicans*, *Candida parapsilosis*. Os resultados mostraram que a fração D1 contém bandas de baixa massa molecular, característico das defensinas, porém observou-se que a fração D2 teve maior atividade inibitória sobre as leveduras *C. albicans* e *C. tropicalis*, com inibições de 53% e 58%, respectivamente, na concentração de 200 $\mu g/mL^{-1}$. Nessa mesma concentração, ainda foi visto que a fração D2 inibiu 98% da atividade da enzima tripsina e 57% da α-amilase salivar humana. Dessa forma, esse estudo visa caracterizar peptídeos antimicrobianos, especialmente defensinas de sementes de *Phaseolus*, e avaliar seu potencial biotecnológico na inibição de leveduras do gênero *Candida* e na modulação enzimática, além de investigar seus mecanismos de ação, contribuindo para o controle de doenças fúngicas.

Palavras-chave: *AMPs de Plantas*; *Defensinas*; *Phaseolus*; *Candida.*

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, CNPq.

Estudo fitoquímico dos galhos de *Quararibea floribunda* (Malvaceae)

Anderson Ferreira da Silva Bento, Thalya Soares Ribeiro Nogueira, Kethleen Duarte Crespo Soares, Renata Rodrigues da Silva Robaina, Carlos Daniel Miranda Ferreira, Raimundo Braz Filho, Ivo José Curcino Vieira

Quararibea floribunda é uma das treze espécies do gênero que estão presentes em território brasileiro (Cerrado e Mata Atlântica). Com base no levantamento bibliográfico, realizado nas principais bases de periódicos, verificou-se que a espécie não possui estudos. No entanto, flavonoides, cumarinas, alcaloides, lignanas, glicosídeos cardiotônicos, esteroides, terpenos e polissacarídeos são exemplos de classes de metabólitos secundários que podem ser encontrados em espécies da família Malvaceae. O presente trabalho teve por objetivo realizar o estudo fitoquímico dos galhos de *Q. floribunda*. O material vegetal foi coletado no Parque Estadual da Pedra Branca, Jacarepaguá-RJ. Uma exsicata foi depositada no Herbário do Jardim Botânico do RJ sob número de RB 875016. Posteriormente, galhos foram triturados em moinho de martelos e submetido à maceração exaustiva com solvente orgânico hexano. A solução, obtida após filtração simples, foi concentrada em evaporador rotativo. O extrato hexânico obtido foi submetido à etapa de fracionamento cromatográfico afim de se purificar substâncias, na qual foram empregas técnicas cromatográficas clássicas. Para a identificação da substância, foi realizada cromatografia em camada delgada analítica (CCDA) de modo a comparar fator de retenção (F_R) e perfil cromatográfico da amostra com padrão disponível no laboratório. O estudo fitoquímico possibilitou o isolamento e identificação de *b*-sitosterol. A amostra e o padrão apresentaram valor de F_R igual a 0,5 e mesmo perfil cromatográfico. O *b*-sitosterol possui importantes atividades biológicas relatadas, como antinflamatória, antioxidante, anticâncer (câncer de próstata e mama, por exemplo), antifúngica (*Alternaria alternata*, *Aspergillus niger*, *Cladosporium cladosporioides* e *Phytophthora* sp., por exemplo). O presente trabalho tem como perspectiva futura dar continuidade ao estudo fitoquímico, bem como realizar ensaios biológicos dos extratos, desta e outras substâncias que venham a ser purificadas, de modo a explorar o potencial químico e biotecnológico da espécie.

Palavras-chave: Malvaceae, *Quararibea*, fitosteróis.

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, CNPq, CAPES

Bioprospecção de 16 Extratos de *Aspidosperma*: Potencial Antiproliferativo em células HeLa

Carolina Sá Ribeiro, Ketlheen Duarte Crespo Soares, Thalya Soares Ribeiro Nogueira, Kaique Gonçalves de Souza, Vinícius D'Ávila Bitencourt Pascoal, Aislan Cristina Rheder Facundes, Ivo José Curcino Vieira

O câncer cervical é o quarto tipo mais comum entre mulheres e importante causa de morbimortalidade em jovens. O maior desafio terapêutico é alcançar eficácia com baixa toxicidade. Nesse contexto, compostos do metabolismo secundário de plantas se destacam por apresentarem menos efeitos adversos que quimioterápicos convencionais. A família Apocynaceae, com cerca de 4600 espécies, engloba o gênero *Aspidosperma*, cujas atividades biológicas estão relacionadas à presença de alcaloides indólicos. Nesta perspectiva, o objetivo foi avaliar a atividade antiproliferativa de 16 extratos metanólicos de espécies de *Aspidosperma* em células HeLa. Foram utilizadas sementes adquiridas comercialmente (Caiçara Ltda.), além de cascas, galhos, folhas e frutos coletados na Reserva Natural Vale (Linhares, ES). Os materiais foram triturados em moinho de facas e martelos, submetidos à extração exaustiva com metanol e o extrato concentrado em rotaevaporador. A atividade antiproliferativa foi avaliada frente às células da linhagem HeLa por ensaio colorimétrico MTT, empregando DMSO como controle negativo e doxorrubicina como controle positivo. Os extratos apresentaram as seguintes concentrações inibitórias (IC_{50}): *A. polyneuron* (sementes: 54,1 µg/mL), *A. subincanum* (sementes: 58,2 µg/mL), *A. prycollum* (casca: 71,3 µg/mL), *A. desmanthum* (casca: 86,0 µg/mL; folhas: 67,6 µg/mL), *A. spruceanum* (casca: 89,2 µg/mL), *A. parvifolium* (casca: 76,0 µg/mL), *A. discolor* (sementes: 72,6 µg/mL; casca: 85,9 µg/mL) e *A. cylindrocarpon* (casca: >100 µg/mL). Segundo os critérios de Idrayanto et al. (2021), os extratos apresentaram baixa atividade antiproliferativa. Entretanto, devido ao perfil de baixa citotoxicidade, podem ser considerados candidatos promissores para futuras investigações farmacológicas, incluindo estudos antivirais.

Palavras-chave: *Apocynaceae*, *Aspidosperm*a, Potencial Antiproliferativo

Agradecimentos: UENF, CAPES, CNPQ e FAPERJ

Potencial antifúngico de *Trichilia elegans* (Meliaceae) na inibição do crescimento de leveduras do gênero *Candida*

Marcela Rezende Cordeiro, Saulo Pireda, Nicolly Lopes Bautz, Larissa Maximiano Resende, Valdirene Moreira Gomes, Ivo José Curcino Vieira e Maura Da Cunha.

A resistência aos antifúngicos representa uma ameaça crescente à saúde pública, comprometendo a eficácia dos tratamentos convencionais e exigindo alternativas terapêuticas. Leveduras do gênero *Candida* são especialmente relevantes, por causarem infecções que variam de superficiais a sistêmicas, frequentemente associadas a alta mortalidade e dificuldade de diagnóstico. Diante desse cenário, substâncias naturais têm sido estudadas como potenciais agentes antimicrobianos. A Mata Atlântica, por sua rica biodiversidade, abriga espécies vegetais com propriedades bioativas, como *Trichilia elegans* (Meliaceae). Folhas dessa espécie foram coletadas na Estação Ecológica Estadual de Guaxindiba (RJ), secas, trituradas e submetidas à maceração a frio com metanol. O extrato obtido foi testado frente a seis espécies de *Candida*: *C. albicans*, *C. buinensis*, *C. glabrata*, *C. krusei*, *C. parapsilosis* e *C. tropicalis*. As cepas foram cultivadas a 30 °C por 24 h, inoculadas em meio líquido, quantificadas em câmara de Neubauer (10^4 células/mL) e tratadas com 500 ppm do extrato. Após 24 h de incubação, a atividade antifúngica foi avaliada por leitura de absorbância. Foi observada inibição dos crescimentos nas leveduras C. *albicans* (30%), *C. buinensis* (30%), *C. krusei* (31%), *C. parapsilosis* (33%) e *C. tropicalis* (41%). Nas análises histoquímicas, cortes foliares à mão livre foram submetidos a reagentes específicos (Cloreto Férrico, Lugol, NADI, Wagner, Sudan IV, Vermelho de Rutênio e Xylidine), evidenciando fenólicos, terpenos, alcaloides, proteínas, lipídios, pectinas e amido em estruturas secretoras como tricomas glandulares e idioblastos. Esses achados reforçam o potencial biotecnológico da espécie como fonte promissora de substâncias naturais com aplicação terapêutica no combate a infecções fúngicas resistentes.

Palavras-chave: Antifúngico natural; Metabólitos secundários; Resistência microbiana.

Agradecimentos: CNPq; CAPES; FAPERJ.

Bioprospecção de microrganismos de frutos de cafeeiro, capazes de influenciar a qualidade sensorial da bebida

Thatiana Aparecida Xavier Borges, Nicolas da Costa Ribeiro, Wálaci da Silva Santos, Gonçalo Apolinário de Souza Filho

O café, segunda bebida mais consumida no mundo após a água, tem papel estratégico na economia de países produtores como o Brasil, maior produtor mundial e segundo maior consumidor. Com a ascensão da "terceira onda do café", cresce a busca por experiências sensoriais e práticas sustentáveis, alinhadas aos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS). Nesse contexto, a microbiota dos frutos do cafeeiro tem ganhado destaque por sua atuação na fermentação e influência na qualidade sensorial da bebida. Este estudo teve como objetivo isolar, identificar e caracterizar microrganismos de frutos de café visando sua aplicação em fermentações controladas. As amostras foram coletadas em regiões produtoras de café especial: no Rio de Janeiro (Natividade, Bom Jesus do Itabapoana e Varre-Sai), Espírito Santo (Muribeca, em São José do Calçado), Minas Gerais (Chapada Diamantina e Espera Feliz) e Bahia (Vitória da Conquista). Foram isoladas 96 cepas de leveduras (YEPD), 72 bactérias (DYGS) e 19 fungos filamentosos, todos preservados em glicerol a -80 °C; os fungos também pelo método de Castellani. As bactérias foram identificadas por sequenciamento do gene 16S rRNA, e as leveduras pela região ITS. Realizaram-se ensaios de tolerância a estresses abióticos, avaliando a viabilidade das cepas em temperaturas de 8 °C, 20 °C, 30 °C, 35 °C, 40 °C e 45 °C; pH 3,0; 4,0; 5,5; 7,0 e 8,0; e fontes de carbono como glicose, frutose, manose, sacarose e pectina. Cepas promissoras foram aplicadas em fermentações controladas e avaliadas quanto a parâmetros físico-químicos e sensoriais conforme protocolos da Specialty Coffee Association (SCA). Os resultados apontam o potencial biotecnológico dessas cepas para diversificação sensorial e valorização do café especial brasileiro.

Palavras-chave: Biotecnologia; Café; Qualidade Sensorial

Agradecimentos: CAPES,CNPQ, FAPERJ, FINEP, Emater-Rio, Incaper - São José do Calçado, Espírito Santo, Brasil, IFF – *Campus* Bom Jesus do Itabapoana, Rio de Janeiro, Brasil

Caracterização e expressão heteróloga de terpeno sintases de *Artemisia vulgaris* em *Saccharomyces cerevisiae*

Ana Clara Silva Lopes March Frota de Souza, Kerolayne Rodrigues, Diogo Maciel Duarte da Mota, Ana Eliza Zeraik, Felipe Astolpho de Almeida

A *Artemisia vulgaris* (L.) é uma espécie da família Asteraceae amplamente utilizada na medicina tradicional e reconhecida pelo potencial farmacológico de seus metabólitos secundários, como os terpenoides, compostos com propriedades antioxidantes, anti-inflamatórias e antimicrobianas. Apesar da relevância etnobotânica, o conhecimento sobre as enzimas responsáveis por sua biossíntese, as terpeno sintases (TPS), permanece limitado nessa espécie, em contraste ao que se observa para *A. annua*. Neste estudo, foi conduzida uma abordagem bioinformática utilizando dados genômicos crus de *A. vulgaris*, submetidos a filtragem de qualidade, alinhamento e montagem, com o objetivo de investigar a presença de sequências homólogas aos CDS de TPS previamente descritos em *A. annua*. Foram identificados contigs candidatos que servirão como base para o desenho de primers específicos, possibilitando a validação experimental futura desses genes. Os próximos passos incluem a clonagem e expressão heteróloga das sequências de interesse em *Saccharomyces cerevisiae*, seguidas por análises funcionais nesse sistema microbiano. Desta forma, os resultados obtidos representam um passo inicial na caracterização genética de TPS em *A. vulgaris*, fornecendo subsídios para a exploração biotecnológica de seus terpenoides e ampliando as perspectivas de aplicação farmacológica e industrial desses compostos.

Palavras-chave: *Artemisia vulgaris*; terpeno sintases; expressão heteróloga

Agradecimentos: A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro pelo suporte institucional e ao Laboratório de Bioprospecção para Engenharia Metabólica pelo apoio técnico-científico.

Bioprospecção de leveduras antagonistas como alternativa de controle biológico de fungos filamentosos em café

Nicolas da Costa Ribeiro; Thatiana Aparecida Xavier Borges; Wálaci da Silva Santos; Gonçalo Apolinário de Souza Filho

O café é a segunda bebida mais consumida no mundo e representa um dos principais produtos agrícolas de relevância econômica, social e cultural. No Brasil, maior produtor e exportador mundial, seu cultivo teve início no estado do Rio de Janeiro e, posteriormente, expandiu-se para Minas Gerais, Espírito Santo e São Paulo. A elevada demanda mundial por qualidade colocou em destaque práticas que assegurem qualidade sensorial da bebida, mas também a sua segurança alimentar, especialmente nos processos de secagem e armazenamento, os grãos de café estão sujeitos à contaminação por fungos filamentosos. Além das alterações sensoriais negativas, esses microrganismos podem produzir metabólitos secundários tóxicos, como a ocratoxina A. Tais riscos reforçam a necessidade de estratégias inovadoras e sustentáveis de controle microbiológico que minimizem perdas econômicas e garantam a integridade do produto. Nesse contexto, microrganismos com capacidade de antagonismo contra fungos surgem como uma alternativa promissora. Este estudo tem como objetivo avaliar leveduras previamente isoladas de frutos de cafeeiro provenientes de diferentes regiões do Brasil quanto à sua capacidade antifúngica. Dentre 84 isolados, foram selecionadas oito leveduras com atividade fungistática, atualmente em processo de identificação molecular por meio da amplificação da região ITS por PCR. Esse procedimento será estendido a todos os isolados da coleção, buscando a caracterização taxonômica em nível de espécie. Em continuidade, pretende-se analisar a levedura mais promissora por abordagens proteômicas, visando identificar proteínas associadas ao antagonismo e ampliar a compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos. Espera-se, ao final do estudo, identificar e caracterizar microrganismos capazes de contribuir para o controle biológico de fungos filamentosos em café, servindo de base para o desenvolvimento de um produto biotecnológico aplicável à cafeicultura.

Palavras-chave: Biotecnologia; Café; Antagonismo

Agradecimentos: CAPES, CNPQ, FAPERJ, UENF.

Potencial Biotecnológico do Melianodiol: Uma Alternativa Natural para Controle do *Aedes aegypti*

Kethleen Duarte Crespo Soares[1], Thalya Soares Ribeiro Nogueira[1], Carolina Sá Cruz Ribeiro[1], Maria Aparecida Aride Bertonceli[2], Katia Valevski Sales[2], Raimundo Braz Filho[3] e Ivo José Curcino Vieira[1].

Filiação: [1]Laboratório de Ciências Químicas, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil; e-mail: kethleenduarte.kd2205@gmail.com.
[2]Laboratório de Química e Função de Peptídeos, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil;
[3]Departamento de Química, Universidade Federal Rural do Rio de janeiro, Seropédica, Rio de Janeiro, Brasil.

RESUMO

No Brasil, o *Aedes aegypti* é o principal vetor de arboviroses como dengue, Zika e chikungunya. A dengue se destaca como grave problema de saúde pública devido ao aumento constante de casos. Embora existam vacinas e tratamentos disponíveis para alguns arbovírus, o controle vetorial permanece como a estratégia mais eficaz e amplamente aplicável para a prevenção da transmissão. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo isolar e identificar compostos com potencial larvicida do extrato metanólico dos frutos de *M. azedarach*, frente a larvas de terceiro instar de *A. aegypti*. O material vegetal foi coletado em Campos dos Goytacazes–RJ, seco, triturado e submetido à maceração a frio com metanol. O extrato bruto, obtido por evaporação sob pressão reduzida e fracionado por partição líquido-líquido (CH_2Cl_2, AcOEt, BuOH e H_2O). Técnicas cromatográficas foram empregadas para o fracionamento bioguiado da partição diclorometano levando ao isolamento e caracterização por RMN e HRMS do protolimonóide Melianodiol (LC_{50} de 49,6 ppm) que induziu alterações morfológicas nas larvas, incluindo danos à cutícula, formação de vacúolos e geração de ROS no intestino médio, evidenciando a *M. azedarach* como fonte promissora de compostos larvicidas naturais, com potencial aplicação em novas formulações para controle de *A. aegypti.*

Palavras-chave: Melianodiol; Atividade Larvicida; Aedes aegypti; RMN.

INTRODUÇÃO

O *Aedes aegypti* é um mosquito antropofílico envolvido na transmissão de diversas arboviroses, como Dengue, Chikungunya, Febre Amarela e Zika vírus (Brasil, 2025). Conforme o boletim epidemiológico emitido pelo Ministério da Saúde, observou-se um aumento exponencial, ao longo dos anos, no número de casos dessas arboviroses no Brasil, essa tendência tem resultado em epidemias recorrentes e impactos significativos na mortalidade (Brasil, 2025).

Segundo informações da Organização mundial da saúde (OMS), de janeiro a setembro de 2025, houve o registro de aproximadamente 1,6 milhões de casos de

Dengue em toda a região do Brasil. Dentre esses casos, 1.639 resultaram em óbitos e outros 323 estão em investigação (Brasil, 2025).

Atualmente o controle da transmissão dessas arboviroses, envolve métodos mecânicos, biológicos, ambientais, químicos, além de genéticos (Who, 2023). No entanto, a principal forma de combate ocorre nos habitats de seus estágios imaturos, com a utilização de inseticidas organoclorados, organofosforados, carbamatos e piretróides sintéticos (Who, 2023).

Nesta perspectiva, o uso de inseticidas organossintéticos, vem se mostrando ineficiente para a regulação de vetores como o *A. aegypti* devido ao desenvolvimento de resistência dos mosquitos aos inseticidas utilizados regularmente (Who, 2023).

A crescente incidência de resistência nas populações de mosquitos, juntamente com a toxicidade a organismos benéficos presentes no meio ambiente, intensifica a necessidade de busca por novos larvicidas e inseticidas, além de estudos mais aprofundados no que se refere à pesticidas de ocorrência natural (Omena, 2007).

Nessa perspectiva, de acordo com Araújo e colaboradores (2009) são diversos os fatores que viabilizam a utilização de plantas medicinais na área da saúde. As plantas da família Meliaceae apresentam constituintes químicos que pertencem a diferentes classes de compostos orgânicos, podendo ser encontrados: esteroides, alcaloides, flavonoides, antraquinonas e limonoides (Araújo et al., 2009; Jaoko et al., 2020).

De acordo com Ntalli e colaboradores (2010), a espécie *M. azedarach* (Meliaceae) apresenta atividades medicinais e inseticidas, atribuídas a classe dos limonoides. Com isso, o presente trabalho teve como intuito trazer contribuições fitoquímicas e biológicas do extrato metanólico do fruto de *M. azedarach* frente a larvas de terceiro ínstar de *Aedes aegypti*.

METODOLOGIA

Obtenção dos Materiais Biológicos

Os frutos de *M. Azedarach* foram coletados no município de Campos dos Goytacazes – RJ, latitude: -21.752062 e longitude: -041.346334 em 05 de março de 2022. As larvas de terceiro instar de Aedes aegypti da cepa Rockefeller foram mantidas entre 20–30 0C e alimentadas com ração para peixe no insetário do LBT/CBB-UENF.

Estudo Fitoquímico

Os frutos de *M. Azedarach* (1000g) foram extraídos com metanol (MAF; 280g). Parte do extrato (40g) foi suspensa em H_2O:MeOH (3:1) e particionada com CH_2Cl_2, EtOAc, e n-ButOH. A fração CH_2Cl_2 (MAFD; 16,63g) foi fracionada em coluna cromatográfica com sílica gel utilizando um gradiente polar de CH_2Cl_2:MeOH, obtendo 9 frações (MAFD1-MAFD9). A fração MAFD6 (0,940g) foi novamente fracionada utilizando as mesmas fases estacionária e móvel obtendo 10 subfrações (MAFD6.1-MAFD6.10). MAFD6.3 (0,168g) foi fracionada utilizando sílica gel como fase estacionária e um gradiente de hexano:EtOAc, resultando em 5 subfrações (MAFD6.3.1-MAFD6.3.5). MAFD6.3.4 foi identificada como substância isolada (Melianodiol – 0,015g). A identificação foi feita por RMN e HRESI. Os espectros de RMN foram adquiridos em Bruker Ascend 500 ($CDCl_3$, TMS) e os de HRESI em micrOTOF-Q II (modo positivo).

Ensaio de atividade larvicida

O ensaio larvicida seguiu as diretrizes estabelecidas pela OMS (Who, 2005), através de colaboração com o Laboratório de Biotecnologia (LBT) e o Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos (LQFPP), do CBB-UENF. A partir de uma solução estoque inicial da substância isolada (5 mg/ml) em DMSO a 3 %, preparou-se diferentes concentrações (12.5, 25, 50, 75 e 100 ppm). Utilizou-se 5 larvas de terceiro instar de A*. Aegypti* por concentração em triplicata totalizando 15 larvas por ensaio. O controle negativo foi feito com DMSO 3%. As larvas foram incubadas em estufa por 24h a 28 ºC. Após esse período a mortalidade foi analisada mediante a movimentação larval. A análise estatística dos dados e o LC_{50} foram obtidos usando o programa Graph Pad Prism 6.

Microscopia Eletrônica de Transmissão (MET)

As Larvas de terceiro instar de *A. aegypti* foram tratadas com a concentração do LC_{50} para substância isolada e as larvas de controle negativo com água ultrapura com 3% de DMSO por 24 horas. As larvas foram fixadas, pós-fixadas e desidratadas para análise ultraestrutural. Em seguida, o material foi embebido em resina epóxi (Epon Leica). Obteve-se cortes ultrafinos (70 nm) em ultramicrótomo (Reichert Ultracuts, Leica) e coletado em grades de cobre (300 mesh). Os cortes foram contrastados com citrato de chumbo 5% e acetato de uranila 1% e observados em TEM (JEOL 1400, EUA; 80 kV)

Análise de indução de estresse oxidativo (ROS)

As larvas foram tratadas com uma solução contendo DTT 10 mM (Edwards & Jacobs-Lorena, 2000), ágar 0,03% e gentamicina 50 µg/ml por 12 h, lavadas e expostas ao LC_{50} por 24 h. O marcador 2',7'-diacetato de diclorofluoresceína (10 mM, Sigma D6883) foi adicionado em seguida por 2h. Após lavagem, as larvas foram transferidas para poços com água. A marcação da fluorescência foi observada por microscopia (Axioplan-Carl Zeiss) e quantificada utilizado o software Zen 2.3 (Blue Edition).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

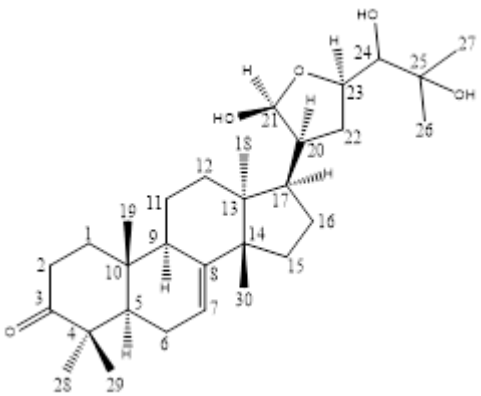


Figura 1. Proposta estrutural do Melianodiol (MAFD6.3.4).

O Melianodiol foi obtido do extrato metanólico dos frutos de *M. azedarach*, na fração MAFD6.3.4 da partição em diclorometano (Figura 1). A estrutura foi elucidada por RMN (^{13}C-DEPTQ, ^{1}H-^{1}H COSY, ^{1}H-^{1}H NOESY, HSQC, HMBC) e espectrometria de massas de alta resolução. O espectro ^{13}C-DEPTQ exibiu 30 sinais: 7 metílicos (CH_3), 8 metilênicos (CH_2), 8 metínicos (CH) e 7 quaternários, caracterizando um esqueleto tirucalânico tetracíclico tetracíclico (Vieira, 1995). Correlações HMBC confirmaram a presença de carbonila em C-3 e insaturação entre C-7 e C-8. O carbono hemicetal C-21 (δ_C 97,69) correlacionou com H-21 (δ_H 5,22), sugerindo hidroxila α.

A análise dos espectros de RMN ^{1}H revelaram a presença do grupo carbonila no átomo de carbono C-3, através do deslocamento químico e da multiplicidade do hidrogênio H-2ª em δ_H 2.77 (dt, J= 5.5 e 14.6 Hz)

A presença do grupo carbonila ligado ao átomo de carbono C-3 pode ser confirmada pelas correlações homonucleares a longa distância ^{2}JCH entre o carbono C-3 em 216.49 com o hidrogênio H-2a em δ_H 2.77 e a ^{3}JCH com dois grupos metila em δ_H 1.05 (CH_3-28) e 1.13 (CH_3-29), apresentadas no mapa de correlação heteronuclear HMBC.

No espectro de RMN ^{13}C-DEPTQ, pode-se observar os sinais δ_C 146.67 (C-8) e 118.18 (CH-7), que sugerem a ocorrência de uma insaturação entre esses dois átomos de carbono, confirmada pela correlação a longa distância ^{3}JCH entre o átomo de carbono C-8 (δ_C 146.67) com os hidrogênios do grupo metila (CH_3-30) em δ_H 1.06.

O deslocamento químico em δ_C 97.69, relativo a um átomo de carbono hemicetal na posição C-21 do anel de 5 membros do triterpeno, correlaciona com um dupleto largo em δ_H 5.22 (J= 2.2 Hz) relativo ao hidrogênio hemicetálico H-21 apresentado no HMQC. O espectro de RMN ^{13}C-DEPTQ confirma que o grupo hidroxílico em C-21 encontra-se α-posicionado. Outros carbonos oxigenados foram verificados em δ_C 78.7 (C-23), 75.32 (C-24), e 73.37 (C-25), possibilitando a proposta para cadeia lateral.

A presença de um grupo hidroxila no carbono C-25 apresentado, pode ser confirmado pela correlação a longa distância ^{2}JCH entre o átomo de carbono de C-25 em δ_C 73.37, com os hidrogênios dos dois grupos metila em δ_H 1.30 (3H-26) e em 1.28 (3H-27).

O espectro de massas de alta resolução (LC-MS/MS) (Figura 2) mostrou um sinal em m/z= 511.3286 correspondente ao pico $[M+Na]^+$. Baseado nos dados de RMN e de massas foi proposta a fórmula molecular $C_{30}H_{48}O_5$ comprovando assim a proposta estrutural para o Melianodiol.

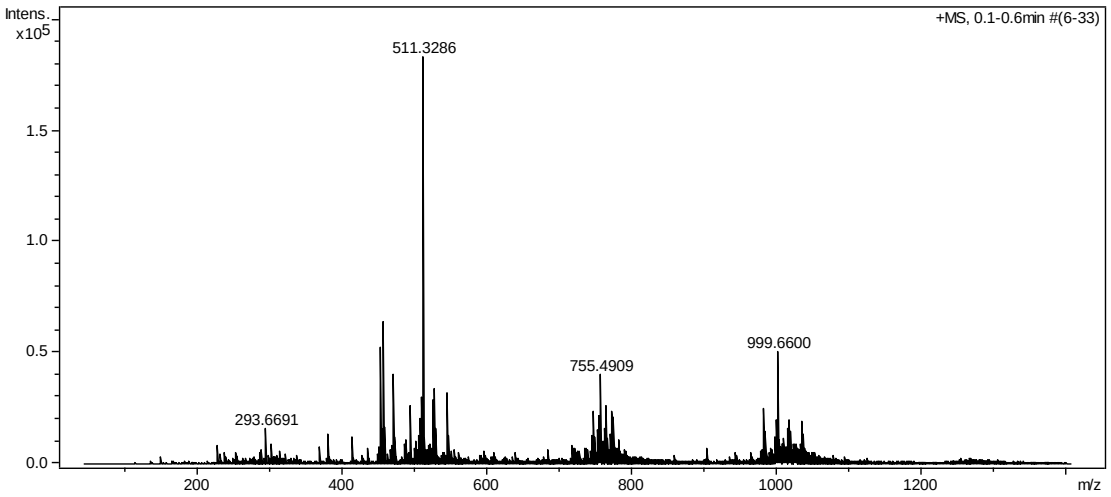


Figura 2. Espectro de massas de alta resolução para o Melianodiol.

Diante disso, conduzimos um ensaio larvicida utilizando o Melianodiol em diferentes concentrações. A Figura 3 ilustra um efeito dose-dependente na sobrevivência das larvas, resultando em um LC_{50} de 49,6 ppm, calculado com o auxílio do software GraphPad Prism 6.

Ao examinar as características morfológicas gerais da larva tratada com a concentração de 100 ppm (Figura 4), notamos evidências de danos aparentes na estrutura do exoesqueleto, juntamente com a presença de manchas escuras na região do intestino médio posterior (setas brancas). Reforçando a hipótese de que trata-se de uma resposta imunológica associada à melanização em insetos, conforme previamente descrito por Nakhleh & Moussawi (2017) e Smith et al. (2022).

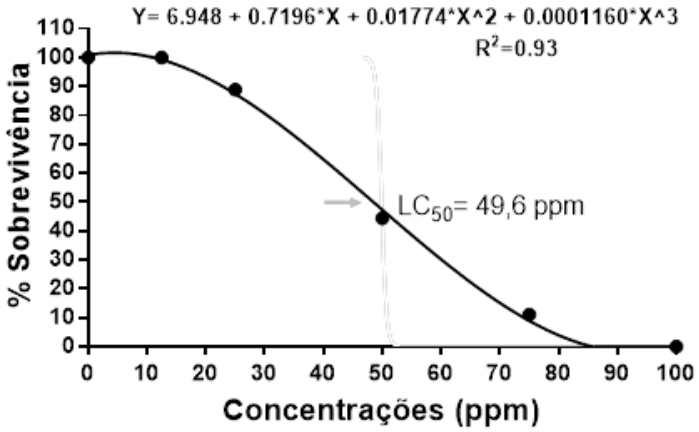


Figura 3. % de sobrevivência de larvas de 3º instar de *Aedes aegypti* tratadas com Melianodiol (ppm). LC_{50} = 49,6 ppm (seta cinza), calculado no GraphPad Prism 6. Diferenças significativas foram obtidas por regressão polinomial de quinta ordem ($P < 0,05$).

Figura 4. Características morfológicas de larvas de 3º instar de *Aedes aegypti* expostas a diferentes concentrações de Melianodiol. C – Controle. Barra = 1 mm.

Alterações na cutícula e formação de vacúolos foram observadas em larvas tratadas com 50 e 100 ppm do Melianodiol (Figura 5). Na Figura 5E, o tratamento com 50 ppm evidenciou danos cuticulares (CD) e vacuolização (V) no intestino médio. As Figuras 5F–H mostram alterações nos acúleos cuticulares (AC) e vacuolização das células digestivas, sugerindo morte celular pela toxicidade da substância. Já nas Figuras 5I–L, notam-se danos graves (DG) em toda a cutícula, afetando acúleos (AC), exocutícula (EX) e endocutícula (ED), além da formação de grandes vacúolos possivelmente preenchidos por lipídeos, conforme descrito por Scudeler & Santos (2014) em *Ceraeochrysa claveri* exposta ao óleo de *Azadirachta indica*. Danos cuticulares e vacuolização são efeitos comuns de larvicidas botânicos. Da Silva Costa et al. (2014, 2016) descreveram vacúolos no intestino médio de *Aedes aegypti* expostos à escamocina de *Annona squamosa*. Silveira et al. (2021) relataram rupturas cuticulares causadas por enzimas de *Trichoderma asperellum*, enquanto Bertonceli et al. (2022) observaram descolamento e perfuração cuticular em larvas tratadas com rotenoides de *Clitoria fairchildiana*.

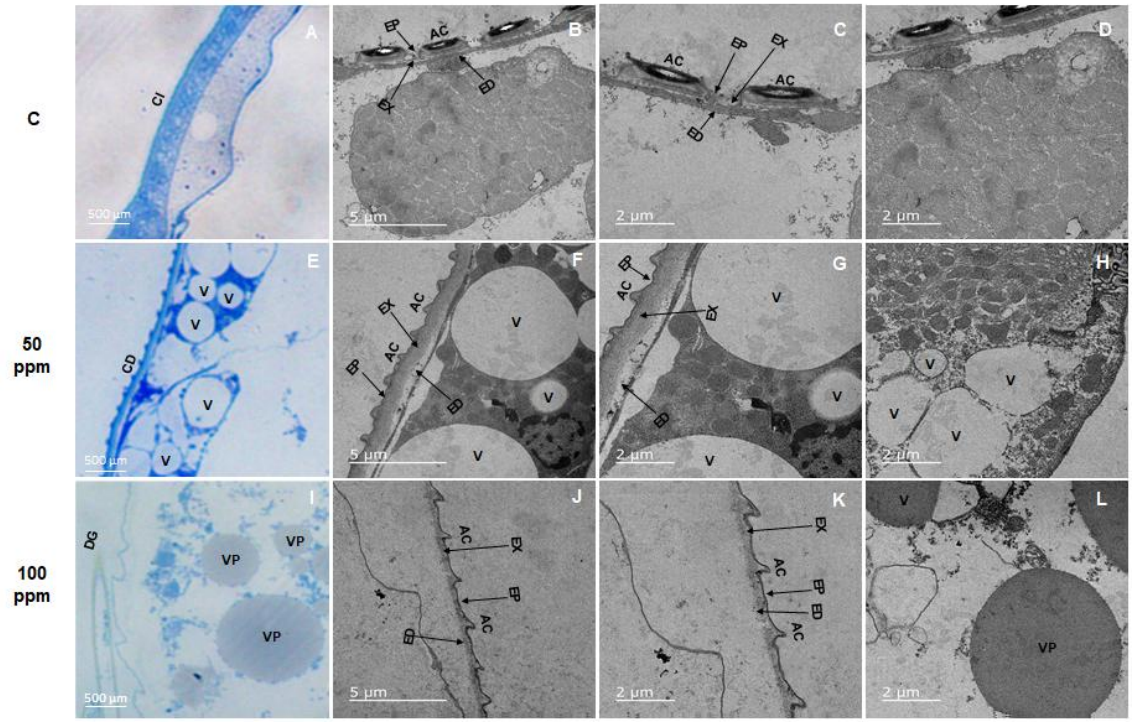


Figura 5. Microscopia óptica (40X) e eletrônica de transmissão (MET) da região do intestino médio de larvas de 3º instar de *Aedes aegypti*. C - não tratadas (A, B, C e D), tratadas com 50 ppm do Melianodiol (E, F, G e H) e com 100 ppm (I, J , K e L). Cl (cutícula íntegra), CD (cutícula danificada), DG (danos graves na cuticula), AC (acúleos), EP (epicutícula), EX (exocutícula), ED (endocutícula), V (vacúolos), VP (vacúolos preechidos).

Adicionalmente, foi investigado o estresse oxidativo em larvas de 3º instar de *Aedes aegypti* tratadas com 50 ppm de Melianodiol. Observou-se produção generalizada de ROS (Figura 6A) e aumento significativo da fluorescência no ceco gástrico (3,3x), intestino médio anterior (3,5x) e posterior (5x) em relação ao controle (Figura 6B – I–III). Esses resultados corroboram Bertonceli et al. (2022), que associaram o estresse oxidativo no intestino médio a alterações no exoesqueleto e à mortalidade larval.

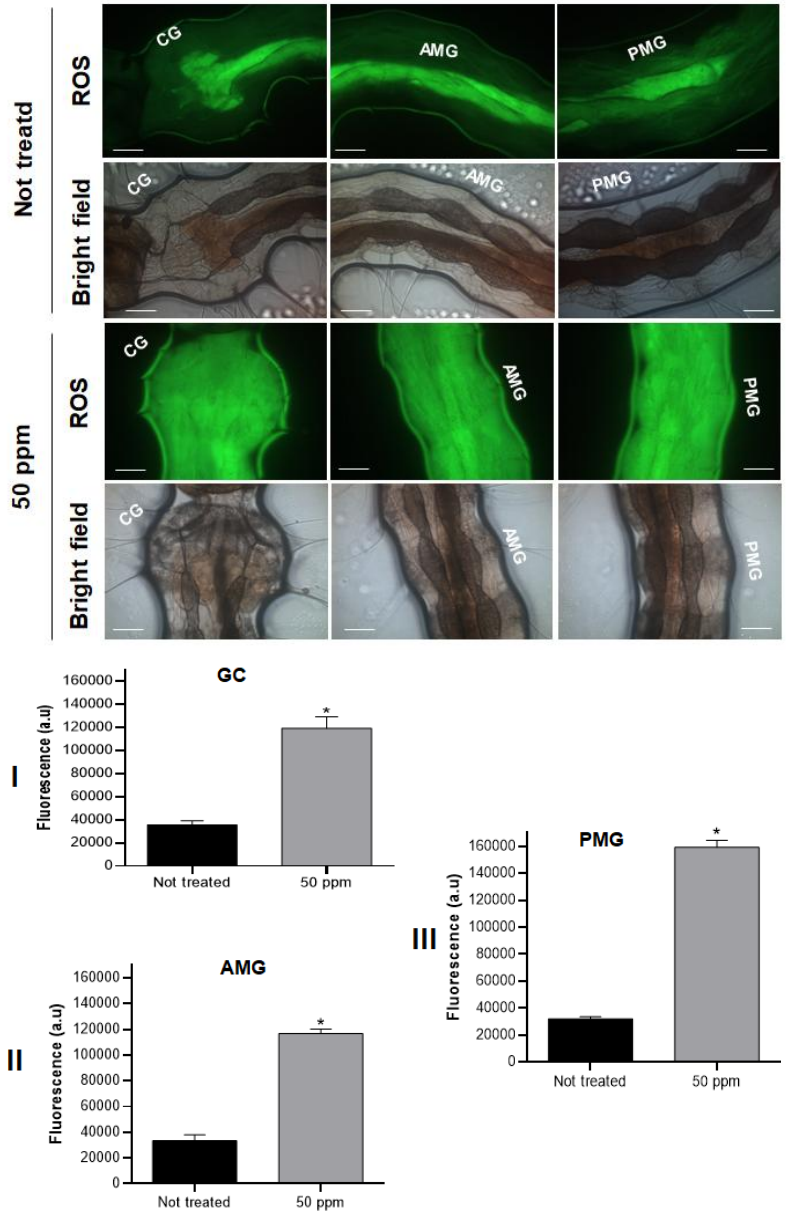


Figura 6. Estresse oxidativo em larvas de terceiro instar de *Aedes aegypti*. A – Marcação fluorescente de ROS (barra = 100 µm). B – Quantificação de fluorescência pelo software Zen 2.3 em: I – CG; II – AMG; III – PMG de larvas não tratadas e tratadas com Melianodiol (50 ppm). CG – ceco gástrico; AMG – intestino médio anterior; PMG – intestino médio posterior; ROS – espécies reativas de oxigênio.

CONCLUSÃO

Os resultados obtidos demonstram que o Melianodiol, isolado dos frutos de *M. azedarach*, apresenta elevada atividade larvicida frente ao *A. aegypti*, promovendo alterações morfológicas críticas associadas à morte da larva. A caracterização estrutural

desse metabólito secundário, aliada à comprovação de sua bioatividade, evidencia o potencial da espécie como fonte de moléculas promissoras para o desenvolvimento de formulações sustentáveis no controle vetorial. Nesse contexto, o Melianodiol destaca-se como um candidato para integrar estratégias de manejo ecologicamente seguras, fortalecendo o papel da biodiversidade vegetal no enfrentamento de desafios emergentes em saúde pública.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: UENF, CAPES, CNPQ e FAPERJ.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, S. A. C. de; TEIXEIRA, M. F. S.; DANTAS, T. V. M.; MELO, V. S. P.; LIMA, F. E. S.; RICARTE, A. R. F.; COSTA, E. C.; MIRANDA, A. M. Usos potenciais de Melia azedarach L. (Meliaceae): um levantamento. Arquivos do Instituto Biológico, v. 76, n. 1, p. 141–148, 2009. DOI: https://doi.org/10.1590/1808-1657v76p1412009.

BERTONCELI, M. A. A.; OLIVEIRA, A. E. A.; PASSOS, M. S.; VIEIRA, I. J. C.; BRAZ-FILHO, R.; LEMOS, F. J. A.; MARTINS, B. X.; FAÇANHA, A. R.; PIREDA, S.; CUNHA, M. da; FERNANDES, K. V. S. Rotenoids from Clitoria fairchildiana R. Howard (Fabaceae) seeds affect the cellular metabolism of larvae of *Aedes aegypti* L. (Culicidae). Pesticide Biochemistry and Physiology, v. 186, 2022.

BRASIL. Ministério da Saúde. Painel de Monitoramento das Arboviroses. 2023. Disponível em: https://www.gov.br/saude/pt-br/assuntos/saude-de-a-a-z/a/aedes-aegypti/monitoramento-das-arboviroses. Acesso em: out. 2023.

COSTA, M. da S. et al. Larvicidal and cytotoxic potential of squamocin on the midgut of Aedes aegypti (Diptera: Culicidae). Toxins, v. 6, p. 1169–1176, 2014. DOI: https://doi.org/10.3390/toxins6041169.

COSTA, M. da S.; PAULA, S. O. de; MARTINS, G. F.; ZANUNCIO, J. C.; SANTANA, A. E. G.; SERRÃO, J. E. Multiple modes of action of the squamocin in the midgut cells of Aedes aegypti larvae. PLoS ONE, v. 11, n. 8, 2016. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0160928.

EDWARDS, M. J.; JACOBS-LORENA, M. Permeability and disruption of the peritrophic matrix and caecal membrane from Aedes aegypti and Anopheles gambiae mosquito larvae. Journal of Insect Physiology, v. 46, p. 1313–1320, 2000. DOI: https://doi.org/10.1016/S0022-1910(00)00053-6.

JAOKO, V.; TANING, C. N. T.; BACKX, S.; MULATYA, J.; VAN DEN ABEELE, J.; MAGOMERE, T.; OLUBAYO, F.; MANGELINCKX, S.; WERBROUCK, S. P. O.; SMAGGHE, G. The phytochemical composition of Melia volkensii and its potential for insect pest management. Plants, v. 9, n. 2, 2020. DOI: https://doi.org/10.3390/plants9020143.

NAKHLEH, J.; MOUSSAWI, L. E. The melanization response in insect immunity. Advances in Insect Physiology, v. 52, p. 83–109, 2017. DOI: https://doi.org/10.1016/bs.aiip.2016.11.002.

NTALLI, N.; KOPICZKO, A.; RADTKE, K.; MARCINIAK, P.; ROSINSKI, G.; ADAMSKI, Z. Biological activity of Melia azedarach extracts against Spodoptera exigua. Biologia, v. 69, n. 11, p. 1606–1614, 2014. DOI: https://doi.org/10.2478/s11756-014-0454-9.

OMENA, M. C. de; NAVARRO, D. M. A. F.; PAULA, J. E. de; LUNA, J. S.; FERREIRA DE LIMA, M. R.; SANT'ANA, A. E. G. Larvicidal activities against Aedes aegypti of

some Brazilian medicinal plants. Bioresource Technology, v. 98, n. 13, p. 2549–2556, 2007.

SCUDELER, E. L.; SANTOS, D. C. Side effects of neem oil on the midgut endocrine cells of the green lacewing Ceraeochrysa claveri (Navás) (Neuroptera: Chrysopidae). Neotropical Entomology, v. 43, p. 154–160, 2014.

SILVEIRA, A. A. et al. Larvicidal potential of cell wall degrading enzymes from Trichoderma asperellum against Aedes aegypti (Diptera: Culicidae). Biotechnology Progress, v. 37, p. 3182, 2021. DOI: https://doi.org/10.1002/btpr.3182.

SMITH, D. F. Q.; DRAGOTAKES, Q.; KULKARNI, M.; HARDWICK, J. M.; CASADEVALL, A. Melanization is an important antifungal defense mechanism in Galleria mellonella hosts. bioRxiv: The Preprint Server for Biology, 2022. DOI: https://doi.org/10.1101/2022.04.02.486843.

VIEIRA, I. J. C. Uma contribuição química da família Simaroubaceae. 1995. Tese (Doutorado em Química) – Universidade Federal de São Carlos, São Carlos, 1995.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). Guidelines for laboratory and field testing of mosquito larvicides. Geneva: WHO, 2005. Disponível em: https://apps.who.int/iris/handle/10665/69101. Acesso em: out. 2023.

WORLD HEALTH ORGANIZATION (WHO). Report on insecticide resistance in Aedes mosquitoes (Aedes aegypti, Ae. albopictus, Ae. vittatus) in WHO South-East Asia Region countries. Geneva: WHO, 2023. Disponível em: https://www.who.int/publications/i/item/sea-cd-334. Acesso em: out. 2023.

Prospecção de substâncias bioativas em brotos de *Tarenaya rosea* produzidos em biorreatores

Matheus da Silva Tirado, Maria Fernanda Lima de Paula, Lidiane Rangel de Sales Almeida, Gustavo Dias da Silva Lima, Brenda Amaral de Souza, Iranilda Calado Santana, Norma Albarello, Claudia Simões-Gurgel

Filiação: Núcleo de Biotecnologia Vegetal (NBV), Instituto de Biologia Roberto Alcantara Gomes (Ibrag), Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil; e-mail: labplan_uerj@yahoo.com.br

RESUMO

O interesse comercial pelos bioprodutos vegetais é impulsionado pelo seu amplo potencial de aplicação. Contudo, fatores ambientais e metabólicos limitam o aproveitamento em escala comercial, exigindo sistemas produtivos mais estáveis. As técnicas de cultura de tecidos vegetais (CTV) surgem como alternativa por garantir uniformidade e qualidade do material, embora ainda demandem infraestrutura complexa e custos elevados. Uma alternativa é o emprego de biorreatores, que possibilitam menor manipulação das culturas, dispensam o uso de substâncias solidificantes e permitem a automatização do processo. Abordagens com plantas medicinais precisam identificar e garantir a qualidade das substâncias bioativas produzidas. Análises fitoquímicas qualitativas como a cromatografia de camada delgada (CCD) permitem a avaliação rápida e de baixo custo do material botânico. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar os extratos vegetais de *Tarenaya rosea* por meio de CCD visando à prospecção de substâncias bioativas. Os resultados indicaram a relevância dos biorreatores para escalar a produção *in vitro* e diversificar o perfil químico dos extratos vegetais. As análises reveleram a presença de cumarinas, flavonoides, terpenos, glicosinolatos e saponinas nas amostras. Novas avaliações precisam ser realizadas para isolamento e quantificação das moléculas bioativas presentes nos extratos.

Palavras-chave: Fitoquímica; Escalabilidade; Imersão temporária.

INTRODUÇÃO

As plantas sintetizam diferentes substâncias, que têm sido utilizadas como pigmentos, aromatizantes, cosméticos entre outras aplicações, a partir das quais também têm sido descobertos novos agentes terapêuticos (ATANASOV et al., 2021). Entretato, seu aproveitamento é limitado por fatores ambientais e metabólicos (CHIOCCHIO et al., 2021). Nesse contexto, o gênero *Tarenaya* Raf. tem se destado por reunir espécies com ausência de toxidade e elevada diversidade fitoquímica, aparecendo nos registros etnobotânicos seu uso na medicina tradicional e despontando na prospecção farmacológica (FERNANDES; FÉLIX; NOBRE, 2016; DUARTE; CARDOSO; NOGUEIRA, 2024). Adicionalmente, a possibilidade de multiplicação *in vitro* ampliam as perspectivas de exploração das espécies do gênero, permitindo o

aproveitamento desses recursos sem ocasionar impactos negativos às populações naturais.

Tarenaya rosea (Vahl ex DC.) Soares Neto & Roalson, espécie endêmica de áreas de restinga no território brasileiro, tem sido estudada nos últimos anos pelo nosso grupo sob os pontos de vista biotecnológico, fitoquímico e farmacológico (SIMÕES et al., 2004, 2006, 2009a, 2009b, 2010; SIMÕES-GURGEL et al., 2012, 2019, 2021; CORDEIRO et al., 2015, 2020; CORDEIRO; SIMÕES-GURGEL; ALBARELLO, 2015). Recentemente, a produção automatizada da espécie em biorreatores tem sido investigada no Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan) da Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), com o objetivo de viabilizar uma produção escalável e sustentável. Entretanto, a exposição das plantas às condições *in vitro* pode resultar em alterações morfofisiológicas. Dessa forma, apesar de todo seu potencial medicinal, a exploração de substâncias bioativas de *T. rosea* requer abordagens analíticas capazes de identificar e caracterizar a complexidade da composição química dos extratos vegetais.

A diversidade dos constituintes químicos presentes nas plantas representa um desafio significativo para o isolamento, purificação e posterior síntese laboratorial de moléculas bioativas (SIMÕES, 2003). Nesse contexto, destaca-se a importância das técnicas cromatográficas, que têm se consolidado como ferramentas fundamentais nas investigações fitoquímicas, permitindo a identificação qualitativa e quantitativa de substâncias bioativas e contribuindo para a obtenção de informações estruturais essenciais para sua aplicação biotecnológica e farmacológica.

A cromatografia em camada delgada (CCD) permite a triagem preliminar de maneira rápida e de baixo custo, indicando a presença das diferentes classes de metabólitos secundários nas amostras e, por isso, é bastante indicada na prospecção fitoquímica (KOWALSKA; SAJEWICZ, 2022). Posteriormente, os recursos podem ser direcionados de forma mais definida na identificação e quantificação a partir de técnicas mais robustas como a cromatografia liquida de alta eficiência (CLAE) e sua hifenização com a espectrometria de massas (CLAE-EM) (SHOKER, 2020).

As análises fitoquímicas da planta em seu habitat natural e sob o cultivo *in vitro*, mostram-se essenciais para a exploração das espécies medicinais. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi realizar a análise cromatográfica dos extratos vegetais de *Tarenaya rosea* por meio de cromatografia de camada delgada (CCD) para identificação das classes de metabólitos secundários presentes visando a prospecção de substâncias bioativas, comparando o material obtido sob condições naturais com aquele produzido em biorreatores.

METODOLOGIA

A partir de indivíduos de *T. rosea* coletados a campo no Parque Estadual da Serra da Tiririca em março de 2024 (n°84102/INEA) foram obtidos segmentos de caule (CC) e folhas (FC). O material foi congelado, liofilizado por quatro dias e, em seguida, triturado dando origem a droga vegetal. O mesmo processo foi realizado com a parte área de plantas mantidas em diferentes sistemas de cultivo *in vitro*: plantas *in vitro* multiplicadas em meio MS (MURASHIGE; SKOOG, 1962) suplementado com 0,5 $mg.L^{-1}$ de BAP e mantidas em meio sem reguladores de crescimento (MS0) (SIMÕES et al., 2004) (PAIV); brotos multiplicados em sistema de imersão temporária em frascos RITA®

(PAR) ou em garrafões PET (PAG), em meio MS + 0,5 mg.L^{-1} BAP. Nos biorreatores, o ciclo de aeração foi programado para ocorrer a cada 4 h ao longo de 3 min.

Os extratos foram preparados com a dissolução da droga vegetal (10 g) em etanol 95 °GL (50 mL) em banho ultrassônico (45 min). Em seguida, as amostras foram filtradas e concentradas em evaporador rotativo (40 °C, vácuo) dando origem aos extratos brutos, que foram armazenados no escuro (4 °C) até o momento das avalições cromatográficas.

Para realização da CCD, 3 mg de cada extrato bruto foram solubilizados em metanol (1 mL) e cada amostra foi aplicada nas placas cromatográficas (Sílica gel 60 F254 MERCK© placa em alumínio com espessura 0,2 mm e indicador de fluorescência). De acordo com as metodologias propostas por Wagner & Bladt (1996), Mazol et al. (2004) e Ashida et al. (2019), diferentes eluentes e reveladores foram utilizados (Tabela 1) para determinar qualitativamente a presença nas amostras de cumarinas, flavonoides, terpenos, glicosinolatos e saponinas. Para garantir a separação eficiente dos componentes presentes na mistura vegetal, as eluições ocorreram em cuba cromatográfica de vidro após a completa saturação do ambiente interno (BRASIL, 2024). O percurso total das amostras na placa foi delimitado em 8 cm e o fator de retenção (Rf) calculado pela razão entre a distância percorrida pela substância e a distância da frente do solvente. As placas cromatográficas foram fotografadas na luz visível e em câmara escura (UVTrans®) sob luz UV em 365nm.

Tabela 1 - Reagentes usados para eluição e revelação nas análises por CCD dos extratos de *T. rosea*.

Classe de metabólitos	Sistema eluente	Revelador	Padrões	Detecção
Cumarinas	Glicosídeos e compostos polares: acetato de etila, ácido fórmico, ácido acético glacial e água (100:11:11:26)	Hidróxido de potássio (KOH) dissolvido em etanol (EtOH) a 10%	-	UV (365nm)
Flavonoides	Acetato de etila, ácido fórmico, ácido acético glacial e água (100:11:11:26)	NP-PEG	Rutina	UV (365nm)
Terpenos	Hexano e acetato de etila (17:3)	Anisaldeído sulfúrico	-	Luz visível
Glicosinolatos	N-butanol, N- propanol, ácido acético glacial e água (30:10:10:10)	Ácido tricloroacético dissolvido em clorofórmio a 25%	Sinigrina	Luz visível
Saponinas	Clorofórmio, ácido acético glacial, metanol e água (64:32:12:8)	Lieberman Burchard	Padrão de saponinas comercial	Luz visível UV (365nm)

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O material botânico cultivado a campo apresentou maior diversidade de bandas em comparação à parte área das plantas cultivadas *in vitro*. Em contrapartida, a utilização do sistema de imersão temporária aumentou a diversidade de moléculas, quando comparado ao extrato de plantas cultivadas *in vitro* em meio solidificado, tornando o perfil fitoquímico dos brotos produzidos nos biorreatores mais próximo ao perfil das plantas cultivadas sob condições naturais (Figura 1 e 2).

As cumarinas apresentam coloração azulada, brilhante ou opaca, sob luz UV a 365 nm (WAGNER; BLADT, 1996). Segundo Franco e colaboradores (2021), essa classe de metabólitos possui diversas atividades biológicas, incluindo anticoagulante, anticancerígena, anti-neurodegenerativa, antioxidante, antiviral, antidiabética, anti-inflamatória, antibacteriana e antifúngica. Nos extratos de *T. rosea*, os sinais indicativos de cumarinas foram mais intensos no material coletado a campo. Nos extratos de plantas mantidas *in vitro*, observaram-se apenas duas bandas avermelhadas (Rf 0,59 e 0,62). Já nos brotos produzidos em biorreatores surgiram bandas azuladas (Rf 0,47 e 0,52), porém com menor intensidade em comparação ao material de campo (Figura 1a).

A metodologia utilizada indica uma diversidade de flavonoides nos extratos de *T. rosea*, sendo maior em folhas coletadas a campo. A rutina, utilizada como padrão, apresentou Rf 0,43 com coloração amarelo fluorescente. As amostras de material de campo e material estabelecido em biorreatores mostraram bandas em alturas semelhantes (Rf 0,43 e 0,48), porém com coloração alaranjada/esverdeada, possivelmente devido a interações entre as moléculas presentes nos extratos (Figura 1b). Nos extratos de plantas mantidas em estoque *in vitro*, não foram observadas bandas sugestivas da presença de flavonoides. Adicionalmente, nessas corridas também foram observadas bandas avermelhadas, atribuídas à clorofila (WAGNER; BLADT, 1996) e, como esperado, essas bandas apresentaram maior intensidade na amostra de folha de material coletado a campo. Além disso, o caule herbáceo da espécie explica a presença de clorofila no respectivo extrato (Figura 1b).

Associados aos aromas naturais, os terpenos pssuem relevância econômica para as indústrias alimentícia e cosmética (FELIPE; BICAS, 2017). Com o uso do revelador anisaldeido sulfúrico, compostos dessa classe foram visualidos como bandas violáceas em todas as amostras (Figura 1c) (WAGNER; BLADT, 1996). Nos extratos de plantas de campo, observou-se maior acúmulo de terpenoides nas folhas em comparação ao caule, possivelmente devido à sua função de defesa contra herbívoros e patógenos, além da presença de tricomas glandulares, capazes de sintetizar e armazenar essas substâncias (GUAN et al., 2022; LI et al., 2023). Nos sistemas *in vitro*, os extratos de plantas mantidas em meio solidificado apresentaram perfil semelhante ao das folhas de campo, enquanto os brotos cultivados em biorreatores mostraram menor diversidade de bandas, possivemnete em razão da perda das moléculas voláteis de terpeno durante a movimentação do meio de cultura, realizada pela injeção de ar.

Os glicosinolatos, responsáveis pelo odor característico de espécies da ordem Brassicales (como brócolis e repolho), atuam na defesa contra herbívoros e possuem propriedades repelentes, antioxidantes e anticancerígenas, sendo relevantes na

prospecção de novos fármacos e alimentos funcionais (DIVEKAR et al., 2022; QUARESMA; OLIVEIRA; SÁ, 2024). A substância padrão sinigrina apresentou Rf 0,5, com bandas no mesmo valor observadas em todas as amostras de *T. rosea* (Figura 1d). A presença de glicosinolatos é consistente com dados filogenéticos e fitoquímicos da família Cleomaceae, na qual está inserida *T. rosea* (FRANCISCO et al., 2018; SOARES NETO, 2020; DUARTE et al., 2025).

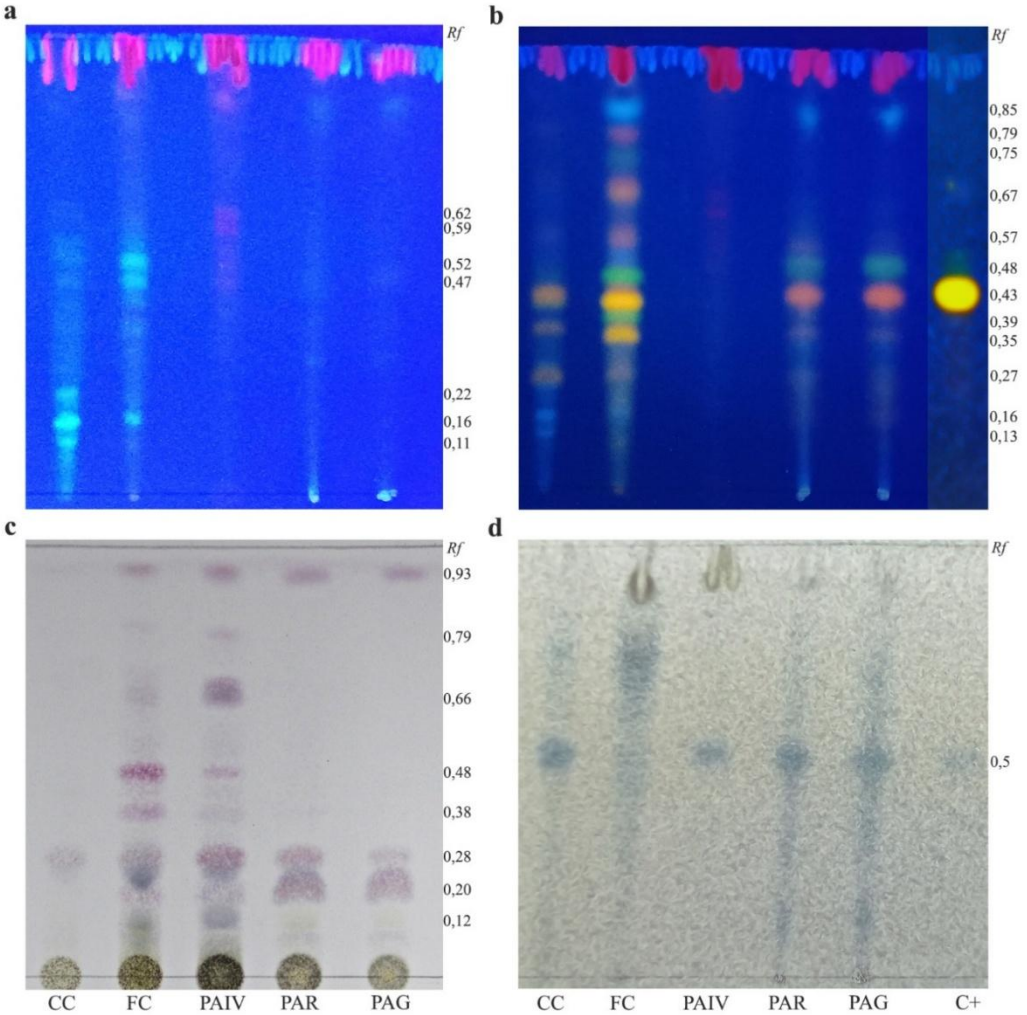


Figura 8 - Cromatografia em camada delgada (CCD) de extratos de *T. rosea* obtidos a partir de material botânico coletado a campo, plantas propagadas *in vitro* e brotos multiplicados em biorreatores.

Legenda: Indicativo da presença de a) Cumarinas – revelação: KOH 10% em etanol (UV 365nm); b) Flavonoides – revelação: NP/PEG (UV 365nm), C+: Rutina; c) Terpernos – revelação: anisaldeído sulfúrico; d) Glicosinolatos – revelação: Lieberman Burchard, C+: Sinigrina. CC) caule coletado a campo; FC) folha coletada a campo; PAIV) parte área multiplicada *in vitro*; PAR) parte aérea multiplicada em RITA®; PAG) parte

área multiplicada em garrafão PET; C+) substâncias padrões usadas como controle positivo.

As saponinas são metabólitos secundários amplamente distribuídos no reino vegetal, caracterizados por estruturas glicosiladas acopladas a diferentes arranjos moleculares, os quais conferem propriedades química distintas. O caráter anfipático de algumas saponinas favorece sua interação com as membranas celulares, destacando-as como importantes componentes de defesa vegetal contra herbívoros e patógenos. Além disso, apresentam potencial farmacológico, com atividades antioxidante, antibacteriana e anticancerígena, além de aplicações industriais como detergentes naturais (ASHOUR; EL AZIZ; GOMHA MELAD, 2019).

No presente estudo, bandas violáceas características de saponinas triterpenoides, que são glicosídeos de triterpenos com caráter hidrofílico, foram observadas em todas as amostras de *T. rosea* (Rf 0,81 e 0,92) (Figura 2). Por outro lado, as saponinas derivadas do núcleo esterano, que exibem características anfifílicas, o que lhes confere coloração amarelo-esverdeada, migraram menos, permamnecendo próximas à linha de base (WAGNER; BLADT, 1996; ASHOUR; EL AZIZ; GOMHA MELAD, 2019). A maior diversidade de bandas foi registrada nas amostras de plantas de campo (CC e FC) e brotos produzidos em biorreatores (PAR e PAG), quando comparados ao extrato de plantas *in vitro* mantidas em estoque (PAIV), sobretudo quando a deteção foi realizada sob luz visível (Figura 2a). Bandas semelhantes às do padrão comercial de saponinas foram observadas nas amostras de campo (Rf 0,14) e *in vitro* (Rf 0,26) (Figura 2a). Embora tenha sido observada a necessidade em aumentar a concentração do padrão para permitir uma melhor resolução das bandas, a visualização sob luz UV a 365 nm evidenciou de forma mais clara as bandas associadas às moléculas com maior caráter hidrofilíco (Figura 2b).

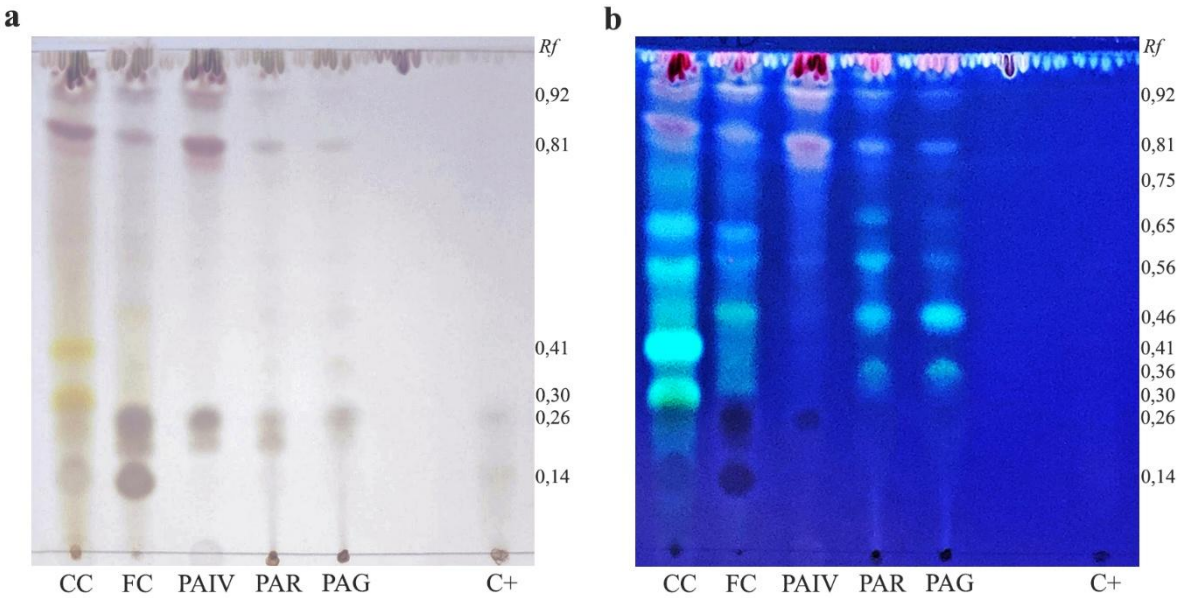


Figura 9 - Cromatografia em camada delgada (CCD) de extratos de *T. rosea* obtidos a partir de material botânico coletado a campo, plantas propagadas *in vitro* e brotos

multiplicados em biorreatores para identificação de saponinas.Legenda: Revelação: Lieberman Burchard; a) Luz visível; b) UV 365nm; CC) caule coletado a campo; FC) folha coletada a campo; PAIV) parte área multiplicada *in vitro*; PAR) parte aérea multiplicada em RITA®; PAG) parte área multiplicada em garrafão PET; C+) substâncias padrões usadas como controle positivo.

CONCLUSÃO (Máx. 100 palavras)

As análises por CCD evidenciaram que os diferentes sistemas *in vitro* influenciaram no perfil fitoquímico de *T. rosea*. A utilização dos biorreatores para a produção e multiplicação da espécie, aproxima o perfil fitoquímico do material *in vitro* ao observado a partir de plantas cultivadas a campo. Além disso, o cultivo em biorreatores favoreceu a produção de flavonoides, glicosinolatos e saponinas em comparação ao cultivo *in vitro* em meio sólido.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: CAPES, Cetreina/Uerj, FAPERJ

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ASHIDA, S. et al. Chromatographic Isolation of Terpenes and Glycosides from the Leaf Extracts of Simarouba Glauca. *Journal of Advances in Biological Science*, v. 6, n. 1, p. 6–10, 2019.

ASHOUR, A. S.; EL AZIZ, M. M. A.; GOMHA MELAD, A. S. A Review on Saponins from Medicinal Plants: Chemistry, Isolation, and Determination. *Journal of Nanomedicine Research*, v. 7, n. 4, p. 282–288, 2019.

ATANASOV, A. G. et al. Natural Products in Drug Discovery: Advances and Opportunities. *Nature Reviews Drug Discovery*, v. 20, n. 3, p. 200–216, 2021.

BRASIL. *Farmacopeia brasileira: volume I*. 7. ed. Brasília, DF: Anvisa, 2024.

CHIOCCHIO, I. et al. Plant Secondary Metabolites: An Opportunity for Circular Economy. *Molecules*, v. 26, n. 2, p. 495, 2021.

CORDEIRO, L. S. et al. Cryopreservation of *in vitro*-grown shoot tips of Cleome rosea Vahl (Cleomaceae) using the V cryo-plate technique. *In vitro Cellular and Developmental Biology - Plant*, v. 51, n. 6, p. 688–695, 2015.

CORDEIRO, L. S. et al. Long-Term Conservation of Tarenaya Rosea (Cleomaceae) Root Cultures: Histological and Histochemical Analyses during Cryopreservation Using the Encapsulation-Vitrification Technique. *Protoplasma*, v. 257, n. 4, p. 1021–1033, 2020.

CORDEIRO, L. S.; SIMÕES-GURGEL, C.; ALBARELLO, N. Multiplication and cryopreservation of adventitious roots of Cleome rosea Vahl. *In vitro Cellular and Developmental Biology - Plant*, v. 51, n. 3, p. 249–257, 2015.

DIVEKAR, P. A. et al. Plant Secondary Metabolites as Defense Tools against Herbivores for Sustainable Crop Protection. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 23, n. 5, p. 2690, 2022.

DUARTE, B.; CARDOSO, C. A. L.; NOGUEIRA, C. R. O gênero Tarenaya: uma revisão sobre fitoquímica, bioatividades e toxicologia. *REVISTA CEREUS*, v. 16, n. 4, p. 288–307, 2024.

DUARTE, B. F. et al. Anti-inflammatory activity, spermidine alkaloids, and other chemical constituents of the decoction from *Tarenaya aculeata* stems. *Journal of Ethnopharmacology*, v. 351, p. 120097, 2025.

FELIPE, L. O.; BICAS, J. L. Terpenos, aromas e a química dos compostos naturais. *Química Nova na Escola*, v. 39, n. 2, 2017. Disponível em: <http://qnesc.sbq.org.br/online/qnesc39_2/04-QS-09-16.pdf>. Acesso em: 27 ago. 2025.

FERNANDES, C. P. M.; FÉLIX, S. R.; NOBRE, M. de O. Toxicidade dos fitoterápicos de interesse do SUS: uma revisão Toxicity of herbal medicines with interest to SUS: a review. v. 37, n. 1, 2016.

FRANCISCO, J. N. C. et al. Fundamentos de taxonomia vegetal. Em: DELLA, A. P. (Ed.). *Botânica no inverno 2018*. [s.l.] Instituto de Biociências - USP, 2018. p. 125–144.

FRANCO, D. P. et al. A IMPORTÂNCIA DAS CUMARINAS PARA A QUÍMICA MEDICINAL E O DESENVOLVIMENTO DE COMPOSTOS BIOATIVOS NOS ÚLTIMOS ANOS. *Química Nova*, v. 44, p. 180–197, 2021.

GUAN, Y. et al. Exploring the Relationship between Trichome and Terpene Chemistry in Chrysanthemum. *Plants*, v. 11, n. 11, p. 1410, 2022.

KOWALSKA, T.; SAJEWICZ, M. Thin-Layer Chromatography (TLC) in the Screening of Botanicals–Its Versatile Potential and Selected Applications. *Molecules*, v. 27, n. 19, p. 6607, 2022.

LI, C. et al. Advances in the Biosynthesis of Terpenoids and Their Ecological Functions in Plant Resistance. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 24, n. 14, p. 11561, 2023.

MAZOL, I.; GLEŃSK, M.; CISOWSKI, W. Polyphenolic Compounds from Platycodon Grandiflorum A. DC. *Acta poloniae pharmaceutica*, v. 61, n. 3, p. 203–208, 2004.

MURASHIGE, T.; SKOOG, F. A Revised Medium for Rapid Growth and Bio Assays with Tobacco Tissue Cultures. *Physiologia Plantarum*, v. 15, n. 3, p. 473–497, 1962.

QUARESMA, J. L.; OLIVEIRA, D. C.; SÁ, O. M. de S. Glicosinolatos, carotenoides e resveratrol na prevenção de câncer: a importância dos fitoquímicos na prevenção de neoplasias. *Nutrição Brasil*, v. 23, n. 6, p. 1234–1240, 2024.

SHOKER, R. M. H. A Review Article: Identification and Isolation Plants Constituents by HPLC. *JournalNX- A Multidisciplinary Peer Reviewed Journal*, v. 6, n. 12, p. 1–7, 2020.

SIMÕES, C. et al. Shoot Organogenesis and Plantlet Regeneration from Stem Explants of Cleome rosea VahI (Capparaceae). *Journal of Plant Biotechnology*, v. 6, n. 3, p. 199–204, 2004.

SIMÕES, C. et al. Medicinal potential from in vivo and acclimatized plants of Cleome rosea. *Fitoterapia*, v. 77, n. 2, p. 94–99, 2006.

SIMÕES, C. et al. Anthocyanin production in callus cultures of Cleome rosea: Modulation by culture conditions and characterization of pigments by means of HPLC-DAD/ESIMS. *Plant Physiology and Biochemistry*, v. 47, n. 10, p. 895–903, 2009a.

SIMÕES, C. et al. New approaches for shoot production and establishment of *in vitro* root cultures of Cleome rosea Vahl. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)*, v. 98, n. 1, p. 79–86, 2009b.

SIMÕES, C. et al. Antiviral Activity of Cleome Rosea Extracts from Field-Grown Plants and Tissue Culture-Derived Materials against Acyclovir-Resistant Herpes Simplex Viruses Type 1 (ACVr-HSV-1) and Type 2 (ACVr-HSV-2). *World Journal of Microbiology and Biotechnology*, v. 26, n. 1, p. 93–99, 2010.

SIMÕES, C. M. O. (ed.). *Farmacognosia: da planta ao medicamento*. 5. ed., rev.ampliada, 1 reimp ed. Florianópolis, SC: Editora da UFSC, 2003.

SIMÕES-GURGEL, C. et al. Antibacterial activity of field-grown plants, *in vitro* propagated plants, callus and cell suspension cultures of Cleome rosea Vahl. *Journal of Pharmacy Research*, v. 5, n. 6, p. 3304–3308, 2012.

SIMÕES-GURGEL, C. et al. Anthocyanins in inflorescences of Tarenaya rosea (Vahl ex DC.) Soares Neto & Roalson (Cleomaceae). *Revista Fitos*, v. 13, n. 1, p. 22–28, 2019.

SIMÕES-GURGEL, C. et al. Micropropagation of Tarenaya rosea (Cleomaceae) from leaf explants. *Rodriguésia*, v. 72, p. e00372019, 2021.

SOARES NETO, R. L. *Flora e Funga do Brasil*. Disponível em: <https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB604434>. Acesso em: 6 ago. 2025.

WAGNER, H.; BLADT, S. *Plant Drug Analysis: A Thin Layer Chromatography Atlas*. Berlin, Heidelberg: Springer, 1996.

Potencial Larvicida da Flavona: Uma Abordagem Sustentável para o Controle de Vetores

Thalia de Oliveira Mello[1], *Lara Pessanha Soares Nascimento*[1], *Kethleen Duarte Crespo Soares*[1], *Renata Rodrigues da Silva Robaina*[1], *Maria Aparecida Aride Bertoceli*[2], *Kátia Valevski Sales Fernandes*[2], *Raimundo Braz-Filho*[3] *e Ivo José Curcino Vieira*[1]

Filiação: [1]Laboratório de Ciências Químicas, CCT - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
[2]Laboratório de Química e Função de Proteínas e Peptídeos, CBB – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
[3]Departamento de Química, ICE, Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro.

RESUMO
A resistência do *Aedes aegypti* a métodos convencionais de controle tem resultado em uma alta demanda por alternativas mais sustentáveis e econômicas, fazendo com que as plantas se tornem foco de diversas pesquisas. *Conchocarpus* é o maior gênero da família Rutaceae, com cerca de 50 espécies e um vasto potencial fitoquímico. A espécie *Conchocarpus heterophyllus* permanece pouco estudada, embora já tenham sido isolados metabólitos secundários como flavonóides, alcalóides e esteróides. Nesse contexto, o presente trabalho buscou contribuir para o estudo fitoquímico e bioquímico da espécie. Para isso, o material vegetal foi coletado na Reserva de Linhares (ES), seco, triturado e extraído com o solvente orgânico metanol. O filtrado foi concentrado em evaporador rotativo para obtenção do extrato bruto. O fracionamento cromatográfico foi realizado por métodos clássicos e a flavona isolada foi identificada por meio de experimentos de RMN e Cromatografia Gasosa acoplada à Espectrometria de Massas. A substância foi testada em larvas de terceiro instar de *A. aegypti* e apresentando danos cuticulares e a vacuolização do intestino médio, com valores de LC_{50} de 9,5 ppm e LC_{90} de 14,5 ppm. Diante desse resultado, a flavona surge como alternativa promissora no combate de vetores.
Palavras-chave: Flavona; *Conchocarpus heterophyllus*; Atividade larvicida; *Aedes aegypti*

INTRODUÇÃO

A dengue é uma das arboviroses mais relevantes em termos de saúde pública, afetando milhões de pessoas anualmente em regiões tropicais e subtropicais. No Brasil, a doença representa um sério desafio, não apenas pela alta incidência, mas também pelos impactos econômicos e sociais decorrentes de hospitalizações e afastamentos (Medeiros, 2024). Tanto o vírus da dengue quanto o vírus da chikungunya e da zika são transmitidos por mosquitos do gênero *Aedes* (Delrieu et al., 2023). Como as larvas desempenham papel essencial no ciclo de vida do inseto, a fase aquática é um dos alvos mais estratégicos para medidas de controle populacional (Consoli; Oliveira, 1994).

Por mais de 30 anos o organofosforado temephos foi o larvicida exclusivo usado no Brasil para o controle do *Aedes aegypti.* Contudo, seu uso contínuo resultou no

desenvolvimento de resistência em populações de larvas, comprometendo a eficácia do controle. Além disso, os efeitos tóxicos sobre organismos não-alvo, a persistência ambiental e os riscos à saúde humana despertam crescente preocupação. Nesse cenário, torna-se evidente a necessidade de alternativas mais seguras, seletivas e sustentáveis para o combate ao *A. aegypti* (Lima et al., 2006).

A exploração da biodiversidade vegetal apresenta-se como uma abordagem estratégica e promissora para a identificação de novos agentes larvicidas. Isso porque, ao longo da história, os produtos naturais têm se consolidado como importantes fontes de compostos bioativos, com aplicações relevantes nas áreas da medicina (Terra, 2009). Entre eles, os flavonóides se destacam por sua grande diversidade estrutural e pela variedade de atividades biológicas já descritas, incluindo atividade larvicida contra *A. aegypti* (Kim et al., 2009).

Nesse contexto, espécies pertencentes à família Rutaceae têm despertado interesse pela riqueza em metabólitos secundários, incluindo flavonoides (Alam et al., 2022). Entre elas, destaca-se a *Conchocarpus heterophyllus*, uma planta nativa do Brasil. Ainda que haja poucos estudos, já foram isoladas substâncias como 7-metoxiflavona, flavona, 5-hidroxiflavona e piranoflavonas inéditas a partir de extratos de folhas e caules. Esses achados evidenciam o potencial bioativo da espécie e reforçam a relevância de investigar seus flavonoides em estudos biológicos (Ambrozin et al., 2008).

Além de pertencer à classe de metabólitos secundários com múltiplas atividades biológias, a flavona faz parte de uma subclasse de compostos conhecida por propriedades anti-inflamatórias, antimicrobianas, antioxidantes e antitumorais, sugerindo potencial para diferentes aplicações biológicas (Verma; Pratap, 2010). Diante disso, o presente trabalho tem como objetivo avaliar a atividade larvicida da flavona isolada das folhas de *Conchocarpus heterophyllus.*

METODOLOGIA

Obtenção do material botânico e preparação do extrato bruto

As folhas de *C. heterophyllus* coletadas em Linhares/ES, na Reserva Natural Vale - com exsicata (CVRD 14838) depositada no herbário, foram submetidas à secagem em temperatura ambiente, trituradas em moinho de martelos e extraídas a frio com metanol por sete dias. Em seguida, o material foi filtrado em papel de filtro, e o extrato obtido foi concentrado em evaporador rotativo. O procedimento de extração foi realizado três vezes.

Isolamento e elucidação da substância

Parte do extrato bruto das folhas de *Conchocarpus heterophyllus* (CHPMF, 30,00 g) foi fracionada em cromatografia em coluna aberta, utilizando sílica gel como fase estacionária e diclorometano:metanol em crescente polaridade como fase móvel, resultando em 10 frações, analisadas por cromatografia em camada delgada e luz UV (254 e 365 nm), seguidas de revelação com vanilina sulfúrica.

A fração CHPMF-5 (5,08 g) foi recromatografada utilizando sílica gel e hexano:acetato em crescente polaridade como fase móvel. A fração CHPMF-5.6 (2,35 g) se destacou pela presença de cristais e foi encaminhada para experimentos de Ressonância Magnética Nuclear (RMN) uni e bidimensionais e Cromatografia Gasosa

acoplada a Espectrometria de Massas (CG/EM), que nos deu dados capazes de caracterizar e identificar a substância isolada.

Ensaio de atividade larvicida

O ensaio larvicida foi conduzido de acordo com as diretrizes da Organização Mundial da Saúde (WHO, 2005). Para análise preliminar, foram preparadas soluções aquosas com DMSO 3% em diferentes concentrações (10; 25; 50; 75 e 100 ppm), utilizando três larvas de terceiro instar de *Aedes aegypti* para cada concentração, em triplicata, totalizando nove larvas por ensaio.

O segundo ensaio foi realizado com concentrações mais baixas (1; 3; 4; 6; 8; 10; 12; 18 ppm) em solução aquosa com DMSO 3%, a fim de encontrar o LC_{50} e o LC_{90} da substância testada. Nesse ensaio, foram utilizadas 10 larvas por concentração, em triplicata, resultando em 30 larvas por ensaio.

Nos dois ensaios, o controle negativo foi realizado com DMSO a 3%. As larvas foram incubadas em estufa a 28 °C por 24 horas. Decorrido esse período, a mortalidade foi avaliada por meio da ausência de movimento larval. A determinação do LC_{50} e do LC_{90} foram realizados por análise de probit no programa RStudio.

Microscopia Eletrônica de Transmissão (MET)

As larvas expostas ao controle e à concentração de 12,5 ppm da substância isolada (concentração mais baixa do primeiro ensaio) foram utilizadas para a MET a fim de comparação das alterações corporais. As larvas foram fixadas, pós-fixadas e desidratadas para análise ultraestrutural. Em seguida, o material foi embebido em resina epóxi (Epon Leica). Obteve-se cortes ultrafinos (70 nm) em ultramicrótomo (Reichert Ultracuts, Leica) e coletado em grades de cobre (300 mesh). Os cortes foram contrastados com citrato de chumbo 5% e acetato de uranila 1% e observados em TEM (JEOL 1400, EUA; 80 kV)

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os dados de RMN ^{1}H mostraram vários sinais característicos na região dos hidrogênios aromáticos, entre δ_H 6,50-8,00 ppm, com destaque para um singleto em δ_H 6,82 correspondente ao hidrogênio na posição *gama* à carbonila, fazendo a sua proteção e abaixando o deslocamento químico; e também ao duplo-dubleto em δ_H 8,23, correspondendo a um hidrogênio mais desblindado (H-5), mostrando também a influência da carbonila nos hidrogênios vizinhos.

Os sinais adquiridos no RMN ^{13}C mostraram a predominância dos valores característicos em regiões de carbonos aromáticos, em faixas de δ_C 100,0-150,0 ppm, tendo alguns carbonos aromáticos que se destacam por estarem próximos a grupos eletronegativos, como o δ_C 163,2 e δ_C 156,2, sendo atribuídos aos carbonos C-2 e C-9, vizinhos ao oxigênio. Além disso o sinal de δ_C 178,4 é atribuído à carbonila de cetona conjugada com dupla ligação.

A fórmula molecular da substância foi determinada como $C_{15}H_{10}O_2$ pelo CG/EM ($[M]^{\cdot+}$ m/z = 222), tendo o seu espectro de massas comparado na biblioteca com a 2-fenil-1-benzopiran-4-ona, em concordância com os dados obtidos pelos experimentos de RMN e confirmando a identificação da substância como flavona (Figura 1).

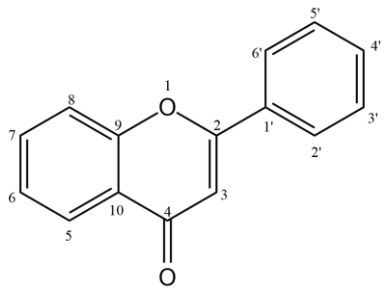


Figura 1: Estrutura molecular da Flavona (2-fenil-1-benzopiran-4-ona).

O primeiro ensaio larvicida, o ensaio preliminar, foi feito para saber se a substância era ativa frente às larvas de *Ae. aegypti*. O resultado mostrou a mortalidade de 100% das larvas nas concentrações de 25; 50; 75 e 100 ppm, 88,9% em 12,5 ppm, e 0% no controle negativo (DMSO 3%), o que mostra que a substância é muito ativa em larvas de terceiro instar do *Ae. aegypti.* Nesse caso, foi necessário um segundo teste com concentrações mais baixas para dar prosseguimento aos dados estatísticos.

No segundo ensaio, foram utilizadas mais larvas para que a margem de erro fosse pequena, já que a amostragem era maior, utilizando 30 larvas por concentração. Além disso, a diferença nas concentrações foi menor já que as larvas se mostraram bem sensíveis à substância, onde em maiores intervalos de concentração decorriam de grande diferença na mortalidade, tendendo sempre a 100% de morte. Sendo assim, empregou-se vários valores entre 1 e 18 ppm para montar o gráfico de dose-resposta (Figura 2).

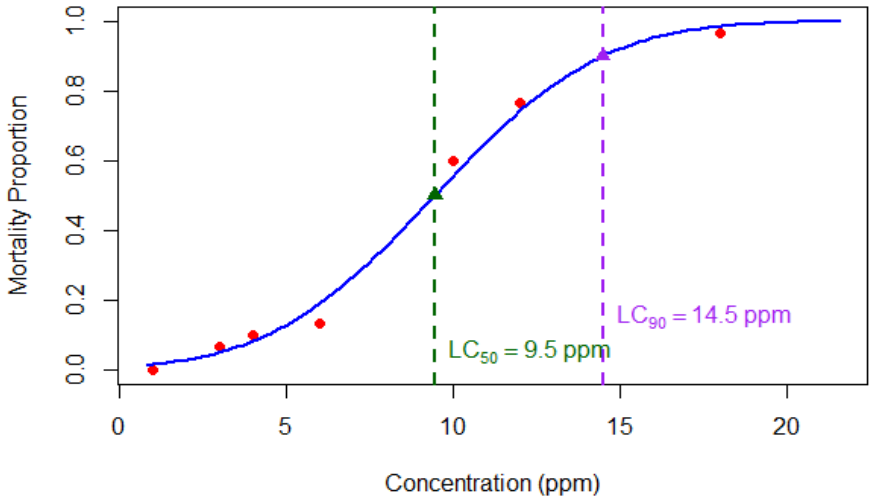


Figura 2: % de mortalidade em partes por milhão (ppm) das larvas de 3º instar de *Aedes aegypti,* com a flavona isolada das folhas de *C. heterophyllus* por 24 h, com demarcações de LC_{50} e LC_{90} por meio da análise de probit. Controle negativo DMSO 3%.

Os resultados nos mostram que a flavona isolada das folhas de *C. heterophyllus* possui uma ótima resposta mediante às larvas de terceiro instar de *Ae. aegypti*, e, com

isso, foi possível calcular os valores de LC_{50} e LC_{90} utilizando a análise de probit. O valor de LC_{50} foi de 9,5 ppm e o LC_{90} foi de 14,5 ppm, como ilustrado na figura 2.

O tratamento de larvas de terceiro instar de *Aedes aegypti* com a flavona isolada de *C. heterophyllus* resultou em alterações morfológicas significativas. Foi possível observar danos aparentes na estrutura do exoesqueleto (Figura 3), acompanhados de manchas escuras, sugerindo uma resposta imunológica associada à melanização, conforme previamente descrito em insetos por Nakhleh & Moussawi (2017) e Smith et al. (2022).

Figura 3: Características morfológicas gerais de larvas de 3º ínstar de *Aedes aegypti* expostas a diferentes concentrações (ppm) com a substância isolada (flavona) das folhas de *C. heterophyllus* por 24 h. Controle negativo DMSO 3%. Observadas em estereomicroscópio. Barra de escala = 1 mm.

Além disso, na figura 4 é possível observar lesões na cutícula (CD) e a presença de vacúolos (V) nas células do intestino médio das larvas expostas a 12,5 ppm da Flavona (larva morta escolhida na concentração mais baixa do primeiro ensaio larvicida). A análise mais detalhada revelou modificações nos acúleos cuticulares (AC) e aumento da vacuolização das células digestivas (V), sugerindo um possível processo de morte celular decorrente da toxicidade do composto. Em situações mais acentuadas, verificaram-se danos amplos (DG) na cutícula, atingindo tanto a exocutícula (EX) quanto a endocutícula (ED), além dos acúleos (AC).

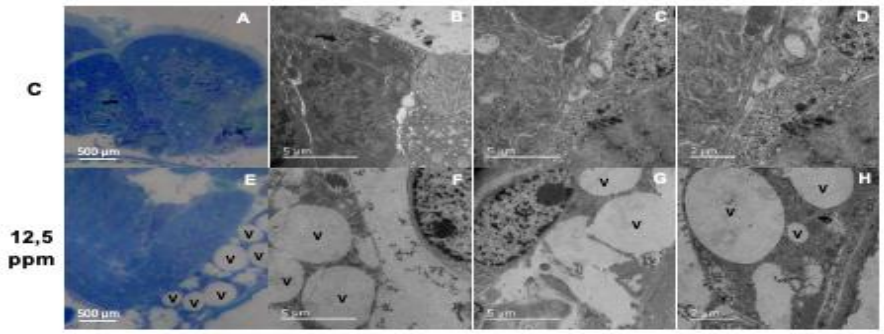


Figura 4: Microscopia óptica (40X) e eletrônica de transmissão (MET) da região do intestino médio de larvas de 3º instar de *Aedes aegypti. C* - não tratadas (A, B, C e D) e tratadas com 12,5 ppm da flavona isolada (E, F, G e H). V (vacúolos).

CONCLUSÃO

A flavona isolada de *Conchocarpus heterophyllus* apresentou LC_{50} de 9,5 ppm e LC_{90} de 14,5 ppm, demonstrando ser altamente ativa contra as larvas de *Ae. aegypti*. Os efeitos morfológicos observados nas larvas, incluindo danos cuticulares e a

vacuolização do intestino médio, reforçam sua atividade larvicida. Além disso, o presente estudo reafirma o amplo potencial bioquímico e biotecnológico das flavonas, as consolidando como uma alternativa sustentável no controle do *Aedes aegypti*.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: UENF, CAPES, CNPQ e FAPERJ

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALAM, F.; MOHAMMADIN, K.; SHAFIQUE, Z.; AMJAD, S. T.; HASSAN BIN ASAD, M. Citrus flavonoids as potential therapeutic agents: A review. *Natural Product Reports*, v. 27, n. 11, p. 1571–1593, 2022. DOI: https://doi.org/10.1002/ptr.7261

AMBROZIN, A. R.; COSTA, J. M. C.; SOUZA, C. R. F.; SILVA, R. C.; et al. Piranoflavonas inéditas e atividades tripanocidas das substâncias isoladas de *Conchocarpus heterophyllus*. *Química Nova*, v. 31, n. 4, p. 740–743, 2008. Disponível em: https://www.scielo.br/j/qn/a/BgC4tGcHSztgZkBvJchtX3p/?lang=pt Acesso em: 10 set. 2025.

CONSOLI, R. A. G. B.; OLIVEIRA, R. L. *Principais mosquitos de importância sanitária no Brasil*. Rio de Janeiro: Fiocruz, 1994.

DELRIEU, M.; MARTINET, J. P.; O'CONNOR, O.; VIENNET, E.; MENKES, C.; BURTET-ARRAMEGNA, V.; FRENTIL, F. D.; DUPONT-ROUZEYROL, M. Temperature and transmission of chikungunya, dengue, and Zika viruses: a systematic review of experimental studies on *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Current Research in Parasitology & Vector-Borne Diseases*, v. 4, p. 100139, 2023. DOI: https://doi.org/10.1016/j.crpvbd.2023.100139

KIM, S. I.; ROH, J. Y.; KIM, D. H.; LEE, H. S.; AHN, Y. J. Bioactivity of flavonoid compounds from *Poncirus trifoliata* against *Aedes aegypti*. *Parasitology Research*, v. 104, n. 2, p. 305–309, 2009. DOI: https://doi.org/10.1007/s00436-008-1266-0

LIMA, E. P. et al. Resistência do *Aedes aegypti* ao temefós em municípios do Brasil. *Revista da Sociedade Brasileira de Medicina Tropical*, v. 39, n. 3, p. 235–238, 2006. DOI: https://doi.org/10.1590/S0037-86822006000300006

MEDEIROS, E. A. Desafios no controle da epidemia da dengue no Brasil. *Revista de Administração Pública e Empreendedorismo*, v. 4, n. 1, p. 1–15, 2024. DOI: https://doi.org/10.37689/acta-ape/2024EDT012.

NAKHLEH, J.; MOUSSAWI, L. E. The melanization response in insect immunity. In: LIGOXYGAKIS, P. (Ed.). *Advances in Insect Physiology*. v. 52, p. 83–109. Amsterdam: Elsevier, 2017. DOI: https://doi.org/10.1016/bs.aiip.2016.11.002.

SMITH, D. F. Q.; DRAGOTAKES, Q.; KULKARNI, M.; HARDWICK, J. M.; CASADEVALL, A. Melanization is an important antifungal defense mechanism in *Galleria mellonella* hosts. *bioRxiv*, 2022. Disponivel em: https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.04.02.486843v1.full Acesso em 15 set. 2025.

TERRA, W. S. *Constituintes químicos do gênero Trichilia (Meliaceae)*. 2009. 113 f. Dissertação (Mestrado em Química) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 2009.

VERMA, A. K.; PRATAP, R. The biological potential of flavones. *Natural Product Reports*, v. 27, n. 11, p. 1571–1593, 2010. DOI: https://doi.org/10.1039/C004698C

WHO. World Health Organization. Guidelines for laboratory and field testing of mosquito larvicides. 2005. Disponível em : https://apps.who.int/iris/handle/10665/69101 Acesso em: 19 set 2025.

I CONGRESSO REGIONAL DE BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Estratégias científicas e inovadoras para a agricultura e meio ambiente

2025

06 a 08 de outubro

MORFOGÊNESE IN VITRO DE PLANTAS

Realização:

Apoio:

Patrocínio:

Indução e desenvolvimento de calos in vitro de *Trema micrantha* (L.) Blume: avaliação do efeito de cinetina e 6-benzilaminopurina

Whitney Santos Rolim, Monique Teixeira da Costa, Felipe Astolpho de Almeida

A *Trema micrantha* (L.) Blume, da família Cannabaceae, é uma espécie pioneira nativa da América Latina, amplamente distribuída no Brasil e importante na recuperação de ecossistemas degradados. Além do valor ecológico, possui potencial econômico e biotecnológico, por apresentar metabólitos secundários com atividades antioxidantes, antimicrobianas e anti-inflamatórias, além da recente descoberta da produção de fitocanabinoides, o que a configura como alternativa à *Cannabis sativa*. Contudo, informações sobre o cultivo in vitro ainda são escassas, reforçando a necessidade de protocolos padronizados para sua propagação e aproveitamento biotecnológico. A cultura de tecidos vegetais é uma técnica baseada na totipotência celular, que permite regenerar plantas completas a partir de células desdiferenciadas em condições adequadas de meio e suplementação com reguladores de crescimento. Essa abordagem possibilita a micropropagação de tecidos e a produção de compostos bioativos, sendo estratégica para espécies de interesse como *T. micrantha*. Neste contexto, o presente estudo avaliou o efeito da cinetina e da 6-benzilaminopurina (BAP) na indução e desenvolvimento de calos, buscando contribuir para a padronização de protocolos de micropropagação. Folhas jovens de plantas matrizes do campus Leonel Brizola da Universidade Estadual do Norte Fluminense foram desinfestadas com álcool 70% e hipoclorito de sódio, sendo cultivadas em meio MS suplementado com diferentes concentrações dos reguladores (10, 20, 30, 40 e 50 µM), aplicados isoladamente e em combinação. Observou-se maior formação de calos nos meios suplementados com regulador em relação ao controle, com destaque para a cinetina isolada a 20 µM, que apresentou melhor desempenho. Esses resultados reforçam a importância dos reguladores de crescimento na calogênese. A cinetina é eficaz na indução e manutenção do crescimento em culturas in vitro, estimulando a divisão celular, enquanto o BAP, uma citocinina sintética estável, é amplamente aplicada na regeneração e multiplicação de brotos, induzindo calos com alta capacidade regenerativa. Assim, o desempenho observado demonstra que a escolha do tipo e da concentração hormonal é determinante para otimizar protocolos de micropropagação em *T. micrantha*.

Palavras-chave: *Trema micrantha*, cultura de tecidos vegetais, calogênese

Agradecimentos: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, CNPq

Efeito do explante e espectro de luz no desenvolvimento de brotações *in vitro* de *Chloroleucon tortum* (Mart.) Pittier. (Fabaceae) e no conteúdo de pigmentos fotossintéticos

Débora Franquini Pasinato, Guilherme Oliveira da Silva, Mateus Santana Rodrigues, Júlia Oliveira Schueler, Vanildo Silveira, Claudete Santa-Catarina

Chloroleucon tortum é uma espécie arbórea nativa da Mata Atlântica, ameaçada de extinção, com característica de crescimento pioneira, ideal para restauração de áreas degradadas. A qualidade espectral da luz modula a fotomorfogênese, sendo relevante para a propagação vegetativa *in vitro* e a produção de mudas. O objetivo deste estudo foi estabelecer as melhores condições para o desenvolvimento de brotações *in vitro* em *C. tortum*. Aos 45 dias, segmentos nodais apicais e cotiledonares foram obtidos de plântulas germinadas *in vitro* e transferidos para meio de cultura MS, suplementado com sacarose (20 $g \cdot L^{-1}$), 6-benziladenina (BA; 0,5 µM), pH 5,7 e solidificado com Phytagel® (2 $g \cdot L^{-1}$). Os segmentos nodais foram mantidos em diferentes espectros de luz fornecidos por seis lâmpadas LED, contendo espectros de luz branca, azul, vermelho e vermelho distante. Após 45 dias, foram avaliados a indução (%), o número e o comprimento (cm) das brotações, além da análise de pigmentos fotossintéticos. O maior comprimento foi obtido em brotações oriundas de segmentos nodais cotiledonares, incubadas na lâmpada LED com espectro branco, azul baixo, vermelho e vermelho distante, enquanto a lâmpada com espectro branco e azul alto resultou em brotações com menor alongamento. O tipo de explante utilizado, mas não o espectro das lâmpadas LED, afetou significativamente o conteúdo de pigmentos fotossintéticos. Brotações oriundas de segmentos nodais apicais apresentaram maiores teores de Chl *a*, Chl total e carotenoides, enquanto brotações oriundas de segmentos cotiledonares concentraram mais Chl *b*. A morfogênese *in vitro* em *C. tortum* foi dependente do tipo de explante e influenciada pelo uso de lâmpadas na promoção do alongamento das brotações.

Palavras-chave: Micropropagação; Fotomorfogênese *in vitro*; Lâmpadas LED

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, CAPES, CNPq.

A modulação de poliaminas e o perfil proteômico em segmentos nodais de *Dalbergia nigra* estão associados à capacidade de desenvolvimento *in vitro* de brotações

Mateus Santana Rodrigues, Jociel Nascimento de Noronha, Marta Rodríguez-Ruiz, José M. Palma, Vanildo Silveira, Francisco J. Corpas, Claudete Santa-Catarina

Dalbergia nigra é uma espécie arbórea de importância ecológica e econômica, atualmente ameaçada de extinção. A micropropagação constitui uma abordagem promissora para sua propagação e conservação. No entanto, as brotações que se desenvolvem a partir de segmentos cotiledonares (CS), intermediários (IS) e apicais (AS) apresentam padrões distintos de crescimento. Este estudo teve como objetivo analisar o perfil proteômico e o conteúdo endógeno de poliaminas (PAs) livres em diferentes segmentos nodais de plântulas de *D. nigra* cultivadas *in vitro*, a fim de investigar a possível relação entre o desenvolvimento das brotações, metabolismo de PAs e as proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs). CS, IS e AS de plântulas cultivadas *in vitro* foram incubadas em meio de cultura MS (Murashige e Skoog), suplementado com 2,5 µM de benziladenina para indução de brotações e utilizados para a quantificação de PAs, análise proteômica e atividade enzimática. Explante CS apresentou maior comprimento de brotações, seguido por uma redução progressiva nas brotações oriundas do IS e AS. AS exibiu níveis endógenos mais elevados de putrescina (Put) em comparação ao CS e IS, enquanto CS apresentou maior nível de espermina (Spm) do que AS e IS. Na comparação AS/CS, 633 proteínas foram identificadas, 71 foram DAPs, 13 únicas em AS e 11 únicas em CS. Na comparação IS/CS, 628 proteínas foram identificadas, 50 foram DAPs, 9 únicas em IS e 13 únicas em CS. Na comparação AS/IS, 632 proteínas foram identificadas, sendo 46 foram DAPs, 9 únicas em IS e 15 únicas em AS. Catalase (CAT) foi down-acumulada na comparação AS/CS. Maior atividade de CAT e superóxido dismutase (SOD) ocorreu em CS. AS exibiu proteínas únicas associadas ao citoesqueleto, incluindo profilina, actina e tubulina, o que foi relacionado ao menor crescimento das brotações oriundas deste segmento. Este estudo revelou a identificação de proteínas e modulação de PAs potencialmente associadas à capacidade de desenvolvimento *in vitro* de brotações em *D. nigra*.

Palavras-chave: Catalase; Micropropagação; Proliferação de gemas axilares.

Agradecimentos: CAPES, FAPERJ, CNPq e UENF.

6-benziladenina afeta o desenvolvimento das brotações *in vitro* de *Albizia lebbeck* e o peril hormonal, proteômico e de poliaminas

Laíse Trugilio Moreira Marinho, Yrexam Rodrigues de Souza Ribeiro, Tadeu dos Reis de Oliveira, Jociel Nascimento de Noronha, Renan Carrari-Santos, Vanildo Silveira e Claudete Santa-Catarina

Albizia lebbeck é uma arbórea com potencial medicinal e ecológico. Este estudo objetivou estabelecer as condições para a germinação e o desenvolvimento de brotações in vitro em *A. lebbeck*, e avaliar alterações nos perfis proteômico, hormonal e de poliaminas (PAs) associadas ao uso de 6-benziladenina (BA) no processo de desenvolvimento de brotações. A dormência tegumentar foi superada por escarificação mecânica. O uso de 1 µM de BA foi eficiente para o desenvolvimento das brotações. Segmentos nodais intermediários e apicais apresentaram maior número e comprimento das brotações comparativamente aos cotiledonares, não responsivos. Proteínas relacionadas ao ciclo celular, como beta tubulina, calmodulina e subunidade beta do proteassoma foram abundantes em explantes intermediários responsivos para a morfogênese, comparativamente aos não responsivos. Enzimas do ciclo Calvin-Benson, como fosforibuloquinase e triosefosfato isomerase, e proteínas do metabolismo energético, como malato desidrogenase e succinato desidrogenase, foram abundantes em explantes responsivos comparativamente aos não responsivos. Explantes cotiledonares não responsivos apresentaram menor acúmulo de proteínas relacionadas à tradução, como o fator de elongação 1-alfa e a proteína ribossômica 40S SA. O uso de BA induziu o acúmulo de proteínas envolvidas na proteólise celular, no metabolismo energético e na remodelação do citoesqueleto, como a subunidade beta tipo-1 do proteassoma, malato desidrogenase, succinato desidrogenase, transcetolase e a subunidade B da bomba de prótons vacuolar, e aumentou putrescina e espermidina, e reduziu ácido indol-3-acétido, ácido abscísico e ácido jasmônico em brotações oriundas de explantes responsivos comparado ao não responsivo. Este estudo mostra a integração de BA com o conteúdo de PAs, proteômica e hormônios no desenvolvimento de brotações em *A. lebbeck*.

Palavras-chave: Segmentos nodais, Crosstalk hormonal, Micropropagação

Agradecimentos: CNPq, CAPES, FAPERJ, UENF

Proteômica e metabolômica revelam mecanismos do pré-tratamento com nitrato de prata na embriogênese somática de cana-de-açúcar

Carlos Eduardo Assis da Silva, Lucas Rodrigues Xavier, Roberta Pena da Paschoa, Kaliane Zaira Camacho Maximiano Cruz, Caio Cezar Guedes Corrêa, Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Karina da Silva Vieira, Laura Eliza de Oliveira Alves, Jennyfer Silva Campos, André Lucas de Souza Lopes, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira.

A embriogênese somática é uma técnica biotecnológica que possibilita a regeneração de plantas em larga escala e a obtenção de genótipos editados ou transformados. O nitrato de prata ($AgNO_3$), inibidor da sinalização do etileno, apresenta efeitos positivos na embriogênese somática de diversas espécies, embora seus mecanismos moleculares permaneçam pouco compreendidos. Este estudo avaliou os efeitos fisiológicos, hormonais e proteômicos do $AgNO_3$ na maturação de embriões somáticos de cana-de-açúcar, visando compreender mecanismos associados à competência embriogênica. Calos foram induzidos em meio de cultura MS com 10 µM de 2,4-D e, após três subcultivos, submetidos ao pré-tratamento com $AgNO_3$ (0; 0,5; 5 µM). Em seguida, foram transferidos para meio de maturação sem 2,4-D e sem $AgNO_3$, mantidos no escuro por 7 dias e posteriormente expostos a fotoperíodo de 16 h. Aos 42 dias, o tratamento 0,5 µM de $AgNO_3$ elevou o número de embriões somáticos (65,5) em relação ao controle (40,1), enquanto 5 µM reduziu drasticamente a formação de embriões somáticos (15,6) e promoveu oxidação dos calos. A análise proteômica identificou 2.258 proteínas, sendo 448 diferencialmente reguladas. O tratamento com 0,5 µM de $AgNO_3$ resultou no acúmulo de proteínas associadas à manutenção do meristema (C5XHH3, C5XD47), ciclo celular (C5XV51), biossíntese da parede celular (C5WPD7) e ao fator de transcrição GRAS (C5XD47), essenciais ao desenvolvimento. Em contraste, 5 µM aumentou proteínas ligadas ao estresse oxidativo (C5XXD7, C5WNL8) e à conjugação de auxina (C5XD60), além de reduzir proteínas envolvidas na sinalização hormonal (C5XVJ1). O perfil hormonal mostrou que 0,5 µM de $AgNO_3$ elevou os níveis de ácido indolacético (IAA) e ácido abscísico (ABA), favorecendo a formação de embriões e acúmulo de reservas. Em conclusão, 0,5 µM de $AgNO_3$ potencializa a embriogênese somática ao modular IAA, ABA e proteínas-chave, enquanto 5 µM causa fitotoxicidade e desequilíbrio hormonal, revelando potenciais alvos moleculares para regulação de embriogênese somática em cana-de-açúcar.

Palavras-chave: Crosstalk hormonal; Proteômica, Metabolômica

Agradecimentos: UENF; CAPES; FAPERJ e CNPQ

Germinação *in vitro* e indução de calogênese em *Trema micrantha* (L.) Blume visando aplicações biotecnológicas

Monique Teixeira da Costa, Whitney Santos Rolim, Felipe Astolpho de Almeida

Trema micrantha (L.) Blume é uma espécie arbórea nativa do Brasil, com aplicações em reflorestamento e uso medicinal. Apesar do potencial, a apresenta limitações na propagação convencional, como germinação lenta e irregular, dificultando seu uso em larga escala. A cultura de tecidos vegetais surge como alternativa estratégica para superar essas barreiras, permitindo obter plântulas homogêneas, com melhor desempenho e potencial para a exploração de metabólitos bioativos. Para estabelecer um protocolo eficiente de propagação *in vitro*, sementes maduras foram submetidas a dois métodos de germinação visando superar a dormência tegumentar. No primeiro, as sementes foram tratadas com ácido sulfúrico e colocadas em placas de Petri com papel filtro umedecido. No segundo (controle), foram cultivadas da mesma forma, sem tratamento. O tratamento ácido mostrou-se significativamente mais eficaz, promovendo alta taxa de germinação, enquanto as sementes controle permaneceram dormentes. A calogênese ocorreu em duas fases. Inicialmente, plântulas germinadas foram transferidas para meio MS suplementado com 6-benzilaminopurina (BAP, 5 µM) para estimular o crescimento vegetativo e o início da desdiferenciação celular. Depois, plântulas maiores foram seccionadas em explantes e cultivadas em meio MS com alta concentração de BAP (50 µM), visando intensificar a proliferação celular e a formação de calos. A escolha do BAP foi estratégica, pois essa citocinina é reconhecida como eficaz na indução de brotos e gemas em espécies lenhosas (Hu & Wang, 1983) e, em concentrações elevadas, atua como potente indutor da desdiferenciação celular. A padronização da calogênese em *T. micrantha* representa um avanço, possibilitando a produção de biomassa uniforme em condições controladas, essencial para estudos sobre respostas a estressores abióticos, como radiação UV, que modulam a biossíntese de compostos bioativos. Assim, o protocolo desenvolvido mostra-se viável e promissor para o cultivo, exploração biotecnológica e aplicações farmacológicas da espécie.

Palavras-chave: Desdiferenciação celular, Propagação *in vitro*, Metabólitos bioativos

Agradecimentos: Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, CNPq

Morfogênese *in vitro* de *Trema micrantha* (L.) Blume (Cannabaceae)

Katherine Chavez Ccajma, Mateus Santana Rodrigues, Gonçalo Apolinário de Souza-Filho, Vanildo Silveira, Claudete Santa-Catarina

Trema micrantha (L.) Blume (Cannabaceae) é uma arbórea nativa do Brasil com potencial para a recuperação de áreas degradadas. Estudos recentes sugerem seu potencial para produzir canabidiol (CBD) com baixos níveis de tetrahidrocanabinol (THC), tornando-a uma promissora fonte medicinal. A propagação por sementes desta espécie é limitada pela dessincronização e baixa porcentagem de germinação devido à dormência das sementes. Assim, métodos biotecnológicos como a micropropagação podem ser uma alternativa eficiente para a propagação da espécie. Este estudo objetivou estabelecer melhores condições para a morfogênese *in vitro* em *T. micrantha* a partir de diferentes tipos de explantes. Foi avaliado o efeito do ácido giberélico (GA_3) e ácido sulfúrico na superação de dormência da semente para a germinação *in vitro.* Após a assepsia, as sementes foram imersas durante 24h em concentrações de 0 a 1400 µM de GA_3. Adicionalmente, as sementes foram incubadas em ácido sulfúrico 98% por 0 a 180 min, seguido de assepsia. Para a germinação *in vitro,* as sementes foram transferidas para meio de cultura MS, e mantidas a 25 ± 2°C, 55 µmol $m^{-2}s^{-1}$, fotoperíodo de 16 h.Segmentos foliares, caulinares e radiculares de plântulas germinadas *in vitro* foram incubados com ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D) e picloram em diferentes concentrações (0 a 30 µM), combinadas ou não com BA (0 e 5 µM) para a indução de culturas embriogênicas. Para o desenvolvimento das brotações, segmentos nodais das plântulas germinadas foram incubados com BA (0 a 2,5 µM). O GA_3 e ácido sulfúrico não foram eficientes na quebra de dormência das sementes. O uso de picloram, na ausência de BA, foi o mais eficaz na formação de calos. O uso de BA foi eficiente na indução e desenvolvimento de brotações. Esses resultados iniciais são inéditos para a micropropagação de *T. micrantha* e novos estudos estão sendo realizados para otimizar a morfogênese *in vitro*.

Palavras-chave: Micropropagação, Culturas embriogênicas, Quebra dormência, Germinação *in vitro*

Agradecimentos: UENF, Programa de pós-graduação em biotecnologia vegetal, CAPES, CNPq, FAPERJ

Germinação e desenvolvimento de brotações *in vitro* em *Chloroleucon tortum* (Mart.) Pittier. (Fabaceae)

Guilherme da Silva de Oliveira, Mateus Rodrigues Santana, Renan Carrari dos Santos, Claudete Santa-Catarina

Chloroleucon tortum é uma espécie pioneira recomendada para a recuperação de áreas degradadas. Abordagens biotecnológicas, podem ser significativas para preservação da espécie. O objetivo foi estabelecer condições de germinação e desenvolvimento de brotações *in vitro* em *C. tortum*. Foi avaliado o efeito dos meios de cultura MS e WPM com diferentes concentrações de sais (50 e 100%) na germinação *in vitro*. Avaliou-se também o crescimento das plântulas sob efeito de lâmpadas fluorescente e de LED contendo espectros de luz branca (W), azul baixo (lB), azul médio (mB) e azul alto (hB), vermelho escuro (dR) e vermelho distante (fR): WmB, WhB, WlBdR, WmBdR, WlBdRfR e WmBdRfR. Para o desenvolvimento de brotos, segmentos nodais apicais e cotiledonares foram inoculados em meios de cultura MS e WPM suplementados com diferentes concentrações (0,0, 0,5, 1,0, 2,5 e 5,0 µM) de benziladenina (BA). Após 45 dias, avaliou-se indução, o número e o comprimento (cm) dos brotos. Posteriormente foram realizadas as análises de pigmentos fotossintéticos e quantificação de poliaminas (PAs). O uso da lâmpada LED contendo baixo azul, vermelho e vermelho distante (WlBdRfR) promoveu maior alongamento das plântulas. O número de brotos foi significativamente afetado pelo uso do BA. O segmento nodal cotiledonar possibilitou o desenvolvimento de brotações significativamente mais longas comparativamente ao apical em ambos os meios de cultura. A quantidade de Clrorofila a, b caratenóide e Clorofila total foram significativamente maiores em brotações provindas de segmento nodal apical em meio de cultura MS sem BA. O conteúdo de Espermidina e Espermina foram significativamente maiores em brotações provindas de segmento nodal apical sem BA. Este é o primeiro estudo sobre germinação e desenvolvimento de brotações utilizando a propagação *in vitro* da espécie.

Palavras-chave: Benziladenina; Pigmentos fotossintéticos; Poliaminas.

Agradecimentos: FAPERJ, CNPq e CAPES, UENF, PPGBV

Análise multiômica integrativa com resolução temporal revela alvos moleculares para otimização da engenharia genética e propagação de cana-de-açúcar

Lucas Rodrigues Xavier, Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Roberta Pena da Paschoa, Lucas Gomes do Espirito Santo, Vitor Batista Pinto, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira

Os mecanismos moleculares que regulam a embriogênese somática ainda são pouco compreendidos, especialmente no que se refere à regulação hormonal e interações entre proteínas. Neste estudo, empregamos análise proteômica de séries temporais, fosfoproteômica e metabolômica comparativa para investigar os efeitos de diferentes tratamentos hormonais, incluindo ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D), ácido abscísico (ABA) e inibição do transporte de auxina durante a embriogênese de cana-de-açúcar. A análise proteômica revelou 1011 proteínas com acúmulo diferencial ao longo de quatro estágios de indução do calo (0, 7, 14 e 21 dias) com 2,4-D. Foi observado o acúmulo de proteínas associadas à embriogênese, modificação pós-traducional e respostas hormonais, incluindo reguladores epigenéticos, como a histona deacetilase HDT2. A interação entre o repressor TOPLESS e elementos de resposta à auxina (SKP1, CUL1 e CAND1) sugere que a condensação da cromatina modula respostas embriogênicas. Exploramos o papel do ABA na embriogênese usando tratamentos com ABA exógeno e fluridona (FDN), inibidor de biossíntese. Os tratamentos com FDN reduziram a diferenciação de embriões somáticos, o crescimento do calo e o acúmulo de pigmentos, enquanto a análise metabolômica confirmou a diminuição dos níveis endógenos de ABA. A análise fosfoproteômica mostrou fosfoproteínas como *auxin efflux carrier component 3a* e *brassinosteroid LRR receptor kinase*, como reguladores importantes das respostas hormonais. Também foram identificados 10 *motifs* de fosforilação associados às respostas de ABA. O transporte de auxina e morfogênese foram investigados usando ácido 2,3,5-triiodobenzoico (TIBA) como inibidor durante a fase de pré-maturação dos calos. O uso de 100 µM de TIBA prejudicou a diferenciação de embriões somáticos, onde a análise proteômica de calos controle e tratados com TIBA levou à identificação de 740 proteínas com acúmulo diferencial. Entre as alterações mais notáveis, destacaram-se a regulação negativa da chaperona BOBBER1 e da *Receptor-like kinase* TMK2, indicando interrupção na sinalização de auxina. Este estudo revela a complexa interação entre transporte de auxina, níveis de ABA e *networkings* de proteínas regulatórias na embriogênese somática da cana-de-açúcar.

Palavras-chave: Desenvolvimento vegetal, propagação in vitro, embriogênese somática.

Agradecimentos: CAPES, FAPERJ, CNPq, UENF.

Papel do transporte de auxina na regulação do proteoma associado à morfogênese *in vitro* de embriões somáticos de mamoeiro (*Carica papaya* L.)

André Lucas de Souza Lopes, Lucas Rodrigues Xavier, Carlos Eduardo Assis da Silva, Laura Eliza de Oliveira Alves, Karina da Silva Vieira, Jennyfer Silva Campos, Daniel Dastan Rezabala Pacheco, Roberta Pena da Paschoa, Claudete Santa-Catarina, Vanildo Silveira

O transporte de auxina desempenha papel central na formação de gradientes necessários para a morfogênese vegetal, sendo regulado por proteínas transportadoras da família PIN, AUX/LAX e PGP, bem como por modificações pós-traducionais que afetam sua polaridade. Apesar dos avanços obtidos em espécies modelo, a compreensão desses mecanismos em culturas de interesse econômico, como o mamoeiro (*Carica papaya* L.), ainda é limitado. A embriogênese somática ocorre em duas etapas: indução, com desdiferenciação e aquisição de competência embriogênica, quando as células formam embriões somáticos. Este trabalho tem como objetivo investigar as redes de proteínas associadas ao transporte de auxina durante a morfogênese *in vitro* de embriões somáticos de mamoeiro. Para isso, calos embriogênicos da cultivar Golden foram induzidos a partir de embriões zigóticos imaturos e submetidos à maturação em presença de diferentes concentrações do inibidor de transporte de auxina TIBA. O desenvolvimento dos embriões somáticos será caracterizado por microscopia óptica e eletrônica de varredura, enquanto amostras de calos serão submetidas a análises proteômicas bottom-up por nanoLC-MS/MS. A anotação funcional das proteínas identificadas será realizada com auxílio de OmicsBox, Metascape e STRING, visando mapear processos biológicos, fatores de transcrição, quinases e interações proteína-proteína associadas ao transporte e à sinalização de auxina. Espera-se identificar proteínas-chave envolvidas na regulação hormonal e no controle da competência embriogênica, incluindo moduladores do transporte polar de auxina, fatores transcricionais e reguladores epigenéticos. Esses resultados ajudarão a entender melhor os mecanismos moleculares que governam a embriogênese somática em mamoeiro e podem contribuir para superar limitações em genótipos recalcitrantes. Isso amplia o potencial dessa biotecnologia na propagação clonal, transformação ou edição genética em espécies tropicais de interesse agronômico.

Palavras-chave: Efluxo de auxina, Padronização apical-basal, Micropropagação.

Agradecimentos: UENF, CAPES, FAPERJ e CNPq.

Efeitos de AIA e BAP no cultivo *in vitro* de *Vanilla cribbiana* em meio MS

Guilherme Pinto e Mendes, Ana Cristina Ferreira da Silva, Roberta Peres Tenório, Tibério da Silva Vale, Andrea Furtado Macedo

O gênero *Vanilla* possui cerca de 140 espécies, sendo 40 brasileiras e 20 endêmicas. *Vanilla planifolia*, do México, é a principal produtora de baunilha, segunda especiaria mais cara pela vanilina. Sua propagação clonal reduz a variabilidade genética e aumenta a vulnerabilidade, enquanto a cultura de tecidos surge como alternativa para conservação e manutenção genética. Estudos recentes destacam a importância de investigar espécies nativas da Mata Atlântica com potencial biotecnológico. Este estudo avaliou AIA e BAP no desenvolvimento *in vitro* de *Vanilla cribbiana*. Sementes maduras de Belmonte-BA foram escarificadas em HCl 6 M e inoculadas em meio MS líquido reduzido com vitaminas, sacarose, carvão ativado e 4,44 µM de BAP. Após 6 meses a 24–31 °C no escuro, a germinação ocorreu no 5º mês, com ruptura da testa e formação de protocormos. Estes foram reinoculados em 14 tratamentos, incluindo 2 controles (MS0 e MS 1/4N) e 12 combinações de BAP (4,44 µM e 8,88 µM) com AIA (0,22 µM; 0,44 µM; 0,88 µM). Cada tratamento contou com 5 réplicas de 4 protocormos cada, totalizando 280 explantes cultivados em frascos com 30 mL de meio. As culturas foram avaliadas quinzenalmente quanto ao crescimento (altura, raízes, brotos, folhas) e biomassa, com análises estatísticas feitas no software R. Após 3,5 meses de cultivo. não houve contaminação, mas nenhum tratamento gerou folhas, brotos ou raízes. Os melhores resultados em altura e comprimento ocorreram nos meios MS 1/4N com BAP 8,88 µM + AIA 0,88 µM; BAP 4,44 µM + AIA 0,44 µM; e BAP 4,44 µM + AIA 0,88 µM. Os meios com AIA 0,22 µM foram ineficazes, enquanto os com 0,44 µM mostraram maior eficiência; para o BAP, destacou-se 4,44 µM. Além disso, a redução de sais nitrogenados minimizou a oxidação dos protocormos. Futuros estudos devem priorizar as concentrações mais promissoras, empregar meios com redução de sais, avaliar condições sem carvão ativado e testar outros reguladores, como GA_3 e NAA, visando otimizar protocolos de propagação e apoiar a conservação de espécies nativas de *Vanilla* sp.

Palavras-chave: *Vanilla cribbiana*; Ácido indolacético; 6-benzilaminopurina.

Agradecimentos: Eu gostaria de agradecer a UNIRIO, CNPq e Faperj pelo incentivo por meio da bolsa de iniciação cientifica.

Estabelecimento da germinação *in vitro* de *Aosa uleana*, espécie endêmica do Parque Nacional do Itatiaia

Natasha Silva da Costa, Marlon Axel da Silva Jardim, Luciano Marques Alves, Deisellane da Silva Dias, Thaís Rocha Cruz, Aline Saavedra, Iranilda Calado Santana, Lívia Cordeiro, Claudia Simões-Gurgel, Tatiana Castro, Norma Albarello

Filiação: Núcleo de Biotecnologia Vegetal (NBV), Instituto de Biologia Roberto Alcantara Gomes (Ibrag), Universidade do Estado do Rio de Janeiro (Uerj), Rio de Janeiro, RJ, Brasil; e-mail: labplan_uerj@yahoo.com.br

RESUMO

Aosa uleana ocorre nas localidades Itaporani (IP) e Véu da Noiva (VN), no Parque Nacional do Itatiaia (PNI), e está classificada como Criticamente em Perigo. Este estudo objetivou estabelecer a germinação *in vitro* da espécie, utilizando frutos coletados no PNI. As sementes foram analisadas em lotes de 10 unidades, avaliando-se dimensões, peso e curva de embebição. Após a descontaminação, foram inoculadas em meio MS0 e mantidas a 25±2°C e 16 h/luz. Os parâmetros avaliados foram: porcentagem (G), tempo médio (TM), velocidade (V) e frequência relativa de germinação. As sementes apresentaram tegumento permeável e variaram morfologicamente de acordo com a origem. VN apresentou reflexos furta-cor no tegumento, comprimento 1,2 mm e largura 0,6 mm. IP não apresentou reflexo, comprimento 1,3 mm e largura 0,8 mm. O peso médio dos lotes foi de 2 mg e o protocolo de descontaminação apresentou 95,8% de eficiência. Os parâmetros de germinação para VN e IP foram: G de 39% e 56%, TM 26 e 27 dias e V 0,039 e 0,038 dias^{-1}. Plantas completas foram observadas 60 dias após protrusão da radícula. Não houve sincronicidade do processo, indicando dificuldade no estabelecimento da espécie e ressaltando a importância de estratégias de conservação *in vitro.*

Palavras-chave: Biotecnologia Vegetal; Conservação *ex situ*; Espécie endêmica.

INTRODUÇÃO

O gênero *Aosa* Weigend compreende oito espécies, das quais seis ocorrem no leste do Brasil, abrangendo as regiões Norte, Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste. A espécie *Aosa uleana* (Urb. & Gilg) Weigend é endêmica do estado do Rio de Janeiro (Acuña-Castillo, 2025; Weigend, 1015) e está registrada em somente três localidades: Serrinha do Alambari, Itaporani e Véu da Noiva, com ocorrência restrita ao Parque Nacional do Itatiaia (PNI), onde forma pequenas populações clonais.

Mesmo ocorrendo em uma Unidade de Conservação, *A. uleana* encontra-se na lista vermelha de espécies ameaçadas (CNCFLORA, 2022), sendo classificada como Criticamente em Perigo, última categoria antes de ser declarada oficialmente extinta da natureza. É uma planta herbácea que ocupa o sub-bosque sombreado e úmido da Mata Atlântica. Possui característica urticante, devido à presença de tricomas na superfície das folhas e dos ramos. Aliada à sua ocorrência ao longo de trilhas com amplo fluxo de pessoas, a ação antrópica relacionada à remoção de indivíduos causa maior impacto

no declínio populacional. Pelo seu elevado risco de extinção, se fazem necessárias medidas de conservação para a reversão desse cenário.

O presente estudo tem como objetivo estabelecer um protocolo de germinação sob condições *in vitro* da espécie *A. uleana* visando à produção de material vegetal para estudos biotecnológicos de propagação *in vitro,* que possam auxiliar na conservação da espécie.

METODOLOGIA

Frutos de *Aosa uleana* foram coletados no Parque Nacional do Itatiaia (PNI) em diferentes pontos ao longo das trilhas Itaporani (IP) e Véu da Noiva (VN), que foram demarcados e registrados com suas respectivas coordenadas, por meio do aplicativo "GPS Waypoints." As plantas foram observadas no seu habitat natural durante oito meses, com o acompanhamento do crescimento e do surgimento de novos indivíduos. A licença para coleta foi emitida e a exsicata das plantas matrizes encontra-se depositada no Herbário da Universidade do Estado do Rio de Janeiro (HRJ), sob os números HRJ 14266 e HRJ 14262.

Todos os testes e experimentos foram feitos em lotes de 10 sementes, com 3 repetições, devido ao número ínfimo de plantas encontradas na natureza, o que justifica a realização deste estudo.

As sementes foram observadas morfologicamente com lupa eletrônica e software de medição "IC Measure," registrando-sedimensões e coloração.

Determinou-se a curva de embebição das sementes para avaliar a permeabilidade do tegumento. Sementes foram submetidas à embebição em água destilada em intervalos de 1, 2, 3, 4, 5, 24 e 48 horas, sendo o peso aferido a cada intervalo.

O protocolo de descontaminação das sementes foi definido com o uso de solução de detergente neutro 10%, seguida de lavagem com água destilada. Posteriormente, em câmara de fluxo laminar, as sementes foram imersas em solução de hipoclorito de sódio (NaClO) 2% e Tween 80 (0,05%) por 5 minutos, e enxaguadas três vezes com água destilada estéril.

As sementes foram inoculadas em tubos de ensaio contendo meio de cultura MS (Murashige e Skoog, 1962) isento de reguladores de crescimento, contendo 30 g/L de sacarose e solidificado com 8 g/L de ágar (Merk). As culturas foram mantidas a 25±2°C e 16 h/luz.

Com base no método proposto por Laboriau (1983), foram avaliadas a porcentagem (G), o tempo médio (TM), a velocidade (V) e a frequência relativa de germinação (FR), segundo as seguintes equações:

G = N/A x 100, onde N é o número total de sementes germinadas e A é o número total de sementes.

TM = Σniti / Σni, onde ni é o número total de sementes germinadas por dia; ti o tempo de incubação em dias; Σni é o número total de sementes germinadas.

$V = TM^{-1}$

FR = ni .100 / Σni

O desenvolvimento pós-seminal foi acompanhado ao longo de 60 dias, com registros fotográficos.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os frutos, do tipo cápsula, apresentam formato cônico e comprimento superior a 10 mm (Figura 1A). As sementes, de formato elíptico, mostraram variações nas suas características biométricas entre as localidades analisadas (Figura 1B e 1C). As sementes provenientes de VN apresentaram coloração marrom-escura, com reflexos furta-cor em sua superfície, médias de comprimento e largura de 1,2 mm e 0,6 mm, respectivamente. As de IP apresentaram coloração marrom, sem reflexo, e 1,3 mm e 0,8 mm de comprimento e largura, respectivamente. A média de peso fresco de lotes de 10 sementes foi de 2 mg para ambas.

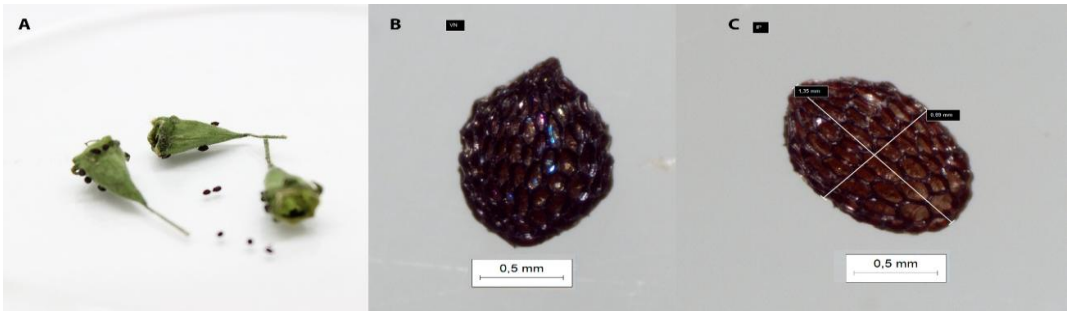


Figura 1 – Frutos (A) e sementes de *Aosa uleana* das localidades Véu da Noiva (B) e Itaporani (C), do Parque Nacional do Itatiaia, RJ.

O teste de avaliação da permeabilidade do tegumento das sementes foi realizado por meio da embebição em água destilada em diferentes intervalos, revelando que as sementes não apresentaram impermeabilidade de tegumento, uma vez que atingiram estabilidade em poucas horas (Figura 2). Esse resultado indicou que o envoltório não é um elemento limitante ao início da germinação, ou seja, que as sementes não possuem camadas de células paliçádicas lignificadas no tegumento, cuja presença poderia provocar dormência física (Baskin e Baskin, 2001).

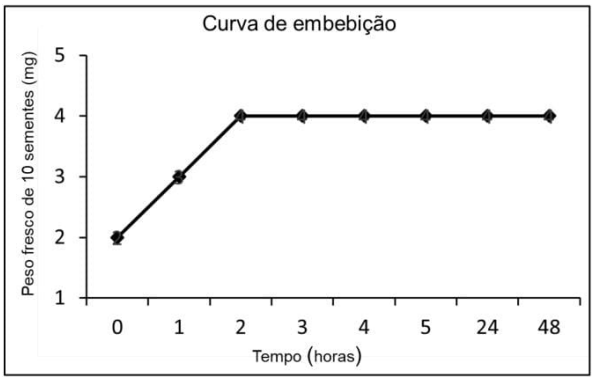


Figura 2 – Curva de embebição de sementes de *Aosa uleana*.

A germinação *in vitro* é uma alternativa para o fornecimento de plantas axênicas em boas condições fitossanitárias, possibilitando sua utilização como fonte de explantes para cultura de tecidos vegetais. Essa abordagem se justifica pela maior resistência das sementes durante o processo de descontaminação, quando comparada ao uso de

tecidos vegetais (Castro et. al. 2014). O protocolo de descontaminação das sementes foi eficiente, alcançando 95,8% de sucesso na assepsia.

Foram observadas variações entre os dados obtidos das sementes coletadas nas duas localidades. Os parâmetros de germinação para VN e IP, respectivamente, foram: G de 39% e 56%, TM de 26 e 27 dias e V de 0,039 e 0,038 dias^{-1}.

As condições ideais para a germinação são específicas de cada espécie, sendo o processo germinativo influenciado tanto por fatores ambientais, quanto por atributos intrínsecos das sementes. Algumas espécies apresentam dormência, característica genética que pode ser modulada pelas condições ambientais durante o desenvolvimento das sementes. Existem diferentes classificações de dormência, variando conforme a sua causa. A baixa porcentagem de germinação observada em ambas as localidades (VN e IP) pode estar relacionada à presença desse mecanismo de dormência (Finch-Savage; Leubner-Metzger, 2006). Na localidade Véu da Noiva, as sementes iniciaram a germinação a partir do décimo dia, estendendo-se até 52 dias após a inoculação, (Figura 3A). De modo semelhante, as sementes provenientes de Itaporani também apresentaram ausência de sincronicidade no processo germinativo (Figura 3B).

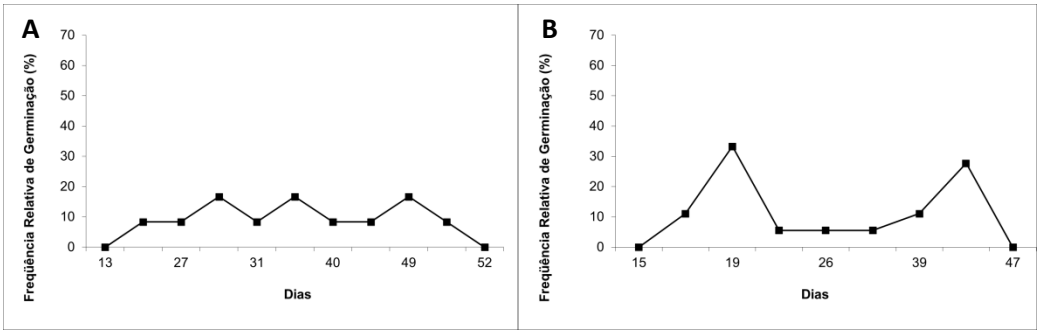


Figura 3 – Frequência relativa de germinação de sementes de *A. uleana* da localidade Véu da Noiva (A) e Itaporani (B) ao longo da germinação *in vitro*.

A protrusão da radícula foi observada a partir de 14 dias, marcando o início processo germinativo. Seis dias após a protrusão, ocorreu a emergência dos cotilédones. A germinação caracterizou-se como epígea e fanerocotiledonar. Plântulas completas foram obtidas, em média, após 60 dias da protrusão da radícula, e não foram observadas plântulas anormais (Figura 4).

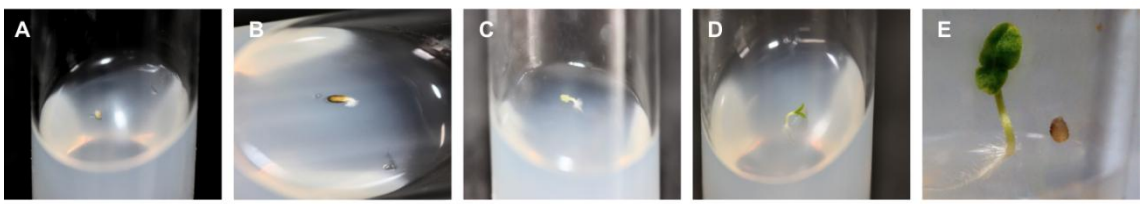


Figura 4 – Germinação *in vitro* de *A. uleana*. (A) Semente inoculada após descontaminação; (B) Protrusão da radícula após 14 dias, marcando o início da germinação; (C) Alongamento da radícula 02 dias após sua protrusão; (D) Emergência

de cotilédones 06 dias após protrusão da radícula; (E) Plântula com cotilédones após 27 dias do início da germinação.

Durante o acompanhamento do desenvolvimento pós-seminal, sob condições *in vitro*, ao longo de 60 dias, não foi observada a sincronicidade no processo em ambas as localidades. Esses resultados sugerem dificuldades no estabelecimento da espécie pelos processos naturais, indicando riscos potenciais para sua sobrevivência na natureza.

CONCLUSÃO

As primeiras análises indicaram a viabilidade da germinação de *A. uleana* sob condições *in vitro,* apesar das dificuldades observadas quanto ao percentual, ao tempo e à sincronicidade do processo germinativo, o que também evidencia problemas no estabelecimento natural da espécie e potenciais riscos à sua sobrevivência na natureza. Dessa forma, torna-se fundamental o desenvolvimento de protocolos de conservação da espécie por meio de técnicas de cultura de tecidos vegetais, permitindo que plantas axênicas sejam utilizadas como fonte de explantes.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: Cetreina-Uerj, Faperj, CNPq.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ACUÑA-CASTILLO, R.; HENNING, T.; WEIGEND, M.; MELLO-SILVA, R. (in memoriam) Loasaceae in Flora e Funga do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Available at:<https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB120041>. Acesso em18 set. 2025.

BASKIN, C.C.; BASKIN, J.M. Seeds. Ecology, biogeography, and Evolution of dormancy and germination. 1.ed. San Diego: Academic Press, 2001, 666p.

CASTRO, T.C; SIMÕES-GURGEL, C.; RIBEIRO, I.G.; COELHO, M.G.P.; ALBARELLO, N. Morphological aspects of fruits, seeds, seedlings and *in vivo* and *in vitro* germination of species of the genus *Cleome*. Journal of Seed Science, v. 36, p.326-335, 2014.

CNCFLORA. Painel de Dados do Centro Nacional de Conservação da Flora. *Aosa uleana* in Lista Vermelha da Flora Brasileira. Versão 393.412. Centro Nacional de Conservação da Flora. Disponível em <https://cncflora.jbrj.gov.br/>. Acesso em 18 set. 2025.

FINCH-SAVAGE, W.E.; LEUBNER-METZGER, G. Seed dormancy and the control of germination. New Phytologist, v.171, n.3, p. 501-523, 2006.

LABOURIAU, L.G. A germinação das sementes. Washington: Secretaria da OEA, 1983. 173p

MURASHIGE, T, SKOOG, F. A revised medium for rapid growth and bioassays with Tobacco tissue cultures. Physiologia Plantarum, v.15, p.473-497, 1962.

WEIGEND, M. 2015. Loasaceae in Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <http://floradobrasil2015.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB120041>. Acesso em 8 set. 2025.

Cultivo *in vitro* de baunilhas nativas da Mata Atlântica e sua importância mercadológica

Ana Cristina Ferreira da Silva[1], Roberta Peres Tenório[1], Tibério da Silva Vale[2], Andrea Furtado Macedo[2]

Filiação: [1]Departamento de Botânica, Laboratório Integrado de Biologia Vegetal - LIBV, Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro - UNIRIO, Rio de Janeiro, RJ, Brasil; e-mail: anacris@edu.unirio.br Apresentador, correspondente.
[2]Departamento de Botânica, Universidade Federal do Estado do Rio de Janeiro - UNIRIO, Rio de Janeiro, RJ, Brasil.

RESUMO

A família Orchidaceae agrupa uma enorme quantidade de gêneros, entre eles o gênero *Vanilla*. Seu principal representante é a *Vanilla planifolia*, que a partir da cura de seu fruto se obtém a baunilha, mundialmente conhecida e apreciada. A *V. planifolia* está ameaçada de extinção, pois enfrenta problemas como crescente perda de habitat, baixa germinação natural e propagação clonal. Em contrapartida, o Brasil apresenta grande diversidade de espécies nativas pertencentes ao clado aromático do gênero. Assim, o objetivo do trabalho foi promover a produção *in vitro* de *Vanilla phaeantha,* espécie nativa da Mata Atlântica, sob influência do regulador de crescimento vegetal, ácido indol-3-acético (AIA). Para isso, foram testadas duas concentrações do fitohormônio, além do grupo controle. O tratamento T2 com a maior concentração de AIA apresentou os melhores resultados, com mais explantes clorofilados e sem perdas por oxidação, seguido do T1 com um explante apresentando clorofilado e por fim o grupo controle, sem explantes clorofilados e com mais perdas por oxidação que os demais tratamentos.

Palavras-chave: *Vanilla*; Crop wild relatives; Ácido indol-3-acético.

INTRODUÇÃO

A família Orchidaceae engloba mais de 800 gêneros e têm ocorrência pantropical, exceto Antártica (Fay & Chase, 2009). Essas plantas são importantes fontes de pesquisa, pois permitem a análise de interações interespecíficas contínuas (Bronstein et al., 2014). Sua comercialização movimenta milhares de dólares (Gantait & Kundu, 2017).

O gênero *Vanilla* abrange cerca de 140 espécies reconhecidas na família Orchidaceae (Karremans et al., 2020 apud de Oliveira et al., 2022). Seu principal produto é a baunilha, segunda especiaria mais cara do mundo, cuja produção mundial é feita majoritariamente, a partir da *Vanilla Planifolia* (*V. planifolia*) (Spence, 2023). Contudo, essa espécie está ameaçada de extinção pelo critério B2ab (III, V) da Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN) (IUCN Red Data Book, 2022), devido à coleta predatória e exploração de seus habitats para agricultura (Vega et al., 2017), além da baixa germinação natural, comum em

orquídeas. Por isso, é comumente multiplicada através da estaquia, processo que enfraquece o pool gênico da espécie e torna a colheita vulnerável à patógenos.

Em virtude disso, o Brasil se destaca abrangendo grande diversidade de espécies pertencentes ao clado aromático do gênero, ao menos 40 espécies nativas, sendo 20 endêmicas (Reflora, 2020). Estas espécies são Crop Wild Relatives (CWR), ou seja, parentes vegetais próximos, que apresentam diferenças gênicas entre si. Seu estudo é de suma importância para caracterização da taxonomia do gênero e promoção do melhoramento genético de espécies comerciais. A exemplo disso, a *Vanilla phaeantha (V. phaeantha)*, nativa da Mata Atlântica apresenta maior resistência contra fusarioses que a *V. planifolia* (Koyyappurath, 2015). Por conseguinte, faz-se necessário o desenvolvimento de técnicas que otimizem as taxas de germinação do gênero, garantindo assim a variabilidade genética através da integração das CWR.

Desse modo, cabe dizer que o sucesso do cultivo *in vitro* se dá pela composição do meio de cultivo, associado a Reguladores de Crescimento Vegetal (RCV). Os RCVs disponíveis no meio de cultivo podem potencializar a formação de protocormos (PTC) e plântulas (Pedroso-de-Moraes et al., 2012). As auxinas e citocininas são classes de RCV, importantes para o desenvolvimento de espécies. Naturais ou artificiais, sua eficiência depende da concentração disponível e da necessidade da planta em absorvê-los. A 6-benzilaminopurina (BAP), é um representante das citocininas, promove brotação e desenvolvimento de PTCs em diferentes espécies de orquídeas (Adhikari & Bijaya, 2019; Godo et al., 2020). O indol-3-acético (AIA) é um representante das auxinas e seu uso está associado ao enraizamento e alongamento, na literatura é encontrado associado as citocininas (Salfiani et al, 2021; Vogel & Macedo, 2011).

Assim, a cultura de tecidos apresenta como alternativa, pois propicia a perpetuação de espécies potencializando o surgimento e desenvolvimento de indivíduos geneticamente diferentes, principalmente no que tange a germinação *in vitro* (Hernandez-Ramirez et al., 2020). Isto elucida a importância deste trabalho, cujo objetivo foi avaliar qual a concentração mais eficiente do AIA no desenvolvimento de PTCs de *V. phaeantha*, sob hipótese de que AIA promoverá o desenvolvimento dos PTCs.

METODOLOGIA

Um fruto maduro de *V. phaeantha* foi coletado na Unidade de Conservação Pista Claudio Coutinho, que faz parte do Monumento Natural dos Morros do Pão de Açúcar e da Urca. Em laboratório, foi esterilizado externamente e aberto longitudinalmente. As sementes foram raspadas, transferidas para tubos Falcon de 50mL e lavadas em solução de detergente neutro e água destilada (12 gotas para cada 50mL) por 15 minutos, sob agitação constante. Após esta etapa, as demais foram realizadas sob condições assépticas, dentro da Câmara de Fluxo Laminar (CFL) horizontal.

Dentro da CLF, as sementes foram lavadas em água destilada autoclavada (ADA) e colocadas em solução aquosa de álcool etílico à 70% por 4 minutos. Depois, lavadas novamente em ADA e transferidas para outro tubo Falcon, onde foram escarificadas com ácido clorídrico (HCl) à 6M por 2 minutos e 30 segundos. Em seguida, lavadas uma última vez em ADA sobre um papel filtro para retirar o excesso de ácido reter as sementes.

Após a escarificação, as sementes foram inoculadas em meio Murashige e Skoog (MS) (Murashige & Skoog, 1962) líquido, com 25% dos sais nitrogenados (1/4N) (Pedroso-de-Moraes et al., 2012), suplementado com 0,5mg L-1(0,002 µM) de piridoxina, 0,5mg L-1 (0,0014 µM) de tiamina, 0,5mg L-1 (0,004 µM) de ácido nicotínico, 50mg L-1 (0,27 µM) de Mio-Inositol e 30g L-1 de sacarose, suplementado com o regulador de crescimento vegetal (RCV), 6-benzilaminopurina 4,44µM. O pH foi ajustado para 5,7-5,8 e em seguida autoclavado a 1,2 kg cm^{-2} por 15 minutos a 121°C.

Os PTCs formados, foram transferidos para meios de cultivo sólidos, confeccionados conforme o protocolo supracitado, mas com adição de 8,75g L-1 de ágar, 2g L^{-1} de carvão ativado e suplementados com AIA nas concentrações de 2,8µM e 5,7µM ou sem RCV (grupo controle), sendo estes meios designados como T1, T2 e T3, respectivamente. Assim, cada tratamento foi avaliado em 3 frascos, com 4 PTCs em cada e mantidos em temperatura controlada de 29 ± 2°C, sob um fotoperíodo claro/escuro de 16/8 horas, com intensidade luminosa de 20 µmol m^{-2} s^{-1}, utilizando lâmpadas LED de luz branca de 15 watts, de cor 6500K, durante 50 dias. Finalmente, os PTCs foram avaliados segundo os seguintes critérios: N° de prt com ápice, n° de prt clorofilados e n° de prt oxidados.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após quatro meses de cultivo no escuto, as sementes produziram PTC. Estes, foram transferidos para cultivo sob luz branca, em meio de cultivo sólido com ágar, carvão ativado e suplementado com AIA. Após o período avaliativo, o T2 se mostrou mais efetivo, com produção de clorofila no maior número de PTCs (3 de 12), desenvolvimento apical (9 de 12) e nenhuma oxidação. O segundo melhor tratamento foi o T1, onde nenhum explante apresentou alteração visível de cor, indicando produção de clorofila, entretanto quatro PTCs desenvolveram ápice e não houve perdas por oxidação. Por fim, no grupo controle foi observado um único PTC clorofilado, contendo meristema, mas três indivíduos oxidaram ao longo dos 50 dias de análise.

Referente a etapa inicial do estudo, a composição do meio de cultivo MS (Murashige & Skoog, 1962) com 25% da concentração de sais nitrogenados (NH4NO3 e KNO3) tem se mostrado efetivo para germinação de sementes do gênero *Vanilla*. É notório que a forma como o nitrogênio se encontra disponível no meio de cultivo, está diretamente ligado a construção de células e tecidos da planta (Nagao et al., 1994). Ademais, o tempo de escarificação com HCL a 6M por 2 minutos e 30 segundos corrobora com Pedroso-de-Moraes et al. (2012) que sugere ao trabalhar com *V. planifolia*, que a imersão de sementes em solução corrosiva, combinado a redução de sais nitrogenados propiciam resultados positivos de germinação em menores tempos. Além disso, é necessário dosar a ação corrosiva, para quebrar a dormência da semente, mas sem lesionar o embrião. Do mesmo modo, Šoch et al. (2023) obteve os melhores resultados ao utilizar HCL invés de Ácido Sulfúrico (H2SO4) também com *V. planifolia*, visando otimizar as taxas de germinação da espécie. Desse modo, o rompimento das sementes para formação de PTC é um resultado positivo em relação a parte inicial do trabalho, a germinação.

Em adição a isso, cabe ressaltar que na literatura o desenvolvimento de explantes associados a suplementação com AIA tende a apresentar alongamento, formação apical e principalmente enraizamento. No que tange o desenvolvimento dos

PTC, sua formação inicial não apresentou clorofila. A mudança de cor só foi observada após a suplementação do meio de cultivo com AIA. Palama et al. (2010), usando 2,85µM de AIA em combinação com tidiazuron para tratar PTC de *V. planifolia*, obtiveram resultados interessantes. Elucidaram mecanismos bioquímicos associados à organogênese indireta, identificando proteínas envolvidas na fotossíntese, metabolismo de nitrogênio e estabilização de proteínas, bem como metabólitos secundários relacionados à via biossintética da vanilina. Os resultados alcançados no presente trabalho, corroboram ainda com outros autores como Salfiani and Paserang (2021) que visavam otimizar a fase inicial de crescimento dos explantes aplicando 1,71µM de AIA e 4,44µM de BAP, observando aumentos significativos na formação de brotos, raízes e folhas após 40 dias de cultivo, reforçando assim a ação sinérgica entre auxinas e citocininas.

Paralelamente, Manokari et al. (2022) incorporaram o nitrato de prata ($AgNO_3$) como modulador adicional em protocolos de embriogênese somática direta e indireta, empregando baixas concentrações de AIA (0,57µM a 2,85µM), nas quais o AIA atuou como cofator na indução embriogênica. Por fim, apesar do amplo uso de auxinas em cultura *in vitro* de *V. planifolia*, a literatura recente exibe uma escassez de estudos focados exclusivamente na aplicação de AIA em especial a sua relação com a produção de clorofila em explantes. A maioria das investigações se concentrou no uso de outras auxinas, como ácido naftaleno acético e ácido indol-3-butírico, ou em abordagens moleculares a respeito da expressão gênica regulada por auxina em geral. Um exemplo é o estudo de Hernández-Miranda et al. (2025), que discute mudanças fenológicas em *V. planifolia* sob a regulação de genes relacionados à auxina (como VpIAA6), demonstrando que, embora pareça não haver aplicação direta de AIA sozinho na micropropagação de *Vanilla*, as auxinas permanecem fisiológica e reprodutivamente relevantes para o gênero.

CONCLUSÃO

Em conclusão, a hipótese do trabalho foi confirmada, sendo que AIA, na concentração de 5,7µM, estimula o desenvolvimento de PTC de *V. phaeantha*. Todavia, faz-se necessário ampliar trabalhos de cultura de tecidos envolvendo espécies nativas de *Vanilla* a fim de ampliar o conhecimento sobre a biodiversidade nacional e contribuir para o melhoramento genético de espécies comerciais. Essa abordagem evidenciam a diversidade florística do Brasil e evidencia sua potência biotecnológica.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: CNPq e FAPERJ.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ADHIKARI, H.; PANT, B. Effect of 6-benzylaminopurine and α-naphthalene acetic acid hormonal supplements on the in vitro seed germination and seedling in vitro development of orchid Otochilus albus Lindl. African Journal of Biotechnology, v. 18, n. 22, p. 472-477, 2019.

BRONSTEIN, J. L.; ARMBRUSTER, W. S.; THOMPSON, J. N. Understanding evolution and the complexity of species interactions using orchids as a model system. The new phytologist, v. 202, n. 2, p. 373–375, 2014.

Convención Sobre el Comercio Internacional de Especies Amenazadas de Fauna y Flora (CITES). Apéndices I, II y III. 2015. Disponível em: https://cites.org/sites/default/files/esp/app/2015/S-Appendices-2015-02-15.pdf. Acesso em: 14 dez. 2024

FAY, M. F.; CHASE, M. W. Orchid biology: from Linnaeus via Darwin to the 21st century. Annals of botany, v. 104, n. 3, p. 359–364, 2009.

GANTAIT, S.; KUNDU, S. In vitro biotechnological approaches on Vanilla planifolia Andrews: advancements and opportunities. Acta Physiologiae Plantarum, v. 39, n. 9, p. 196, 2017

GODO, T.; HASHIMOTO, T.; NAKATA, M. et al. The effects of illumination, temperature and 6-benzylaminoprine on asymbiotic seed germination and protocorm development in vitro in the achlorophyllous orchid Gastrodia pubilabiata Sawa. In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant, v. 56, p. 230-235, 2020.

Hernández-Miranda, O.A., Campos, J.E., Sandoval-Zapotitla, E. et al. Transcriptomic analysis reveals molecular phenological changes during the flower-to-fruit transition in Vanilla planifolia Andrews (Orchidaceae). BMC Plant Biol 25, 437 (2025). https://doi.org/10.1186/s12870-025-06476-z

Hernández-Ramírez, F., Dolce, N., Flores-Castaños, O. et al. Advances in cryopreservation of vanilla (Vanilla planifolia Jacks.) shoot-tips: assessment of new biotechnological and cryogenic factors. In Vitro Cell.Dev.Biol.-Plant 56, 236–246 (2020). https://doi.org/10.1007/s11627-020-10069-w

IUCN. 2022 Report of the IUCN Species Survival Commission and Secretariat. IUCN SSC Orchid Specialist Group, 2022. Disponível em: 54 https://iucn.org/sites/default/files/2024-02/2022-iucn-ssc-orchid-sg-report_publication.pdf. Acesso em: 10 set. 2025.

KOYYAPPURATH, S. et al. Fusarium oxysporum f. sp. radicis-vanillae is the causal agent of root and stem rot of vanilla. Plant Pathology, v. 65, n. 4, p. 612-625, 2016.

Manokari, M., Priyadharshini, S., Cokulraj, M., Dey, A., Faisal, M., Alatar, A. A., Alok, A., & Shekhawat, M. S. (2022). Exogenous implications of silver nitrate on direct and indirect somatic embryogenesis and germination of cold stored synseeds of Vanilla planifolia Jacks. ex Andrews. Suid-Afrikaanse Tydskrif Vir Plantkunde [South African Journal of Botany], 150, 129–138. https://doi.org/10.1016/j.sajb.2022.07.019

Michael F. Fay, Mark W. Chase, Orchid biology: from Linnaeus via Darwin to the 21st century, Annals of Botany, Volume 104, Issue 3, August 2009, Pages 359–364, https://doi.org/10.1093/aob/mcp190

MURASHIGE, T.; SKOOG, F. A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. Physiologia Plantarum, v. 15, p. 473–479, 1962.

NAGAO, Eduardo Ossamu; PASQUAL, Moacir; RAMOS, José Darlan. Efeitos da sacarose e do nitrogénio inorgânico sobre a multiplicação" in vitro" de brotações de porta-enxerto de citros. Bragantia, v. 53, p. 25-31, 1994.

OLIVEIRA, J. P. S.; GARRETT, R.; KOBLITZ, M. G. B.; MACEDO, A. F. Vanilla flavor: species from the Atlantic Forest as natural alternatives. Food Chemistry, v. 1, n. 375, p. 131891, 2022.

Palama, T.L., Menard, P., Fock, I. *et al.* Shoot differentiation from protocorm callus cultures of *Vanilla planifolia* (Orchidaceae): proteomic and metabolic responses at early stage. *BMC Plant Biology* 10, 82 (2010). https://doi.org/10.1186/1471-2229-10-82

PEDROSO-DE-MORAES, Cristiano et al. Efeitos da escarificação química e da concentração de nitrogênio sobre a germinação e o desenvolvimento in vitro de Vanilla planifolia Jack ex Andr. (Orchidaceae: Vanilloideae). Acta Botanica Brasilica, v. 26, p. 714-719, 2012.

REFLORA. Orchidaceae in Flora and Funga of Brazil. Botanical Garden of Rio de Janeiro, 2020. Disponível em: https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB179/. Acesso em: 11 set. 2025.

SALFIANI, A. et al. PENGARUH KOMBINASI IAA (Indole-3-Acetic Acid) DAN BAP (6 Benzylaminopurine) TERHADAP INISIASI TANAMAN VANILI (Vanilla planifolia Andrews) Combination Effect of IAA (Indole-3-Acetic Acid) and BAP (6-Benzylaminopurine) on The Initation of Vanili Plant (Vanilla planifolia Andrews). v. 15, n. 2, 2021.

ŠOCH, J.; ŠONKA, J.; PONERT, J. Acid scarification as a potent treatment for an in vitro germination of mature endozoochorous Vanilla planifolia seeds. Botanical Studies, v. 64, p. 9, 2023.

SPENCE, Charles. Saffron: The colourful spice. International Journal of Gastronomy and Food Science, p. 100821, 2023.

VEGA, M. et al. Vanilla planifolia (amended version of 2017 assessment). The IUCN red list of threatened species, p. 2020-2, 2020.

VOGEL, I. N.; MACEDO, A. F. Influence of IAA, TDZ, and light quality on asymbiotic germination, protocorm formation, and plantlet development of Cyrtopodium glutiniferum Raddi., a medicinal orchid. Plant Cell, Tissue and Organ Culture, v. 104, n. 2, p. 147–155, 1 fev. 2011.

I CONGRESSO REGIONAL DE BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Estratégias científicas e inovadoras para a agricultura e meio ambiente

2025

06 a 08 de outubro

BIOTECNOLOGIA PARA AMBIENTE E AGRICULTURA SUSTENTÁVEL

Realização:

UENF Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

CBB-UENF

Apoio:

FAPERJ

CAPES

Patrocínio:

ALEMMAR

HUMPBACK

revvity

LOBOV Científica

Waters

ZEISS

Hipermetilação Modula a Comunicação Epigenética entre Milho e *Herbaspirillum seropedicae*

Pedro Igor Zocateli, Geovanna Olimpio de Paulo, Letícia Oliveira da Rocha, Sara Sangi, Fábio Lopes Olivares, Roberta Pena da Paschoa, Vanildo Silveira, Clícia Grativol.

A interação entre plantas e bactérias promotoras de crescimento vegetal (BPCV) é fundamental para a agricultura sustentável, sendo a modulação epigenética um mecanismo chave nesse processo. O presente estudo investigou os efeitos da inoculação da BPCV *Herbaspirillum seropedicae* em plantas de milho submetidas à hipermetilação do DNA induzida por hidroxiureia. Para isso, plântulas de milho foram divididas em quatro condições experimentais: controle (C), inoculadas com *H. seropedicae* (B), tratadas com hidroxiureia (H), e tratadas com ambos (HB). Análises in vitro confirmaram que a hidroxiureia não inibiu o crescimento bacteriano. Fenotipicamente, não foram observadas diferenças morfológicas significativas nas plantas dos tratamentos C e H, enquanto as plantas dos grupos B e HB exibiram uma promoção de crescimento. A colonização radicular pela bactéria, marcada com GFP, foi confirmada por microscopia de fluorescência. A quantificação do inóculo por RT-qPCR revelou maior abundância de *H. seropedicae* nos tratamentos B e HB, com o grupo B apresentando concentração superior. Contudo, a análise da comunidade bacteriana total indicou que o tratamento combinado (HB) resultou em uma quantidade significativamente menor de bactérias totais em comparação com os demais grupos (C, B e H). A microscopia eletrônica de varredura evidenciou alterações nos sítios de colonização bacteriana nas raízes dos grupos B e HB. A análise de metilação global do DNA, via HPLC-MS, demonstrou que o tratamento H induziu um estado de hipermetilação, enquanto o tratamento B promoveu hipometilação. Notavelmente, a combinação HB resultou em níveis de metilação similares aos do controle. A análise da expressão de genes da maquinaria de metilação revelou uma regulação positiva (up-regulation) proeminente no grupo HB, especialmente em genes da via MBD7, que tiveram expressão 4x maior que no controle. Em contraste, genes da via SAMS foram reprimidos em todos os tratamentos. Genes associados ao crescimento e resposta a estresse tiveram sua expressão aumentada em mais de 12x nos tratamentos H e HB. Conclui-se que a hidroxiureia atua como um agente hipermetilador em milho sem afetar a viabilidade de *H. seropedicae.* A bactéria, por sua vez, não apenas coloniza raízes hipermetiladas, mas também atua como um agente hipometilador. A interação sinérgica entre hidroxiureia e *H. seropedicae* modula a maquinaria epigenética da planta e influencia a dinâmica da comunidade microbiana na rizosfera, revelando a complexidade das interações planta-microrganismo mediadas por mecanismos epigenéticos.

Palavras-chave: Epigenômica; Rizobioma; Metilação.

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, CAPES, CNPQ.

Identificação do grau de toxicidade da proteína ricina em diferentes cultivares de semente de *Ricinus communis,* para aplicações industriais e biotecnológicas

Rayza Barreto de Oliveira, Eduarda Ramos Contilho, Francianne Galossi de Souza, Olga Lima Tavares Machado

A ricina é uma proteína altamente tóxica presente nas sementes de mamona *(Ricinus communis)*, cuja ação baseia-se na inativação irreversível dos ribossomos, levando à interrupção da síntese proteica e, consequentemente, à morte celular. A ricina é formada por duas cadeias polipeptídicas: a cadeia A, com atividade de N-glicosidase, remove um resíduo de adenina da subunidade 28S do rRNA ribossomal, bloqueando a síntese proteica, enquanto a cadeia B, de natureza lectínica, se liga a glicoproteínas de membrana e promove a internalização da toxina. Apesar do potencial tóxico, a mamona é amplamente utilizada na indústria, especialmente para a extração do óleo e obtenção da torta, que é o que sobra dessa extração. A variação nos níveis de toxicidade de ricina entre diferentes cultivares representa a necessidade de tratamentos mais precisos para destoxificação. Neste trabalho, buscamos analisar cultivares distintos de mamona para identificar padrões de toxicidade e fornecer informações para a seleção de variedades mais adequadas ao uso industrial. Para isso, as sementes foram trituradas e processadas para a obtenção do extrato bruto, posteriormente submetido à cromatografia de exclusão molecular a fim de separar proteínas de acordo com o peso molecular. As frações resultantes foram analisadas por espectrofotometria para a identificação preliminar da ricina e quantificadas pelo método colorimétrico com albumina sérica bovina (BSA) como padrão. O perfil proteico foi ainda caracterizado por eletroforese em gel de poliacrilamida com dodecil sulfato de sódio (SDS-PAGE), permitindo a visualização de bandas correspondentes às diferentes frações. Dados preliminares indicam que a cultivar Kariel apresentou maior intensidade de bandas na faixa de 30–35 kDa, refletindo alta concentração de proteínas tóxicas, o que a torna promissora para estudos biotecnológicos sobre proteínas inibidoras de ribossomo (RIPs), padrões em kits de detecção de toxicidade e estratégias de neutralização.

Palavras-chave: Ricina, diferentes cultivares e toxicidade

Agradecimentos: FAPERJ, CNPQ, CAPES E UENF

Formulação de um biofertilizante sólido sustentável à base de *Priestia* sp. utilizando pó de casca de café como agente carreador

Flavio Alves da Silva, Felipe Barros da Silva, Elaine Cruz de Jesus, Lyvia Moraes Lobato, Alessandro Coutinho Ramos, Amanda Azevedo Bertolazi

O Brasil é um dos maiores consumidores de fertilizantes químicos, os custos de importação desses insumos têm aumentado devido a conflitos geopolíticos. O uso intensivo desses produtos gera a perda de biodiversidade microbiana. Como alternativa sustentável, se destacam os biofertilizantes microbiológicos, que possuem menor custo e capazes de promover o crescimento vegetal. Porém, apresentam limitações, como curto tempo de prateleira, o que reforça a necessidade de pesquisas em formulações com tensoativos, estabilizantes e carreadores que prolonguem a viabilidade microbiana. Este estudo teve como objetivo desenvolver formulações sólidas de biofertilizante utilizando casca de café como carreador da bactéria *Priestia* sp., avaliando sua viabilidade e eficiência em tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.). A casca de café foi moída e peneirada, originando duas formulações: F1 (casca + polímero natural + sal inorgânico) e F2 (casca + polímero sintético + composto orgânico), inoculadas com *Priestia* sp. e armazenadas a 4°C ou 25°C. Amostras mensais foram analisadas quanto à viabilidade microbiana (UFC) e avaliado o efeito no crescimento de tomateiros em casa de vegetação. Inicialmente, todos os tratamentos apresentaram viabilidade em torno de 10^8 UFC. Após quatro meses, F1 a 25°C manteve cerca de 10^9 UFC, enquanto F2 e o controle ficaram entre 10^4 e 10^5 UFC. Em casa de vegetação, F1 a 25°C promoveu aumento de 60% no peso seco e 42% no volume radicular em relação ao controle, porém não houve diferenças significativas em altura, comprimento radicular, peso fresco ou diâmetro do caule. A maior sobrevivência dos microrganismos em F1 a 25°C pode estar associada ao polímero natural e ao sal inorgânico, que atuaram como estabilizantes, criando uma barreira protetora e estabilizando o pH. Portanto, o uso de formulações sólidas em biofertilizantes microbiológicos podem aumentar a viabilidade das cepas e potencializar a promoção do crescimento vegetal por meio da agricultura sustentável.

Palavras-chave: Formulações; Bioinsumos; *Priestia* sp.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES) pelo apoio financeiro concedido, à Universidade Vila Velha (UVV) e à SymbioTech pelo suporte técnico e fornecimento de insumos para a realização deste estudo.

Coleção de sementes: comportamento de armazenamento e tolerância à dessecação em sementes de espécies arbóreas da Mata Atlântica

Yrexam Rodrigues de Souza Ribeiro, Joviana Lerin, Maria Izabel Azeredo Oliveira, Laíse Trugilio Moreira Marinho, Poliany Cristine Marques e Claudete Santa-Catarina

Os biomas brasileiros são reconhecidos por sua biodiversidade, a qual está cada vez mais ameaçada pela expansão da agricultura e da pecuária. Em resposta, o estabelecimento de bancos de sementes é essencial para preservar o material vegetal e apoiar esforços de reflorestamento e conservação. Este estudo investiga a tolerância à dessecação e o comportamento de armazenamento de sementes de oito espécies de florestas tropicais, classificadas como ortodoxas, intermediárias ou recalcitrantes, a fim de avaliar sua adequação para conservação sob diferentes condições de armazenamento em coleção de sementes. As espécies estudadas incluem *Schizolobium parahyba, Zeyheria tuberculosa, Pterygota brasiliensis, Handroanthus chrysotrichus, Caesalpinia ferrea, Dalbergia nigra, Cariniana legalis e Lecytis pisonis*. Sementes ortodoxas, como as de *S. parahyba, Z. tuberculosa, P. brasiliensis* e *C. ferrea*, apresentaram manutenção de alta germinação e viabilidade quando armazenadas a -20°C por até um ano, tornando-as adequadas para armazenamento de médio prazo. No entanto, temperaturas ultrabaixas (NL) impactaram negativamente as sementes de *C. ferrea*, indicando limitações da criopreservação para essa espécie. Por outro lado, sementes de *D. nigra* e *H. chrysotrichus* apresentaram melhor conservação em armazenamento em NL. Sementes de *C. legalis* e *L. pisonis* apresentaram características intermediárias, tolerando a dessecação, mas apresentando desempenho ruim tanto a -20°C quanto em NL, sugerindo a necessidade de protocolos de armazenamento específicos. Este estudo enfatiza a importância de estratégias de armazenamento de sementes personalizadas, baseadas na tolerância à dessecação e nas exigências de armazenamento específicas de cada espécie, oferecendo insights para a conservação de espécies de florestas tropicais.

Palavras-chave: Conservação da biodiversidade, Armazenamento de sementes, Criopreservação

Agradecimentos: CNPq, CAPES, FAPERJ, UENF

Efeitos da auxina e do composto orgânico oriundo do lodo de esgoto no enraizamento adventício *ex vitro* em *Albizia lebbeck* e no perfil de poliaminas e proteômico

Samara Linhares Pereira, Laíse Trugilio Moreira Marinho, Yrexam Rodrigues de Souza Ribeiro, Mateus Santana Rodrigues, Jociel Nascimento de Noronha, Gonçalo Apolinário de Souza Filho, Vanildo Silveira, Claudete Santa-Catarina

Albizia lebbeck (L.) Benth (Fabaceae) é uma arbórea amplamente utilizada para fins farmacológicos, uso medicinal e fitorremediação de áreas contaminadas por metais potencialmente tóxicos. Embora existam estudos sobre a morfogênese *in vitro* dessa espécie, o enraizamento *ex vitro* de brotações provenientes de segmentos nodais não foi explorado. O objetivo foi avaliar o efeito do ácido indol-3-butírico (AIB) e composto orgânico oriundo de lodo de esgoto no enraizamento de brotações micropropagadas de *A. lebbeck* e alterações no conteúdo endógeno de poliaminas (PAs) e perfil proteômico. A concentração de 250 µM de AIB promoveu maior indução de enraizamento (37%). A adição de 25% de composto orgânico potencializou a indução de raízes (78%), um aumento de 110% em relação ao controle. Esse aumento foi associado à redução no conteúdo de Putrescina, Espermidina, Espermina e PAs totais comparado ao controle. Brotações tratadas com composto orgânico a 25% aumentou o acúmulo de actina, aceto-hidroxi-ácido redutoisomerase e calreticulina. Por outro lado, a ribulose bifosfato carboxilase/oxigenase ativase cloroplástica apresentou redução no acúmulo nas brotações tratadas com composto orgânico em relação ao controle. A proteína cognata de choque térmico de 70 kDa foi identificada exclusivamente no tratamento controle. A combinação de AIB e composto orgânico otimizou o enraizamento *ex vitro* e a aclimatização de mudas de *A. lebbeck,* modulando PAs livres e o perfil proteômico.

Palavras-chave: Raízes adventícias, poliaminas, proteômica.

Agradecimentos: UENF; Programa de Pós-graduação em Biotecnologia Vegetal; Faperj; Capes; CNPq.

Alterações proteômicas e hormonais em plântulas de *Albizia lebbeck* induzidas por sulfato de ferro (II)

Jociel Nascimento de Noronha, Tadeu dos Reis de Oliveira, Mateus Santana Rodrigues, Renan Carrari-Santos, Vanildo Silveira, Claudete Santa Catarina

O ferro (Fe^{2+}) é um micronutriente essencial para as plantas, participando de diversos processos fisiológicos e metabólicos. No entanto, o acúmulo excessivo de Fe pode ser tóxico. O uso de espécies vegetais com potencial fitorremediador em áreas contaminadas por Fe tem ganhado destaque como estratégia para mitigar impactos ambientais. *A. lebbeck*, uma espécie arbórea pioneira de rápido crescimento, pode ser uma espécie candidata para a recuperação de ambientes contaminados por Fe. Este objetivou avaliar os efeitos de diferentes concentrações de sulfato de ferro (II) na germinação e o crescimento de plântulas de *A. lebbeck*. As sementes foram germinadas em concentrações (0, 2, 4, 8, 16, 24 e 32 mM) de sulfato de ferro (II). Após 12 dias de incubação, amostras foram coletadas para análises proteômicas, hormonais, de pigmentos e poliaminas (PAs). Concentrações mais elevadas (16, 24 e 32 mM) de sulfato de Fe^{2+} afetaram negativamente a germinação e o crescimento das plântulas. As plântulas tratadas com 4 e 0 mM apresentaram perfis proteômicos semelhantes, sugerindo que 4 mM não induziu efeitos fitotóxicos. Porém, em plântulas tratadas com 24 mM comparado ao controle, a redução de proteínas como a malato desidrogenase, envolvida no ciclo de Krebs, proteínas que aumentam a evolução do oxigênio e proteínas de ligação à clorofila a/b do complexo coletor de luz indicam possível comprometimento do aparato fotossintético. Em adição, reduções nos teores de clorofila e carotenoides, bem como nos níveis de ácido indol-3-acético, ácido abscísico, ácido jasmônico e ácido salicílico, e aumento de ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico sugerem o papel destes compostos no comprometimento do crescimento das plântulas expostas a 24 mM de Fe^{2+} comparativamente às do controle. Além disso, o conteúdo endógeno de putrescina foi menor em 4 mM em comparação a 24 mM, enquanto espermina e PAs totais foram maiores em 24 mM, sugerindo o papel das PAs no balanço do estresse. Embora o efeito fitotóxico em altas concentrações de Fe^{2+}, a espécie demonstrou tolerância no crescimento de plântulas até 8 mM, sugerindo que a espécie possa ser promissora para programas de fitorremediação em áreas contaminadas por Fe, contribuindo para a recuperação de ecossistemas degradados.

Palavras-chave: Fitotoxicidade; proteômica comparativa; metais pesados.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPERJ, UENF, PGPV.

Efeitos de Carbon Dots na Germinação de Sementes F1 de Microtomateiros

Renato Dantas Sabino, Daniel Basílio Zandonadi, Mirella Pupo Santos

Os carbon dots (C-dots), nanomateriais carbonáceos de última geração, têm despertado interesse na agricultura devido às suas propriedades promissoras. Destacam-se por seu tamanho extremamente reduzido (inferior a 10 nm), baixa toxicidade, biocompatibilidade, alta solubilidade e fotoluminescência. Estudos relatam efeitos positivos dos c-dots sobre a absorção de nutrientes, a fotobiologia, o florescimento, a frutificação e a germinação de plantas, entretanto os mecanismos de ação dessas nanopartículas ainda são pouco compreendidos. Este estudo avaliou a taxa de germinação de sementes F1 provenientes de microtomateiros tratados e não tratados com três tipos de C-dots (Krilltech, Brasil) e investigou possíveis mecanismos envolvidos nesse processo. Sementes foram plantadas em sementeiras contendo substrato Carolina Soil®, sendo alocada uma semente por célula, totalizando 100 células. Cada tratamento (Controle, C-Dot, C-Dot 01 e C-Dot 02) foi conduzido em triplicata. A porcentagem de germinação foi avaliada no sexto e no décimo dia após o plantio, e o experimento foi repetido duas vezes para validação dos resultados. Para investigar os possíveis mecanismos envolvidos na ativação da germinação, foi conduzido um experimento para avaliar a capacidade de absorção de água pelas sementes. Para isso, analisou-se a variação do peso das sementes durante o processo de embebição em água ou em solução contendo os c-dots, ao longo de 24 horas. Além disso, foram quantificados os teores de açúcares solúveis (glicose e sacarose) utilizando o kit enzimático Sucrose Assay Kit (Sigma-Aldrich), seguindo as instruções do fabricante. Os resultados mostraram que sementes F1 provenientes de frutos de plantas tratadas com C-Dot e C-Dot 02 apresentaram taxas de germinação significativamente superiores ao controle, enquanto o C-Dot 01 não apresentou efeito significativo. Apesar de relatos na literatura sobre aumento da absorção de água em sementes tratadas com C-dots, neste estudo não foram observadas diferenças significativas entre os tratamentos quanto à embebição ou aos teores de açúcares solúveis. Conclui-se que determinados C-dots podem favorecer a germinação de sementes F1 de microtomateiros, embora os mecanismos subjacentes ainda não estejam claros. Estudos futuros avaliarão também as reservas de amido, lipídios e proteínas das sementes para elucidar esses efeitos.

Palavras-chave: Carbon dots; Germinação; Microtomateiros.

Agradecimentos: UFRJ, NUPEM, UENF, KRILLTECH.

Efeitos de um consórcio de microrganismos no desenvolvimento nutricional e morfológico de plantas de alface (*Lactuca sativa*)

Lyvia de Moraes Lobato, Amanda Azevedo Bertolazi, Brena Gomes de Souza, Flávio Alves da Silva, Alessandro Coutinho Ramos

O aumento da demanda por alimentos tem intensificado o uso de fertilizantes químicos, que elevam a produtividade, mas causam sérios impactos ambientais. Como alternativa surgem os biofertilizantes microbiológicos que estimulam o crescimento vegetal, melhoram a nutrição e reduzem a dependência de insumos sintéticos. Entre eles destacam-se o fungo *Serendipita indica* e a bactéria *Herbaspirillum seropedicae*, reconhecidos por seus efeitos positivos na fisiologia e na tolerância ao estresse em plantas. Contudo, os efeitos da sua co-inoculação em hortaliças de importância econômica ainda são pouco explorados. Este estudo avaliou os efeitos da inoculação isolada e em consórcio desses microrganismos em plantas de alface. Inicialmente foi avaliada a compatibilidade *in vitro* entre os microrganismos e, em seguida, o seu efeito nos parâmetros de crescimento, colonização radicular e conteúdo de macro e micronutrientes em plantas de alface cultivadas em casa de vegetação por 60 dias. Observou-se que *H. seropedicae* estimulou o crescimento micelial de *S. indica*, confirmando compatibilidade positiva entre os microrganismos. O consórcio promoveu os maiores ganhos em relação ao controle: massa fresca e seca da parte aérea (56% e 206%), massa fresca e seca das raízes (65% e 157%), e teores relativos de água na parte aérea (44%) e nas raízes (46%). A taxa de colonização radicular atingiu 100% no consórcio, reforçando o efeito sinérgico da associação. Além disso, houve incremento significativo no acúmulo de macro e micronutrientes, especialmente fósforo, potássio, cálcio e ferro, nas plantas inoculadas com o consórcio em relação aos demais tratamentos. Esses resultados demonstram que o consórcio entre *S. indica* e *H. seropedicae* representa uma estratégia biotecnológica promissora para o desenvolvimento de biofertilizantes, contribuindo para práticas agrícolas mais sustentáveis, com menor dependência de fertilizantes químicos e maior segurança alimentar.

Palavras-chave: biofertilizante; promoção do crescimento vegetal; agricultura sustentável.

Agradecimentos: Este trabalho foi financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES).

Efeito do ácido indol-3-butírico e do tipo de explante no enraizamento *ex vitro*, rustificação e sobrevivência em condições de campo de mudas de *Paubrasilia echinata*

Júlia Oliveira Schueler, Laíse Trugilio Moreira Marinho, Débora Franquini Passinato, Gabriel Alves de Souza da Silva, Vanildo Silveira, Claudete Santa-Catarina

Paubrasilia echinata é uma espécie ameaçada de extinção devido à exploração intensiva de sua madeira. A micropropagação surge como alternativa promissora para produção de mudas e conservação da espécie. Entre as etapas do processo, o enraizamento das brotações é fundamental para a produção de mudas que podem ser utilizadas para restauração ambiental. Este estudo teve como objetivo avaliar a influência do ácido indol-3-butírico (AIB) e do tipo de explante no enraizamento *ex vitro* das brotações micropropagadas, e avaliar a sobrevivência e o desenvolvimento das mudas em casa de vegetação e em condições de campo. Brotações oriundas de segmentos nodais cotiledonares e apicais foram tratadas com diferentes concentrações (0, 100, 250 e 500 µM) de ácido indol-3-butirico (AIB) por 3 h e, em seguida, transferidas para substrato florestal e vermiculita (1:1). O enraizamento foi conduzido em sala de aclimatização sob fotoperíodo de 16 h (55 µmol m^{-2} s^{-1}), 25 ± 2 °C. Após 240 dias, avaliou-se a sobrevivência das plantas (%). As mudas enraizadas foram transferidas para casa de vegetação, com irrigação três vezes ao dia. Após 210 dias, foram mensurados a sobrevivência (%), o comprimento da parte aérea (cm), o número de folhas e o diâmetro do caule (mm). As mudas foram transplantadas no campo (21°35′42″S, 42°4′41″W), onde a sobrevivência foi avaliada 180 dias. Brotações oriundas de segmentos nodais cotiledonares foram mais eficientes para o enraizamento *ex vitro* de *P. echinata*, independentemente da concentração de AIB. Durante a rustificação, todas as mudas enraizadas sobreviveram, apresentando crescimento expressivo (187–283%) em altura. Em campo, as plantas mantiveram a sobrevivência, reforçando a viabilidade do processo. Os resultados evidenciam a eficiência da aclimatização em casa de vegetação e o potencial de estabelecimento da espécie em condições de áreas naturais, contribuindo para estratégias de propagação e conservação.

Palavras-chave: Micropropagação, Conservação, Rustificação das mudas

Agradecimentos: Capes, CNPq, Faperj, UENF

Avaliação do potencial herbicida do feromônio da formiga-cortadeira *Atta sexdens* (Hymenoptera: Formicidae)

Laryssa Porto Tavares, Omar Bailez, Ana Maria Viana-Bailez

As formigas-cortadeiras utilizam substâncias produzidas na glândula de veneno para marcar o caminho entre a colônia e a fonte de recurso. Essas substâncias são chamadas de feromônio de trilha. No feromônio de trilha estão presentes compostos nitrogenados heterocíclicos que têm aplicações como herbicidas comerciais. Uma característica dessas trilhas é permanecerem livres de vegetação por longos períodos. É possível que o feromônio de trilha possa inibir o crescimento de vegetação e o uso de seus constituintes pode ser uma alternativa ao uso de agrotóxicos. O objetivo deste trabalho é avaliar um possível efeito herbicida do feromônio de trilha. Para testar o efeito do feromônio, foram feitas trilhas artificiais sobre a grama *Paspalum notatum* com e sem capina manual, sendo: uma com aplicação de extrato feromonal, uma tratada com solvente e outra sem tratamento (controle). As trilhas artificiais foram fotografadas antes e após os tratamentos, e comparadas com trilhas naturais. Nas trilhas com corte de grama a rebrota foi quantificada entre 5-15 dias após a aplicação dos tratamentos. Nas trilhas sem capina as imagens foram analisadas por escala de cores através do programa TinEye. As trilhas artificiais com capina mecânica e aplicação de extrato feromonal apresentaram, em média, aproximadamente 50% a menos de rebrotes em comparação ao controle. As trilhas artificiais que consistiam na aplicação do extrato feromonal sobre a grama apresentaram menor percentual de cor verde por mais tempo, em comparação ao controle. As próximas etapas do trabalho visam avaliar o efeito do extrato glandular a partir de parâmetros indicadores de fotossíntese sobre espécies de plantas daninhas que, de acordo com a bibliografia, apresentaram resistência aos herbicidas comerciais.

Palavras-chave: Bioinsumo, Herbicida, Formigas-cortadeiras.

Agradecimentos: PIBI-UENF, FAPERJ, Receita Federal.

Toxicidade de sementes de genótipos de soja *Glycine max* (L) Merr para o inseto *Callosobruchus maculatus (F)*

Lidiane Pereira Merence Vidal, Sarah Rodrigues Ferreira, Kayan Eudorico Ventury Baptista, Derivaldo Pureza da Cruz, Geraldo de Amaral Gravina, Kátia Valevski Sales Fernandes, Antônia Elenir Amâncio Oliveira

O alto valor nutricional das sementes favorecem o ataque de pragas, que impactam negativamente a produção, seus valores nutritivos, comercial e o vigor germinativo. Então, a descoberta de compostos inseticidas naturais pode contribuir para um controle mais sustentável de pragas diminuindo o uso de inseticidas químicos. Nesse contexto, sementes de espécies não hospedeiras têm sido estudadas como fonte de compostos tóxicos para pragas de relevância agronômica. Estudos realizados pelo nosso grupo mostraram que sementes de genótipos de soja, foram tóxicas e interferiram em todos os estágios de desenvolvimento do *C. maculatus*, principal praga de sementes de *Vigna unguiculata.* Porém o isolamento e caracterização desses compostos não foram explorados. Baseados nisso, o objetivo do nosso trabalho foi avaliar a toxicidade de sementes de genótipos de soja para o inseto *C. maculatus.* O desenvolvimento do inseto foi avaliado em sementes naturais dos genótipos de soja BRM 050995, PFAH 15003, PFAH 16097 e PFAH 17132. A toxicidade dos tecidos e das farinhas foi avaliada por sementes artificiais cobertas com tegumento natural, artificial e contendo farinha dos cotilédones. Proteínas com afinidade a quitina foram isoladas por cromatografia de afinidade e identificadas por espectrometria de massas. Nossos resultados mostraram que todas as sementes naturais de soja bloquearam o desenvolvimento do inseto. Tegumentos naturais e artificiais bloquearam a penetração e sobrevivência das larvas. Concentrações de 1 e 2% reduziram a massa corporal das larvas. Concentrações a partir de 5% foram letais para *C. maculatus.* As proteínas do genótipo PFAH 17132 foram identificadas como proteínas da superfamília das cupinas, globulinas 7S do tipo conglicininas, globulinas 11S glicininas e uma lectina, sendo letais na concentração de 0,5%. Acreditamos que a expressão de compostos tóxicos para *C. maculatus* nos tegumentos e nos cotilédones dessas sementes tem um papel importante para a não predação dessas sementes por esse inseto.

Palavras-chave: Proteínas de defesa; proteínas com afinidade a quitina, tegumentos de sementes, proteínas inseticidas

Agradecimentos: UENF, PGBV, FAPERJ, CAPES, CNPQ.

Toxicidade de sementes de espécies não domesticadas para o inseto praga *Callosobruchus maculatus*

Karine Marques da Silva, Sarah Rodrigues Ferreira, Felipe Astolpho de Almeida, Vanildo Silveira, Katia V. Sales Fernandes, Antônia Elenir A. Oliveira

O inseto *Callosobruchus maculatus* é a principal praga de sementes de feijão-de-corda (*Vigna unguiculata*), reduzindo qualidade, valor nutricional e comercial. O controle é feito com pesticidas, que causam contaminação, riscos à saúde e seleção de resistência de insetos. Estudos mostraram que sementes de plantas não domesticadas contêm compostos tóxicos eficazes contra *C. maculatus.* O objetivo deste trabalho foi avaliar a toxicidade de compostos das sementes das espécies não domesticadas *Sapindus saponaria, Parkia multijuga, Myroxylon peruiferum* e *Lonchocarpus guillemineanus,* para *C. maculatus.* O efeito repelente foi testado usando sementes de *V. unguiculata* com farinhas de sementes selvagens. A toxicidade foi avaliada em sementes naturais e artificiais. Proteínas com afinidade à quitina foram isoladas por cromatografia, testadas contra o inseto e analisadas por SDS-PAGE e espectrometria de massas. As farinhas dos cotilédones e tegumentos não afetaram a oviposição, mas a de *M. peruiferum* inibiu a embriogênese. Não houve relação entre a espessura, textura e pigmentação dos tegumentos com a toxicidade para *C. maculatus*. Embora todas as larvas tenham eclodido, as mesmas morreram durante a penetração dos tegumentos. Apesar da eclosão, as larvas morreram ao penetrar nos tegumentos. As farinhas dos cotilédones de todas as espécies inibiram o desenvolvimento larval. Todas as espécies analisadas apresentaram proteínas com afinidade à quitina, destacando-se proteínas de 10 a 50 kDa em *S. saponaria* e *P. multijuga*. Essas proteínas foram tóxicas para o inseto, reduzindo a massa larval, interferindo na atividade de enzimas digestivas e prejudicando o acúmulo de macromoléculas de reserva. A análise por espectrometria de massas identificou lectinas na fração retida de *S. saponaria*. Trabalhos anteriores relacionam a toxicidade de proteínas com afinidade à quitina com a ligação destas na matriz peritrófica do inseto. Nossos resultados indicam que a alta toxicidade das farinhas estudadas pode estar relacionadas, em parte, a presença dessas proteínas com afinidade a quitina.

Palavras-chave: *Callosobruchus maculatus;* espécies não domesticadas; proteínas tóxicas.
Agradecimentos: FAPERJ, CNPq, CAPES e UENF

Avaliação de toxicidade de genótipos de *Phaseolus vulgaris* utilizando o inseto-praga *Callosobruchus maculatus* como modelo

Lívia Stellet Viveiros, Kayan E. V. Baptista, Sarah R. Ferreira, Derivaldo P. da Cruz, Geraldo A. Gravina, Ellen de Moura Vale, Vanildo Silveira, Kátia V. S. Fernandes, Antônia Elenir A. Oliveira

Sementes de *Vigna unguiculata* (feijão-caupi) são relevantes para a nutrição e economia mundial, mas o armazenamento é prejudicado pelo ataque de *Callosobruchus maculatus*. O controle usual com pesticidas sintéticos causa contaminação ambiental e alimentar, além de selecionar insetos resistentes. Uma alternativa promissora é o uso de sementes naturalmente resistentes, tornando essencial o estudo de seus mecanismos de defesa. Sementes de *Phaseolus vulgaris* apresentam resistência à infestação por *C. maculatus*, sendo necessário identificar os fatores de defesa. O objetivo deste trabalho foi avaliar a toxicidade de genótipos de *P. vulgaris* contra *C. maculatus*. Foram analisados cinco genótipos (L3, L10, L31, L34 e L45), cujas sementes foram infestadas para avaliação de oviposição, eclosão e sobrevivência larval. As proteínas do genótipo L3 foram identificadas por espectrometria de massas e isoladas por cromatografia de afinidade à quitina, enquanto proteínas dos demais genótipos foram precipitadas em sulfato de amônio e visualizadas em SDS-PAGE. A toxicidade das frações foi testada em sementes artificiais. As fêmeas ovipositaram de forma semelhante, exceto nos genótipos L3 e L45, que apresentaram redução. O desenvolvimento embrionário ocorreu normalmente, mas a eclosão, penetração no tegumento e sobrevivência larval variaram. O tegumento atuou como barreira em alguns genótipos, impedindo a penetração; após 20 dias, nenhuma larva completou o ciclo, morrendo no ovo, no tegumento ou após consumir cotilédones. Proteínas precipitadas a 70–90% mostraram massas de 140, 70 e 30 kDa. No genótipo L3 foram identificadas 613 proteínas, incluindo lectinas, inibidores de proteases, knotinas e proteínas da família das cupinas. Proteínas com afinidade à quitina também foram isoladas. Esses resultados sugerem que a toxicidade de *P. vulgaris* a *C. maculatus* está relacionada às proteínas de defesa, fornecendo estratégias que contribuem no manejo de pragas que reduzam o uso de pesticidas.

Palavras-chave: bruquídeo; proteínas tóxicas; *Callosobruchus maculatus*.

Agradecimentos: UENF; CAPES; FAPERJ, CNPq

Avaliação do potencial de bactérias nativas Isoladas do café arábica (Marechal Floriano, ES) no controle de *Colletotrichum fructicola*

Elaine Cruz de Jesus[1], Amanda Azevedo Bertolazi[1], Flavio Alves da Silva[1], Felipe Barros da Silva[1], Bianca de Barros Zaché[1], Lyvia Moraes de Lobato[1], Thielly Santos da Mata Marvila[1], Alessandro Coutinho Ramos[1]

A antracnose é uma doença severa, associada a diferentes espécies de *Colletotrichum*, entre elas *C. fructicola*, responsável por perdas significativas na agricultura. O uso de bactérias no controle biológico surge como alternativa sustentável, reduzindo a dependência de pesticidas químicos. Esses microrganismos podem atuar por promoção de crescimento vegetal, indução de resistência sistêmica e competição por nutrientes. Este trabalho teve como objetivo avaliar o potencial antagonista de cepas bacterianas nativas, isoladas da rizosfera de café em Marechal Floriano (ES), contra *C. fructicola*. Amostras de solo foram processadas no Laboratório de Microbiologia Ambiental da Universidade Vila Velha, resultando no isolamento de seis cepas bacterianas, identificadas por sequenciamento como *Priestia sp*., *Bacillus cereus*, *Bacillus sp*., *Stenotrophomonas maltophilia*, *Priestia megaterium* e *Bacillus amyloliquefaciens*. Uma cepa de *Herbaspirillum seropedicae* também foi incluída nos ensaios. As bactérias foram submetidas a testes de antagonismo por confronto direto e à produção de enzimas proteolíticas e celulolíticas. Todas as cepas produziram proteases, destacando-se *S. maltophilia* e *P. megaterium* pelos maiores índices enzimáticos. Quanto à celulase, apenas *P. megaterium* apresentou atividade positiva. Nos ensaios de antagonismo frente ao fitopatógeno, observaram-se inibições de 82% para *S. maltophilia* e *B. amyloliquefaciens*, 53% para *H. seropedicae* e 14% para *P. megaterium*. Os resultados indicam o potencial dessas bactérias, em especial *B. amyloliquefaciens, P. megaterium* e *H. seropedicae*, para uso em estratégias de controle biológico, seja pela produção de enzimas relacionadas à degradação da parede celular, seja pelo antagonismo direto contra *C. fructicola*.

Palavras-chave: Antagonismo; Bactéria; Antracnose.

Agradecimentos. Este trabalho foi financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Espírito Santos (FAPES) e contou com o apoio da startup SymbioTech, o Programa de Pós-graduação em Ciências Farmacêuticas (PPGCF-UVV) e a Universidade Vila Velha.

Estudo dos Mecanismos Moleculares da Tolerância ao Calor Induzida por *Carbon Dots* em Plantas

Nathália Souza Teixeira, Antônio Jesus Dorighetto Cogo, Mirella Pupo Santos, Thiago Motta Venâncio, Daniel Basílio Zandonadi

A produtividade agrícola global depende fortemente do uso de fertilizantes minerais, cujo excesso compromete a sustentabilidade ambiental e econômica. A nanotecnologia, especificamente a utilização de *Carbon Dots* (CDs), emerge como uma estratégia inovadora para aumentar a resiliência das culturas, mas os mecanismos moleculares de sua ação permanecem pouco elucidados. Este projeto visa investigar as vias moleculares e genéticas pelas quais os CDs conferem tolerância ao calor em *Arabidopsis thaliana* e no tomateiro (cv. Micro-Tom). A hipótese central é que os CDs atuam como bioestimulantes, modulando vias de sinalização celular chave. Para testar esta hipótese, diferentes concentrações de CDs comerciais serão aplicadas via foliar e radicular em plantas controle e em mutantes de *Arabidopsis* deficientes em vias cruciais: *raptor* (regulação do crescimento via complexo TOR), *aha2* (transporte de prótons via H^+-ATPase) e *rhd2* (sinalização redox via NAPH oxidase). A investigação integrará análises morfológicas e fisiológicas com proteômica e RT-qPCR para identificar as proteínas e genes ativados. Espera-se definir as concentrações ótimas de CDs e revelar, pela primeira vez, a dependência funcional dessas vias de sinalização para um possível aumento da proteção vegetal ao calor. Os resultados fornecerão um entendimento fundamental da interação nanomanterial-planta e estabelecerão a base científica para o desenvolvimento de biofertilizantes de nova geração, contribuindo para uma agricultura mais sustentável e resiliente ao clima.

Palavras-chave: termotolerância vegetal; biofertilizante nanotecnológico; sustentabilidade agrícola

Agradecimentos: Capes, Faperj, CNPq, Krilltech, Nupem

Regulação do desenvolvimento vegetal via modulação da atividade de TORC1 e H^+-ATPases de membrana plasmática

Mayra dos Santos Gomes , Samara Alves Azeredo , Letícia Cespom Passos, Antônio Jesus Dorighetto Cogo

O complexo proteico TORC1 atua como um centro regulatório que traduz informações ambientais em respostas que regulam o crescimento celular vegetal. Recentemente, as H^+-ATPases de membrana plasmática surgiram como possíveis moduladoras da atividade do complexo TORC1 em culturas de células fúngicas e vegetais, embora os efeitos em plântulas ainda sejam pouco conhecidos. Dessa forma, investigamos os efeitos da inibição farmacológica de TORC1 e das H^+ATPases sobre a germinação, morfologia e fisiologia de plântulas de *Arabidopsis thaliana* do tipo selvagem. Para isso, sementes e plântulas de 4 dias foram transferidas para placas contendo meio BNS suplementado com concentrações crescentes de torin-2, inibidor de TORC1, ou de vanadato, inibidor das H^+-ATPases de membrana plasmática. Após 14 dias foram analisados os parâmetros morfométricos, como comprimento e número de raízes secundárias, área foliar, número e comprimento dos pelos radiculares, bem como parâmetros fisiológicos, como a concentração de pigmentos fotossintéticos. Os resultados demonstraram que torin-2 não afetou o índice de germinação, mas reduziu de forma significativa o desenvolvimento pós-germinativo das plântulas. Essa redução se manifestou pela diminuição da área foliar, do conteúdo de pigmentos fotossintéticos, do comprimento e da emissão de raízes secundárias a partir de 100 nmol/L. Por outro lado, observamos que a inibição das H^+-ATPases de membrana plasmática a partir da concentração de 25 µmol/L, reduziu o comprimento e a emissão de raízes secundárias, além de aumentar a densidade e número de pelos radiculares, possivelmente como resposta a privação de nutrientes. Por fim, observamos que a adição extra de fosfato ao meio contendo vanadato, não reverteu o efeito inibitório, confirmando que os sintomas não foram causados pela deficiência do nutriente. Dessa forma, observamos que a inibição de TORC1 e da H^+-ATPase de membrana plasmática altera significativamente a morfologia, a fisiologia e o desenvolvimento de *A. thaliana.*

Palavras-chave: Complexo TOR, Torin-2, Clorofila, Vanadato e H^+-ATPase de membrana plasmática.

Agradecimentos: FAPERJ e UENF

Estabelecimento de protocolo de cultivo *in vitro* para análise da atividade de H^+-ATPase de membrana plasmática e TORC1 em raízes de *Arabidopsis thaliana*

Tainara Barreto Alves, Camile Freitas Tanos, Mayra dos Santos Gomes, Antônio Jesus Dorighetto Cogo

O complexo TORC1 (*Target of Rapamycin Complex 1*) atua como um centro regulatório essencial em eucariotos, integrando sinais ambientais e nutricionais para modular o crescimento celular. Em plantas, os mecanismos de ativação desse complexo ainda não estão totalmente elucidados, mas estudos recentes sugerem que a H^+-ATPase da membrana plasmática pode participar na modulação dessa via, promovendo ajustes metabólicos e fisiológicos que afetam desde a embriogênese até a senescência. Considerando a relevância da interação entre TORC1 e bombas de prótons na determinação do crescimento polarizado, este trabalho tem como objetivo padronizar as condições de cultivo *in vitro* de *Arabidopsis thaliana*, visando o estabelecimento de protocolos adequados para investigações posteriores sobre a atividade de TORC1 e H^+-ATPases de membrana plasmática em raízes expostas a inibidores farmacológicos, como torin-2 e vanadato. Para isso, plântulas com 4 dias após a germinação da linhagem *Col-0* foram transferidas para placas de Petri e cultivadas verticalmente em diferentes meios Murashige e Skoog (MS Salt e MS Basal) e no meio *Basal Nutrient Solution* (BNS) em diferentes concentrações da ágar (0,8% e 1,5%). Após 14 dias, parâmetros morfológicos, como biomassa de parte aérea e radicular, comprimento radicular, número de raízes secundárias e número de folha foram avaliados. Os resultados demonstraram que o meio BNS e MS Salt contendo 0,8% de ágar proporcionou melhor desenvolvimento das plântulas, com maior acúmulo de biomassa e maior emissão foliar em comparação aos demais tratamentos. A partir dessa padronização, serão conduzidos experimentos envolvendo a exposição de plântulas ao torin-2, seguidos de isolamento de frações microssomais e análise de possíveis alterações induzidas na atividade da H^+-ATPase de membrana plasmática. Espera-se, com isso, avançar na compreensão dos mecanismos fisiológicos e moleculares que modulam o crescimento polarizado em células vegetais, contribuindo para elucidar a integração entre o transporte primário de prótons e a sinalização mediada por TORC1.

Palavras-chave: *Arabidopsis thaliana*; TORC1; H^+-ATPase de membrana plasmática.

Agradecimentos: FAPERJ e UENF.

Proteínas do genótipo UENF 7-7-7 DE *Phaseolus vulgaris L*: isolamento, caracterização e toxicidade ao inseto *Callosobruchus maculatus (F.)*

Roberta Bessa da Silva, Sarah Rodrigues Ferreira, Geraldo de Amaral Gravina, Derivaldo Pureza da Cruz, Ellen de Moura Vale, Vanildo Silveira, Katia Valevski Sales Fernandes, Antonia Elenir Amancio Oliveira.

O *Phaseolus vulgaris* (feijão-comum) é uma leguminosa de grande importância nutricional e econômica, sendo muito utilizada na alimentação humana. O inseto *Callosobruchus maculatus*, que é a principal praga de outro importante feijão, a *Vigna unguiculata*, normalmente não infesta sementes de *P. vulgaris*, sendo assim de grande importância estudos que visem entender essa resistência. O objetivo deste trabalho é avaliar a toxicidade de sementes dos genótipos UENF 7-7-7 (L8) de *P. vulgaris* para o inseto *C. maculatus.* A toxicidade das farinhas e das proteínas foi avaliada pela incorporação em sementes artificiais. O proteoma das sementes foi identificado por espectrometria de massas. As proteínas dos cotilédones foram isoladas por cromatografia de troca iônica em DEAE-celulose e o perfil proteico observado em eletroforese em gel. As bandas majoritárias visualizadas no gel foram identificadas por espectrometria de massas. As farinhas dos cotilédones dos genótipos de *P. vulgaris* interferiram no desenvolvimento de *C. maculatus*. A análise proteômica de cotilédones identificou 604 proteínas, incluindo proteínas relacionadas à defesa, como proteínas do tipo cupina, faseolina, lectinas e inibidores de protease. A fração não retida na DEAE-celulose mostrou duas bandas proteicas identificadas como uma lectina e uma cistatina, enquanto na fração retida foram isoladas proteínas identificadas como faseolinas e inibidor de proteases. As proteínas presentes em ambas as frações foram tóxicas para o inseto. Esses resultados ressaltam a presença de proteínas inseticidas nas sementes de *P. vulgaris*, com potencial para controlar a infestação por *C. maculatus*.

Palavras-chave: Proteínas tóxicas; sementes; Inseto praga.

Agradecimentos: UENF, PGBV, CAPES, CNPq, FAPERJ.

Uso da técnica de crioplacas na criopreservação de ápices caulinares de *Tarenaya atropurpurea* (Schult & Schult f.) Soares Neto & Roalson

Thaís Rocha Cruz, Deisellane da Silva Dias, Natasha Costa, Tatiana Carvalho de Castro, Claudia Simões Gurgel, Norma Albarello, Lívia da Silva Cordeiro

A espécie *Tarenaya atropurpurea* é endêmica do bioma Mata Atlântica e ocorre no Rio de Janeiro e Espírito Santo. A Mata Atlântica, no entanto, está ameaçada por ações antrópicas que impactam a sua biodiversidade. Estudos de conservação *in vitro*, por meio da cultura de tecidos vegetais e da criopreservação, são estratégias importantes para a propagação e manutenção de espécies. No Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan/Uerj) foram estabelecidas plantas *in vitro*, culturas de raízes e células produtoras de metabólitos de interesse medicinal de *T. atropurpurea*. Visando à conservação a longo prazo, este trabalho investigou a criopreservação de plantas *in vitro* de *T. atropurpurea*. Ápices caulinares foram tratados em meio com sacarose (0,3M), seguido de adesão a crioplacas de alumínio com solução de alginato de cálcio e com solução de *Loading* (20 min). Dois métodos de desidratação foram testados antes da imersão em nitrogênio líquido (NL): desidratação osmótica com PVS2 (0-120 min) e desidratação evaporativa em sílica (0-180 min). O reaquecimento foi em solução *Unloading* (20 min) e a recuperação em meio de cultura MS+BAP. Nos controles, os ápices passaram por todas as etapas, exceto a imersão em NL (NL−). Foram avaliadas sobrevivência (% de ápices verdes) e recuperação (% de plantas regeneradas). Nos tratamentos de crioproteção usando PVS2, as taxas de sobrevivência foram de 26% e de recuperação de 14%, quando tratados na solução por 60 min antes da imersão em NL. Já na desidratação evaporativa, 72% dos ápices sobreviveram e 32% se recuperam após exposição à sílica gel por 120 min. Nos controles, os ápices apresentaram boa tolerância aos tratamentos de crioproteção, com taxas de sobrevivência e recuperação superiores a 80% e 45%, respectivamente. As técnicas empregadas foram bem-sucedidas, permitindo a obtenção de plantas de *T. atropurpurea* a partir de ápices criopreservados, as quais apresentaram aspecto fenotípico semelhante ao das plantas não criopreservadas.

Palavras-chave: Conservação *in vitro*; Mata Atlântica; Planta endêmica.

Agradecimentos: Capes; Cetreina/UERJ; Faperj

Promoção do Crescimento de Plantas de Tomate ativada pela inoculação com a Bactéria UENFLBT303 Isolada da Mata Atlântica

Arthur José dos Santos Quirino, Vivian Ribeiro Pimentel, Elaine Gimenez Guimarães, Gonçalo Apolinário de Souza Filho, Fabiano Silva Soares

As bactérias promotoras do crescimento vegetal (BPCV) apresentam diversos mecanismos de ação que favorecem o desenvolvimento das plantas, atuando no aumento da disponibilidade de nutrientes, na modulação de fitormônios e para a elevação da tolerância vegetal frente a diferentes estresses, sejam eles bióticos ou abióticos, podendo ser utilizadas para reduzir a dependência de fertilizantes minerais na agricultura. Neste estudo, avaliou-se o potencial da cepa UENFLBT303, isolada da serrapilheira da Mata Atlântica, na promoção do crescimento de tomateiros cultivados em substrato estéril. A aplicação foi realizada por dois métodos: (I) diretamente no substrato e (II) imersão radicular, utilizando três concentrações bacterianas: 3×10^5 , 3×10^7 e 3×10^9 UFC·mL^{-1}. Trinta dias após a inoculação, avaliou-se os efeitos na biomassa vegetal. Também foram avaliadas a produção de ácido indolacético (AIA) pela bactéria e sua capacidade de solubilização de fosfato. Para esses experimentos, foram utilizados meio DYGS modificados, suplementados com triptofano para a quantificação de AIA e com $Ca_5(PO_4)_3OH$ a 0,54% para a determinação da solubilização de fosfato, respectivamente. A inoculação com 3×10^7 UFC·mL^{-1} foi a mais eficaz na promoção do crescimento vegetal em ambos os métodos. Em comparação às plantas-controle, as massas fresca e seca da parte aérea aumentaram 34,1% e 35,5%, e as da raiz, 100% e 34,9%, respectivamente, no método I. O método II forneceu aumentos de 18,9%, 106,9%, 134,6% e 123,1%. A produção de AIA variou de 36,06 µg.mL-1 a 134,45 µg.mL-1 entre 24 e 120 horas de cultivo. O índice de solubilização de fosfato foi de 2,37 (48 h) e 2,67 (96 h). Nosso estudo revelou que a cepa UENFLBT303 tem potencial na promoção do crescimento do tomateiro, indicando preliminarmente um método de inoculação. Estudos futuros são necessários para elucidar os mecanismos envolvidos na promoção do crescimento vegetal, bem como explorar outros aspectos BPCV relacionados a UENFLBT303.

Palavras-chave: Bactérias promotoras do crescimento vegetal; Mata Atlântica; Solubilização; ácido indolacético.

Agradecimentos: UENF; FAPERJ; PIBIC-UENF; LBT-CBB; Equipe Biologia Integrativa

Metagenômica De Comunidades Do Core-Microbioma Rizosférico De Plantas De Milho Sob Condições Contrastantes De Disponibilidade Hídrica E Suplementação De Nitrogênio

João Vitor Pereira de Sousa, Daniel Quintanilha Pacheco, Fabio Lopes Olivares

O milho pipoca (*Zea mays* L.) é uma das culturas mais relevantes mundialmente, apresenta elevada demanda por nitrogênio e sensibilidade ao déficit hídrico. Esses fatores reduzem a produtividade, aumentam a dependência de fertilizantes sintéticos e da irrigação intensiva, resultando em altos custos de produção e impactos ambientais. Nesse cenário, o estudo do core-microbioma rizosférico surge como alternativa promissora, pois, diferentemente da análise global do microbioma, foca em microrganismos recorrentes e estáveis entre variedades e condições ambientais, desempenhando funções essenciais para a sobrevivência e desempenho vegetal. Combinado a ferramentas moleculares, como metagenômica e metabarcoding, esse enfoque permite novas estratégias para superar limitações nutricionais e de estresse hídrico. O presente trabalho objetiva investigar, selecionar e caracterizar, por meio de abordagens metagenômicas, a estrutura e o potencial funcional do core-microbioma rizosférico em milho sob diferentes condições de disponibilidade hídrica e suplementação de nitrogênio. O experimento será realizado em casa de vegetação, por seis semanas, em delineamento fatorial. Serão utilizadas ecoplacas para avaliação metabólica, sequenciamento da região V4 do gene 16S rRNA e análise dos dados em QIIME2/DADA2. Variáveis de crescimento vegetal (altura, biomassa e abertura estomática) e parâmetros físico-químicos do solo. A integração dos dados permitirá identificar microrganismos estáveis do core, correlacionar a composição microbiana com os níveis de água e nitrogênio e selecionar potenciais bioindicadores de resiliência e eficiência agrícola. Espera-se compreender como o estresse hídrico e nutricional influencia a diversidade bacteriana e genes funcionais, relacionando-os diretamente ao desempenho das plantas. Conclui-se que este estudo poderá destacar comunidades microbianas alvo com potencial de uso como bioinsumos, contribuindo para práticas agrícolas mais eficientes e sustentáveis.

Palavras-chave: Core-microbioma; Rizosfera; Milho.

Agradecimentos: À CAPES pelo apoio financeiro, à UENF, ao CBB e ao PGBV pelo suporte institucional e científico.

Isolamento e caracterização de bactérias degradadoras de plásticos para aplicação em biorremediação

Jéssica Luizi de Souza Andrade, Gonçalo Apolinário de Souza Filho

A poluição por plásticos e microplásticos configura-se como um dos maiores desafios ambientais atuais, com produção global ultrapassando 400 milhões de toneladas anuais e taxa de reciclagem inferior a 10%. A elevada persistência desses polímeros e sua fragmentação acarretam sérios impactos na biodiversidade, como bioacumulação na cadeia alimentar e riscos ecotoxicológicos. Nesse contexto, a biorremediação mediada por bactérias surge como alternativa promissora para reduzir os impactos desse tipo de contaminação. O presente estudo tem como objetivo isolar e caracterizar bactérias capazes de degradar diferentes polímeros plásticos, incluindo polietileno (PE), politereftalato de etileno (PET), polipropileno (PP), poliuretano (PU), poliestireno (PS) e policloreto de vinila (PVC), a partir de amostras provenientes de lodo de estação de tratamento de efluentes (ETE). As amostras foram submetidas a triagem em meio Bushnell-Haas contendo os plásticos 1cm x 1cm como única fonte de carbono, com posterior isolamento de colônias morfologicamente distintas, visualizadas em meio sólido DYGS após incubação a 30 °C por 2 dias. Os 144 isolados encontrados, passarão por extração de DNA utilizando CTAB 7%, amplificação por PCR e sequenciamento por empresa terceirizada, para a identificação realizada por análise bioinformática. As cepas selecionadas serão avaliadas quanto à taxa de crescimento em meio líquido Bushnell-Haas contendo plásticos como única fonte de carbono, com monitoramento com espectrofotômetro, em intervalos a cada 24 horas. A degradação será analisada por microscopia e perda de massa dos polímeros após 30, 60, 90 e 120 dias de incubação. Espera-se, ao final, isolar e caracterizar cepas bacterianas eficientes na degradação de diferentes polímeros, bem como elucidar mecanismos moleculares associados, contribuindo para o avanço de soluções biotecnológicas voltadas à mitigação da poluição ambiental por resíduos plásticos.

Palavras-chave: Microplásticos; Isolamento Bacteriano; Biorremediação;

Agradecimentos: UENF, CAPES, CNPQ, LBT-CBB

Degradação de Glifosato por Bactérias Isoladas de Solos de Cultivo de Café Conilon

Brena Gomes de Souza, Bianca Do Carmo Silva, Amanda Azevedo Bertolazi, , Lyvia de Moraes Lobato, Alessandro Coutinho Ramos

O uso intensivo de herbicidas como o glifosato gera impactos ambientais devido à sua persistência no solo e aos efeitos sobre a microbiota, especialmente em áreas de cultivo de café Conilon. Bactérias nativas desses solos apresentam maior resistência ao herbicida e podem ser exploradas como agentes de bioremediação. Este estudo avaliou cinco cepas bacterianas nativas quanto à degradação de glifosato em diferentes concentrações (1,3,5,7,9 e 12 $g \cdot L^{-1}$). As cepas foram cultivadas em meio líquido por sete dias a 28 °C sob agitação, após os quais os sobrenadantes foram centrifugados, derivatizados com FMOC-Cl e analisados por espectrofotometria UV-Vis. Os resultados mostraram diferenças significativas entre as cepas, com *Burkholderia ambifaria* (CcRPD20) sendo a mais eficiente, mantendo alta degradação em todas as concentrações e atingindo 43,5% em 9 $g \cdot L^{-1}$, reduzindo apenas em 12 $g \cdot L^{-1}$. *Pseudomonas putida* (CcMC7) apresentou bom desempenho em baixas e intermediárias concentrações (44,2% em 1 $g \cdot L^{-1}$ e 26,9% em 5 $g \cdot L^{-1}$), enquanto as cepas de *Pseudomonas piscis* mostraram degradação variável: CcMC6 (29,5% em 1 $g \cdot L^{-1}$ e 20,6% em 5 $g \cdot L^{-1}$), CcMC2 (23,8% e 11,7%) e CcMC3 (13,5% e <7%), com eficiência limitada em concentrações mais altas. A resistência dessas bactérias está provavelmente associada à presença de EPSPS tipo II, enzima naturalmente resistente ao glifosato, e à capacidade de metabolizar o herbicida por meio da glicofosfato oxidase (GOX), amidases específicas e CP-liase, bem como à adaptação a solos previamente expostos, permitindo que isolados como *Burkholderia ambifaria* (CcRPD20) e *Pseudomonas putida (CcMC7)* mantenham elevada degradação. Esses achados reforçam que bactérias nativas de solos impactados pelo glifosato podem ser exploradas como agentes de biorremediação e desenvolvimento de produtos biofertilizantes, promovendo a redução de resíduos químicos e a sustentabilidade na agricultura.

Palavras-chave: Glifosato; Biorremediação; Agricultura sustentável.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES), Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF), Universidade Vila Velha (UVV) e Universidade de Lisboa.

Investigação da ação de nanomateriais por meio de imagens de fluorescência da clorofila

Filipe Júnior Gonçalves Nunes, Heitor Monteiro Duarte, Mirella Pupo Santos, Daniel Basílio Zandonadi

A nanotecnologia abrange diversas áreas do conhecimento científico e permite a manipulação, produção e utilização de materiais em nanoescala. Os nanomateriais possuem potencial para utilização na produção vegetal, devido a suposta facilidade de penetrar nas células, rápida distribuição nos organismos e a capacidade de carrear nutrientes. Na busca de soluções para minimizar os impactos econômicos e ecológicos da utilização dos fertilizantes convencionais, os produtos oriundos da nanotecnologia verde vêm se apresentando como uma alternativa viável. Este projeto visa investigar o mecanismo pelo qual um biofertilizante comercial à base de nanomateriais promove o crescimento das plantas. Nossa hipótese é que o nanomaterial estimula a atividade da H+-ATPase da membrana plasmática, uma bomba de prótons essencial para a absorção de nutrientes, e que esta ativação modula a via da quinase TORC1, um regulador mestre do crescimento celular. Para testar esta hipótese, plântulas de Arabidopsis thaliana (Col-0), juntamente com mutantes de perda de função para a H+-ATPase e de ganho de função para a via TORC1, serão cultivadas in vitro e tratadas com o nanomaterial. Plantas de *Arabidopsis thaliana* Columbia-0 e mutantes para superexpressão de TOR e redução da expressão da H^+-ATPase serão cultivadas em placas de petri contendo meio nutritivo Murashige and Skoog (MS) 50% e ágar 1% em pH 5,8 durante 4 dias para a etapa inicial de germinação. Após 4 dias, as plantas serão transferidas para uma placa de 24 poços contendo meio MS 50% e ágar 1,5% em pH 5,8 nas condições tratadas ou não com nanomaterial a 2,5 mg/L durante 7 dias. As placas com os diferentes genótipos serão posicionadas em uma câmara para captura da fluorescência da clorofila a, onde serão registradas imagens a cada 20 minutos durante 6 dias. A quantificação da fluorescência será realizada no programa fluoromat. Posteriormente serão realizadas medidas de curva de luz das plantas de cada condição e genótipo com auxílio do equipamento Mini-PAM II (Walz). O efeito do tratamento, do genótipo e da possível interação será investigado a partir de uma análise variância de duas vias. Espera-se refinar a utilização do produto no campo a partir dos estudos de mecanismos de ação.

Palavras-chave: Nanopartículas, agricultura, TOR, AHA

Agradecimentos: UFRJ, Krilltech

Elucidação e Prospecção *In Vitro* de Microrganismos como Agentes de Biocontrole de Fitonematoides

Letícia Oliveira da Rocha, Letícia Cespom Passos, Ellen Peixoto Azeredo, Rafael Chaves Ribeiro, Fabio Lopes Olivares.

Os fitonematoides constituem séria ameaça à agricultura, sendo Meloidogyne incognita o de maior patogenicidade e virulência, o que demanda alternativas de controle mais eficazes. Este estudo objetivou selecionar microrganismos com potencial para o biocontrole de fitonematoides. Ensaios in vitro avaliaram a interação entre fungos e bactérias, revelando compatibilidade entre *Trichoderma longibrachiatum* 476 e as estirpes *Serratia marcescens* 138, *Bacillus pumilus* 07, *B. cereus* 28, *B. subtilis* 81, *B. safensis* 06 e *B. australimaris* 74. Observou-se formação de agregados microbianos e biofilmes sobre as hifas do fungo, indicando associação física potencialmente benéfica. A prospecção enzimática evidenciou degradação de quitina coloidal por *S. marcescens* 138, síntese de β-1,3-glucanase por *B. megaterium* 100 e elevada atividade proteolítica em *B. megaterium* 100, *B. cereus* 28, *B. safensis* 06 e *S. marcescens* 138. Nos ensaios de eclosão larval, *S. marcescens* 138 *e B. pumilus* 07 inibiram significativamente a eclosão de juvenis de segundo estádio (J2). Para a produção de biofilmes, *B. paralicheniformis* 96 apresentou maior capacidade em ambas as condições testadas, enquanto *B. pumilus* 07 destacou-se na presença do fungo. Quanto à promoção do crescimento vegetal (PCV), observou-se solubilização de óxido de zinco e fosfato de cálcio por *S. marcescens* 138, produção de ácido indolacético (AIA) por *B. megaterium* 100, *B. paralicheniformis* 96 e *B. cereus* 28, além da síntese de sideróforos por *B. safensis* 06, *B. australimaris* 74 e *S. marcescens* 138. Entre os microrganismos avaliados, *S. marcescens* 138 e *B. pumilus* 07 apresentaram maior destaque pelo potencial nematicida, sobretudo em associação com *T. longibrachiatum* 476. Os resultados confirmam a presença de microrganismos promissores para o desenvolvimento de bioinsumos aplicáveis ao manejo sustentável de fitonematoides e outras pragas agrícolas.

Palavras-chave: Bioinoculantes; Fitonematoides; Biocontrole**.**

Agradecimentos: CNPq e UENF.

O papel da microbiota associada na modulação da resposta fisiológica da *Microcystis aeruginosa* ao estresse oxidativo

Ewelyn Batista Gomes, Luan de Oliveira Silva, Sandra Maria Feliciano de Oliveira e Azevedo

A poluição dos recursos hídricos tem como uma das consequências a eutrofização, que favorece o crescimento exacerbado de cianobactérias, como a espécie *Microcystis aeruginosa* (*M. aeruginosa*), além disto, fatores bióticos também favorecem a dominância de *M. aeruginosa*, como a interação com bactérias heterotróficas aderidas à sua matriz mucilaginosa (cianosfera). No entanto, trata-se de um mecanismo pouco elucidado. O presente trabalho visa avaliar a influência da microbiota associada na resposta fisiológica de *M. aeruginosa* exposta ao peróxido de hidrogênio (H_2O_2). Para isso, foram analisados parâmetros fotossintéticos da *M. aeruginosa* com microbiota associada reduzida (MR), utilizando sistema de filtragem a vácuo em membranas de 2,0 µm, e microbiota associada preservada (MP), expostas a 15 mg/L de H_2O_2 por 4 dias (n=3). As culturas (1×10^6 células/mL, 100 mL) foram mantidas a 22 °C, luz de 50 µmol fótons m^{-2} s^{-1} e fotoperíodo 12/12 h. Diante dos resultados obtidos, não foi possível observar diferenças significativas, entre o controle (CT) e tratamento (T), nas concentrações de clorofila após 2 dias com a MP comparados ao controle e tratamento que tiveram sua MR (CT: 138,79±3,06; T: 92,33±17,56 – CT (MR): 111,75±11,97; T (MR): 97,63±20,51). No entanto, os resultados de *yield* indicaram uma maior sensibilidade ao H_2O_2 nas culturas com a MR (CT: 0,49±0,01; T: 0,23±0,04 – CT (MR): 0,51±0,01; T (MR): 0±0). O que sugere um papel protetor da cianofesra para *M. aeruginosa* contra o estresse oxidativo. Novos ensaios estão sendo planejados com coletas em intervalos menores e maior número amostral, assim como, a realização da expressão gênica (*q*PCR).

Palavras-chave: Microbiota associada; *Microcystis aeruginosa*; estresse oxidativo.

Agradecimento: Agradeço à FAPERJ.

Desenho de bioinoculantes inspirados no recrutamento de comunidades microbianas no sistema solo-planta de milho (*Zea mays* L.) e seleção dirigida por déficit de nitrogênio

Daniel Quintanilha Pacheco, João Vitor Pereira de Sousa, Fabio Lopes Olivares

A microbiota do solo constitui a principal fonte de microrganismos mutualísticos que colonizam plantas, onde os exsudatos radiculares direcionam o recrutamento microbiano, esses organismos modulam processos fisiológicos e influenciam o desenvolvimento vegetal, mantendo sua relevância mesmo sob condições adversas, como o déficit de nitrogênio no solo, um dos estresses nutricionais mais limitantes à produtividade agrícola. Nesse cenário, as sementes do milho pipoca (*Zea mays* L.) abrigam comunidades complexas que afetam o estabelecimento inicial das plântulas e surge como modelo agrícola promissor para investigações sobre interações planta–microbioma. O presente trabalho objetiva caracterizar a estrutura-função da comunidade microbiana em milho pipoca, considerando o efeito do genótipo, do substrato de crescimento das plantas (baixa e alta disponibilidade de N), da região anatômica do eixo radicular nas estruturas das comunidades microbianas (região 1: ápice radicular e região 2: zona de pelos radiculares), bem como caracterizar as comunidades microbianas em plantas desafiadas por deficiência de nitrogênio. O experimento será instalado em casa de vegetação durante seis semanas, sob delineamento em blocos ao acaso. As metodologias envolvem técnicas convencionais de microbiologia, análises microscópicas da interação entre a microbiota-raiz e análises metagenômica. Métodos clássicos de isolamento e contagem serão realizados na rizosfera e nas raízes da planta e a diversidade microbiana será estimada pelo uso de ecoplacas. Espera-se identificar bactérias com potencial biotecnológico e elucidar seus mecanismos de ação em condições de deficiência de nitrogênio, possibilitando a otimização de bioinoculantes orientados pelo recrutamento diferencial de comunidades microbianas. Conclui-se que esses avanços podem contribuir para formulação de bioinoculantes mais eficientes, bem como fortalecer práticas agrícolas sustentáveis e aumentar a resiliência dos agroecossistemas.

Palavras-chave: Milho-pipoca; bacterio ma; nitrogênio; consorcio microbiano.

Agradecimentos: FAPERJ, CAPES, UENF e PGBV.

Composição volátil da fragrância de flores de *Vanilla* spp. (Orchidaceae) da biodiversidade brasileira

Ana Laura Mourão da Silva, Renatha Tavares de Oliveira, Rafael Ferreira da Silva, Andrea Furtado Macedo

A família Orchidaceae apresenta flores com uma vasta diversidade aromática e morfológica, além de alta especificidade com seus polinizadores. As flores possuem três sépalas e três pétalas, sendo uma delas o labelo, usado como plataforma de pouso por seus visitantes. Orquídeas do gênero *Vanilla* têm grande importância econômica devido à baunilha natural produzida de seus frutos. *V. phaeantha* e *V. chamissonis,* espécies que ocorrem no Brasil, são potenciais substitutas para a espécie mais comercializada, *V. planifolia*, de origem mexicana. Portanto, estudar a biologia das flores e formação de frutos de espécies brasileiras é fundamental para usos comerciais e estratégias de conservação. Este trabalho caracterizou e comparou a fração volátil das peças florais de *V. phaeantha* e *V. chamissonis*. Para isso, foram coletadas 3 flores de cada espécie. As partes do perianto (sépalas, pétalas e labelo) foram separadas e tiveram a fragrância extraída por Microextração em Fase Sólida (SPME). Frascos contendo as amostras foram submetidos a banho maria a 40 ºC por 30 minutos, então foi introduzida uma fibra adsorvente de polidimetilsiloxano no headspace floral por 30 minutos. Após a extração, a fibra foi introduzida em um Cromatógrafo a Gás com Detector por Ionização de Chama (GC-FID) para a quantificação dos voláteis. Após outro processo de SPME, a fibra foi introduzida em um Cromatógrafo a Gás acoplado a Espectrômetro de Massas (GC-MS) para análise qualitativa. A identificação foi feita comparando o espectro de massas de cada substância e o índice de retenção linear (IRL) calculado com dados da literatura. Os resultados mostraram diferenças entre espécies e partes florais. *V. phaeantha* apresentou 18 compostos, sendo o labelo a peça que apresentou menor número, 4. Os compostos 1,8-cineol, α-pineno e sabineno foram mais abundantes em todas as peças. 1,8-Cineol é um conhecido atrativo para abelhas Euglossini machos. Já *V. chamissonis* apresentou 38 compostos, sendo o labelo novamente a peça com menos compostos, apenas 7. Mirceno, 1,4-dimetoxibenzeno e geraniol foram os majoritários, sendo os dois últimos relacionados à atração de abelhas Euglossini. Assim, *V. phaeantha* e *V. chamissonis* apresentam variações interespecíficas e entre as peças do perianto em relação à emissão de fragrância, indicando diferentes interações com possíveis polinizadores.

Palavras-chave: Aroma floral; *Vanilla;* Polinização.

Agradecimentos: UNIRIO; CNPq; Faperj.

Quando a seca aumenta, o milho-pipoca responde: seleção de linhagens tolerantes ao déficit hídrico

Danielle Leal Lamêgo[1], Lucas Fresen Brazil[1], Samuel Pereira da Silva[1], Samuel Henrique Kamphorst[1], Letícia Peixoto Gomes[1], Valter Jário de Lima[2], Antônio Teixeira do Amaral Junior[1]

[1]Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), Centro de Ciências e Tecnologia Agropecuárias (CCTA). Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil; Email: danileallamego@gmail.com; fresenlucasof@gmail.com; 202412120007@pq.uenf.br; samuelkampho@hotmail.com; leticiap.gomes@hotmail.com; amaraljr@uenf.br

[2]Universidade Estadual do Vale do Acaraú - UVA, Campus Ibiapaba, Ceará, Brasil; Email: valter_jario@pquenf.br

RESUMO
Períodos prolongados de seca, agravados pelas mudanças climáticas, comprometem a produtividade e a viabilidade econômica do milho-pipoca. Este estudo avaliou o potencial genético de dez linhagens, visando identificar materiais promissores sob déficit hídrico. O experimento foi conduzido em Campos dos Goytacazes – RJ, em delineamento em blocos ao acaso, com três repetições, sob duas condições hídricas: irrigação plena (WW) e déficit hídrico (WD). Foram realizadas análises de variância individual, conjunta e as estimativas dos parâmetros genéticos, incluindo variância ambiental (σ^2_e), variância genotípica (Φ_g), coeficiente de variação genético (CV_g), índice de variação (IV) e coeficiente de determinação genotípico (H^2) para características agronômicas. Houve diferenças significativas entre linhagens em ambas as condições, confirmando variabilidade genética com potencial de seleção. Sob WD, rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão (CE), massa de 100 grãos (100G) e diâmetro médio da espiga (DME) apresentaram maior potencial seletivo, sustentado por Φ_g superiores a σ^2_e, IV > 1 e altos valores de H^2. Entre as linhagens, L75 e L76 destacaram-se pelo desempenho agronômico, cuja base genética pode ser explorada em estratégias de cruzamento para promover ganhos genéticos, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas às mudanças climáticas e para o uso eficiente da água na agricultura.
Palavras-chave: Estresse abiótico; Tolerância à seca; *Zea mays* L. everta.

INTRODUÇÃO

A seca afeta negativamente a produtividade de diversas culturas, incluindo o milho-pipoca (Kamphorst et al., 2020a, 2020b; Leite et al., 2022; Oliveira et al., 2024). As mudanças climáticas têm agravado esse cenário em nível global, com o aumento da frequência de eventos extremos, como secas prolongadas e ondas de calor, criando um cenário alarmante em termos de sustentabilidade agrícola e segurança alimentar (Araus et al., 2018; Wang et al., 2020; Oliveira et al., 2024).

O milho-pipoca se destaca pelo elevado valor agregado, sendo a principal característica da qualidade dos grãos a capacidade de expansão destes quando

aquecidos a cerca de 177 ºC (Zinsly e Machado, 1978; Hoseney et al., 1983). No entanto, essa qualidade pode ser severamente comprometida, por restrições hídricas em estádios fenológicos considerados críticos, como o florescimento e o enchimento de grãos (Lima et al., 2019; Kamphorst et al., 2020a, 2020b, 2021; Assad, 2021; Liu e Qin, 2021; Leite et al., 2022; Oliveira et al., 2024).

A elevada sensibilidade do milho-pipoca à escassez hídrica compromete sua viabilidade econômica, sobretudo no Brasil, segundo maior produtor e exportador mundial (Manzini, 2024; Guimarães et al., 2025). Apesar dos avanços na cadeia produtiva, o país ainda enfrenta forte dependência de sementes importadas, principalmente dos Estados Unidos e da Argentina, o que encarece os custos e limita o desenvolvimento de cultivares adaptadas às condições edafoclimáticas nacionais, comprometendo a soberania tecnológica (Guimarães et al., 2025).

Embora o número de cultivares disponíveis no Brasil ainda seja limitado e controlado, em grande parte, por empresas privadas estrangeiras, instituições públicas nacionais vêm ganhando relevância na geração de genótipos superiores. A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), pioneira e uma das poucas instituições públicas a conduzir pesquisas com milho-pipoca sob déficit hídrico no solo, já identificou linhagens eficientes no uso da água e desenvolveu a cultivar UENF WS01, único híbrido registrado no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) com tolerância comprovada ao déficit hídrico (Lima et al., 2021; BRASIL, 2025). Isso realça a relevância da necessidade de implementação de pesquisas que busquem desenvolver cultivares de milho-pipoca adaptadas à escassez de água, contribuindo, assim, para a promoção de práticas agrícolas mais sustentáveis no uso da água.

Isto posto, com o intuito de subsidiar futuras recomendações de linhagens e orientar estratégias de intercruzamentos para a obtenção de híbridos tolerantes e/ou eficientes no uso da água, objetivou-se avaliar dez linhagens de milho-pipoca provenientes do Banco de Germoplasma da UENF, quanto a características agronômicas em condições de déficit hídrico e de irrigação plena, e, assim, identificar potencialidades genéticas que possam contribuir com a implementação de uma agricultura mais sustentável.

METODOLOGIA

Dez linhagens de milho-pipoca foram selecionadas a partir de um painel de 70 linhagens avaliadas em condições de campo por Kamphorst et al. (2018) e Leite et al. (2022), sob déficit hídrico.

O experimento foi conduzido em Campos dos Goytacazes – RJ, em delineamento em blocos ao acaso com três repetições, sob duas condições de irrigação: irrigação plena (WW, *well-watered*) e déficit hídrico (WD, *water-deficit*).

O experimento utilizou irrigação por gotejamento (2,30 mm h^{-1}). No tratamento irrigado (WW), o solo foi mantido próximo à capacidade de campo (-0,10 MPa), enquanto no tratamento sob déficit hídrico (WD) a irrigação foi suspensa aos 12 dias antes da antese masculina. O monitoramento do potencial hídrico e da temperatura do solo foi feito com sensores Decagon MPS-6 (Decagon, Pullman, Washington, EUA), instalados a 20 cm de profundidade, sendo dois pontos em WW e quatro pontos em WD. A quantidade total de irrigação foi de 104,73 mm em WW e 71,95 mm em WD, correspondendo a uma redução de 31,3 %.

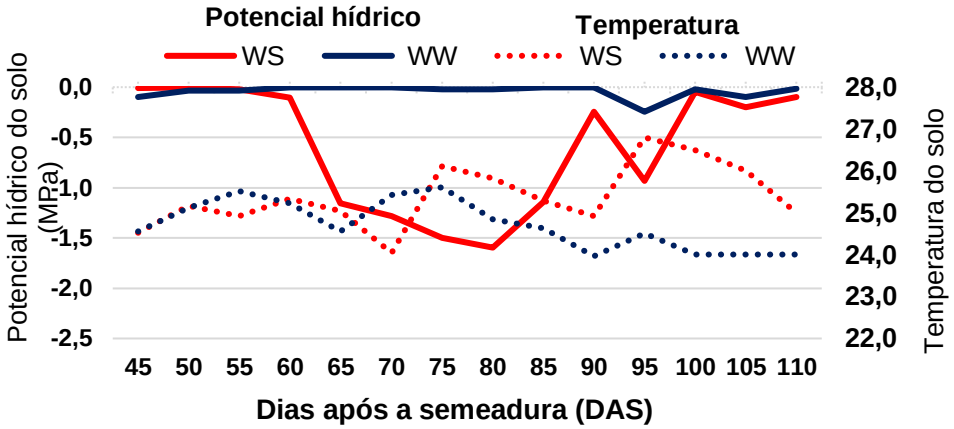


Figura 1. Estimativas do potencial hídrico do solo (-MPa) e da temperatura nos ambientes com irrigação plena (WW) e sob déficit hídrico (WD) durante a suspensão da irrigação.

A suspensão da irrigação ocorreu em 18 de junho de 2024, aos 55 dias após a semeadura (círculo cinza) e o solo atingiu o ponto de murcha permanente (-1,5 MPa) em 09 de julho, aos 75 dias após a semeadura (círculo vermelho) ocorrido durante o estádio de enchimento de grãos (Figura 1).

Devido à severidade do déficit hídrico, realizou-se uma irrigação de salvamento em 23 de julho, aos 90 DAS (círculo azul). A partir dos 75 DAS, quando o solo atingiu -1,5 MPa em WD, houve aumento progressivo da temperatura, chegando a 2,3 °C acima da condição WW.

Durante o ciclo, a temperatura média variou de 18,7 a 27,7 ºC, a umidade relativa de 54,5% a 91,3% e a radiação solar de 285,6 a 1162,2 µmol m^{-2} s^{-1} (média de 895,7). Os dados foram obtidos por estação meteorológica automatizada do INMET, a 50 m do experimento (Figura 2).

Foi realizada análise de variância conjunta e individual, com base em modelos genético-estatísticos, utilizando o programa GENES (Cruz, 2013). A partir dos quadrados médios da ANOVA individual, estimaram-se os parâmetros genéticos: variância ambiental (σ^2_e), variância genotípica (Φ_g), coeficiente de variação genético (CV_g), índice de variação (IV = CV_g/CV_e) e o coeficiente de determinação genotípico (H^2). Posteriormente procedeu-se ao teste de comparação de médias dentro de cada ambiente, utilizando-se o teste Tukey ($p \leq 0,05$) GraphPad Software. (2023), para as seguintes características: número de grãos por fileira (NGF), número de fileiras de grãos (NFG), diâmetro (DME) e comprimento de espiga (CME), massa de 100 grãos (100G), rendimento de grãos (RG) e capacidade de expansão (CE).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise de variância e parâmetros genéticos de características agronômicas

Na análise conjunta, os genótipos apresentaram diferenças significativas para todas as características avaliadas (Tabela 1). Entre as condições hídricas (CHs), apenas o número de fileiras de grãos (NFG) não diferiu significativamente. Para a interação genótipo × condição hídrica (G*CH), observou-se haver efeito apenas para CE (Tabela 1).

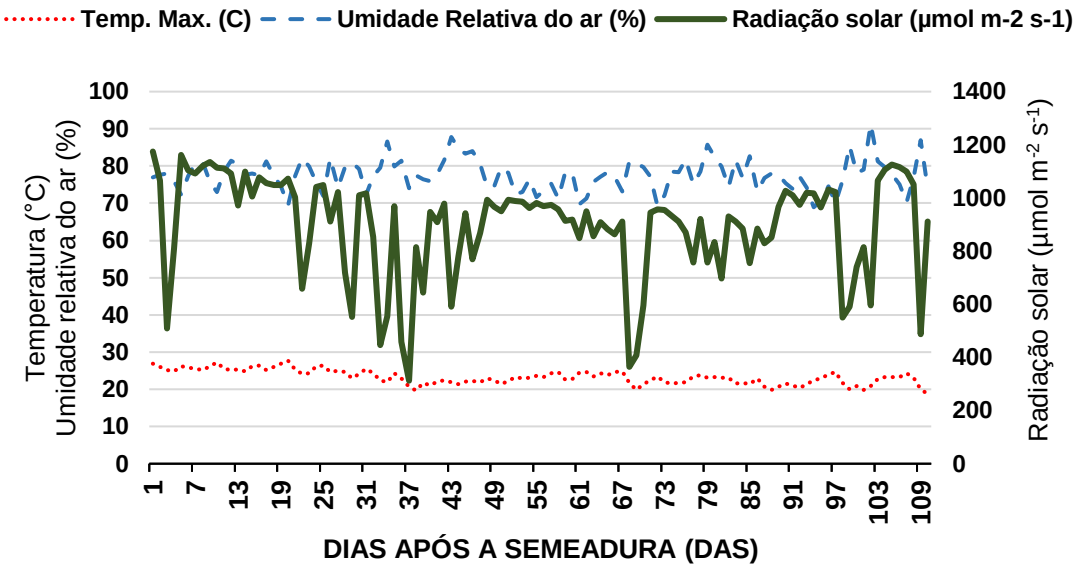


Figura 2. Condições climáticas de temperatura (ºC) (linha pontilhada vermelha), umidade relativa do ar (%) (linha tracejada azul) e radiação solar (µmol m^{-2} s^{-1}) (linha contínua verde) registradas pela estação automática do Instituto Brasileiro de Meteorologia (INMET) no período de abril a agosto de 2024.

Na análise individual, indepentende da CH as linhagens diferiram estatisticamente, evidenciando variabilidade genética entre os genótipos (Tabela 1). A ausência de interação significativa G×CH para a maioria das características (exceto para CE) sugere que a seleção pode ser feita em um único ambiente, otimizando recursos. No caso de CE, a interação significativa indica respostas distintas entre os ambientes, reforçando a necessidade de avaliações em múltiplas condições para uma seleção mais precisa.

No presente estudo, a maioria das características apresentaram CV_e inferiores a 20,00 %, exceto RG em WD e em WW (Gomes et al., 2009). Contudo, visando uma avaliação mais precisa da qualidade experimental, foram estimados os parâmetros genéticos (Cruz et al., 2012; Fritsche-Neto et al., 2012).

De modo geral, em ambas as condições hídricas (CHs), observou-se elevado potencial de ganhos genéticos para as principais características de importância econômica para o milho-pipoca, que são RG e CE, refletido pelos altos valores de H^2 e baixa influência ambiental. Em WD, características secundárias associadas à produtividade, como: NGF, NFG, DME, CME e 100G, podem prover ganhos indiretos, visto que também apresentaram forte predominância da variância genética, com valores de IV superiores a 1 e estimativas de Φ_g consideravelmente maiores que os análogos cálculos de σ^2_e, sendo aproximadamente 5 (CME), 6 (NFG), 8 (NGF), 11 (DME) e 12 (100G) vezes maiores (Tabela 2). Esses resultados indicam maior eficiência na transmissão dessas características às gerações seguintes (Falconer, 1960), especialmente sob WD.

Tabela 1. Análises de variância individual e conjunta, estimativas de médias, bem como dos desvios-padrões e dos valores do coeficiente de variação experimental, associados a características agronômicas avaliadas em dez linhagens de milho-pipoca cultivadas em condição de déficit hídrico (WD) e de irrigação plena (WW).

Carat.	Análise conjunta			WD			WW		
	G	CH	G*CH	Média ± DP		CV_e (%)	Média ±DP		CV_e (%)
Agronômicas									
NFG	**	ns	ns	11,5 ± 1,10	**	6,52	12,0 ± 0,90	**	7,98
DME	**	**	ns	21,9 ± 2,64	**	6,34	24,2 ± 3,37	**	6,81
CME	**	*	ns	9,34 ± 1,00	**	7,81	10,5 ± 1,04	**	7,34
100G	**	**	ns	7,77 ± 1,54	**	9,96	9,29 ± 1,66	**	13,4
RG	**	**	ns	273 ± 201	**	27,0	405 ± 225	**	27,0
CE	**	**	**	21,9 ± 5,58	**	7,09	25,2 ± 3,22	**	5,01

WD: Déficit hídrico; WW: Irrigação plena; G: Genótipo; CH: Condição hídrica; G*CH: Genótipo*condição hídrica; DP: Desvio-padrão; CV_e(%): Coeficiente de variação experimental. NGF: Número de grãos por fileira (unid.); NFG: Número de fileiras de grãos (unid.); DME: Diâmetro médio de espiga (mm); CME: Comprimento médio de espiga (cm); 100G: Massa de 100 grãos (g); RG: Rendimento de grãos (Kg ha^{-1}); e CE: Capacidade de expansão (g mL^{-1}). Os símbolos * e ** indicam diferenças significativas em 5 % e 1 % de probabilidade, respectivamente, pelo teste F. ns = não-significativo.

A maior estimativa de H^2 observada foi em WD, refletindo um cenário em que a variação genética se sobressai à variação ambiental e a hipótese sugerida é que algumas características apresentem maior expressão de genes associados à tolerância à seca, entretanto essa expressão pode ser mascarada sob condições ideais (WW) (Saad-Allah et al., 2021; Aanniz et al., 2025). Contribui para aventar essa hipótese o fato de que a pressão seletiva discrimina genótipos com maior capacidade adaptativa, aumentando a variância genética entre eles e, consequentemente, inflacionando a herdabilidade (Almeida et al., 2013).

Comparação das estimativas das características agronômicas

Utilizou-se o teste de comparação de médias entre as linhagens para cada condição hídrica. A L75 e L76 apresentaram os maiores valores de rendimentos de grãos (RG) em ambas as condições hídricas (CHs). Para capacidade de expansão (CE), destacaram-se L76, L54, L71 e L59 (Figura 3).

Tabela 2. Estimativas da variância ambiental (σ^2_e), do componente de variabilidade genotípica (Φ_g), do coeficiente de variação genético (CV_g), do índice de variação (IV = CV_g/CV_e) e do coeficiente de determinação genotípico (H^2) para características agronômicas avaliadas em um painel de dez linhagens de milho-pipoca cultivadas em condição de déficit hídrico (WD) e irrigação plena (WW).

Carat.	Condição hídrica (CH)	Parâmetros Genéticos				
		σ^2_e	Φ_g	CV_g (%)	IV	H^2
NGF	WD	2,59	20,3	22,7	1,62	88,7
	WW	3,76	21,5	20,7	1,38	85,1
NFG	WD	0,186	1,15	9,36	1,44	86,1
	WW	0,307	0,593	6,40	0,802	65,8
DME	WD	0,664	7,09	12,2	1,89	91,4
	WW	0,905	11,7	14,1	2,08	92,8
CME	WD	0,177	0,944	10,4	1,33	84,2
	WW	0,198	1,01	9,59	1,31	83,7
100G	WD	0,199	2,43	20,1	2,02	92,4
	WW	0,512	2,55	17,2	1,29	83,2
RG	WD	1.806,00	43.261,00	76,3	2,83	96,0
	WW	3986	52748	56,7	2,10	93,0
CE	WD	0,802	33,8	26,6	3,75	97,7
	WW	0,530	11,0	13,2	2,63	95,4

NGF: Número de grãos por fileira (unid.); NFG: Número de fileiras de grãos (unid.); DME: Diâmetro médio de espiga (mm); CME: Comprimento médio de espiga (cm); 100G: Massa de 100 grãos (g); RG: Rendimento de grãos (Kg ha^{-1}); e CE: Capacidade de expansão (g mL^{-1}).

A linhagem L75 mostrou superioridade em NGF, DME, CME e 100G, enquanto L76 obteve maiores valores de NFG e bom desempenho em DME sob WD. Ambas reúnem atributos agronômicos de alta herdabilidade, sendo promissoras para programas de melhoramento visando tolerância à seca.

CONCLUSÃO

Houve expressiva variabilidade genética entre as linhagens avaliadas mormente em déficit hídrico, com sobrelevância do componente genético em relação ao ambiental para rendimento de grãos, capacidade de expansão, massa de cem grãos e comprimento médio de espiga. As linhagens L75 e L76 destacaram-se pelo alto desempenho agronômico. A combinação de CV_g elevado, IV superior 1,0 e alta H^2 representa uma condição propícia para a obtenção de híbridos superiores, contribuindo

para o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas às mudanças climáticas e para o uso eficiente da água na agricultura.

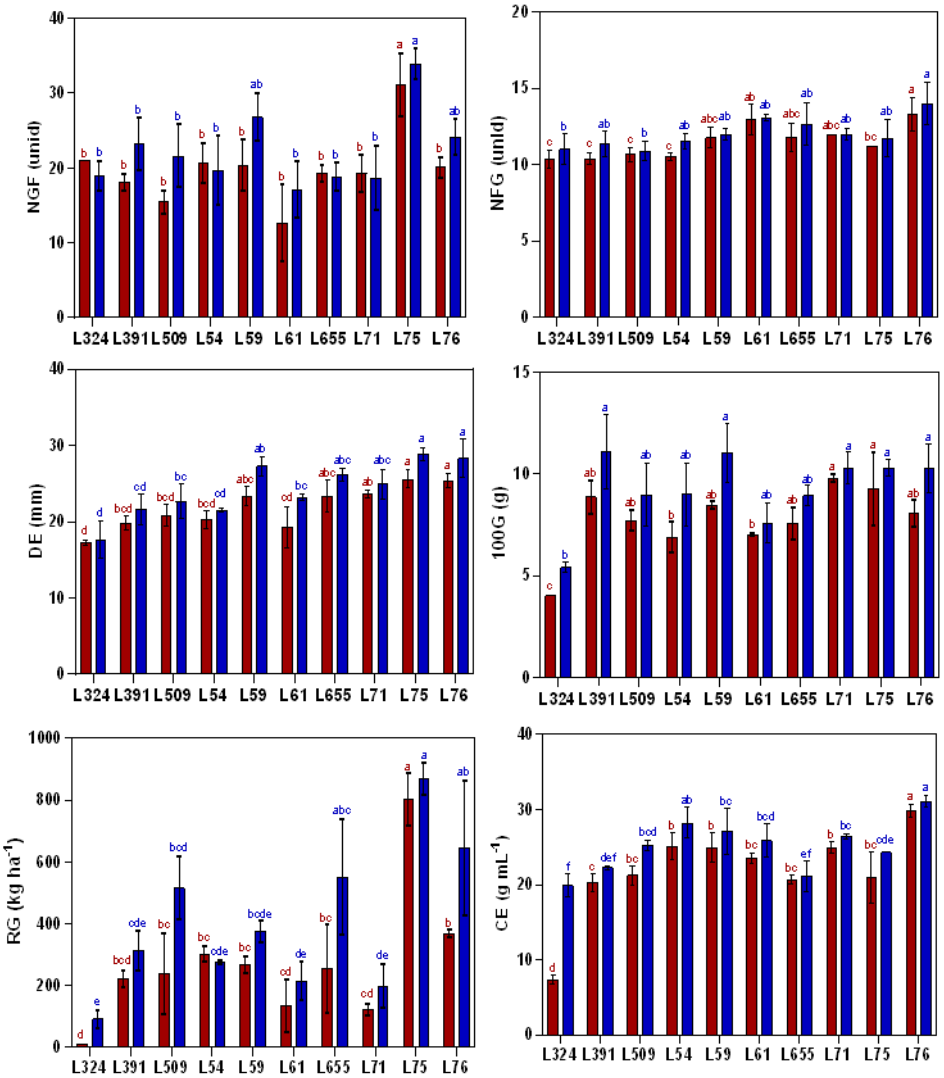


Figura 3. Comparação das médias utilizando o teste Tukey em p ≤ 0,05 para dez linhagens de milho-pipoca avaliadas em condição de déficit hídrico (WD) e com irrigação plena (WW). NGF: Número de grãos por fileira (unid.); NFG: Número de fileiras de grãos (unid.); DME: Diâmetro médio de espiga (mm); CME: Comprimento médio de espiga (cm); 100G: Massa de 100 grãos (g); RG: Rendimento de grãos (Kg ha^{-1}); e CE: Capacidade de expansão (g mL^{-1}).

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF), Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnólogo (CNPQ) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) / Código de Financiamento 001.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Araus, J.L., Kefauver, S.C., Zaman-Allah, M., Olsen, M.S., Cairns, J.E. (2018). Translating high-throughput phenotyping into genetic gain. *Trends in Plant Science*, 23, 451–466.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Pecuária. Cultivares registradas. Disponível em: https://sistemas.agricultura.gov.br/snpc/cultivarweb/cultivares_registradas.php?acao=novapesquisa. Acesso em: 13 ago. 2025.

Cruz, C.D. (2013). Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum Agronomy*, 35, 271–276. https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.20830.

Cruz, C.D., Regazzi, A.J., Carneiro, P.C.S. (2012). Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: *Editora UFV*, 514 p.

Falconer, D. S. *Introduction to Quantitative Genetics*. Edinburgh: Agricultural Research Council's Unit of Animal Genetics, University of Edinburgh, 1960.

Fritsche-Neto, R., Vieira, R.A., Scapim, C.A., Miranda, G.V., Rezende, L.M. (2012). Updating the ranking of the coefficients of variation from maize experiments. Acta Scientiarum Agronomy, 34(1), pp. 99–101. doi: 10.4025/actasciagron.v34i1.13115.

Ghabooli, M., Khatabi, B., Ahmadi, F. S., Sepehri, M., Mirzaei, M., Amirkhani, A., Jorrín-Novo, J. V., & Salekdeh, G. H. (2013). Proteomics study reveals the molecular mechanisms underlying water stress tolerance induced by *Piriformospora indica* in barley. *Journal of Proteomics, 94*, 289–301.

Gomes, F.P. (2009). *Curso de estatística experimental* (15ª ed.). Piracicaba, 451 p.

GraphPad Software. (2023). *GraphPad Prism* (Version 10.0.0) [Computer software]. GraphPad Software Inc. https://www.graphpad.com.

Guimarães, Lauro José Moreira; Santana, Derli Prudente; Vasconcellos, José Heitor. *Milho pipoca*. Embrapa Milho e Sorgo. Disponível em: https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/milho/producao/sistemas-diferenciais-de-cultivo/milho-pipoca. Acesso em: 16 jun. 2025.

Hoseney, R.C., Zeleznak, K., Abdelrahman, A. (1983) Mechanism of popcorn popping. J Cereal Sci 1: 43–52.

Kamphorst, S.H., de Lima, V.J., do Amaral, A.T., Schmitt, K.F.M., Leite, J.T., Carvalho, C.M., Silva, R.M.R., Xavier, K.B., Fereira, F.R.A., Santos, P.H.A.D., Campostrini, E. (2018). Popcorn breeding for water-stress tolerance or for agronomic water-use efficiency? *Genetics and Molecular Research*, 17(3). DOI http://dx.doi.org/10.4238/gmr18184.

Kamphorst, S.H., do Amaral, A.T., de Lima, V.J., Santos, P.H.A.D., Rodrigues, W.P., Vivas, J.M.S., Campostrini, E. (2020a). Comparison of selection traits for effective popcorn (*Zea mays* L. var. *Everta*) breeding under water limiting conditions. *Frontiers in Plant Science*, 11, 1289.

Kamphorst, S.H., Gonçalves, G.M.B., Amaral Jr., A.T.D., Lima, V.J.D., Leite, J.T., Schmitt, K.F.M., Campostrini, E. (2020b). Screening of popcorn genotypes for drought tolerance using canonical correlations. *Agronomy*, 10(10), 1519.

Leite, J.T., do Amaral, A.T., Kamphorst, S.H., de Lima, V.J., dos Santos Jr., D.R., Alves, U.O., Azeredo, V.C., Pereira, J.L., Bispo, R.B., Schmidt, K.F.M., Viana, F.N., Viana, A.P., Vieira, H.D., Ramos, H.C.C., Ribeiro, R.M., Campostrini, E. (2022). All are in a drought, but some stand out: Multivariate analysis in the selection of agronomic efficient popcorn genotypes. *Plants*, 11, 2275.

Lima, V.J. de., do Amaral, A.T., Kamphorst, S.H., Bispo, R.B., Leite, J.T., Oliveira Santos, T., Medeiros Schmitt, K.F., Chaves, M.M., Oliveira, U.A., Araújo Diniz Santos, P.H., Bernardo Gonçalves, G.M., Khan, S., Moreira Guimarães, L.J. (2019). Combined dominance and additive gene effects in trait inheritance of drought-stressed and full irrigated popcorn. *Agronomy*, 9, 6–8.

Lima, V.J. De., Gracia-Romero, A., Rezzouk, F.Z., Diez-Fraile, M.C., Araus-Gonzalez, I., Kamphorst, S.H, ... e Araus, J.L (2021). Desempenho comparativo de cultivares europeias de trigo de alta produtividade em condições mediterrâneas contrastantes. *Frontiers in Plant Science*, *12*, 687622.

Liu, S., Qin, F. (2021). Genetic dissection of maize drought tolerance for trait improvement. Molecular Breeding, 41, 3. https://doi.org/10.1007/s11032-020-01194-w.

Manzini, Fabio Frattini. *Crescimento do milho-pipoca no Brasil: mercado interno e externo e seus cenários*. Agrofy News, 12 jun. 2024. Disponível em: https://news.agrofy.com.br/noticia/204736/crescimento-do-milho-pipoca-no-brasil-mercado-interno-e-externo-e-seus-cenarios. Acesso em: 16 jul. 2025.

Oliveira, U.A. de., do Amaral, A.T., Leite, J.T., Kamphorst, S.H., Lima, V.J. de., Bispo, R.B., Ribeiro, R.M., Viana, F.N., Lamego, D.L., Carvalho, C.M., Simão, B.R., Santos, T. de Oliveira, Gonçalves, G.R., Campostrini, E. (2024). Unveiling drought-resilient Latin American popcorn lines through agronomic and physiological evaluation. *Life*, 14, 743.

Wang, C., Linderholm, H.W., Song, Y., Wang, F., Liu, Y., Tian, J., Xu, J., Song, Y., Ren, G. (2020). Impacts of drought on maize and soybean production in Northeast China during the past five decades. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 17, 2459.

Zinsly, J.R., Machado, J. A. (1987) Milho pipoca. In: Paterniani, E.,Viegas, G.P. eds. Melhoramento e produção do milho. Campinas, Fundação Cargill, 413 – 421.

Estratégias de Tolerância ao Déficit Hídrico em Milho-Pipoca: Uma Abordagem Morfoagronômica e Fisiológica

Jardel da Silva Figueiredo[1], Flávia Nicácio Viana[1], Samuel Pereira da Silva[1], Letícia Panisset Costa[1], Bruna Rohem Simão[1], Monique de Souza Santos[1], Antônio Teixeira do Amaral Junior[1]

.

[1]Laboartório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), Centro de Ciências e Tecnologia Agropecuárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil. Email: jardel.figueiredo7@gmail.com.

RESUMO
O milho-pipoca (*Zea mays* var. *everta* L.) destaca-se pelo valor econômico e nutricional, sendo altamente sensível ao déficit hídrico. Este estudo avaliou 40 linhagens S_7 da UENF cultivadas em duas condições contrastantes: irrigada (WW) e sob estresse hídrico (WS), imposto 12 dias antes da antese masculina. O delineamento foi em blocos casualizados, com três repetições, e as análises contemplaram características morfoagronômicas e fisiológicas. Os resultados da análise conjunta indicaram variabilidade genética significativa entre os genótipos, além de diferenças marcantes entre os ambientes. As características mais afetadas pelo estresse foram rendimento de grãos (-42,6%), capacidade de expansão (-27,8%) e massa de cem grãos (-19,8%), evidenciando o impacto do déficit hídrico na produtividade e na qualidade do produto final. Entre os parâmetros fisiológicos, observaram-se reduções no teor de clorofila (até -16,9%) e de flavonoides (até -6,6%), além de aumento expressivo de antocianinas (+35,1%), associado a mecanismos de fotoproteção. O índice de balanço de nitrogênio apresentou leve elevação, sugerindo priorização da síntese de clorofila. Aos 22 dias após a suspensão da irrigação destacou-se o ponto crítico para detecção de respostas adaptativas, indicando equilíbrio entre estresse hídrico e mecanismos de tolerância.
Palavras-chave: Déficit hídrico; Características fisiológicas; Milho-pipoca.

INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* var. *everta* L.) é um dos cereais de maior relevância global, amplamente cultivado pela versatilidade e adaptabilidade (Mafra et al., 2021). Nativo das Américas e destinado exclusivamente ao consumo humano, diferencia-se dos demais tipos de milho pela estrutura morfológica, com grãos menores, mais leves e compactos (Zhang et al., 2024). Contudo, sua principal característica é a capacidade de expansão, resultante da casca externa mais dura e do endosperma denso, essenciais para o estourar dos grãos (Zinsly e Machado, 1980; Silva et al., 1993; Sawazaki, 2001; Paes, 2006).

A pipoca, produto da expansão, é altamente nutritiva, rica em proteínas, fibras, vitaminas, açúcares, gorduras e antioxidantes (Leite et al., 2022). No cenário mundial, o Brasil ocupa a terceira posição em produção e consumo, enquanto os EUA lideram, com cerca de 375 mil toneladas em 2023 (Embrapa, 2025). O melhoramento genético

no Brasil tem gerado híbridos com maior expansão e rendimento (Caranhato et al., 2022).

A produção de milho é fortemente influenciada pelo clima, especialmente pela escassez hídrica (Kamphorst et al., 2018; Hussain et al., 2019; Bigolin e Talamini, 2024). Mudanças climáticas intensificam secas e má distribuição de chuvas, afetando a produtividade, sobretudo em regiões tropicais (Araus et al., 2018; Wang et al., 2020; Viana et al., 2022; Salari et al., 2023). Sob déficit hídrico, as plantas reduzem a condutância estomática e a transpiração, acumulam solutos osmoprotetores, como prolina, e ajustam o metabolismo do nitrogênio (Seleiman et al., 2019, 2021). O ácido abscísico regula essas respostas, enquanto ajustes bioquímicos preservam a fotossíntese (Gupta et al., 2020; Seleiman et al., 2019). O milho-pipoca é particularmente sensível à seca (Viana et al., 2022).

Diante disso, selecionar genótipos tolerantes é a estratégia mais viável para agricultores com restrições de irrigação (Santos et al., 2021; Leite et al., 2022). A UENF tem avançado no melhoramento visando adaptação ao estresse hídrico (Kamphorst et al., 2018; 2020; 2021a; Lima et al., 2021; Leite et al., 2022; Carvalho et al., 2023; Schmitt et al., 2024). Possui a maior coleção de acessos da América Latina, com linhagens S_7 oriundas de regiões temperadas e tropicais (Kurosawa et al., 2018), além de colaborações com o CIMMYT, no México.

Segundo o MAPA, o número de cultivares registradas no Brasil é restrito, em sua maioria sob controle privado, cabendo às instituições públicas o desenvolvimento de híbridos superiores, embora raramente registrados (Kamphorst et al., 2021a; Santos Junior et al., 2023; Silva, 2023). Até o momento, apenas o híbrido WS01, da UENF, é recomendado pela tolerância à seca (Lima et al., 2021).

Assim, este trabalho objetiva avaliar quarenta linhagens de milho-pipoca da UENF em ambientes contrastantes, classificando-as por características morfoagronômicas e fisiológicas associadas à resistência à seca e eficiência no uso da água. Busca-se ainda identificar características de fácil mensuração para seleção indireta de genótipos superiores, visando o desenvolvimento de cultivares-elite adaptadas a condições de restrição hídrica.

METODOLOGIA

Material vegetal e condições experimentais

Foram utilizadas 40 linhagens S7 de milho-pipoca, oriundas de clima temperado e tropical, pertencentes ao Banco de Germoplasma da UENF.O experimento foi conduzido no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes – RJ, em uma época de cultivo. Os genótipos foram avaliados em dois ambientes contrastantes: i) bem irrigado (WW – *well-watered*), mantido a 100% da capacidade de campo; ii) sob estresse hídrico (WS – *water-stressed*), com 68,50% da capacidade de campo. A suspensão da irrigação ocorreu 12 dias antes da antese masculina até a maturação fisiológica.

A área foi preparada com gradagem, sulcamento e adubação de base. A semeadura utilizou três sementes por cova, e após 21 dias foi feito o desbaste, mantendo uma planta por cova.

O delineamento foi blocos completos casualizados, com três repetições. Cada parcela possuía 4,60 m, espaçamento de 0,20 m entre plantas e 0,80 m entre linhas,

totalizando 23 plantas por parcela (62.500 plantas ha^{-1}). O plantio ocorreu em abril de 2024.

A área foi preparada com gradagem, sulcamento e adubação de base. A semeadura utilizou três sementes por cova, e após 21 dias foi feito o desbaste, mantendo uma planta por cova.

O potencial hídrico do solo foi monitorado com sensores Decagon MPS-6, instalados entre duas plantas na linha de cultivo, a 0,20 m de profundidade. No regime WW, o solo manteve-se próximo à capacidade de campo (-0,01 MPa), enquanto no WS atingiu o ponto de murcha permanente (-1,5 MPa). Aos 91 dias após a semeadura, realizou-se uma irrigação de salvamento para evitar a inviabilidade do experimento diante da severidade do déficit hídrico.

Características avaliadas

Características morfológicas

Altura de planta (AP, cm) e da espiga (AE, cm), medidas após o pendoamento. Também foram avaliados diâmetro (DESP, cm) e comprimento da espiga (CESP, cm), no terço médio, em amostra de cinco plantas por parcela, com paquímetro digital.

Características agronômicas

Número de fileiras de grãos (NFG), número de grãos por fileira (NGF), massa de cem grãos (MCG, g), rendimento de grãos (RG, kg ha^{-1}) e capacidade de expansão (CE, mL g^{-1}).

Mensuração do teor relativo de clorofila e pigmentos foliares

Utilizou-se o DUALEX® SCIENTIFIC para quantificar clorofila (CHL, µg/cm²), antocianinas (ANTH, µg/cm²), flavonoides (FLAV, µg/cm²) e índice de balanço de nitrogênio (NBI). Foram realizadas três aferições por linhagem.

Análises estatísticas

Análise de variância

A análise de variância individual seguiu o modelo: $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$, em que Y_{ij} é o valor observado do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco; μ, a média geral; g_i, o efeito do genótipo; b_j, o efeito do bloco; e ε_{ij}, o erro aleatório.A análise conjunta avaliou diferenças entre genótipos em WW e WS, pelo modelo: $Y_{ijk} = \mu + G_i + B/A_{jk} + A_j + GA_{ij} + \varepsilon_{ijk}$, sendo G_i o efeito do genótipo, B/A_{jk} o bloco dentro do ambiente, A_j o efeito do ambiente, GA_{ij} a interação genótipo × ambiente e ε_{ijk} o erro experimental.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análise de variância individual e conjunta em características morfoagronômicas e fisiológicas

Em se tratando das avaliações morfoagronômicas, a análise de variância individual demonstrou diferença significativa ($p < 0,01$) para todas as características avaliadas em ambas as condições hídricas (CHs) (Tabela1, indicando que os genótipos responderam de maneira distinta sob diferentes níveis de disponibilidade de água. Além disso, cumpre destacar que o coeficiente de variação experimental (CVe%), com exceção da característica RG, apresentou valores inferiores a 18,00% para todas as

variáveis avaliadas, indicando bom controle experimental e confiabilidade dos dados obtidos (Tabela 1).

Tabela 1. Resumo da análise de variância conjunta e individual, das estimativas das médias e dos desvios-padrão de nove características morfoagronômicas avaliadas em quarenta linhagens de milho-pipoca cultivadas sob condições hídricas contrastantes (WS – déficit hídrico; e WW – bem irrigada).

Caraterísticas		WS			WW			Análise conjunta		
		Média ± DP		CVe%	Média ± DP		CVe%	G	CH	G*CH
Morfológicas	AP	1,07 ± 0,203	**	12,3	1,05 ± 0,219	**	13,5	**	ns	**
	AE	0,501 ± 0,104	**	18,9	0,553 ± 0,189	**	17,1	**	ns	**
	DESP	22,0 ± 3,22	**	9,79	24,3 ± 3,57	**	9,83	**	**	**
	CESP	9,55 ± 1,75	**	13,4	10,4 ± 1,46	**	11,5	**	ns	**
Agronômicas	NGF	20,6 ± 1,22	**	19,9	22,7 ± 1,08	**	16,0	**	*	**
	NFG	11,9 ± 5,80	**	7,34	12,2 ± 5,69	**	6,58	**	*	ns
	MCG	7,24 ± 2,46	**	15,3	9,03 ± 2,02	**	12,7	**	**	**
	RG	264 ± 198	**	45,7	458 ± 286	**	37,5	**	**	**
	CE	13,0 ± 7,23	**	11,5	18,0 ± 5,97	**	8,00	**	**	**

G – genótipo; CH – condição hídrica; G × CH – interação genótipo × condição hídrica; CVe% – coeficiente de variação experimental. ** e * indicam significância estatística em 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; ns – não significativo ($p > 0,05$).
NGF – número de grãos por fileira (unidade); NFG – número de fileiras de grãos (unidade); DESP – diâmetro da espiga (cm); CESP – comprimento da espiga (cm); AE – altura da espiga (cm); AP – altura da planta (cm); MCG – massa de 100 grãos (g); RG – rendimento de grãos (kg ha^{-1}); e CE – capacidade de expansão (mL g^{-1}).

A interação significativa entre genótipos e condição hídrica (G×CH) evidencia a variação do desempenho conforme o ambiente, dificultando a seleção de materiais superiores e estáveis. Apesar disso, experimentos conduzidos em múltiplos ambientes permitem estimativas mais precisas de adaptabilidade e estabilidade.

A análise conjunta indicou diferenças significativas entre genótipos ($p < 0,01$) para todas as variáveis, confirmando variabilidade genética no painel. Houve efeito das condições hídricas para a maioria das características, exceto altura de planta (AP) e de espiga (AE), menos sensíveis ao estresse aplicado em pré-antese. Para G×CH, quase todas as variáveis mostraram interação significativa, exceto número de fileiras de grãos (NFG). O estresse hídrico impactou características morfoagronômicas, reduzindo rendimento e confirmando a eficiência da suspensão da irrigação para simular déficit.

As características fisiológicas (clorofila, flavonoides, antocianinas e NBI), também apresentaram diferenças significativa entre genótipos e dias de avaliação, demonstrando variabilidade genética (Tabela 2).

A condição hídrica influenciou os níveis de pigmentos foliares, mas, em geral, a interação G×CH não foi significativa, sugerindo correlação positiva no desempenho dos genótipos em diferentes ambientes, o que facilita a seleção de materiais mais estáveis e adaptáveis.

Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta e individual, das estimativas das médias e dos desvios-padrão de quatro características fisiológicas avaliadas em quarenta linhagens de milho-pipoca cultivadas sob condições hídricas contrastantes (WS – déficit hídrico; e WW – bem irrigada).

Características		WS			WW			Conjunta		
		Média ± DP		CVe%	Média ± DP		CVe%	G	CH	G*CH
04 DASI	CHL1	33,7 ± 4,44	**	7,41	34,9 ± 3,54	**	9,66	**	**	ns
	FLAV1	1,26 ± 0,118	**	7,70	1,29 ± 0,113	**	9,17	**	ns	ns
	ANTH1	0,221 ± 0,021	**	6,30	0,216 ± 0,015	**	6,97	**	ns	ns
	NBI1	27,8 ± 4,41	**	12,7	28,3 ± 4,55	**	13,8	**	ns	ns
11 DASI	CHL2	33,2 ± 19,8	ns	9,41	32,9 ± 3,79	**	8,73	*	ns	ns
	FLAV2	1,52 ± 0,834	ns	9,56	1,27 ± 0,110	**	8,14	ns	**	ns
	ANTH2	0,220 ± 0,036	**	8,45	0,163 ± 0,018	**	8,24	**	**	**
	NBI2	23,7 ± 3,79	**	12,7	27,0 ± 4,09	**	11,9	**	**	ns
16 DASI	CHL3	31,5 ± 4,85	**	9,82	34,7 ± 3,84	**	9,05	**	**	*
	FLAV3	1,36 ± 0,125	**	7,16	1,37 ± 0,109	**	7,38	**	ns	**
	ANTH3	0,247 ± 0,026	**	7,77	0,227 ± 0,018	**	8,20	**	**	ns
	NBI3	24,0 ± 4,26	**	14,0	26,4 ± 4,07	**	12,3	**	**	**
22 DASI	CHL4	31,8 ± 5,16	**	12,2	34,0 ± 4,092	**	10,4	**	**	ns
	FLAV4	1,32 ± 0,117	**	8,13	1,41 ± 0,103	**	7,74	**	**	*
	ANTH4	0,255 ± 0,029	**	11,8	0,240 ± 0,033	**	9,02	**	**	ns
	NBI4	25,1 ± 4,80	**	16,2	25,0 ± 4,01	**	13,7	**	ns	ns
31 DASI	CHL5	28,0 ± 5,31	**	18,6	33,7 ± 5,03	**	13,8	**	**	ns
	FLAV5	1,37 ± 0,119	**	8,04	1,40 ± 0,122	**	7,43	**	*	ns
	ANTH5	0,287 ± 0,044	**	15,1	0,260 ± 0,032	**	19,2	**	**	ns
	NBI5	21,0 ± 4,14	**	21,6	25,1 ± 4,98	**	18,7	**	**	ns

G – genótipo; CH – condição hídrica; G×CH – interação genótipo × condição hídrica; e DASI – dias após a suspensão da irrigação; CVe% – coeficiente de variação experimental. ** e * indicam significância estatística em 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F; ns – não significativo (p > 0,05). CHL – conteúdo foliar de clorofila (µg cm^{-2}); FLAV – conteúdo foliar de flavonoides (µg cm^{-2}); ANTH – conteúdo foliar de antocianinas (µg cm^{-2}); e NBI – índice de balanço de nitrogênio.

Os coeficientes de variação foram satisfatórios, exceto para clorofila (94,10%) e flavonoides (95,60%) aos 11 dias após o estresse, indicando maior sensibilidade dessas variáveis a fatores ambientais não controlados ou heterogeneidade entre genótipos.

Influência relativa do déficit hídrico

Para avaliar o impacto do estresse hídrico e selecionar genótipos superiores de milho-pipoca, analisou-se a redução percentual de características morfoagronômicas e fisiológicas em quarenta linhagens cultivadas sob duas condições contrastantes: irrigada, com solo na capacidade de campo, e estresse hídrico, imposto 12 dias antes da antese masculina (Figuras 1 e 2).

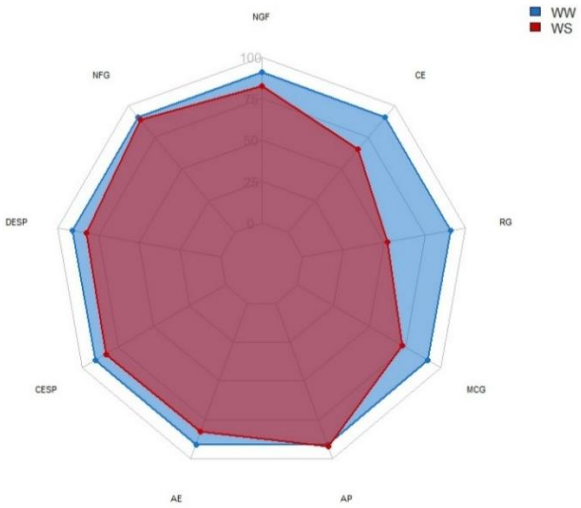


Figura 1. Abrangências gráficas relativas das médias estimadas para nove características morfoagronômicas avaliadas em um painel de quarenta linhagens de milho-pipoca cultivadas em duas condições hídricas (WW - bem irrigada; e WS com déficit hídrico).

Entre as características morfoagronômicas, rendimento de grãos (RG), capacidade de expansão (CE) e massa de cem grãos (MCG) foram as mais afetadas pelo estresse hídrico, com reduções de 42,60%, 27,80% e 19,80%, respectivamente. As demais variáveis apresentaram quedas inferiores a 10%. O déficit hídrico compromete o acúmulo de amido e a formação do pericarpo, reduzindo a qualidade e a capacidade de expansão dos grãos de milho-pipoca. Dessa forma, a seleção de genótipos tolerantes torna-se fundamental para garantir cultivares adaptadas e produtivas em ambientes com baixa disponibilidade de água.

Em relação às características fisiológicas, observaram-se reduções e variações que indicam diferentes sensibilidades ao estresse. A clorofila (CHL) foi a mais afetada, com quedas de 3,40% a 16,90%, que se intensificaram após a suspensão da irrigação. Esses resultados evidenciam que o estresse hídrico não apenas reduz o rendimento e a qualidade do produto final, mas também afeta o metabolismo foliar, destacando a importância da avaliação integrada de características morfofisiológicas na seleção de genótipos superiores.

Sob estresse hídrico, os flavonoides (FLAV) apresentaram reduções de até 6,60%, enquanto as antocianinas (ANTH) aumentaram até 35,10%, sobretudo aos onze

dias após a suspensão da irrigação. O acúmulo de antocianinas funciona como mecanismo de fotoproteção, reduzindo danos oxidativos e preservando a fotossíntese em condições adversas. Esse processo garante, ainda que de forma limitada, a produção e a translocação de fotoassimilados, fundamentais para o enchimento e a qualidade dos grãos de milho-pipoca.

O índice de balanço de nitrogênio (NBI) variou entre redução de 16,30% e leve aumento de 0,43%, indicando priorização do nitrogênio para a síntese de clorofila em detrimento da produção de flavonoides, o que ajuda a manter a atividade fotossintética. A avaliação realizada aos 22 dias após a suspensão da irrigação destacou-se por evidenciar respostas fisiológicas relevantes, como o maior decréscimo nos flavonoides e aumento no NBI, representando um ponto de equilíbrio entre o estresse hídrico e os mecanismos adaptativos da planta.

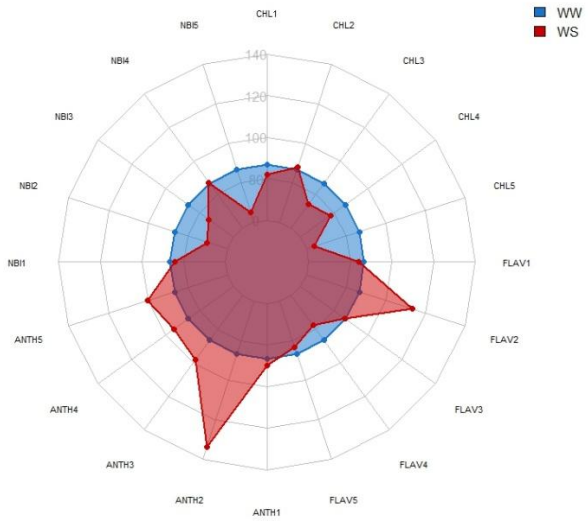


Figura 2. Abrangências gráficas relativas das médias estimadas para quatro características fisiológicas avaliadas em um painel de quarenta linhagens de milho-pipoca cultivadas em duas condições hídricas (WW - bem irrigada; e WS com déficit hídrico).

CONCLUSÃO

O estresse hídrico impactou de forma significativa o desempenho dos genótipos, especialmente nas características produtivas. Esses resultados evidenciam a importância de identificar e selecionar genótipos mais tolerantes ao déficit hídrico, visando a estabilidade da produção em condições adversas. A avaliação aos 22 dias após a suspensão da irrigação revelou o ponto crítico de estresse, marcado pela maior redução de flavonoides e elevação do NBI, indicando um equilíbrio entre os efeitos do déficit hídrico e os mecanismos adaptativos da planta.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: CAPES; CNPq; FAPERJ

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Araus, J.L., Kefauver, S.C., Zaman-Allah, M., Olsen, M.S., Cairns, J.E. (2018) Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. Trends Plant Sci 23: 451–466.

Bigolin, T., & Talamini, E. (2024). Impacts of climate change scenarios on the corn and soybean double-cropping system in Brazil. *Climate, 12*(3), 42. https://doi.org/10.3390/cli12030042.

Carvalho, C. M., Khan, S., Amaral Júnior, A. T., Lima, V. J., Silva, J. G. S., Fuly, L. M. C., Leite, J. T., Santos Júnior, D. R., Viana, F. N., Souza, R., Vieira, H. D., & Kamphorst, S. H. (2023). Early selection for drought tolerance in popcorn based on gene effects estimated in seedlings. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1203972. https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1203972

EMBRAPA. *Milho-pipoca – Sistemas diferenciais de cultivo*. Agência de Informação Tecnológica (Ageitec). Disponível em: https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/milho/producao/sistemas-diferenciais-de-cultivo/milho-pipoca.

Hussain, H.A., Men, S., Hussain, S., Chen, Y., Ali, S., Zhang, S., Zhang, K., Li, Y., Xu, Q., Liao, C., Wang, L. (2019) Interactive effects of drought and heat 64 stresses on morpho-physiological attributes, yield, nutrient uptake and oxidative status in maize hybrids. Sci Rep 9: 3890.

Kamphorst, S.H., Lima, V.J. De., Leite, J.T., Carvalho, C.M., Xavier, K.B., Campostrini, E. (2018) Popcorn breeding for water-stress tolerance or for agronomic water-use efficiency ?. 17: 1–18.

Kamphorst, S. H., do Amaral Junior, A. T., de Lima, V. J., Carena, M. J., Azeredo, V. C., Mafra, G. S., Santos, P. H. A. D., Leite, J. T., Schmitt, K. F. M., dos Santos Junior, D. R., Bispo, R. B., Santos, T. D. O., Oliveira, U. A. D., Pereira, J. L., Lamêgo, D. L., Carvalho, C. M., Gomes, L. P., Silva, J. G. D. S., & Campostrini, E. (2021). Driving Sustainable Popcorn Breeding for Drought Tolerance in Brazil. *Frontiers in Plant Science*, 12, 732285. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.732285.

Kurosawa, R. N. F., Vivas, M., Amaral Júnior, A. T., Ribeiro, R. M., Miranda, S. B., Pena, G. F., Leite, J. T., & Mora, F. (2018). Popcorn germplasm resistance to fungal diseases caused by *Exserohilum turcicum* and *Bipolaris maydis*. *Bragantia*, 77(1), 36-47. https://doi.org/10.1590/1678-4499.2017035.

Leite, J. T., Amaral Junior, A. T. do, Kamphorst, S. H., Lima, V. J. de, Santos Junior, D. R. dos, Alves, U. O., et al. (2022). All Are in a Drought, but Some Stand Out: Multivariate Analysis in the Selection of Agronomic Efficient Popcorn Genotypes. *Plants* 11, 2275. doi: 10.3390/plants11172275.

Lima, V. J. D., Amaral, A. T. D., Kamphorst, S. H., Santos, A. D., Schmidt, K. F. M., Azeredo, V. C., ... & Santos, P. H. A. D. (2021). UENF WS01: popcorn hybrid with water use efficiency for the State of Rio de Janeiro. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, *21*(4), e375821411.

Mafra, G. S., de Almeida Filho, J. E., do Amaral Junior, A. T., Maldonado, C., Kamphorst, S. H., de Lima, V. J., et al. (2021). Regional Heritability Mapping of Quantitative Trait Loci Controlling Traits Related to Growth and Productivity in Popcorn (Zea mays L.). *Plants* 10, 1845. doi: 10.3390/plants10091845.

Paes, M.C.D. (2006) Circular Técnica 75: Aspectos físicos, químicos e tecnológicos do grão de milho. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Embrapa Milho e Sorgo. Sete Lagoas, MG.

Santos Junior, D. R., Amaral Junior, A. T., Lima, V. J., Leite, J. T., Bispo, R. B., Azeredo, V. C., Almeida Filho, J. E., Kamphorst, S. H., Viana, F. N., Ribeiro, R. M., Viana, A. P., & Gravina, G. A. (2023). Recurrent interpopulation selection in popcorn: From heterosis to genetic gains. *Plants, 12*(5), 1056. https://doi.org/10.3390/plants12051056.

Santos, T. de O., Amaral Junior, A. T. do, Bispo, R. B., Lima, V. J. de, Kamphorst, S. H., Leite, J. T., et al. (2021). Phenotyping Latin American Open-Pollinated Varieties of Popcorn for Environments with Low Water Availability. *Plants* 10, 1211. doi: 10.3390/plants10061211.

Salari, S., Karandish, F., Haghighatjou, P., & Aldaya, M. M. (2023). Hydro-environmental sustainability of crop production under socioeconomic drought. *Water, 15*(2), 288. https://doi.org/10.3390/w15020288.

Seleiman, M. F., Al-Suhaibani, N., Ali, N., Akmal, M., Alotaibi, M., Refay, Y., Dindaroglu, T., Abdul-Wajid, H. H., & Battaglia, M. L. (2019). Drought stress impacts on plants and different approaches to alleviate its adverse effects. *Environmental and Experimental Botany, 162*, 169-183. https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2019.03.018.

Seleiman, M. F., Al-Suhaibani, N., Ali, N., Akmal, M., Alotaibi, M., Refay, Y., Dindaroglu, T., Abdul-Wajid, H. H., & Battaglia, M. L. (2021). Drought Stress Impacts on Plants and Different Approaches to Alleviate Its Adverse Effects. *Plants*, 10(2), 259. https://doi.org/10.3390/plants10020259.

Schmitt, K. F. M., Amaral Júnior, A. T. do, Kamphorst, S. H., Pinto, V. B., Lima, V. J. de, Oliveira, U. A. de, Viana, F. N., Leite, J. T., Gomes, L. P., Silva, J. G. de S., Lamêgo, D. L., Bernado, W. de P., Souza, G. A. R. de, Almeida, F. A. de, Souza Filho, G. A. de, Silveira, V., & Campostrini, E. (2024). Decoding the effects of drought stress on popcorn (*Zea mays* var. *everta*) flowering combining proteomics and physiological analysis. *Plant Physiology and Biochemistry*, 208, 108444. https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2024.108444.

Viana, F. N., Chaves, M. M., Kamphorst, S. H., do Amaral Junior, A. T., Lima, V. J. de, Leite, J. T., et al. (2022). Heritability of Morphophysiological Traits in Popcorn for Drought Tolerance and Their Use as Breeding Indicators of Superior Genotypes. *Agronomy* 12, 1517. doi: 10.3390/agronomy12071517.

Sawazaki, E. (2001) A cultura do milho pipoca no Brasil. O Agronômico, 53:11-13.

Silva, W.J.; Vidal, B.C.; Martins, M.E.Q.; Vargas, H.; Pereira, A.C.; Zerbetto, M.; Miranda, L.C.M. (1993) What makes popcorn pop. Nature, 362:417.

Zinsly, J.R.; Machado, JÁ. (1980) *Melhoramento e produção do milho no Brasil: Botânica. Piracicaba/ESLQ, Marprint*.

Zhang, L., Fu, M., Li, W., Dong, Y., Zhou, Q., Wang, Q., Li, X., Gao, J., Wang, Y., Wang, H., Li, Y., Wang, J., Wu, Y., & Li, Y. (2024). Genetic variation in ZmKW1 contributes to kernel weight and size in dent corn and popcorn. *Plant Biotechnology Journal*, 22(6), 1453-1467. https://doi.org/10.1111/pbi.14279.

Eficiência hídrica em milho-pipoca: identificando genótipos-chave para o futuro da agricultura

.

Monique de Souza Santos[1], *Samuel Henrique Kamphorst*[1], *Valter Jário de Lima*[2], *Uéliton Alves de Oliveira*[1], *Danielle Leal Lamêgo*[1], *Ivan Pedro Galvão Fernandes*[1], *Jardel da Silva Figueiredo*[1], *Gabriella Rodrigues Gonçalves*[1], *Antônio Teixeira do Amaral Junior*[1], *Cosme Damião Cruz*[1]

[1]Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil; *e-mail*: 202222120004@pq.uenf.br
[2]Centro de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Estadual Vale do Acaraú, São Benedito, Ceará, Brasil

RESUMO

As mudanças climáticas têm aumentado a frequência e severidade do déficit hídrico, representando um dos principais entraves à produtividade do milho-pipoca. Este trabalho objetivou identificar genótipos superiores quanto à eficiência e responsividade ao uso da água, características essenciais para programas de melhoramento em ambientes contrastantes. Foram avaliadas 50 linhagens em condições irrigada e sob estresse hídrico, durante duas safras consecutivas (2020 e 2021). A suspensão da irrigação foi realizada no estádio de pré-antese, com o ponto de murcha permanente manifestado na antese masculina e início do enchimento de grãos em 2020, e apenas no enchimento de grãos em 2021. Por meio da variável volume de pipoca expandida por hectare (VP), os genótipos foram classificados como eficientes e responsivos (ER), eficientes e não responsivos (ENR), ineficientes e responsivos (IR) ou ineficientes e não responsivos (INR). A linhagem L477 destacou-se como material indicado como genitor-base em cruzamentos. Por outro lado, genótipos INR, como L213, L221, L222, L326, L366 e L382, mostraram baixa estabilidade. Os resultados ressaltam o potencial de determinadas linhagens em subsidiar a obtenção de cultivares mais tolerantes e produtivos frente às condições de seca.

Palavras-chave: *Zea mays* L. var. *everta*; déficit hídrico no solo; volume de pipoca expandida por hectare.

INTRODUÇÃO

As mudanças climáticas intensificaram eventos extremos, como o aumento das temperaturas e a irregularidade das chuvas, impondo restrições à produção agrícola mundial (Schmitt et al., 2024; Salami et al., 2025). Dentre os estresses abióticos, a seca é considerada o principal fator limitante ao crescimento e desenvolvimento das plantas, podendo reduzir o rendimento de grãos, sobretudo em regiões tropicais e subtropicais (Araus et al., 2012; Cairns et al., 2012; Lima et al., 2025). No Brasil, a produção de milho,

incluindo o milho-pipoca, concentra-se na segunda safra, período marcado por escassez e irregularidade de chuvas, o que amplia a exposição das lavouras a déficits hídricos prolongados (Silva et al., 2025; Vidotto et al., 2025). Nessas condições, perdas superiores a 50% na produtividade podem ocorrer em milho-pipoca sob estresse severo (Leite et al., 2022).

Apesar da relevância econômica e cultural do milho-pipoca, apenas uma cultivar híbrida é recomendada para ambientes com baixa disponibilidade hídrica no Brasil (Lima et al., 2021). Para superar essa limitação, a variabilidade genética em bancos de germoplasma constitui recurso estratégico para o desenvolvimento de genótipos adaptados a condições restritivas (Anglin et al., 2025). A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) mantém um acervo diversificado de linhagens de milho-pipoca oriundas de diferentes zonas climáticas da América Latina, incluindo acessos de regiões tropicais, temperadas e linhagens elite brasileiras (Vittorazzi et al., 2018; Santos et al., 2021). Essa diversidade possibilita explorar características agronômicas, fisiológicas, radiculares e de rendimento associadas à tolerância à seca, além de subsidiar a escolha de genitores para obtenção de híbridos superiores, bem como implementar estudos de herança genética (Teixeira et al., 2010; Dias et al., 2018).

A seleção de linhagens tolerantes à seca depende das interações entre genótipo (G), condição hídrica (WC) e safra (CS) (Bernini et al., 2021; Wang et al., 2023; Minuzzi et al., 2025). Trabalhos com milho comum e milho-pipoca mostram que essas interações influenciam variáveis de rendimento, sendo o ponto de murcha permanente (PMP) determinante para a magnitude das perdas (Kamphorst et al., 2021). Déficits hídricos durante pré-antese e antese comprometem a formação dos grãos (Zinselmeier et al., 1995), enquanto estresses no enchimento reduzem o peso dos grãos (Araus et al., 2012).

Nesse contexto, a avaliação da eficiência e da responsividade ao uso da água destaca-se como abordagem promissora. Genótipos eficientes e responsivos (ER) são valiosos por aliarem estabilidade e alto potencial produtivo; os eficientes e não responsivos (ENR) podem ser estratégicos em regiões com déficit recorrente e irrigação limitada; já os ineficientes e responsivos (IR) podem ser úteis em cruzamentos para obtenção de híbridos que conciliem produtividade e resiliência.

Este estudo avaliou o desempenho agronômico de 50 linhagens de milho-pipoca em diferentes condições hídricas em duas safras (2020 e 2021), com o objetivo de identificar genótipos superiores quanto à eficiência e responsividade no uso da água.

METODOLOGIA

Cinquenta linhagens de milho-pipoca do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) foram utilizadas neste estudo. Essas linhagens derivam de acessos de diferentes regiões da América Latina, com adaptação a condições climáticas tropicais e temperadas (Vittorazzi et al., 2018).

Os experimentos foram realizados nas safras de 2020 e 2021, no Colégio Estadual Agrícola Antônio Sarlo, em Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro. As plantas foram cultivadas sob duas condições hídricas contrastantes: bem irrigada (WW), com irrigação plena; e com déficit hídrico (WS), em que a irrigação foi suspensa 15 dias

antes da antese masculina e mantida até a maturação fisiológica. A data da antese foi definida com base em experimentos prévios (Leite et al., 2022).

O delineamento foi blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela consistiu em uma fileira de 4,40 m, com espaçamento de 0,20 m entre plantas e 0,80 m entre linhas, totalizando 23 plantas. O sistema de irrigação adotado foi por gotejamento, com um gotejador por planta. Na safra de 2020, aplicaram-se 157,68 mm (WW) e 87,48 mm (WS), correspondendo a uma redução de 44,5%. Em 2021, foram aplicados 132,93 mm (WW) e 78,92 mm (WS), redução de 50,0%. A precipitação somou 119,2 mm em 2020 e 170,2 mm em 2021.

O potencial hídrico do solo foi monitorado com sensores Decagon MPS-6, a 0,20 m de profundidade. Na condição WW, o solo permaneceu próximo à capacidade de campo (-0,01 MPa). Em WS, o ponto de murcha permanente (-1,5 MPa) foi atingido aos 63 DAS em 2020 e aos 100 DAS em 2021.

As adubações de base e cobertura foram realizadas em ambas as condições hídricas. Inicialmente aplicaram-se ureia, superfosfato triplo e cloreto de potássio; uma segunda adubação de cobertura foi feita aos 30 DAS com ureia.

Na fenotipagem, o rendimento de grãos (GY) foi obtido após a debulha das espigas, corrigido para 13% de umidade e expresso em kg ha^{-1}. A capacidade de expansão (PE) foi estimada com 30 g de grãos irradiados em micro-ondas (1000W, 2 min), com o volume expandido quantificado em proveta de 2000 mL. O valor de PE foi obtido pela razão entre volume expandido de 30 g de grãos, expresso em mL g^{-1}. A variável VP foi obtida pela multiplicação entre GY e PE, expressa em m^3 ha^{-1}.

As linhagens foram classificadas quanto à eficiência e responsividade ao uso da água. Para eficiência (Euse), utilizou-se o desvio da média da linhagem em WS em relação à média geral nessa condição. Para responsividade (Ruse), utilizou-se o desvio da média da linhagem em WW em relação à média geral. Os valores foram plotados em gráficos de dispersão, classificando as linhagens em quatro grupos: eficiente e responsiva (ER), eficiente e não responsiva (ENR), ineficiente e responsiva (IR) e ineficiente e não responsiva (INR).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na safra de 2020, o gráfico de dispersão das linhagens quanto à eficiência e responsividade ao uso da água, com base na variável VP, permitiu classificá-las em quatro grupos distintos. As linhagens L263, L291, L292, L321, L358, L477, L480, L502 e L507 foram classificadas como eficientes e responsivas (ER – vermelho), pois apresentaram desempenho superior à média geral tanto sob condição irrigada (WW) quanto sob estresse hídrico (WS). Por outro lado, as linhagens L203, L213, L219, L220, L221, L222, L322, L326, L366, L382, L386, L472, L476, L501, L594, L652, L655, L684 e L693 posicionaram-se no quadrante das ineficientes e não responsivas (INR – roxo), demonstrando baixos valores de VP em ambas as condições hídricas. As linhagens L204, L217, L273, L324, L332, L391, L503, L510, L513, L625 e L689 foram classificadas como responsivas e ineficientes (IR – verde), com bom desempenho produtivo apenas sob condição irrigada, mas com queda acentuada sob estresse. Por fim, as linhagens L294, L325, L328, L330, L381, L383, L384, L481, L509, L688 e L691 foram classificadas como eficientes e não responsivas (ENR – azul), destacando-se pela estabilidade do

desempenho sob estresse hídrico, mesmo com médias mais próximas ou abaixo da média geral sob condição irrigada (Figura 1).

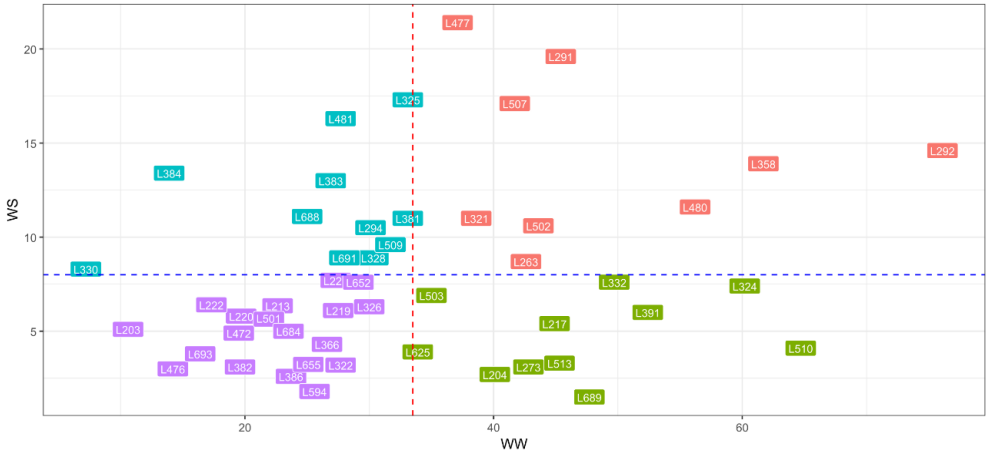


Figura 1. Distribuição de 50 linhagens de milho-pipoca quanto à eficiência e responsividade ao uso da água com base na variável VP na safra de 2020**.** Eficiente e responsiva (vermelho); eficiente e não-responsiva (azul); ineficiente e responsiva (verde); e ineficiente e não-responsiva (roxo).

Na CS 2021, as linhagens L220, L332, L381, L472, L476, L477, L501, L503, L509, L688 e L691 foram classificadas como eficientes e responsivas (ER – vermelho), apresentando valores de VP acima da média geral em ambas as condições hídricas. Por outro lado, as linhagens L213, L221, L222, L224, L263, L294, L324, L326, L328, L294, L330, L358, L366, L382, L384 e L510 foram posicionadas no quadrante das ineficientes e não responsivas (INR – roxo), com desempenho produtivo inferior sob irrigação e sob estresse. As linhagens L203, L219, L291, L292, L383, L840, L507, L513, L594, L625, L655 e L689 foram classificadas como responsivas e ineficientes (IR – verde), pois apresentaram altas médias de VP apenas sob condição irrigada, mas queda expressiva sob estresse. Já as linhagens L204, L217, L273, L321, L322, L325, L386, L481, L502, L652, L684 e L693 foram classificadas como eficientes e não responsivas (ENR – azul), com desempenho acima da média sob estresse hídrico, mesmo que nem sempre superando a média sob irrigação (Figura 2).

A avaliação da eficiência e responsividade ao uso da água nas CSs de 2020 e 2021 revelou que poucas linhagens mantiveram a classificação entre anos agrícolas, evidenciando a influência marcante do ambiente e do momento da ocorrência e intensificação do estresse hídrico no solo sobre o desempenho no caractere VP. No grupo das linhagens eficientes e responsivas – ER (vermelho; Figuras 1 e 2), apenas L477 permaneceu classificada dessa forma nas duas CSs, o que sugere robustez fisiológica e estabilidade adaptativa. Essa constância pode ser indicativa de um conjunto de mecanismos – possivelmente associados à manutenção da atividade fotossintética, maior exploração radicular e regulação estomática eficiente – que garantem desempenho superior em diferentes condições hídricas (Oguz et al., 2022).

No extremo oposto, sete linhagens – L213, L221, L222, L322, L326, L366 e L382 – mantiveram-se no grupo das ineficientes e não responsivas – INR (roxo; Figuras 1 e

2) nas duas CSs, evidenciando limitações tanto no potencial agronômico em condições adequadas, quanto na capacidade de manutenção sob déficit hídrico. A presença desses genótipos no quadrante INR indica ausência de plasticidade adaptativa e baixa eficiência no uso da água, tornando-os menos indicados para ambientes sujeitos à irregularidade na oferta hídrica.

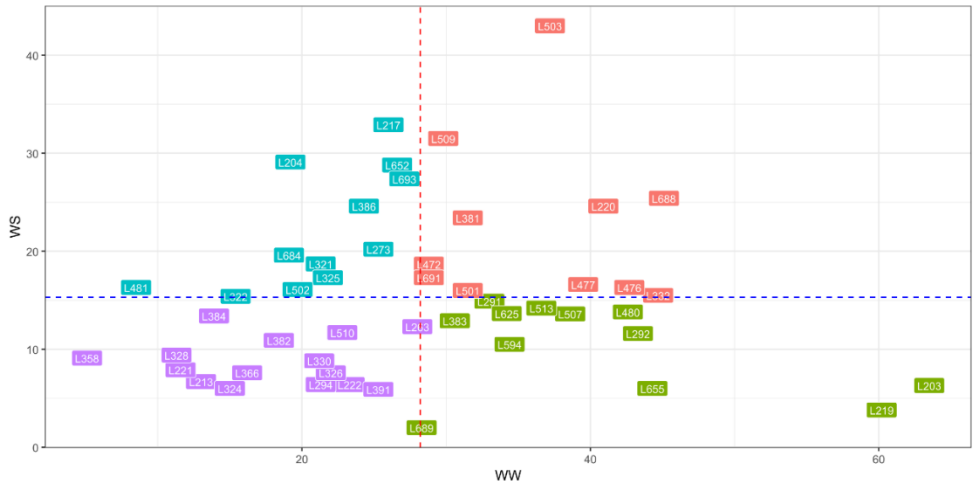


Figura 2. Distribuição de 50 linhagens de milho-pipoca quanto à eficiência e responsividade ao uso da água com base na variável VP na safra de 2021. Eficiente e responsiva (vermelho); eficiente e não-responsiva (azul); ineficiente e responsiva (verde); e ineficiente e não-responsiva (roxo).

Dentre as eficientes e não responsivas – ENR (azul; Figuras 1 e 2), apenas L325 e L481 mantiveram-se nesse grupo em ambas as CSs. Esse padrão sugere que tais linhagens apresentam capacidade de sustentar o desempenho sob estresse hídrico, mas sem expressivo ganho produtivo quando a disponibilidade de água é adequada. Essa estabilidade produtiva, mesmo sem forte responsividade, pode ser desejável em regiões onde o déficit hídrico é recorrente e a irrigação suplementar limitada, servindo como base genética para cruzamentos voltados à manutenção de rendimento em ambientes restritivos (Blankenagel et al., 2018).

No grupo das ineficientes e responsivas – IR (verde; Figuras 1 e 2), as linhagens L513, L625 e L689 foram comuns às duas CSs, apresentando alto desempenho produtivo apenas sob irrigação plena, mas com acentuada queda sob déficit hídrico. Esse comportamento evidencia que, embora possuam elevado potencial de rendimento, essas linhagens carecem de mecanismos fisiológicos para suportar estresses. Para programas de melhoramento, materiais IR (verde; L513, L625 e L689) podem ser utilizados como genitores em cruzamentos específicos com linhagens ER (vermelho; L477) ou ENR (azul; L325 e L481), buscando combinar alto potencial produtivo com maior estabilidade frente a variações na disponibilidade hídrica.

Por fim, o contraste entre a estabilidade positiva de L477 e a estabilidade negativa das linhagens INR (roxo) reforça que a classificação ER e INR não é estática, mas, quando mantida entre anos, fornece informação relevante sobre a adaptabilidade e a estabilidade de produção. Materiais como L477 representam fontes genéticas

estratégicas para programas de melhoramento voltados à tolerância à seca e estabilidade de rendimento, enquanto os INR servem como genitores para estudos de base genética sob condição de déficit hídrico.

CONCLUSÕES

Genótipos eficientes e responsivos, como L477, devem ser priorizados como genitores, por apresentarem ampla adaptação sob estresse hídrico. Já os ineficientes e não responsivos, como L213, L221, L222, L322, L326, L366 e L382, podem ser empregados em cruzamentos exploratórios para ampliar a variabilidade genética. Linhagens eficientes e não responsivas, como L325 e L481, são indicadas para ambientes com seca recorrente, enquanto os ineficientes e responsivos (L513, L625 e L689) podem elevar o teto produtivo quando combinados com genótipos tolerantes. Assim, a seleção estratégica de linhagens favorece programas de melhoramento, conciliando estabilidade produtiva e alto desempenho agronômico.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: FAPERJ, CAPES, CNPq, UENF.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Anglin, N.L.; Wenzl, P.; Azevedo, V.; Lusty, C.; Ellis, D. (2025). Genotyping Genebank Collections: strategic approaches and considerations for optimal collection management. *Plants*, 14, 252. doi: 10.3390/plants14020252.

Araus, J.L.; Serret, M.D.; Edmeades, G.O. (2012). Phenotyping maize for adaptation to drought. *Front. Physiol.*, 3, 1–20. doi: 10.3389/fphys.2012.00305.

Bernini, C.S.; Guimarães, P.S.; Gallo, P.B.; Paterniani, M.E.A.G.Z. (2021). Parâmetros genéticos de progênies interpopulacionais de milho para caracteres relacionados com tolerância à seca. *Scientific Electronic Archives,* 14. doi: 10.36560/14920211453.

Cairns, J. E.; Sanchez, C.; Vargas, M.; Ordoñez, R.; Araus, J.L. (2012). Dissecting maize productivity: ideotypes associated with grain yield under drought stress and well-watered conditions. *J. Integr. Plant Biol.*, 54, 1007–1020. doi: 10.1111/j.1744-7909.2012.01156.x.

Dias, K.O.D.G.; Gezan, S.A.; Guimarães, C.T.; Parentoni, S.N.; Guimarães, P.E.O.; Carneiro, N.P.; et al. (2018). Estimating genotype × environment interaction for and genetic correlations among drought tolerance traits in maize via factor analytic multiplicative mixed models. Crop Sci., 58, 72. doi: 10.2135/cropsci2016.07.0566.

Kamphorst, S.H.; Amaral Junior, A.T.; Lima, V.J.; Carena, M.J.; Azeredo, V.C.; Mafra, G.S.; et al. (2021). Driving sustainable popcorn breeding for drought tolerance in Brazil. *Front. Plant Sci.*, 12. doi: 10.3389/fpls.2021.732285.

Leite, J.T.; Amaral Junior, A.T.; Kamphorst, S.H.; Lima, V.J.; Santos Junior, D.R; Oliveira, U.A.; et al. (2022). All are in a drought, but some stand out: multivariate analysis in the selection of agronomic efficient popcorn genotypes. *Plants*, 11, 2275. doi: 10.3390/plants11172275.

Lima, V.J.; Amaral Junior, A.T.; Kamphorst, S.H.; Santos, A.; Schmidt, K.F.M.; Azeredo, V.C.; et al. (2021). UENF WS01: popcorn hybrid with water use efficiency for the State

of Rio de Janeiro. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 21. doi: 10.1590/1984-70332021v21n4c60.

Minuzzi, R.B.; Medeiros, S.R.R. (2025). Influência de secas agrícolas e ondas de calor na produtividade de milho e da soja em Chapecó, estado de Santa Catarina. *Revista delos*, 18, e4528. doi: 10.55905/rdelosv18.n65-130.

Salami, M.; Tan, H.; Alizadeh, B.; Heidari, B. (2025). Photosynthetic performance, pigments and biochemicals influence seed yield in rapeseed under water déficit conditions: MGIDI index helps screening drought-tolerant genotypes. *Field Crops Res.*, 322, 109733. doi: 10.1016/j.fcr.2024.109733.

Santos, T.O.; Amaral Junior, A.T.; Bispo, R.B.; Lima, V.J.; Kamphorst, S.H.; Leite, J.T.; et al. (2021). Phenotyping Latin American open-pollinated varieties of popcorn for environments with low water availability. *Plants*, 10, 1211. doi: 10.3390/plants10061211.

Schmitt, K.F.M.; Amaral Junior, A.T.; Kamphorst, S.H.; Pinto, V.B.; Lima, V.J.; Oliveira, U.A.; et al. (2024). Decoding the effects of drought stress on popcorn (*Zea mays* var. everta) flowering combining proteomics and physiological analysis. *Plant Physiology and Biochemistry*, 208, 108444. doi: 10.1016/j.plaphy.2024.108444.

Silva, M.B.; Amaral, A.M.; Pereira, S.B.; Santos, M.Â.C.M.; Brito, A.F.C.; Anorato, L.R. (2025). Desenvolvimento inicial de diferentes híbridos de milho sob variabilidade hídrica no solo. *Revista Delos*, 18, e4035. doi: 10.55905/rdelosv18.n64-070.

Teixeira, F.F.; Gomide, R.L.; Albuquerque, P.E.P.; Andrade, C.L.T.; Leite, C.E.P.; Parentoni, S.N.; et al. (2010). Evaluation of maize core collection for drought tolerance. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 10, 312–320. doi: 10.1590/S1984-70332010000400005.

Vidotto, M. L.; Santos, R. F.; Nogueira, C. E. C.; Da Silva, E. V. C.; Frenhe, R. M.; Bissani, F. M.; et al. (2025). Influência das chuvas no rendimento do milho safrinha em cascavel, PR. *DESAFIOS - Revista Interdisciplinar da Universidade Federal do Tocantins*, 12. doi: 10.20873/2025_jul_19651.

Vittorazzi, C.; Amaral Junior, A.T.; Guimarães, A.G.; Silva, F.H.L.; Pena, G.F.; Daher, R.F.; et al. (2018). Evaluation of genetic variability to form heterotic groups in popcorn. *Genetics and Molecular Research*, 17. doi: 10.4238/gmr18083.

Wang, L.; Yu, X.; Gao, J.; Ma, D.; Guo, H.; Hu, S. (2023). Patterns of influence of meteorological elements on maize grain weight and nutritional quality. *Agronomy*, 13, 424. doi: 10.3390/agronomy13020424.

Zinselmeier, S.A.; Lauer, M.J.; Boyer, J.S. (1995). Reversing drought-induced losses in grain yield: sucrose maintains embryo growth in maize. *Crop Sci.*, 35, 1390. doi: 10.2135/cropsci1995.0011183X003500050022x.

Brassinosteroide Modula Pigmentos Foliares Na Aclimatação De Mudas De *Psidium*

Sydney Pereira Galvao[1], *Raudielle Ferreira dos Santos*[1], *Rachel Martins da Rocha Silva*[1], *Antonio Elison da Silva*[1], *Cláudia Sales Marinho*[1]

Filiação: [1]Laboratório de Fitotecnia do Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias – CCTA, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil.
sydneygalvaoagro@gmail.com, raudielle@outlook.com, rachelmartinsdarochasilva@gmail.com, elisonsilvacdp@gmail.com, claudia.marinho@uenf.br

RESUMO

A aclimatação é um período crítico na produção de mudas. A pulverização de brassinosteroide (BR) sobre plântulas pode ser um mitigador de estresse, e consequente, estímulo ao crescimento. Assim, o período da propagação de mudas poderia ser otimizado. O objetivo foi verificar o efeito de um análogo de brassinosteroide (BB-16) na fisiologia foliar durante mudança de ambiente, no processo de produção das mudas de *Psidum*. O experimento seguiu delineamento em blocos ao acaso em parcelas sub-subdivididas 2×5×5, no qual os fatores avaliados foram o tratamento com e sem BR, cinco genótipos, cinco semanas de aplicação e quatro repetições. O BR foi aplicado em cinco pulverizações sucessivas, uma por semana. Semanalmente mensuraram-se clorofila (CHL), flavonoides (FLAV), antocianinas (ANTH) e índice de balanço de nitrogênio (NBI) via Dualex®. Com o uso do BR houve índices de CHL e NBI consistentemente maiores e FLAV e ANTH menores; CHL e NBI tiveram pico entre terceira e quarta semana, ANTH decresceu, e FLAV sem BB-16 teve baixa explicação temporal. Conclui-se que o BB-16 reduz estresse e eleva a capacidade assimilatória de CO_2, podendo acelerar o crescimento com redução do tempo de viveiro e ganhos de sustentabilidade pelo menor uso de recursos.
Palavras-chave: Porta-enxertos; Propagação; Fisiologia da produção.

INTRODUÇÃO

A goiabeira é uma frutífera de destaque do gênero *Psidium*, com a Índia como maior produtora mundial e participação relevante de Brasil, China e Indonésia (Altendorf, 2018); no Brasil, Sudeste e Nordeste concentram a produção, liderada por Pernambuco e São Paulo, embora haja cultivo em todas as regiões (IBGE, 2024). A expansão da cultura é dificultada por um complexo fitossanitário em que o fitonematoide *Meloidogyne enterolobii* predispõe as raízes ao parasitismo por *Neocosmospora falciformis*, dizimando pomares (Gomes et al., 2017). Como não há relatos de resistência a *M. enterolobii* em cultivares de goiabeira (Biazatti et al., 2016), a pesquisa tem buscado porta-enxertos resistentes em outras espécies de *Psidium* (araçazeiros) estratégia que favorece a sustentabilidade do sistema. Para aumentar a eficiência na produção de mudas enxertadas sobre porta-enxertos clonais, bioreguladores de crescimento, como

brassinosteroides, vêm sendo empregados com sucesso na aclimatação de mudas de híbridos de *Psidium* após o enraizamento (Arantes et al., 2021).

Os BRs, abreviação para brassinosteroides, são um grupo de hormônios esteroides que ocorrem naturalmente em plantas em todo o reino vegetal. Esses compostos têm um efeito biológico distinto no crescimento e desenvolvimento das plantas (Trevisan et al., 2020; Mao et al., 2017).

Os BRs têm demonstrado eficácia em promover a aclimatação em diversas espécies de árvores frutíferas. O efeito positivo dos BRs na aclimatação dessas plantas pode ser atribuído à sua capacidade de modular diversos processos fisiológicos, como o crescimento radicular, a absorção de nutrientes, a regulação da transpiração e a adaptação aos estresses ambientais. Esses efeitos são importantes para a sobrevivência e produção de plantas frutíferas em ambientes com condições adversas (Gomes et al., 2018). Observa-se, por meio de análise visual, que a aplicação de BRs resulta em diversos efeitos benéficos no crescimento e desenvolvimento das plantas (Baghel et al., 2019).

No entanto, é importante ressaltar que o efeito dos BRs na planta é influenciado por diversos fatores. Estudos têm mostrado que o efeito dos BRs é dependente da fase de crescimento da planta (Freitas et al., 2015), da concentração em que é aplicado (Freitas et al., 2012) e da presença ou ausência de estresse ambiental (Tanveer et al., 2019), além dos genótipos utilizados. Esses fatores devem ser levados em consideração ao utilizar BRs como reguladores vegetais para promover a adaptação de plantas em diferentes ambientes. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi verificar o efeito do Biobras-16 (um análogo de brassinosteroide) na síntese de pigmentos foliares de híbridos de *Psidum* durante a fase de aclimatação de mudas em cultivo protegido.

METODOLOGIA

O experimento foi conduzido em Delineamento de Blocos Casualizados em parcelas sub-subdivididas, 2x5x5, com quatro repetições e três plantas por parcela, em que, com e sem aplicação de BB-16 formaram as parcelas, os cinco genótipos as subparcelas e o tempo (cinco semanas avaliadas) as sub-subparcelas.

Foram selecionados quatro genótipos híbridos de *Psidium* (*P. guajava x P. cattleianum*) mais a cultivar Paluma para que fossem individualmente clonados. O protocolo seguido para produção das mudas por miniestaquia foi descrito em Arantes el al. (2021). As miniestacas foram preparadas com dois pares de folhas, das quais o par basal foi retirado e no outro par o limbo foi cortado à metade. As estacas foram inseridas em tubetes de 280 cm^3 contendo substrato comercial Basaplant®, e a seguir conduzidas à câmara de nebulização (Timer de 15 s de aspersão em intervalos de 10 minutos, vazão de 7 L h^{-1}, sob pressão de 4,0 kgf cm^{-2}), aonde permaneceram por 60 dias. Após o período de enraizamento, foi realizada a aclimatação das miniestacas. Para isso, retirou-se o material da câmara e este foi conduzido a uma área em casa de vegetação, envolta com um Sombrite® (70%). Todas as mudas foram irrigadas duas vezes ao dia (manhã e tarde) de acordo com a temperatura do ar, umidade, tamanho das mudas, verificando necessidades de ajustes, periodicamente.

Durantes esse período de aclimatação, foi feita a aplicação do análogo de brassinosteroide, Biobrás-16 (BB-16), preparando-se 250 mL de solução na concentração de 0,3 mg L^{-1} do BB-16. As plantas pertencentes ao mesmo tratamento

foram transferidas para bandejas previamente identificadas e afastadas, para evitar o contato com as demais plantas no momento da aplicação. Nos tratamentos da parcela sem o BB-16, aplicou-se uma solução com água deionizada. No mesmo dia em que as plantas foram transferidas para aclimatação, foi realizada a primeira pulverização com a solução de BB-16. As aplicações de BB-16 ocorreram a cada 7 dias, durante um mês, totalizando 5 aplicações. Todas as aplicações foram feitas no final da tarde.

Para caracterizar a condição fisiológica das plantas, avaliou-se os índices de pigmentos foliares. As mensurações foram realizadas semanalmente, logo após a segunda aplicação do BB-16, e foram quantificados os índices de clorofila (CHL), flavonoides (FLAV) e antocianinas (ANTH), bem como o índice de balanço de nitrogênio (NBI), no terço médio da primeira folha completamente expandida, com o medidor portátil Dualex® (FORCE-A, Orsay, França).

Todos os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA). Quando identificadas diferenças significativas, as médias foram comparadas pelo teste de Tukey (5%). Os índices de pigmentos foliares, obtidos em múltiplos pontos no tempo, foram analisados em delineamento de parcelas sub-subdivididas no tempo. Na ausência de interação, as inferências se basearam nos efeitos principais; quando o efeito de tempo foi significativo, ajustaram-se modelos de regressão ao longo das semanas, selecionados conforme a significância dos coeficientes. As análises foram realizadas utilizando o software R.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A ANOVA indicou efeito significativo principal dos fatores A e C, sem interação A×C. Assim, as diferenças entre os níveis de Biobrás-16 são consistentes em todas as semanas (não há evidência de que o produto mude o formato temporal da resposta), e a tendência ao longo do tempo é comum aos tratamentos (figura 1).

Ao longo do tempo, o índice teor de clorofila obteve um incremento, atingindo seu valor máximo por volta da terceira à quarta semana, seguido por uma leve queda. O tratamento com Biobrás-16 exibiu valores consistentemente superiores em comparação ao tratamento testemunha, especialmente durante o pico observado. As curvas foram ajustadas e foram escolhidas as que se adequaram melhor em modelos quadráticos (figura 1a).

Para os flavonoides, o fator tempo também se mostrou significativo, e seu desdobramento indicou uma resposta contrastante entre o uso do BB-16 e testemunha sendo obtida uma curva, que se ajustou bem ao modelo quadrático, enquanto sem o uso, obteve-se uma variação mínima ao longo do tempo, o coeficiente de determinação (R^2) indica que o modelo não explicou a variação observada (figura 1b).

No caso das antocianinas, foi observado um declínio ao longo das semanas em ambos os tratamentos. O ajuste dentro de cada tratamento seguiu a significância do fator tempo, resultando em uma tendência predominantemente decrescente, representada por modelos quadráticos suaves (figura 1c).

Quanto ao Índice de Balanço de Nitrogênio (NBI), houve um aumento até aproximadamente a quarta semana, seguido por uma leve redução. O tratamento com Biobrás-16 manteve um NBI consistentemente maior ao longo de todo o período experimental. Os ajustes realizados foram quadráticos sempre que o termo do fator tempo se mostrou significativo no desdobramento (figura 1d).

Como não houve interação tratamento × tempo, as diferenças entre os tratamentos foram constantes ao longo das semanas: com Biobrás-16, clorofila e NBI foram maiores em todas as avaliações, enquanto flavonoides e antocianinas foram menores; além disso, a tendência temporal (picos e variações) permaneceu a mesma nas duas parcelas. O conjunto de respostas é fisiologicamente coerente com o papel dos brassinosteroides: clorofila e NBI mais altos sugerem melhor aparato fotossintético e estado nitrogenado (Cerovic et al., 2012), enquanto flavonoides e antocianinas mais baixos indicam menor investimento em fenólicos associados à fotoproteção/estresse (Gould et al., 2004; Agati, et al., 2013).

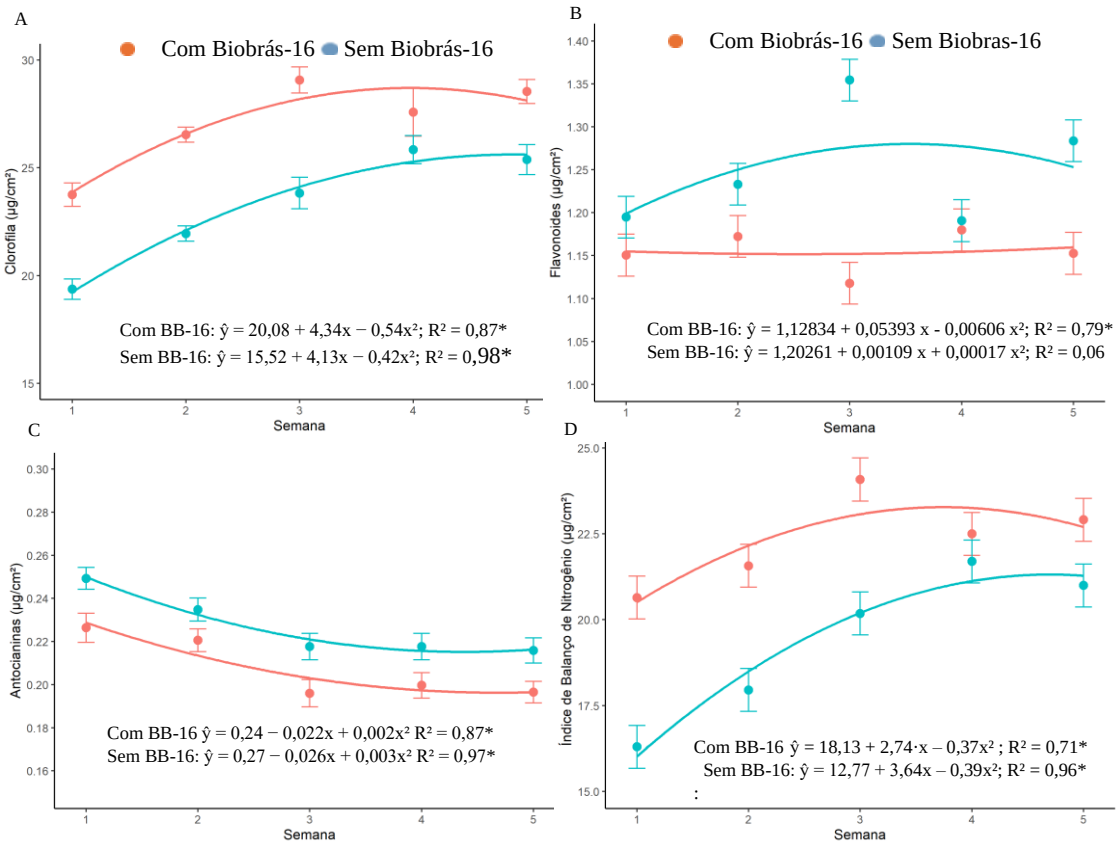


Figura 1. Dinâmica temporal dos pigmentos foliares e em genótipos de *Psidium* avaliados com e sem aplicação de BioBrás-16. (A) Clorofila (µg cm⁻²); (B) Flavonoides (µg cm⁻²); (C) Antocianinas (µg cm⁻²); (D) Índice de Balanço de Nitrogênio – NBI, ao longo de cinco semanas. Os símbolos representam média ± erro-padrão, e as linhas indicam tendências de regressão ao longo do tempo.

Do ponto de vista agronômico, quando o objetivo é aumentar o vigor fotossintético e melhorar o estado de nitrogênio, o uso de Biobrás-16 é indicado. Seu uso também tende a reduzir compostos fenólicos. Como não houve interação tratamento × tempo, o período de melhor desempenho (3ª–4ª semana) foi o mesmo nos dois tratamentos: o Biobrás-16 eleva os valores, mas não altera o momento do pico.

Em frutíferas, evidências apontam de forma consistente para ganhos fisiológicos com uso de brassinosteroides: em videira, a aplicação exógena de 24-epibrassinolídeo (EBR) sob baixa temperatura elevou os pigmentos fotossintéticos e intensificou a fotossíntese, atenuando o dano por frio, e o aumento de pigmentos quando o EBR é associado à nutrição com selênio, reforçando o efeito sobre o aparato fotossintético (Dong et al., 2025); em morango, o EBR melhorou e manteve a taxa de fotossíntese em condições adversas, havendo também relatos de promoção de crescimento e qualidade com BB-16 em cultivo (Furio et al., 2022); em bananeira, pulverizações foliares com EBR (≈ 30 mg·L^{-1}) sob seca elevaram o desempenho fisiológico e a produtividade, com proteção do cloroplasto e melhoria de indicadores ligados à fotossíntese (Helaly et al., 2022). Em goiabeira, aplicações de BB-16 durante a aclimatação de mudas do híbrido BRS Guaraçá aceleraram o crescimento aéreo e radicular e reduziram o tempo de produção, com melhor resposta entre 0,3–0,6 mg·L^{-1} (Arantes et al., 2021). Em conjunto, esses resultados corroboram que os BRs preservam/expandem o maquinário fotossintético e reduzem a necessidade de fenólicos de estresse, em concordância com os achados deste estudo (CHL e NBI mais altos e FLAV e ANTH mais baixos).

CONCLUSÃO

A aplicação de Biobrás-16 durante a aclimatação de mudas de *Psidium* elevou CHL e NBI e reduziu FLAV e ANTH, sinalizando menor estresse e maior capacidade fotossintética. o efeito foi constante ao longo do tempo, com pico entre terceira e quarta semana. Isso pode favorecer crescimento mais rápido e redução do tempo de viveiro, o que promove sustentabilidade ao diminuir o uso recursos e mão de obra, além de otimizar o manejo de insumos, resultando em menor impacto ambiental por ciclo produtivo.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: FAPERJ

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS (Não há limite de palavras)

AGATI, G.; BRUNETTI, C.; DI FERDINANDO, M.; FERRINI, F.; POLLASTRI, S.; TATTINI, M. Functional roles of flavonoids in photoprotection: new evidence, lessons from the past. *Plant Physiology and Biochemistry*, v. 72, p. 35–45, 2013.

ALTENDORF, S. Minor tropical fruits. *Food Outlook*. Roma: FAO, 2018. p. 67–75. Disponível em: http://www.fao.org/fileadmin/templates/est/COMM_MARKETS_MONITORING/Tropical_Fruits/Documents/Minor_Tropical_Fruits_FoodOutlook_1_2018.pdf. Acesso em: 11 jul. 2025.

ARANTES, M. B. S.; MARINHO, C. S.; GOMES, M. M. A.; SANTOS, R. F.; GALVÃO, S. P.; VAZ, G. P. Brassinosteroid accelerates the growth of *Psidium* hybrid during acclimatization of seedlings obtained from minicuttings. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v. 50, e64743, 2021.

BAGHEL, M.; NAGARAJA, A.; SRIVASTAV, M.; MEENA, N. K.; KUMAR, M. S.; KUMAR, A.; SHARMA, R. R. Pleiotropic influences of brassinosteroids on fruit crops: a review. *Plant Growth Regulation*, v. 87, n. 2, p. 375–388, 2019.

BIAZATTI, M. A.; SOUZA, R. M.; MARINHO, C. S.; GUILHERME, D. O.; CAMPOS, G. S.; GOMES, V. M.; BREMENKAMP, C. A. Resistência de genótipos de araçazeiros a *Meloidogyne enterolobii*. *Ciência Rural*, v. 46, n. 3, p. 418–420, 2016.

CEROVIC, Z. G.; MASDOUMIER, G.; GHOZLEN, N. B.; LATOUCHE, G. A new optical leaf-clip meter for simultaneous non-destructive assessment of leaf chlorophyll and epidermal flavonoids. *Physiologia Plantarum*, v. 146, n. 3, p. 251–260, 2012.

DONG, F.; LI, X.; LIU, C.; ZHAO, B.; MA, Y.; JI, W. Exogenous 24-epibrassinolide mitigates damage in grape seedlings under low-temperature stress. *Frontiers in Plant Science*, v. 16, art. 1487680, 2025.

FREITAS, J. A. A.; MARINHO, C. S.; FREITAS, I. L. J.; SANTOS, P. C.; SILVA, M. P. S.; CARVALHO, A. J. C. Brassinosteroide e fungo micorrízico arbuscular na produção do porta-enxerto tangerineira 'Cleópatra'. *Agrária*, v. 10, n. 1, p. 54–59, 2015.

FREITAS, S. J.; SANTOS, P. C.; CARVALHO, A. J. C.; BERILLI, S. S.; GOMES, M. M. A. Brassinosteroide e adubação nitrogenada no crescimento e estado nutricional de mudas de abacaxizeiro provenientes do seccionamento de caule. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 34, n. 2, p. 612–618, 2012.

FURIO, R. N.; SALAZAR, S. M.; MARIOTTI-MARTÍNEZ, J. A.; MARTÍNEZ-ZAMORA, G. M.; COLL, Y.; DÍAZ-RICCI, J. C. Brassinosteroid applications enhance the tolerance to abiotic stresses, production and quality of strawberry fruits. *Horticulturae*, v. 8, n. 7, art. 572, 2022.

GOMES, M. M. A.; PINHEIRO, D. T.; BRESSAN-SMITH, R.; CAMPOSTRINI, E. Exogenous brassinosteroid application delays senescence and promotes hyponasty in *Carica papaya* L. leaves. *Theoretical and Experimental Plant Physiology*, v. 30, n. 3, p. 193–201, 2018.

GOMES, V. M.; RIBEIRO, R. M.; VIANA, A. P.; et al. Herança de resistência a *Meloidogyne enterolobii* e seleção individual em populações segregantes de *Psidium* spp. *European Journal of Plant Pathology*, v. 148, p. 699–708, 2017.

HELALY, M. N.; EL-HOSEINY, H. M.; ELSHEERY, N. I.; KALAJI, H. M.; DE LOS SANTOS-VILLALOBOS, S.; WRÓBEL, J.; ALAM-ELDEIN, S. M. 5-Aminolevulinic acid and 24-epibrassinolide improve the drought stress resilience and productivity of banana plants. *Plants*, v. 11, n. 6, art. 743, 2022.

IBGE. Área destinada à colheita, área colhida, quantidade produzida e valor da produção da lavoura permanente. 2023. Disponível em: https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado. Acesso em: 11 jul. 2025.

MAO, J.; ZHANG, D.; LI, K.; LIU, Z.; LIU, X.; SONG, C.; LI, G.; ZHAO, C.; MA, J.; HAN, M. Effect of exogenous brassinolide (BR) application on the morphology, hormone status, and gene expression of developing lateral roots in *Malus hupehensis*. *Plant Growth Regulation*, v. 82, n. 3, p. 391, 2017.

TANVEER, M.; SHAHZAD, B.; SHARMA, A.; KHAN, E. A. 24-Epibrassinolide application in plants: an implication for improving drought stress tolerance in plants. *Plant Physiology and Biochemistry*, v. 135, p. 295–303, 2019.

TREVISAN, S.; FORESTAN, C.; BROJANIGO, S.; QUAGGIOTTI, S.; VAROTTO, S. Brassinosteroid application affects the growth and gravitropic response of maize by regulating gene expression in the roots, shoots and leaves. *Plant Growth Regulation*, v. 92, p. 117–130, 2020.

Do geral ao individual": Diversidade genética de *Trichoderma* por meio de um guia molecular econômico

Lucas Batista Rocha[1], *Maria Beatriz Barbosa de Barros Barreto*[1], *Francisco Adriano de Souza*[2]

Filiação: [1] - Laboratório Integrado de Ficologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil; e-mail: lrocha1996@gmail.com
[2] - Laboratório de Ecologia Microbiana, EMBRAPA Milho e Sorgo, Sete Lagoas, Minas Gerais, Brasil.

RESUMO

A busca por abordagens biológicas, em prol de boas práticas agrícolas face aos agroquímicos, tem sido objeto de estudo para formular novos insumos biológicos à base de microrganismos. Dentre eles, fungos do gênero *Trichoderma* têm ganhado destaque nos últimos anos, visto seu potencial no controle biológico de fitopatógenos e na potencial promoção de crescimento vegetal. Entretanto, seu uso demanda a adequada identificação, pois o uso incorreto de espécies pode levar a efeitos indesejados. Guias propondo o uso de diversos marcadores moleculares permitem identificar este fungo, contudo o processo pode ter custo elevado, frente à proporção de isolados e marcadores utilizados. Este trabalho visa, através de *DNA Fingerprint* e sequenciamento de poucos alvos moleculares, propor um modelo econômico e eficiente para identificar múltiplos isolados desse fungo. Para isso, foram realizadas técnicas de ISSR-PCR desses isolados, agrupamento com base no perfil de bandas, e sequenciamento das regiões ITS-LSU de representantes dos grupos. Nossos resultados verificaram a presença de quatro grandes grupos em 24 isolados analisados, sendo observado um clado respectivo a cada um destes. Dessa forma, estes resultados conseguem com eficiência propor um modelo prático e eficiente, isento do sequenciamento de múltiplos marcadores moleculares e com potencial para identificar diversas estirpes.

Palavras-chave: Agricultura; Diversidade; Filogenia

INTRODUÇÃO

A mudança do uso de produtos químicos para produtos biológicos tem sido um desafio emergente, em prol de preservação do meio ambiente e melhoria na produtividade sustentável. Para contribuir com tal demanda, pesquisadores e iniciativas buscam o fomento do desenvolvimento de ferramentas biotecnológicas de modo a permitir o preparo de insumos ecologicamente sustentáveis e de boa produtividade ao setor agrícola. Tais práticas podem ser observadas em todas as partes do mundo, como uma resposta positiva aos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável.

O preparo de insumos biológicos em geral consiste no uso de microrganismos benéficos aos cultivares, de modo a promover uma melhor qualidade de vida para a

planta, seja através de um controle biológico de fitopatógenos, seja na promoção do crescimento vegetal da planta à qual o microrganismo interage. Nesse sentido, fungos do gênero *Trichoderma* têm se mostrado um grande contribuinte à planta. Sua propriedade de atacar outros fungos fitopatogênicos por micoparasitismo e seu potencial na solubilização de nutrientes com potencial liberação de metabólitos secundários para a planta fazem deste fungo um agente de controle biológico e possível promotor de crescimento vegetal

Trichoderma é um fungo de natureza cosmopolita e, consequentemente, tem uma variabilidade genética muito ampla, de modo que o seu uso na agricultura demanda uma identificação precisa desse fungo, pois o uso de uma espécie deste fungo para uma finalidade diferente da proposta pode levar à efeitos indesejados ou ineficientes nos cultivares. Existem guias que propõem a identificação desses fungos, com base no sequenciamento de diferentes marcadores moleculares e montagem de árvores filogenéticas para a identificação destes. Neste caso, seu custo pode ser elevado quando proposto a ser utilizado em larga escala, a depender da quantidade de marcadores moleculares utilizados. Diversos trabalhos na proposta de identificação de isolados e descoberta de novas espécies utilizam 3 a 5 marcadores diferentes para múltiplos isolados, mesmo alguns se referindo à mesma espécie. A proposta deste trabalho é utilizar a técnica molecular de *DNA fingerprint* para o mapeamento de múltiplos isolados com base nos seus perfis genéticos e, mediante sequenciamento de poucos indivíduos representativos, propor um modelo de identificação de múltiplos isolados desse fungo de custo otimizado e eficiente. Ao invés de sequenciar cada um dos isolados para identificá-los, o objetivo é verificar padrões moleculares e, com base nesses padrões, fazer a identificação de múltiplas estirpes mediante o sequenciamento de poucos representantes destes isolados.

METODOLOGIA

DNAs de isolados de *Trichoderma* foram obtidos a partir de culturas de *Trichoderma* pelos nossos colaboradores do Laboratório de Ecologia Microbiana, EMBRAPA Milho e Sorgo, Minas Gerais, Brasil, e ressuspensos em tampão Tris-EDTA (TE). Para análise de *DNA Fingerprint*, reações de PCR utilizando primer GTG_5 (5'-GTGGTGGTGGTGGTG - 3') para amplificação de regiões microssatélite, a partir de uma concentração de 50ng de DNA para um volume final de reação de 20µl, foram realizadas por meio do protocolo de amplificação kit GoTaq® DNA Polymerase Protocol, seguindo as instruções do fabricante. Os amplicons foram submetidos à uma corrida em eletroforese com agarose 1.5%, incubado em Gel-RED para coloração e revelado com o transiluminador DNR-Bioimaging Systems, com o software GelCapture para aquisição das imagens. As bandas foram registradas manualmente em uma matriz de dados mediante o posicionamento das bandas e a matriz de dados foi submetida à uma análise de similaridade de Jaccard/Tanimoto, extraído a partir da biblioteca Vegan do software R, para avaliação de proximidade entre os perfis de banda dos diferentes isolados, por meio da montagem de um dendrograma representativo dos isolados.

Após o agrupamento desses isolados, representantes de cada subgrupo foram selecionados para sequenciamento da região ITS-LSU. Para este sequenciamento, PCR utilizando o mesmo protocolo descrito anteriormente, com as seguintes alterações: concentração de 50ng de DNA para um volume final de 25µl de reação, primers

utilizados foram o ITS1F (5'- CTTGGTCATTTAGAGGAAGTAA - 3') e NDL22 (5'- TGGTCCGTGTTTCAAGACG - 3'). Os amplicons foram submetidos ao mesmo procedimento de corrida, incubação e revelação descritos anteriormente, com a alteração da agarose utilizada estar a 1%. Estes amplicons foram purificados utilizando o protocolo PEG/NaCl (Paithankar and Prasad, 1991), quantificados e, para cada primer, alíquotas contendo 10-40ng de amplicon e 3.2pmol de primer foram preparadas e entregues à Plataforma de Sequenciamento de DNA (PSEQDNA) da Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ) para a obtenção das sequências. Sequências foram montadas utilizando o software Sequencher - Gene Codes Corporation, para a obtenção das sequências consensos, e estas por sua vez foram analisadas via BLAST na plataforma GenBank, para análise de similaridade com as sequências disponíveis no banco de dados.

Após a análise inicial via BLAST das sequências, foi feito um alinhamento das sequências com outras sequências extraídas do banco de dados GenBank para regiões respectivas ao ITS-LSU. As sequências do trabalho e as obtidas no banco de dados foram alinhadas através da plataforma Mafft v7 e uma árvore filogenética utilizando o método de máxima verossimilhança foi gerada para a avaliação das sequências e comparação dos agrupamentos observados no dendrograma inicial com os clados obtidos na árvore. A análise de máxima verossimilhança e a projeção da árvore filogenética foi feita através do software MEGA11.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram analisados ao todo 24 isolados de fungos do gênero *Trichoderma*, por meio dos perfis de banda através da amplificação de regiões microssatélite no DNA destes isolados. A utilização de agarose a 1,5% para revelação destes amplicons é importante neste contexto por permitir uma melhor resolução na separação de bandas e, com isso, uma melhor definição de bandas únicas ou múltiplas presentes em uma porção do gel. As reações de PCR para *DNA Fingerprint* foram feitas em duplicata para evitar variabilidade intraespecífica entre os isolados. A partir destes géis, foram analisadas manualmente o perfil de bandas deste conjunto de DNA, utilizando o marcador de peso molecular presente no gel como referência para a determinação do posicionamento da banda, para a geração de uma matriz de dados. Esta matriz foi analisada pelo índice de Jaccard/Tanimoto, ferramenta estatística que permite o estudo da diversidade de estados de caráter (EC). com base na comparação de um estado de caráter em relação ao somatório de estados diferentes [I = A/(A+B+C), onde I é o índice; A, B e C são estados de caráter diferentes]. Neste trabalho, EC se refere às posições de bandas de amplificação distintas entre os isolados. Por tratar os EC de forma equivalente, diferenças mais intensas entre eles tem um peso maior, logo a divisão tende a ter maior penalidade frente às possíveis similaridades. O índice de Jaccard/Tanimoto analisou 26 ECs presentes na matriz de dados. Foram obtidos quatro grandes grupos, com 13 subdivisões em cada um destes grupos (Figura 1).

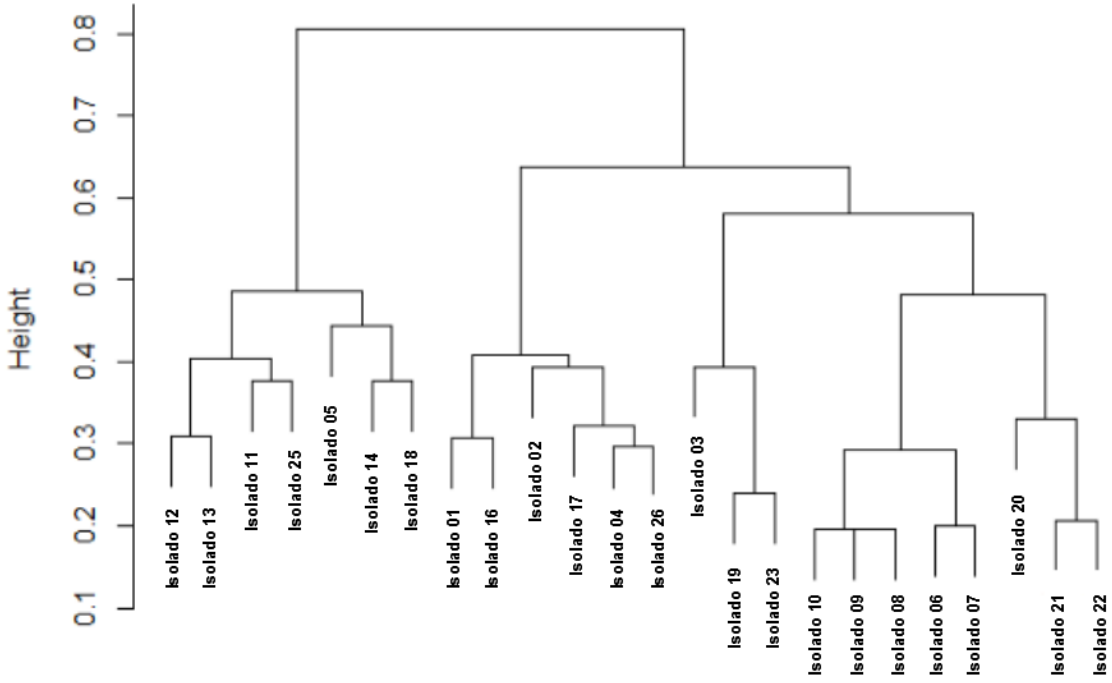


Figura 1: Dendrograma referente ao *DNA Fingerprint* dos isolados de *Trichoderma* analisados no trabalho através do índice de similaridade de Jaccard/Tanimoto.

Dentre os 24 indivíduos analisados, 15 representantes nas subdivisões dos quatro grandes foram escolhidos para serem submetidos às análises de sequenciamento da região referente ao espaçador interno transcrito (Internal Transcribed Spacer - ITS) junto às subunidades D1 e D2 da subunidade maior do ribossomo (Large SubUnit - LSU), neste trabalho referenciado como região ITS-LSU. Segundo Cai & Druzhinina, 2021, em um dos principais guias para identificação deste fungo, com o uso do marcador molecular ITS, é necessário uma identificação inicial com 76% de similaridade, por conta da resolução deste marcador para identificação de *Trichoderma* ser questionável. Neste trabalho, utilizando um marcador duplo ITS-LSU, todas as nossas sequências apresentaram um grau de similaridade de 99% à uma cobertura de 97 a 100% entre a sequência input e o banco de dados, sugerindo uma identidade dos nossos isolados consistente com as espécies registradas no GenBank. Os 15 representantes sequenciados agruparam-se em quatro espécies diferentes e, consistente com o dendrograma observado por ISSR, esses representantes se organizam próximos na divisão de quatro grandes grupos observados. Dos 15 indivíduos sequenciados, 6 deles foram identificados como *T. asperelloides*, 4 foram identificados como *T .longibrachiatum*, 4 foram identificados como *T. afroharzianum* e 1 indivíduo foi identificado como *T. harzianum* (Tabela 1).

Tabela 1: Lista de isolados selecionados para sequenciamento das regiões ITS-LSU

Isolado	BLAST	Espécie	Similaridade (%)	Cobertura (%)
01	OM515078.1	T. longibrachiatum CEN1281	99,32	99
02	PP336466.1	T. longibrachiatum MK1	99,75	100
03	OM515031.1	T. asperelloides CEN162	99,82	97
04	PP336466.1	T. longibrachiatum MK1	99,58	99
07	OM515031.1	T. asperelloides CEN162	99,74	99
11	OM515011.1	T. afroharzianum CEN155	99,24	99
12	OM515018.1	T. afroharzianum CEN281	99,25	100
13	OM515018.1	T. afroharzianum CEN281	99,92	98
18	MH266422.1	T. harzianum M108	99,66	99
19	OM515031.1	T. asperelloides CEN162	99,65	99
20	OM515031.1	T. asperelloides CEN162	99,66	100
22	OM515031.1	T. asperelloides CEN162	99,83	98
23	OM515031.1	T. asperelloides CEN162	99,74	99
25	OM515011.1	T. afroharzianum CEN155	99,91	99
26	PP336466.1	T. longibrachiatum MK1	99,91	97

Nossos dados foram alinhados com um total de 100 sequências para avaliar a identificação dos isolados frente a uma diversidade de espécies de *Trichoderma* e observar a distribuição obtida no dendrograma via *DNA Fingerprint* se reflete em um alinhamento de múltiplas sequências de *Trichoderma*. Para isso, as sequências foram submetidas a uma análise de máxima verossimilhança e uma árvore foi projetada para comparação entre as sequências dos isolados e suas distribuições no dendrograma. De acordo com a árvore gerada, os isolados foram agrupados em clados consistentes e próximos, e consistente com o padrão de distribuição desses isolados visto no dendrograma feito via *DNA Fingerprint* (Figura 2) e na árvore gerada, esses isolados se agrupam em quatro clados: clado afroharzianum, clado harzianum, clado longibrachiatum e clado asperelloides.

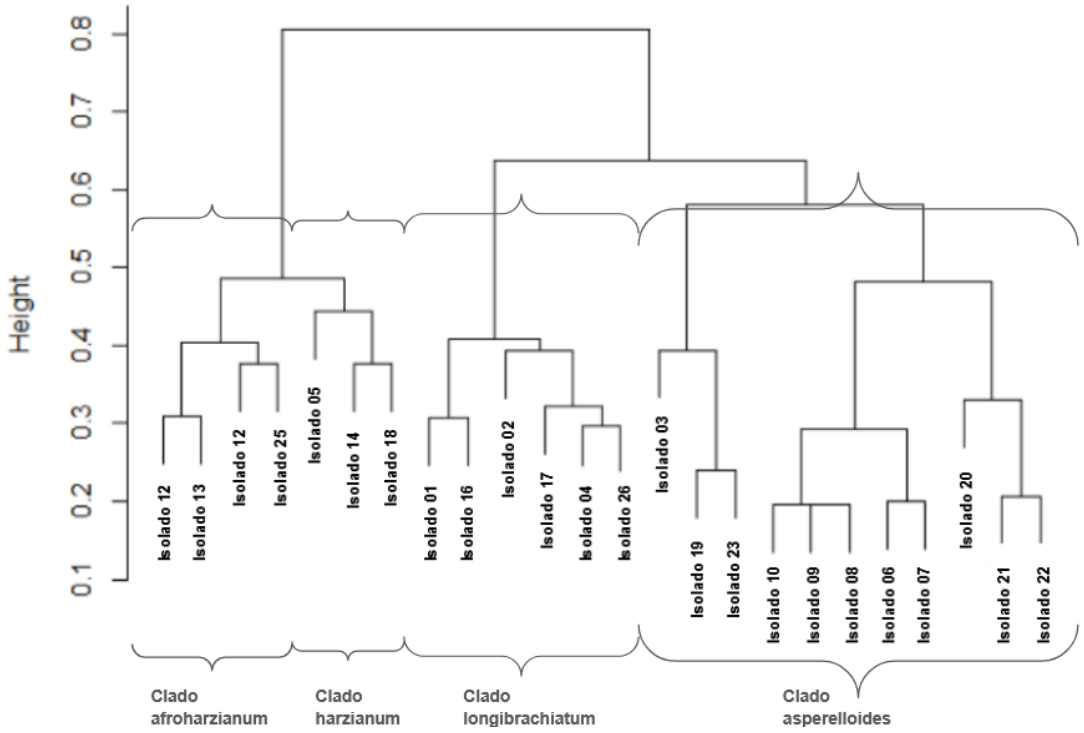


Figura 2: Dendrograma pós relação dos isolados sequenciados e seus grupamentos, em clados afroharzianum, harzianum, longibrachiatum e asperelloides, após análise de sequenciamento desses isolados pelas regiões ITS-LSU comparado com as suas distribuições na árvore de máxima verossimilhança.

CONCLUSÃO

Por meio deste trabalho, nós conseguimos propor um modelo eficiente e econômico na identificação de múltiplos isolados de *Trichoderma*, através da utilização da técnica de *DNA Fingerprint* para a varredura de múltiplos isolados com padrões genéticos próximos e a seleção de poucos representantes para a identificação desses grandes grupos. Não obstante, este trabalho também permitiu, por meio deste modelo, através do uso de uma única análise de sequenciamento utilizando um marcador duplo, propor a identificação de isolados com consistência na identidade e cobertura entre as sequências.

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Ensino Superior (CAPES) e à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) pelo fomento e provisão de recursos para a execução dos experimentos apresentados e resultados obtidos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS:

Abreu, L.M., Pfenning, L. H. O gênero *Trichoderma*. In: *Trichoderma*: uso na agricultura / Maurício Conrado Meyer... [et al.], editores técnicos. – Brasília, DF : Embrapa, 2019. 538 P.

Bajusz, D., Rácz, A. & Héberger, K. Why is Tanimoto index an appropriate choice for fingerprint-based similarity calculations?. *J Cheminform* **7**, 20 (2015). https://doi.org/10.1186/s13321-015-0069-3

Bettiol, W., Silva, J.C., Castro, M.L.M.P. Uso atual e perspectivas do *Trichoderma* no Brasil. In: Trichoderma: uso na agricultura / Maurício Conrado Meyer... [et al.], editores técnicos. – Brasília, DF : Embrapa, 2019. 538 p

https://doi.org/10.1007/s13225-020-00464-4

Cai, F., Druzhinina, I.S., 2021. In honor of John Bissett: authoritative guidelines on molecular identification of Trichoderma. Fungal Divers. 107, 1–69. https://doi.org/10.1007/s13225-020-00464-4

Capinera JL (2008) Encyclopedia of Entomology, 2nd edn. Springer, Dordrecht

https://doi.org/10.1038/s41598-018-20887-z

Druzhinina, I.S., Seidl-Seiboth, V., Herrera-Estrella, A., Horwitz, B.A., Kenerley, C.M., Monte, E., Mukherjee, P.K., Zeilinger, S., Grigoriev, I.V., Kubicek, C.P., 2011. Trichoderma: the genomics of opportunistic success. Nat. Rev. Microbiol. 9, 749–759. https://doi.org/10.1038/nrmicro2637

Elnahal, A.S.M., El-Saadony, M.T., Saad, A.M., Desoky, E.-S.M., El-Tahan, A.M., Rady, M.M., AbuQamar, S.F., El-Tarabily, K.A., 2022. The use of microbial inoculants for biological control, plant growth promotion, and sustainable agriculture: A review. Eur. J. Plant Pathol. 162, 759–792. https://doi.org/10.1007/s10658-021-02393-7

Gravel, V., Antoun, H., Tweddell, R.J., 2007. Growth stimulation and fruit yield improvement of greenhouse tomato plants by inoculation with *Pseudomonas putida* or *Trichoderma atroviride*: Possible role of indole acetic acid (IAA). Soil Biol. Biochem. 39, 1968–1977. https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2007.02.015

Hassan, M.M., Farid, M.A. & Gaber, A. Rapid identification of *Trichoderma koningiopsis* and *Trichoderma longibrachiatum* using sequence-characterized amplified region markers. *Egypt J Biol Pest Control* **29**, 13 (2019). https://doi.org/10.1186/s41938-019-0113-0

Hewedy OA, Abdel-Lateif KS, Bakr RA. Genetic diversity and biocontrol efficacy of indigenous Trichoderma isolates against Fusarium wilt of pepper. J Basic Microbiol. 2020 Feb;60(2):126-135. doi: 10.1002/jobm.201900493. Epub 2019 Dec 16. PMID: 31840846.

HE, A., LIU, J., WANG, X., ZHANG, Q., SONG, W., CHEN, J., 2019. Soil application of Trichoderma asperellum GDFS1009 granules promotes growth and resistance to Fusarium graminearum in maize. J. Integr. Agric. 18, 599–606. https://doi.org/10.1016/S2095-3119(18)62089-1

Jana Trifinopoulos, Lam-Tung Nguyen, Arndt von Haeseler, Bui Quang Minh, W-IQ-TREE: a fast online phylogenetic tool for maximum likelihood analysis, *Nucleic Acids Research*, Volume 44, Issue W1, 8 July 2016, Pages W232–W235,

https://doi.org/10.1093/nar/gkw256
Machado, D.F.M., Parzianello, F.R., Silva, A.C.F. da, Antoniolli, Z.I., 2012. Trichoderma no Brasil: o fungo e o bioagente. Rev. Ciênc. Agrár. 35, 274–288. https://doi.org/10.19084/rca.16182
Mazrou, Y.S.A., Makhlouf, A.H., Elseehy, M.M., Awad, M.F., Hassan, M.M., 2020. Antagonistic activity and molecular characterization of biological control agent Trichoderma harzianum from Saudi Arabia. Egypt. J. Biol. Pest Control 30, 4. https://doi.org/10.1186/s41938-020-0207-8
Peixoto, G.H.S., da Silva, R.A.F., Zacaroni, A.B., Silva, T.F., Chaverri, P., Pinho, D.B., de Mello, S.C.M., 2025. Trichoderma collection from Brazilian soil reveals a new species: T. cerradensis Sp. nov. Front. Microbiol. 16. https://doi.org/10.3389/fmicb.2025.1279142
White, T. J., T. Bruns, S. Lee, and J. W. Taylor *Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics*. Pp. 315-322 In: *PCR Protocols: A Guide to Methods and Applications*, eds. Innis, M. A., D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, and T. J. White. Academic Press, Inc., New York. (1990).

Análise GT Biplot de linhagens de feijão-vagem *(Phaseolus vulgaris L.)* submetidas à inoculação bacteriana

Anderson Cordeiro de Oliveira Peris [1], Gabriela Ribeiro Senna [2], Derivaldo Pureza Cruz [3], Geraldo de Amaral Gravina [4].

Filiação: Centro de ciências e tecnologia agropecuárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil; e-mail: andersoncordeiro59@gmail.com.

RESUMO

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris L.*), leguminosa de origem latino-americana, amplamente cultivado em diferentes regiões. O estudo avaliou efeitos da coinoculação com bactérias *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*, fornecidas pela Embrapa Agrobiologia, investigou-se correlações entre caracteres morfoagronômicos de 10 linhagens obtidas pelo PGGMP-UENF, derivadas do cruzamento da linhagem vagem amarela com UENF Goytacá (L6). O experimento foi conduzido em vasos, na casa de vegetação, seguindo recomendações técnicas. Avaliou-se: número de dias para emergência (NDE), altura de plantas (ALTP), número de dias para florescimento (NDIF), número de nódulos (NNOD), massa seca de raiz (MSRZ), número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV), peso de grãos por vagem (PGV), peso de grãos por planta (PGP) e comprimento de vagem (COMPV). A análise GT biplot, aplicada às linhagens, mostrou-se eficaz na compreensão da interação genótipo × características e na identificação de padrões de adaptação e estabilidade. Os primeiros componentes da avaliação "Ranking Environments" explicaram 56,6% da variação total, destacando PGP, PGV e NVP como variáveis de maior influência, e NDE, COMPV e ALTP como menos discriminantes. A formação de grupos correlacionados positiva e negativamente evidenciou o potencial para selecionar genótipos promissores e orientar programas de melhoramento sob coinoculação bacteriana.
Palavras-chave: sustentabilidade agrícola; simbiose rebobina; estabilidade fenotípica

INTRODUÇÃO

O feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris L.),* pertence à família Fabaceae, constitui uma mutação derivada do feijão comum, cultivada para consumo de suas vagens imaturas. Sendo uma planta de ciclo anual, herbácea e autógama, sua domesticação vem de mais de sete mil anos de seleção por mãos humanas de duas grandes regiões: a mesoamérica (méxico e América Central) e andina (América do Sul). A diferença entre as culturas está em que o feijão comum é voltado para produção de grãos secos, o feijão-vagem é cultivado é cultivado principalmente para consumo in natura, embora algumas cultivares sejam de dupla aptidão, ou seja, produção de grãos secos e vagens.(Bellucci et al; 2020).

O cultivo de feijão-vagem possui uma ampla diversidade e classificação, possuindo tipos diferentes de vagens e hábitos de crescimento. Vagens do tipo "manteiga" possuem cor amarelada, são macias e menor teor de fibras, achatadas, sendo consumidas em natura, já as vagens do tipo "macarrão" possuem cor esverdeadas, são cilíndricas e mais firmes. Já em relação ao tamanho, o feijão-vagem pode possuir porte indeterminado, podendo passar dos 2,5 metros de altura, nesse porte é necessário a aplicação do tutoramento e podem ter uma colheita maior e um aumento significativo na produtividade. As plantas de crescimento determinado possuem um ciclo mais curto, florescem uma única vez e permitem uma maior facilidade de mecanização, sendo uma ótima opção para produtores (Pereira et al; 2022).

O feijão-vagem apresenta ampla capacidade de adaptação a diferentes condições edafoclimáticas, embora demonstre melhor desempenho em solos bem drenados, sob temperaturas variando entre 18 °C e 30 °C e com elevada disponibilidade de luz, fatores que favorecem seu crescimento e desenvolvimento. Quando cultivado fora dessas condições ideais, a cultura pode apresentar redução no florescimento em climas mais quentes, bem como limitações no crescimento em regiões de clima excessivamente frio (Freitas et al., 2021). Do ponto de vista agronômico, destacam-se como características desejáveis a resistência a pragas e doenças, aliada à elevada produtividade, além da qualidade dos grãos e das vagens.

O feijão-vagem possui uma relevância socioeconômica no Brasil, principalmente por parte de pequenos produtores, estima-se que as regiões Sul e Sudeste possuem cerca de 75% da produção nacional, enquanto Nordeste e Centro-Oeste possuem cerca de 25%. Embora sua produção seja inferior à de outras hortaliças, a cultura vem recebendo espaço devido ao aumento da demanda por produtos ricos em fibras, vitaminas e minerais (Silva et al; 2023).

Muitos produtores possuem o hábito de cultivar o feijão-vagem usando quantidades de fertilizantes químicos que podem elevar os custos de produção, que em prática pode aumentar a produção, mas pode comprometer a sustentabilidade do solo. Desse ponto de vista, a ciência vem testando bactérias promotoras de crescimento vegetal (BPVs) para se tornarem uma boa alternativa biotecnologia promissora de cultivo, como *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense,* destacam-se pela capacidade de fixação biológica de nitrogênio (FBN), pelo estímulo ao crescimento radicular, pela maior absorção de nutrientes e pela indução de tolerância a estresses abióticos (Souza et al; 2022).

METODOLOGIA

Para o desenvolvimento da pesquisa, foram avaliadas dez linhagens da geração F6 de feijão-vagem, pertencentes à coleção de germoplasma de feijões especiais do Programa de Melhoramento Genético de Plantas da UENF. Essas linhagens foram obtidas por meio do método de seleção Single Seed Descent (SSD), com fixação e estabelecimento na geração F6. O cruzamento inicial envolveu uma linhagem de vagem amarela e a linhagem L7, com o objetivo de reunir características fenotípicas de interesse.

A inoculação das sementes foi realizada via coinoculação com as bactérias Bradyrhizobium elkanii e Azospirillum brasilense, cedidas pelo Centro de Recursos Biológicos Johanna Döbereiner/Embrapa Agrobiologia, localizado em Seropédica-RJ.

As sementes foram imersas na suspensão inoculante por aproximadamente um minuto antes da semeadura. O ensaio foi conduzido em casa de vegetação da Unidade de Apoio à Pesquisa (UAP/UENF), durante os meses de abril a julho dos anos de 2023 e 2024, período adequado ao cultivo da espécie. Utilizaram-se vasos com capacidade para 5 L, preenchidos com substrato Basaplant, dispostos em espaçamento de 1 m entre linhas e 0,5 m entre plantas. A irrigação foi realizada de forma automática diariamente, com acompanhamento manual pela equipe técnica.

Foram mensurados caracteres morfoagronômicos relacionados ao desenvolvimento e produtividade, incluindo: número de dias para emergência (NDE); altura de planta (ALTP, em metros); número de dias para florescimento (NDIF); número de nódulos (NNOD); massa seca de raízes (MSRZ, após secagem por 72 h em estufa a 60 °C); número de vagens por planta (NVP); número de grãos por vagem (NGV); peso de grãos por vagem (PGV); peso de grãos por planta (PGP) e comprimento de vagens (COMPV, em centímetros).

O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso, em esquema fatorial duplo (10 x 2), contemplando as dez linhagens e dois tratamentos (com e sem coinoculação), totalizando 60 unidades experimentais. Após a verificação da normalidade e da homogeneidade de variâncias, os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) individual, ajustada pelo seguinte modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + \beta_j + \varepsilon_{ijk}$$

em que: Y_{ijk}: efeito da variável dependente em função do iésimo genótipo no j érismo fator inoculação e na k-ésima repetição; a μ representa a média geral; Gi, o efeito da linhagem i; βj, o efeito do tratamento bacteriano j; e Ɛijk, o erro experimental. A homogeneidade das variâncias foi confirmada por meio do teste de Hartley.

RESULTADOS E DISCUSSÃO (Máx. 1000 palavras)

Através do uso das análises GT biplot aplicada às linhagens de feijão-vagem (*Phaseolus vulgaris L.)* possibilitou avaliar de forma íntegra a interação genótipo x características, possibilitando a identificação de padrões de adaptação e estabilidade entre as linhagens estudadas. A visualização através de gráficos, utilizando essa técnica de análise é possível observar e avaliar a interação multivariada entre as variáveis, além de permitir a seleção dos genótipos através da variável estar mais relacionada (Yang et al; 2009).

Nesse ponto de vista, os valores relativos e as variáveis são expostos de forma simultânea no mesmo gráfico. Variáveis que apresentem vetores formando ângulos menores que 90° representam uma correlação positiva, vetores que estejam em ângulos superiores a 90° indicam correlação negativa, e aqueles que apresentarem vetores a 90° são considerados não correlacionados. (Yan. Frégeau-Reid; 2008).

As variáveis relacionadas ao número de dias para emergência (NDE); altura de planta (ALTP, em metros); número de dias para florescimento (NDIF); número de nódulos (NNOD); massa seca de raízes (MSRZ, após secagem por 72 h em estufa a 60 °C); número de vagens por planta (NVP); número de grãos por vagem (NGV); peso de grãos por vagem (PGV); peso de grãos por planta (PGP) e comprimento de vagem (COMPV, em centímetros) (Figura 1). Esse resultado indica que a análise biplot demonstrou que existe um ranking a ser explorada entre as linhagens para todas as características avaliadas sob efeito da coinoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e

Azospirillum brasilense. Os dois primeiros componentes principais representaram (56,6%) da variação total existente, PC1 (30,76%) e PC2 (25,44%), respectivamente.

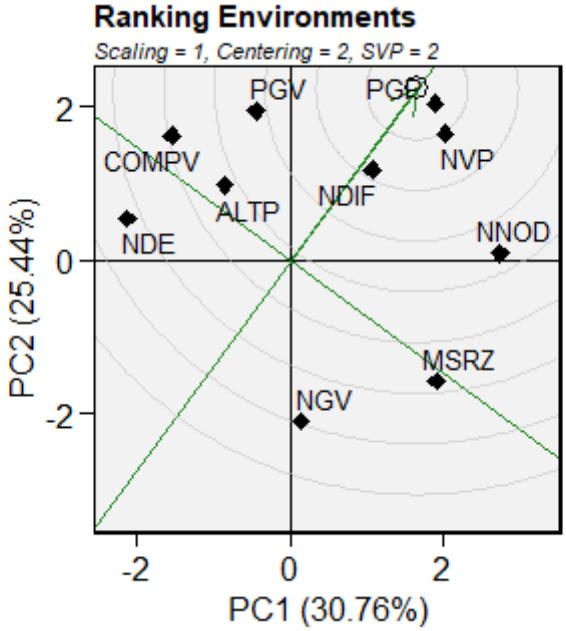


Figura 1. Representação gráfica da "Ranking Environments" da interação linhagem X características avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*.

A análise permitiu observar que as variáveis PGP e PGV, localizadas na porção superior direita do biplot, destacam-se por apresentar maior capacidade discriminatória, configurando-se como potenciais parâmetros para diferenciar genótipos em relação ao desempenho produtivo. A variável NVP, posicionada próxima a esse grupo, evidencia afinidade no padrão de resposta, reforçando sua relevância. Por outro lado, as variáveis NNOD e MSRZ, situadas mais distantes do vetor principal, demonstraram menor contribuição para a discriminação, sendo, portanto, menos indicadas para seleção em programas de melhoramento.

Em contraste, a variável NGV apresentou um padrão de resposta bastante distinto, o que a caracteriza como uma variável específica para a avaliação de genótipos adaptados a determinadas condições ambientais. Já as variáveis NDE, COMPV e ALTP revelaram menor poder discriminatório, o que limita sua aplicabilidade como critérios principais de seleção (Figura 1).

Resultados semelhantes foram relatados por Corrêa et al. (2016), que, ao aplicar a análise GT biplot, também verificaram maior capacidade discriminatória em determinadas características, evidenciando a utilidade dessa ferramenta na identificação de padrões de resposta entre genótipos.

A correlação existente entre as características é expressa pelo tipo de ângulo formado entre seus respectivos vetores (Yan & Tinker, 2006). Assim, os ângulos agudos (<90º) expressam correlações positivas, os ângulos retos (=90º) indicam características não correlacionados e os ângulos obtusos (>90º) indicam correlações negativas e,

vetores formando ângulos de 180º indicam características fortemente correlacionadas negativamente (Oliveira et al., 2018).

Dessa forma, observou-se que foram formados dois grupos de variáveis que se correlacionam positivamente, o primeiro grupo reuniu as características (NVP), (NDIF) e (PGP) e o segundo grupo reuniu as características (MSRZ) e (NNOD) (Figura 2). Correlação negativa pode-se observar entre as características (NGV), (NGV) e (PGP).

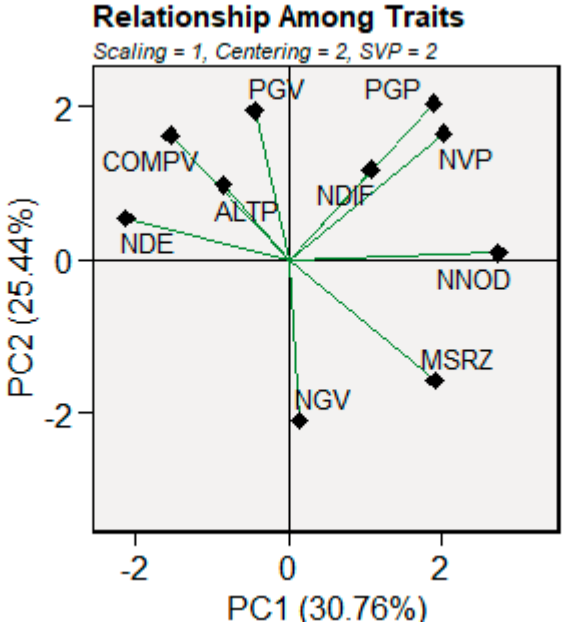


Figura 2. Representação gráfica da "Relationship Among Traits" da interação linhagem X características avaliadas de 10 linhagens de feijão-vagem avaliadas inoculação de *Bradyrhizobium elkanii* e *Azospirillum brasilense*.

A análise biplot de correlação permite identificar que características representadas por vetores com proximidade em sentido e direção tendem a apresentar correlação positiva. Esse comportamento foi observado entre o número de vagens por planta (NVP), o número de dias para florescimento (NDIF) e o peso de grãos por planta (PGP), sugerindo uma associação que pode ser explorada em programas de melhoramento. De forma semelhante, a massa seca de raiz (MSRZ) e o número de nódulos (NNOD) também se correlacionaram positivamente, evidenciando um padrão consistente. Em contrapartida, correlações negativas foram verificadas, como no caso do número de grãos por vagem (NGV), que se apresentou inversamente relacionado a NVP e PGP.

Esses resultados ressaltam a eficiência da análise GT biplot na identificação de características redundantes e no direcionamento da seleção de genótipos superiores. Resultados semelhantes foram reportados por Almeida et al. (2022), que evidenciaram efeitos de correlação positiva entre caracteres agronômicos, sugerindo que tais associações podem ser simultaneamente exploradas para otimizar os ganhos no melhoramento genético.

CONCLUSÃO

A análise GT biplot aplicada às linhagens de feijão-vagem demonstrou sua eficácia para compreender a interação entre genótipo X características e identificar padrões de adaptação e estabilidade. Os dois primeiros componentes da avaliação "Ranking Environments" explicam que 56,6% da variação total, permitindo discriminar variáveis com maior influência, como PGP, PGV e NVP, em contraste com caracteres de menor discriminação, como NDE, COMPV e ALTP. A formação de grupos correlacionados positiva e negativamente evidenciou a utilidade da técnica na seleção de genótipos promissores, reforçando seu potencial para direcionar o melhoramento genético e explorar a variabilidade existente sob coinoculação bacteriana.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: CAPES

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA Leite, R., Martins, L. C., Ferreira, L. V. D. S. F., Barbosa, E. S., Alves, B. J. R., Zilli, J. E., ... & da Conceição Jesus, E. (2022). Co-inoculation of Rhizobium and Bradyrhizobium promotes growth and yield of common beans. *Applied Soil Ecology*, *172*, 104356.

BELLUCCI, E. et al. The common bean pan-genome reveals the hidden potential of structural variation for breeding. *Nature Communications*, v. 11, p. 4956, 2020.

Corrêa, A. M., Teodoro, P. E., Gonçalves, M. C., Santos, A., & Torres, F. E. (2016). Selection of common bean (Phaseolus vulgaris L.) genotypes using a genotype plus genotype x environment interaction biplot.

FREITAS, J. R. S. et al. Growth and physiological responses of snap bean cultivars under different temperature regimes. *Scientia Horticulturae*, v. 287, p. 110259, 2021.

OLIVEIRA, A. C. et al. Genotype × environment interaction analysis in snap beans using GGE biplot methodology. *Euphytica*, v. 217, p. 87, 2018.

OLIVEIRA, T. R. A. D., Gravina, G. D. A., Oliveira, G. H. F. D., Araújo, K. C., Araújo, L. C. D., Daher, R. F., ... & Cruz, D. P. D. (2018). The GT biplot analysis of green bean traits. *Ciencia rural*, *48*(6), e20170757.

PEREIRA, F. A. et al. Morphological characterization and agronomic potential of snap bean genotypes under different cultivation systems. *Horticultura Brasileira*, v. 40, p. 235-243, 2022.

SILVA, C. A. et al. Socioeconomic importance and production trends of snap bean in Brazil. *Revista de Ciências Agrárias*, v. 46, n. 2, p. 89-98, 2023.

SOUZA, R. A. et al. Plant growth-promoting rhizobacteria as a tool to improve the sustainability of common bean production. *Applied Soil Ecology*, v. 156, p. 103702, 2020.

YAN, W., Tinker, N.A. (2009) Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. Canadian journal of plant science 86(3):623-645.

YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J. Breeding line evaluation based on multiple traits: stability and adaptability of genotypes across environments using GGE biplot. *Crop Science*, v. 58, n. 5, p. 2222-2231, 2018.

WBI como ferramenta de fenotipagem não destrutiva em feijão sob diferentes níveis de irrigação

Anderson Yusei Suzuki Fukuji[1] *Karina Kazue Nakamura Fukuji*[1], *Cláudia Pombo Sudré* [1]*Rafael Malheiro da Silva do Amaral Ferreira* [2], *João Vytor Martins Bicock*[3], *Rosana Rodrigues*[1]

Filiação: [1]Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil; andersonysfukuji@gmail.com: Anderson Yusei Suzuki Fukuji, correspondente.
[2] Universidade Federal do Rio de Janeiro, Macaé, Rio de Janeiro, Brasil.
[3] Pós graduação em Clima e Energia, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Macaé, Rio de Janeiro, Brasil.

RESUMO

O uso eficiente da água é um desafio central para a agricultura moderna, especialmente em um cenário de mudanças climáticas e crescente demanda por alimentos. O manejo hídrico sustentável é fundamental para atender às metas da Agenda 2030. Nesse contexto, ferramentas de fenotipagem não destrutiva, como os índices espectrais, oferecem alternativas inovadoras para monitorar o estado hídrico das plantas. Este estudo teve como objetivo avaliar a resposta do feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) ao déficit hídrico por meio do Water Band Index (WBI). O experimento foi conduzido na UENF em delineamento de parcelas subdivididas, com seis genótipos, dois níveis de irrigação (40% e 20% de umidade volumétrica) e sistema de irrigação por gotejamento. O WBI foi mensurado em folhas entre o oitavo e o décimo par utilizando o CI-710 (Bioscience), e a umidade do solo monitorada com o HidroFarm HFM3030 (Falker). Os dados foram submetidos à análise de variância e representados em boxplots. Os resultados indicaram ausência de diferenças significativas entre genótipos, mas efeito marcante do déficit hídrico, com reduções de WBI principalmente nos estádios R6 e R8. O WBI confirma-se como ferramenta eficiente para monitoramento hídrico, auxiliando no manejo sustentável da irrigação.
Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; estresse hídrico; água.

INTRODUÇÃO

A água é um dos recursos naturais mais valiosos e limitantes para a produção agrícola, sendo fundamental não apenas para o crescimento e desenvolvimento das plantas, mas também para a garantia da segurança alimentar global. O uso ineficiente da água na agricultura, que representa aproximadamente 70% de toda a captação mundial, contribui para o desperdício, a degradação dos recursos hídricos e a intensificação dos conflitos socioambientais. Em um cenário de crescente demanda populacional e de disponibilidade cada vez mais restrita, torna-se urgente adotar estratégias de manejo hídrico que promovam eficiência, sustentabilidade e justiça social.

A Agenda 2030 para o Desenvolvimento Sustentável, proposta pela Organização das Nações Unidas (ONU), estabelece metas claras relacionadas ao uso

racional da água e à produção sustentável de alimentos. Entre os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável, destacam-se o ODS 2-Fome Zero e Agricultura Sustentável, que busca erradicar a fome e garantir sistemas alimentares resilientes, e o ODS 6-Água Potável e Saneamento, que ressalta a necessidade de assegurar a disponibilidade e a gestão sustentável da água para todos. No contexto agrícola, esses objetivos se entrelaçam: produzir mais e melhor, reduzindo perdas e desperdícios, depende diretamente do uso eficiente da água e da energia. Assim, a agricultura moderna precisa se alinhar não apenas à produtividade, mas também à responsabilidade socioambiental.

As mudanças climáticas agravam ainda mais esse desafio, impondo maior irregularidade nos regimes pluviométricos, intensificação de períodos de seca e aumento da frequência de eventos extremos. A agricultura, altamente dependente de água, se encontra em posição vulnerável. Ao mesmo tempo, tem o dever de se reinventar para reduzir impactos e se adaptar a novas condições. Ignorar essas transformações significa comprometer a soberania alimentar, ampliar a desigualdade social e acelerar processos de desertificação e degradação ambiental.

Nesse contexto, o uso de energias renováveis surge como estratégia promissora. O emprego da energia solar em sistemas de irrigação representa uma alternativa sustentável e economicamente viável para reduzir a dependência de fontes convencionais. Sistemas fotovoltaicos integrados ao bombeamento e à pressurização da água permitem maior autonomia ao produtor rural, especialmente em regiões com acesso limitado à rede elétrica. Quando combinados à irrigação localizada, como o gotejamento, potencializam a eficiência no uso da água, tornando o manejo mais preciso e sustentável. Essa tecnologia reduz custos, minimiza impactos ambientais e contribui para políticas de mitigação das mudanças climáticas.

A adoção de índices espectrais de reflectância surge como solução inovadora nesse cenário. Entre eles, destaca-se o Water Band Index (WBI), que se mostra altamente sensível às variações no conteúdo hídrico foliar. Sua utilização possibilita identificar precocemente situações de déficit, otimizar o uso da água e orientar o manejo sustentável da irrigação. Dessa forma, o WBI se consolida como uma ferramenta estratégica que alia ciência, tecnologia e sustentabilidade, contribuindo diretamente para a segurança alimentar e para os objetivos globais da Agenda 2030.

METODOLOGIA

O experimento foi conduzido na Unidade de Apoio à Pesquisa da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), em Campos dos Goytacazes – RJ. Foram avaliados seis genótipos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) provenientes do estado do Rio de Janeiro 555, UENF 2014, UENF 2451, UENF 2342, Campeiro e 2404 em delineamento de parcelas subdivididas, sendo as parcelas correspondentes aos genótipos e as subparcelas aos dois níveis de irrigação (40% e 20% de umidade volumétrica).

As parcelas foram constituídas por três linhas de 3 m de comprimento, espaçadas em 0,50 m entre linhas, com densidade de 10 sementes por metro linear. Apenas a linha central foi considerada para as avaliações, de forma a reduzir os efeitos de bordadura. Dentro de cada parcela útil, foram selecionadas cinco plantas ao acaso para as mensurações.

A avaliação do índice espectral Water Band Index (WBI) foi realizada em folhas localizadas entre o oitavo e o décimo par de folhas do dossel de cada planta, garantindo uniformidade na posição de amostragem e para a aquisição dos dados espectrais, utilizou-se o equipamento CI-710 (SpectraVue Leaf Spectrometer, Bioscience, EUA). A umidade volumétrica do solo foi monitorada com o auxílio do equipamento HidroFarm HFM3030 (Falker®, Brasil) e o sistema de irrigação empregado foi por gotejamento através de painéis solares com capacidade para gerar 2,2 kWp e uma bomba de 1,2 CV sendo o manejo de irrigação adotado conforme Penman-Monteith (Allen et al., 1998).

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância para avaliar os efeitos de genótipos (parcela) e níveis de irrigação (subparcela). Para a representação gráfica e interpretação dos resultados, foram construídos boxplots comparando os tratamentos ao longo dos estádios fenológicos avaliados (R5 a R9).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância não indicou diferenças significativas entre os genótipos avaliados, sugerindo comportamento fisiológico semelhante quanto ao índice WBI nas condições experimentais. Por outro lado, observou-se efeito significativo dos níveis de irrigação, evidenciando distinção clara entre plantas cultivadas sob 40% e 20% de umidade volumétrica.

O índice espectral Water Band Index (WBI) apresentou variações significativas ao longo dos estádios fenológicos do feijão (R5 a R9) em resposta a dois níveis de disponibilidade hídrica: 40% de umidade volumétrica (tratamento controle) e 20% de umidade volumétrica (déficit hídrico). O estresse foi iniciado no estádio R5, possibilitando a análise da dinâmica da água foliar em diferentes fases do ciclo reprodutivo.

No R5 (pré-florescimento), momento de imposição do déficit, já se observaram diferenças entre os tratamentos, com valores mais elevados de WBI em plantas sob 40% de umidade em relação àquelas sob 20%. Esse resultado evidencia a sensibilidade imediata do WBI ao conteúdo relativo de água, sugerindo que mesmo em estádios iniciais do reprodutivo o índice pode discriminar condições hídricas contrastantes (Figura 1).

No R6 (floração plena), a separação entre os tratamentos foi ainda mais acentuada. Plantas em condição hídrica adequada mantiveram medianas superiores e ampla variação entre genótipos, indicando maior plasticidade fisiológica. Em contrapartida, os valores de WBI em 20% permaneceram inferiores, reforçando que a floração é um estádio crítico para a percepção do déficit hídrico, fase em que a redução da disponibilidade de água pode comprometer a formação de flores viáveis e, consequentemente, a fixação de vagens.

No R7 (formação de vagens), verificou-se uma relativa estabilização nos valores médios de ambos os tratamentos. Ainda assim, os valores absolutos de WBI permaneceram menores em plantas sob déficit hídrico. Esse padrão sugere que, embora os genótipos tenham mobilizado mecanismos de ajuste fisiológico, como fechamento estomático e alteração na alocação de recursos, a restrição hídrica manteve efeito negativo no status de água foliar.

O maior contraste entre tratamentos ocorreu no R8 (enchimento de grãos). As plantas em 40% mantiveram valores elevados e consistentes de WBI, enquanto aquelas em 20% exibiram queda acentuada, acompanhada de maior variabilidade e presença de outliers inferiores. Esse comportamento reforça que o enchimento de grãos é um ponto-chave de vulnerabilidade ao déficit hídrico, no qual a limitação da água reduz diretamente a turgidez celular e a eficiência fotossintética, comprometendo a assimilação de fotoassimilados para o desenvolvimento das sementes.

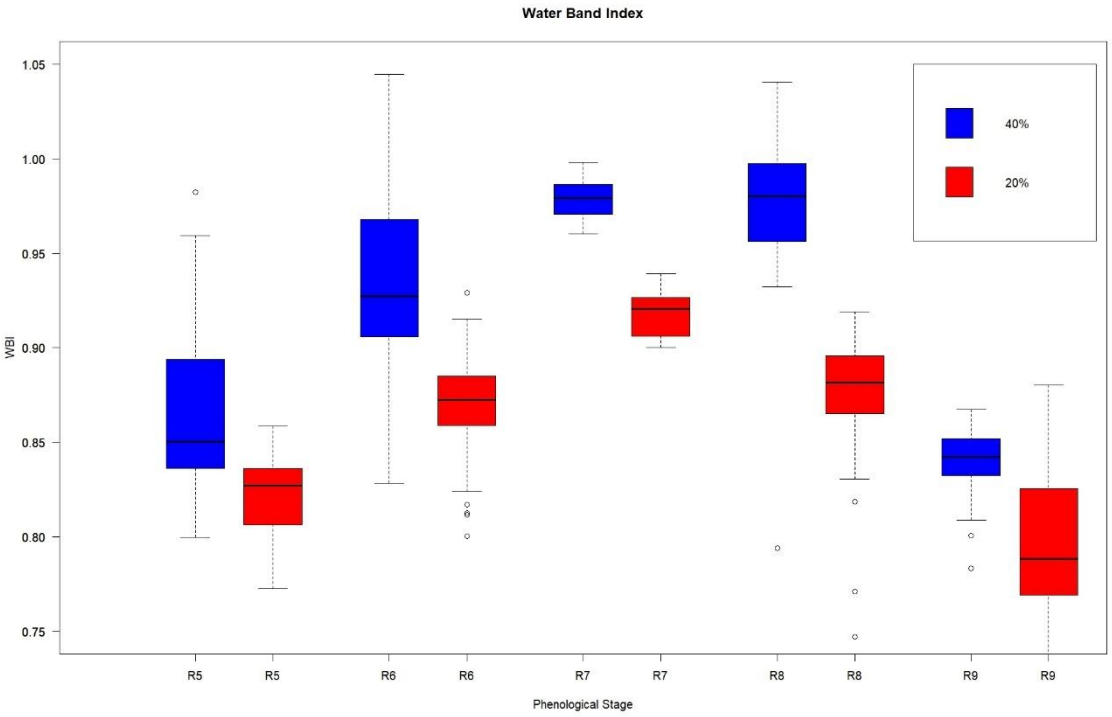


Figura 1: Boxplots do Water Band Index (WBI) em genótipos de feijão (*Phaseolus spp.*) avaliados sob duas condições de disponibilidade hídrica: 40% de umidade volumétrica (azul) e 20% de umidade volumétrica (vermelho), nos estádios fenológicos de R5, R6, R7, R8 e R9. Campos dos Goytacazes, 2025.

Por fim, no R9 (maturação fisiológica), observou-se declínio moderado do WBI em plantas com 40% de umidade, associado ao processo natural de senescência. No entanto, em 20% os valores atingiram os menores níveis registrados, indicando antecipação da maturidade fisiológica e maior desidratação foliar. Essa resposta sugere que a limitação hídrica não apenas reduziu o enchimento de grãos, mas também acelerou a senescência, diminuindo o período efetivo de acúmulo de biomassa nos grãos.

De forma geral, os resultados demonstram que o WBI é um indicador sensível e eficiente para monitorar alterações no status hídrico foliar em feijão, discriminando de forma clara os efeitos do estresse hídrico imposto a partir de R5. Os estádios R6 (floração) e R8 (enchimento de grãos) se destacaram como os mais críticos, reforçando a necessidade de manejo adequado da irrigação nesses períodos. Além disso, a

utilização do WBI em experimentos de fenotipagem não destrutiva representa uma estratégia promissora para identificação de genótipos tolerantes ao estresse hídrico, contribuindo para programas de melhoramento e para práticas sustentáveis de manejo da cultura.

CONCLUSÃO

O uso do índice espectral WBI demonstrou sensibilidade na detecção das variações hídricas em feijoeiros submetidos a diferentes níveis de irrigação. Embora não tenham sido observadas diferenças significativas entre genótipos, o déficit hídrico reduziu consistentemente os valores de WBI, especialmente nos estádios críticos de floração (R6) e enchimento de grãos (R8). Esses resultados evidenciam o potencial do WBI como ferramenta não destrutiva para monitoramento hídrico, contribuindo para o manejo sustentável da irrigação e alinhando-se às metas da Agenda 2030, que preconiza produção agrícola eficiente e conservação dos recursos naturais.

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

Este trabalho foi financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES (Código Financeiro 001).
Agradecimentos adicionais à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pelas bolsas e auxílios concedidos à execução do projeto.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Allen, R. G.; Pereira, L. S.; Raes, D.; Smith, M. (1998). *Crop Evapotranspiration – Guidelines for Computing Crop Water Requirements*. FAO Irrigation and Drainage Paper No. 56. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome. 300 p.

Supressão de *Colletotrichum coccodes* por bactérias antagonistas

Kaio dos Santos Ribeiro Silvar[1], *Janisson Bispo Lino*[1], *Cláudia Pombo Sudré*[1], *Rosana Rodrigues*[1], *Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti*[1]

[1]Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil; e-mail: kaiodsrs@gmail.com

RESUMO
A antracnose, causada por *Colletotrichum coccodes*, é uma das principais doenças que afetam hortaliças, provocando severos prejuízos econômicos. O controle desse patógeno é tradicionalmente realizado com fungicidas, que podem gerar impactos negativos ao ambiente, à saúde humana e à microbiota do solo, reforçando a necessidade de alternativas mais seguras e sustentáveis. Este estudo teve como objetivo avaliar, *in vitro*, o efeito antagônico de duas bactérias endofíticas sobre *C. coccodes*. O experimento foi conduzido por meio da técnica de cultura pareada, utilizando três tratamentos: T1 – *C. coccodes* vs. bactéria isolada de *Phaseolus vulgaris*; T2 – *C. coccodes* vs. bactéria isolada de *Capsicum annuum*; e T3 – Controle (*C. coccodes*). Observou-se que ambas as bactérias apresentaram capacidade de inibir o crescimento micelial do patógeno, com percentuais crescentes ao longo do tempo. A inibição tornou-se perceptível a partir do quarto dia e atingiu valores máximos de 30% para T1 e 40% para T2 no sétimo dia. Os resultados indicam o potencial desses isolados como agentes de biocontrole, recomendando estudos adicionais em condições de campo para validação prática.
Palavras-chave: Controle biológico; Bioinsumos; Olericultura

INTRODUÇÃO

A olericultura possui grande relevância socioeconômica no Brasil, destacando-se não apenas pelo crescente mercado consumidor, mas também pela geração de empregos e pelo papel essencial como fonte de sustento para pequenos e médios produtores, além de contribuir para a segurança alimentar e a diversificação da produção (LIMA, BESSA & SALOMÃO, 2024).

Um dos grandes desafios no cultivo dessas hortaliças é a ocorrência de pragas e doenças, que podem reduzir significativamente a produção e gerar prejuízos expressivos tanto para os produtores quanto para o mercado consumidor. Entre as doenças, a antracnose, causada por *Colletotrichum coccodes*, é uma das mais severas, afetando culturas como tomate (*Solanum lycopersicum* L.), batata (*Solanum tuberosum* L.), pimenta e pimentão (*Capsicum annuum* L.). Esse patógeno é responsável por sintomas como mancha foliar, pinta-preta e mancha tuberosa, caracterizados pelo desenvolvimento de escleródios pretos em tecidos mortos ou em senescência, além de caules e raízes em decomposição (CHESTERS & HORNBY, 1965).

O método de controle de *C. coccodes* tem sido a aplicação de fungicidas. Contudo, os impactos negativos à saúde humana, à microbiota do solo e ao meio ambiente têm motivado discussões e incentivado a busca por alternativas mais seguras

e sustentáveis (ARAÚJO et al., 2007). Nesse contexto, o uso de microrganismos como agentes de controle biológico tem se consolidado como estratégia promissora, pois são capazes de inibir o desenvolvimento de patógenos de forma integrada e ambientalmente adequada (BARBOSA et al, 2012; MACHADO et al, 2012). Sendo assim, este trabalho teve como objetivo avaliar, *in vitro*, o efeito antagônico de duas bactérias endofíticas, frente a um isolado de *C. coccodes,* visando selecionar potenciais candidatos a agentes de controle biológico.

METODOLOGIA

O experimento foi conduzido no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), empregando a metodologia de cultura pareada descrita por Dennis & Webster (1971). Foram estabelecidos três tratamentos, cada um com três repetições: T1 – *C. coccodes* vs. bactéria isolada de *Phaseolus vulgaris*; T2 – *C. coccodes* vs. bactéria isolada de *Capsicum annuum*; e T3 (Controle) – apenas *C. coccodes*.

O ensaio foi conduzido em placas de Petri de 90 mm de diâmetro, contendo meio Batata-Dextrose-Ágar (BDA) ajustado para pH 7,0. Em cada placa, um disco de micélio de 10 mm, retirado da borda de colônias de *Colletotrichum coccodes* cultivadas por 10 dias, foi depositado no centro. As bactérias, provenientes de colônias cultivadas por 36 horas, foram inoculadas em riscos verticais equidistantes em ambos os lados do disco do patógeno, com exceção do tratamento controle.

As placas, contendo os microrganismos, foram incubadas em câmara B.O.D. a 26 ± 2°C, com fotoperíodo de 12 horas, e o crescimento radial do patógeno foi mensurado diariamente com paquímetro digital ao longo de sete dias.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os isolados bacterianos testados apresentaram capacidade de inibir o crescimento de *C. coccodes*, evidenciando atividade antagonista ao longo do tempo. A inibição, calculada em relação ao crescimento micelial do fungo no controle (T3), tornou-se perceptível a partir do quarto dia de avaliação, quando se observaram reduções de 4,8% e 9,7% para os isolados T1 (oriundo de *P. vulgaris*) e T2 (oriundo de *C. annuum*), respectivamente. A partir desse ponto, verificou-se um aumento progressivo da atividade antagonista, atingindo valores máximos de 30% para T1 e 40% para T2 no sétimo dia de cultivo. Esse comportamento indica que o efeito inibitório não se manifesta de forma imediata, mas se intensifica com o tempo, sugerindo a produção gradual e o acúmulo de metabólitos antibióticos, bem como possíveis mecanismos complementares, como competição por nutrientes e espaço, colonização da superfície do patógeno e outros processos de antagonismo microbiano.

Os resultados obtidos são consistentes com relatos da literatura sobre variações naturais na eficácia de agentes biológicos, como observado para isolados de *Trichoderma* frente a *Sclerotinia sclerotiorum* (ÁVILA et al., 2005; MELLO et al., 2007), reforçando a importância da seleção criteriosa de microrganismos para estratégias sustentáveis de manejo de patógenos. A intensificação da inibição ao longo do tempo também sugere que a eficácia do agente biológico pode estar associada a um estabelecimento gradual no microambiente do patógeno, característica relevante para aplicações em condições de campo, nas quais a persistência e a adaptação do agente biológico são determinantes para o sucesso (INBAR et al., 1996).

CONCLUSÃO

Os isolados bacterianos inibiram o crescimento de *Colletotrichum coccodes, in vitro*, com antagonismo crescente ao longo do tempo. Esses resultados reforçam o potencial de endófitos como alternativa sustentável ao uso de fungicidas químicos em hortaliças.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: PIBi-UENF (Voluntário)

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARAÚJO, A.J. et al. Exposição múltipla a agrotóxicos e efeitos à saúde: estudo transversal em amostra de 102 trabalhadores rurais, Nova Friburgo, RJ, *Ciência e Saúde Coletiva*, v.12, p.115-130, 2007.

ÁVILA, Z. R.; CARVALHO, S. S.; BRAÚNA, L. M.; GOMES, D. M. P. A.; MELLO, S. C. M. Seleção de isolados de *Trichoderma* spp. antagônicos a *Sclerotium rolfsii* e *Sclerotinia sclerotiorum*. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005. 30 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 117).

BARBOSA, F. R. & GONZAGA, A. C. O. Informações técnicas para o cultivo do feijoeiro-comum na Região Central-Brasileira: 2012-2014. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão (Documentos), 247 p. 2012.

CHESTERS, C. G. C.; HORNBY, D. Studies on *Colletotrichum coccodes*: I. The taxonomic significance of variation in isolates from tomato roots. *Transactions of the British Mycological Society*, v. 48, n. 4, p. 573–585, 1965. DOI: 10.1016/S0007-1536(65)80034-1.

DENNIS, C.; WEBSTER, J. Antagonistic properties of species-groups of Trichoderma: I. Production of non-volatile antibiotics. *Transactions of the British Mycological Society*, v. 57, n. 1, p. 25–39, 1971.

INBAR, J.; MENENDEZ, A.; CHET, I. Hyphal interaction between *Trichoderma harzianum* and *Sclerotinia sclerotiorum* and its role in biological control. *Soil Biology and Biochemistry*, Elmsford, NY, US, v. 28, n. 6, p. 757-763, 1996.

LIMA, J. P. F.; BESSA, R. R.; SALOMÃO, P. E. A. A importância da agricultura familiar para a segurança alimentar. *Revista Multidisciplinar do Nordeste Mineiro*, v. 9, n. 1, 2024.

MACHADO, D. F. M. et al.*Trichoderma* no Brasil: o fungo e o bioagente. *Revista Ciências Agrárias*, v.35, n.1, p.274-288, 2012.

MELLO, S. C. M.; ÁVILA, Z. R.; BRAÚNA, L. M.; PÁDUA, R. R.; GOMES, D. Cepas de *Trichoderma* spp. para el control biológico de *Sclerotium rolfsii* Sacc. *Fitosanidad*, v. 11, n. 1, p. 3-9, 2007.

Uma abordagem metanalítica para o uso de ulvana como bioinsumo na agricultura

Henrique Boyd[1], *Ana Carolina Mendes Bezerra*[1], *Tiphane Andrade Figueira*[3], *Vinícius Peruzzi de Oliveira*[2], *Fernanda Reinert*[1;2]

Filiação: [1]Programa de Pós-graduação em Biotecnologia Vegetal e Bioprocessos, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil; e-mail: henrique.boyd@ufrj.br

[2]Instituto de Biologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil.

[3]Pontifícia Universidade Católica do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil.

RESUMO

A crescente demanda por práticas agrícolas sustentáveis tem impulsionado buscas por alternativas aos fertilizantes e pesticidas convencionais. A ulvana, um polissacarídeo sulfatado de macroalgas verdes, tem se destacado como um bioinsumo devido às suas atividades biológicas. Este estudo realizou uma revisão sistemática e uma metanálise incluindo 30 artigos com o objetivo de avaliar os efeitos da ulvana sobre o desenvolvimento vegetal e a mitigação de estresses. Oito características morfofisiológicas foram analisadas: altura da planta, biomassa da raiz e da parte aérea, comprimento radicular, conteúdo de malondialdeído (MDA), conteúdo de clorofila, atividade de enzimas antioxidantes e sintomas foliares. A ulvana promoveu melhorias significativas na maioria das características, com efeitos mais pronunciados na eficiência de proteção contra patógenos e na atividade enzimática antioxidante. Análises de subgrupos revelaram que a frequência de aplicação e condição de estresse influenciaram a eficácia da ulvana. O uso de maiores frequências de aplicação resultou em menor número de efeitos significativos. Aplicações sob estresse abiótico (seca, salinidade) melhoraram a biomassa, o conteúdo de clorofila e as respostas antioxidantes, enquanto sob estresse biótico, potencializaram as defesas enzimáticas e reduziram os danos foliares. Estes resultados demonstram o potencial da ulvana para promoção de crescimento vegetal e resiliência à estresses.
Palavras-chave: macroalgae; plant growth; stress.

INTRODUÇÃO

O uso de macroalgas como insumos agrícolas tem aumentado nos últimos anos, seja como biofertilizantes, promotores de crescimento ou para a defesa das plantas contra diferentes estresses.[1] A atividade biológica exibida pelas macroalgas está intimamente relacionada à sua riqueza em compostos bioativos, como compostos halogenados, terpenos e polissacarídeos sulfatados e não sulfatados.[2] Exemplos notáveis incluem a carragenana, a fucoidana e a ulvana, polímeros que têm sido investigados por seu potencial como indutores de resistência em plantas.[3]

A ulvana é o principal heteropolissacarídeo de parede celular encontrado em macroalgas verdes do gênero *Ulva* (*Ulva* e *Enteromorpha*).[4,5] Esse composto apresenta propriedades físico-químicas e biológicas únicas, sendo constituído principalmente por ramnose, ácido glucurônico, ácido idurônico e xilose, os quais se organizam, em sua maioria, em unidades dissacarídicas repetidas. Os dois principais dissacarídeos são o ácido ulvanobiurônico 3-sulfato Tipo A (β-D-GlcA-(1→4)-α-L-Rha 3S→1) e o Tipo B (α-L-IdoA-(1→4)-α-L-Rha 3S→1).[6] Com a crescente demanda por polímeros renováveis e inovadores, a ulvana tem recebido atenção significativa, com estudos destacando seu potencial antioxidante,[7] microbicida,[8] dentre outras bioatividades relevantes em contextos agrícolas.[9,10]

Possíveis alternativas ao uso de insumos químicos convencionais, como fertilizantes minerais e pesticidas sintéticos, vêm recebendo crescente atenção. Entre essas alternativas estão os bioinsumos, definidos como produtos, processos ou tecnologias de origem biológica que influenciam positivamente o crescimento, o desenvolvimento e os mecanismos de resposta em animais, plantas e microrganismos.[11] No caso do desenvolvimento vegetal, esses insumos podem atuar por múltiplos mecanismos, incluindo defesa e controle de patógenos, promoção de crescimento e mitigação de estresses abióticos.[12] Inoculantes microbianos e extratos de plantas/algas são exemplos de bioinsumos que vêm sendo estudados e aplicados na agricultura.

Além da grande diversidade de insumos de origem biológica, o estudo de bioinsumos também envolve uma ampla variedade de metodologias para sua aplicação.[13] Esses compostos podem ser aplicados de diferentes formas e em diferentes órgãos das plantas, incluindo pulverização foliar, aplicação em sistemas hidropônicos, imersão de sementes, aplicação no substrato, dentre outras. Para além do modo de aplicação, outras variáveis metodológicas devem ser consideradas, como a forma de obtenção do composto, a dose ou concentração e a frequência de aplicação. A combinação de todas essas variáveis resulta em múltiplas metodologias de aplicação no estudo de um dado bioinsumo. Compreender a metodologia mais eficaz para um composto específico é essencial para alcançar resultados positivos.

Nosso foco neste trabalho foi avaliar o efeito da ulvana na promoção de crescimento e na indução de resistência em plantas, conduzindo uma revisão sistemática seguida de uma metanálise. Foi visada a obtenção de uma compreensão quantitativa, em escala global, da eficácia desse polissacarídeo derivado de macroalgas verdes no melhoramento de características morfofisiológicas e na mitigação de estresses bióticos e abióticos. Além disso, a metanálise fornecerá informações sobre a influência de variáveis metodológicas no efeito da ulvana, indicando, por exemplo, como a forma, dose e frequência de aplicação podem impactar o desempenho da ulvana em um contexto agrícola.

METODOLOGIA

A busca bibliográfica foi conduzida com enfoque em identificar artigos científicos que avaliaram a influência da ulvana na promoção do crescimento vegetal ou na resiliência de plantas frente a estresses bióticos e abióticos. Duas bases acadêmicas

foram utilizadas para obtenção dos artigos: Web of Science e Scopus, considerando publicações até março de 2025. Inicialmente, foram compilados 377 artigos.

Para a etapa de triagem desses artigos, foram definidos os seguintes critérios de inclusão: (1) Existência de uma comparação direta entre plantas tratadas (tratamento com polissacarídeo) e um grupo controle (não tratado com polissacarídeo). (2) O estudo deveria ser experimental (artigos de revisão ou não experimentais foram descartados). (3) Presença dos valores essenciais para o cálculo dos tamanhos de efeito (médias, desvios-padrão dos caracteres e número de repetições). (4) O grupo tratado deveria receber aplicações de ulvana ou de extratos enriquecidos em polissacarídeos provenientes de macroalgas verdes (artigos que utilizaram apenas extratos brutos de macroalgas foram descartados). (5) O estudo deveria estar disponível em texto completo. Ao fim do processo, 30 estudos foram selecionados para compor a metanálise.

Dados experimentais sobre a influência da ulvana no crescimento e desenvolvimento vegetal foram obtidos a partir da seção de resultados de cada artigo. Dados quantitativos, como valores médios, desvios-padrão e número de amostras, foram extraídos manualmente do texto, tabelas e gráficos dos artigos. Foram coletados dados quantitativos referentes a oito características morfofisiológicos: altura, biomassa radicular e aérea, comprimento da raiz, conteúdo de malondialdeído (MDA), conteúdo de clorofila, atividade de enzimas antioxidantes e sintomas foliares. Resultados relacionados ao “conteúdo de MDA” e aos “sintomas foliares” foram computados, respectivamente, como “redução de MDA” e “área foliar não afetada”, com o intuito de facilitar a interpretação desses resultados.

Dados qualitativos também foram extraídos dos artigos, como informações metodológicas dos experimentos, incluindo método de aplicação, dose (concentração), frequência de aplicação, espécie vegetal em que a ulvana foi testada e tipo de estresse que a espécie foi submetida. Tais informações metodológicas foram organizadas em categorias. A frequência de aplicação, por exemplo, foi categorizada de acordo com o número de vezes em que o polissacarídeo foi aplicado, variando de 1 a 5 (cinco categorias). O tipo de estresse foi categorizado em três categorias: abiótico, biótico e ausência de estresse.

A metanálise foi conduzida no software R, utilizando o pacote *metafor* (versão 4.8-0) para as análises estatísticas. Os tamanhos de efeito foram calculados a partir dos valores médios obtidos nos artigos, e foi utilizado o método de *log response ratio*: $\ln RR = \ln\left(\frac{\overline{X}\ \text{treated}}{\overline{X}\ control}\right)$. A variância associada a esses tamanhos de efeito foi calculada a partir dos valores de desvio-padrão e do número de repetições. Em seguida, foi aplicado um modelo estatístico multinível para a análise dos dados, visando a obtenção do tamanho de efeito global da ulvana nas características morfofisiológicas das plantas. Para compreender como esse efeito é influenciado por moderadores categóricos (frequência e tipo de estresse), foram realizadas análises de subgrupos, utilizando *forest plots*.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Com relação ao tamanho de efeito global da aplicação de ulvana sobre cada uma das características morfofisiológicas analisadas, foi observada uma influência

positiva desse composto no desenvolvimento vegetal. A aplicação de ulvana resultou em um aumento percentual significativo em todas as características, com exceção da biomassa radicular. A altura das plantas foi a característica que apresentou o menor incremento (7,2%). A característica mais responsiva foi a "área foliar não afetada por patógenos" (110%), exibindo um aumento quase três vezes maior em relação à segunda mais responsiva, a atividade de enzimas antioxidantes.

Sobre as análises de subgrupos, com moderador "frequência" observamos que uso de maiores frequências de aplicação resultou em um menor número de efeitos significativos. Uma única aplicação de ulvana gerou efeitos significativos em quatro características morfofisiológicas (comprimento radicular, redução de MDA, atividade enzimática e área foliar não afetada). Em contraste, o uso três aplicações resultou em efeitos significativos em apenas duas características (biomassa radicular e redução de MDA). Não foram observados efeitos significativos para nenhuma das características com o uso de quatro aplicações de ulvana, e apenas uma característica com aumento significativo (redução de MDA) foi observada com cinco aplicações.

Análises de subgrupo com o moderador "tipo de estresse" apresentaram resultados que variaram de acordo com a característica morfofisiológica observada. Na categoria "estresse abiótico", a aplicação de ulvana apresentou efeito significativo em cinco características (biomassa radicular, biomassa da parte aérea, redução de MDA, conteúdo de clorofila e atividade de enzimas antioxidantes). Para plantas tratadas com ulvana sob estresse biótico, foram observados efeitos significativos em duas das três características avaliadas (atividade de enzimas antioxidantes e área foliar não afetada). Já a categoria "sem estresse", que inclui plantas tratadas com ulvana em condições não estressantes, apresentou aumentos significativos em quatro características (biomassa da parte aérea, comprimento radicular, teor de clorofila e atividade de enzimas antioxidantes).

A eficiência de bioestimulantes sobre o desenvolvimento vegetal varia em função do seu protocolo de aplicação. A frequência de aplicação, por exemplo, constitui um fator decisivo para a eficácia de um bioestimulante, conclusão corroborada por pesquisas anteriores[13] e que foi reforçada por nosso estudo. Através de uma metanálise que abordou o efeito de bioestimulantes em plantas, os autores demonstraram que uma única aplicação foi menos eficaz do que duas aplicações, mas, a partir de três aplicações, o efeito do bioestimulante sobre a produtividade das plantas começou a decair.[13] A mesma tendência foi observada em nossa metanálise ao avaliar o efeito da ulvana de acordo com a frequência de aplicação.

O efeito positivo sobre as características morfofisiológicas das plantas, observado com uma ou poucas aplicações de ulvana, pode ser atribuído às funções de bioestimulantes como aporte inicial de nutrientes e indução de outros mecanismos de estímulo de crescimento rápido.[13] Além disso, sintomas de fitotoxicidade decorrentes da aplicação de bioestimulantes acima da faixa ideal já foram documentados, incluindo redução na absorção de micronutrientes do solo[14] e prejuízos a funções fisiológicas como fotossíntese, condutância estomática e eficiência instantânea de carboxilação.[15] Nesse sentido, o declínio na eficácia da ulvana observado com múltiplas aplicações na análise de subgrupo utilizando o moderador "frequência de aplicação", pode ser atribuído a potenciais efeitos fitotóxicos.

O uso de moléculas exógenas para potencializar as respostas de defesa de plantas constitui uma estratégia promissora para aumentar a resiliência à

estresses.[16,17,18] Com base nesta metanálise e em estudos prévios, verificou-se que a ulvana foi capaz de aprimorar características das plantas não apenas em condições sem estresse, mas também na presença de estresses abióticos e bióticos.[19,20] Tal afirmação é sustentada, tanto pela análise de subgrupos utilizando o moderador "tipo de estresse", quanto pelos elevados tamanhos de efeito globais associados a características morfofisiológicas, como redução de MDA, atividade de enzimas antioxidantes e área foliar não afetada, características comumente utilizadas para avaliar as respostas de plantas sob estresse.

Nos estudos aqui analisados, plantas submetidas a estresse abiótico foram expostas a condições de seca ou salinidade. A indução de danos oxidativos constitui uma das principais consequências fisiológicas desencadeadas por essas condições.[21] Diversos estudos identificaram a atividade antioxidante da ulvana como uma de suas principais propriedades biológicas.[22,5] Dois mecanismos de ação primários pelos quais a ulvana medeia a defesa antioxidante já foram descritos: sequestro de radicais livres e quelação de íons metálicos.[23] As porções sulfatadas e o grupo ramnose do polissacarídeo desempenham papel crucial na doação de elétrons, contribuindo assim para a redução de espécies reativas. O mecanismo de quelação de metais está principalmente associado aos grupos ácido urônico e fosfato presentes em sua estrutura. Grupos funcionais como O–H, C=C e –COOH contribuem para alterações conformacionais na molécula, promovendo a exposição de grupos hidroxila e facilitando a interação com íons metálicos.[24]

O papel dos hormônios vegetais, como os ácidos salicílico e jasmônico, na ativação de respostas celulares de defesa contra fitopatógenos é bem estabelecido.[25,26] Foi reportado que a ulvana ativa as vias de sinalização do ácido jasmônico (AJ) ao mesmo tempo em que suprime o ácido salicílico (AS) em *Medicago truncatula* .[27] Como o AJ é um hormônio-chave na mediação da resistência sistêmica induzida (RSI) em plantas,[26] esses achados sugerem que a ulvana ativa e amplifica as respostas celulares de defesa por meio da via de RSI dependente de AJ. Entretando, em plântulas de tomate a ulvana pareceu induzir resistência sistêmica adquirida (RSA) por vias dependentes de AS.[19] Em ambos os casos, a atividade elicitora do polissacarídeo esteve associada à explosão oxidativa, uma resposta inicial ao ataque de patógenos.

Seja por meio de RSI ou RSA, a aplicação de ulvana apresentou uma redução significativa dos danos causados por fungos de relevância agrícola.[28,29,19,30] No entanto, embora elicitores exógenos possam melhorar a tolerância ao estresse biótico ao reduzir os danos induzidos por patógenos, eles também podem ter um impacto negativo sobre a biomassa vegetal.[30] Nossos resultados corroboram ambas as observações: sob estresse biótico, a aplicação de ulvana não aumentou nem manteve a biomassa da parte aérea, mas promoveu um aumento significativo na atividade de enzimas antioxidantes e reduziu a severidade dos sintomas foliares em 110%.

CONCLUSÃO

Esta metanálise forneceu insights sobre o efeito da ulvana na melhoria de características morfofisiológicas de plantas, tanto sob condições de estresse quanto em condições ideais de crescimento. A eficácia do polissacarídeo varia de acordo com a quantidade aplicada, reforçando a necessidade de investigar a frequência ideal de aplicação para o seu uso. Nossos resultados destacam a capacidade da ulvana em

mitigar estresses, promovendo o desenvolvimento vegetal sob condições de seca e elevada salinidade, além de diminuir o acúmulo de MDA nas plantas e aumentar a atividade de enzimas antioxidantes. Também mostrou-se eficaz no controle de fungos, reduzindo significativamente danos foliares.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. Yasmeen AL, Maharajan T, Rameshkumar R, Sindhamani S, Banumathi B, Prabakaran M, et al., Role of seaweeds for improving soil fertility and crop development to address global food insecurity. Crops **5**(3):29 (2025). https://doi.org/10.3390/crops5030029
2. El-Beltagi HS, Mohamed AA, Mohamed HI, Ramadan KMA, Barqawi AA, Mansour AT, et al., Phytochemical and potential properties of seaweeds and their recent applications: A review. *Mar Drugs* **20**(6):342 (2022). https://doi.org/10.3390/md20060342
3. Stadnik MJ, Freitas MB, Algal polysaccharides as source of plant resistance inducers. *Trop Plant Pathol* **39**(2):111-118 (2014). https://doi.org/10.1590/S1982-56762014000200001
4. Ashokkumar V, Jayashree S, Kumar G, Sharmili SA, Gopal M, Dharmaraj S, et al., Recent developments in biorefining of macroalgae metabolites and their industrial applications – A circular economy approach. *Bioresour Technol* **359**:127235 (2022). https://doi.org/10.1016/j.biortech.2022.127235
5. Li C, Tang T, Du Y, Jiang L, Yao Z, Zhu B, Ulvan and *Ulva* oligosaccharides: a systematic review of structure, preparation, biological activities and applications. *Bioresour Bioprocess* **10**:66 (2023). https://doi.org/10.1186/s40643-023-00690-z
6. Robic A, Rondeau-Mouro C, Sassi JF, Lerat Y, Lahaye M, et al., Structure and interactions of ulvan in the cell wall of the marine green algae Ulva rotundata (Ulvales, Chlorophyceae). *Carbohydr Polym* **77**:206-216 (2009). doi: https://doi.org/10.1016/j.carbpol.2008.12.023
7. Li W, Jiang N, Li B, Wan M, Chang X, Liu H, et al., Antioxidant activity of purified ulvan in hyperlipidemic mice. *Int J Biol Macromol* **113**:971-975 (2018). doi: https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2018.02.104
8. Thanh TTT, Quach TMT, Nguyen TN, Luong DV, Bui, ML, Tran TTv, Structure and cytotoxic activity of ulvan extracted from green seaweed *Ulva lactuca*. *Int J Biol Macromol* **93**:695-702 (2016). https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2016.09.040
9. Araújo L, Gonçalves AE, Stadnik MJ, Ulvan effect on conidial germination and appressoria formation of *Colletotrichum gloeosporioides*. *Phytoparasitica* **42**:631-640 (2014). https://doi.org/10.1007/s12600-014-0404-7
10. Reis RP, Carvalho Junior AA, Facchinei AP, Calheiros ACS, Castelar B, et al., Direct effects of ulvan and a flour produced from the green alga Ulva fasciata Delile on the fungus Stemphylium solani Weber. *Algal Res* **30**:23-27 (2018). doi: https://doi.org/10.1016/j.algal.2017.12.007

11. MAPA (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento); Secretaria de Inovação, Desenvolvimento Sustentável, Irrigação e Cooperativismo (SDI). Bioinsumos como alternativa a fertilizantes químicos em gramíneas: uma análise sobre aspectos de inovação do setor. Brasília: MAPA; 2024. Disponível em: https://repositorio-dspace.agricultura.gov.br/bitstream/1/4365/1/index.pdf
12. Vidal MC, Amaral DFS, Nogueira JD, Mazzaro MAT, Lira VGM, Bioinsumos: a construção de um programa nacional pela sustentabilidade do agro brasileiro. Econ Anal Law Rev. **12**(3):557-574 (2021). https://doi.org/10.31501/ealr.v12i3.12811
13. Li J, Gerrewey TV, Geelen D, A meta-analysis of biostimulant yield effectiveness in field trials. *Front Plant Sci* **13**:836702 (2022). doi: https://doi.org/10.3389/fpls.2022.836702
14. Tomaz AC, Gonçalves MTV, Wartha CA, Papini NF, Barros AF de, Barbosa MHP, Genetic and silicon-induced resistance of sugarcane to *Diatraea saccharalis* (Lepidoptera: Crambidae) and silicon effect on nutrient accumulation. *Phytoparasitica* **50**(2):443-452 (2022). https://doi.org/10.1007/s12600-021-00960-6
15. Velasco-Clares D, Navarro-León E, Atero-Calvo S, Ruiz JM, Blasco B, Is the application of bioactive anti-stress substances with a seaweed-derived biostimulant effective under adequate growth conditions? *Physiol Plant* **176**:e14193 (2024). https://doi.org/10.1007/s12600-021-00960-6
16. Sedaghat M, Sarvestani ZT, Emam Y, Bidgoli AM, Sorooshzadeh A, Foliar-applied GR24 and salicylic acid enhanced wheat drought tolerance. *Russ J Plant Physiol* **67**(4):733-739 (2020). doi: https://doi.org/10.1134/S1021443720040159
17. Hosseinifard M, Stefaniak S, Javid MG, Soltani E, Wojtyla L, Garnczarska M, Contribution of exogenous proline to abiotic stresses tolerance in plants: A review. *Int J Mol Sci* **23**:5186 (2022). https://doi.org/10.3390/ijms23095186
18. Zhao D, Wang H, Chen S, Yu D, Reiter R, Phytomelatonin: An emerging regulator of plant biotic stress resistance. *Trends Plant Sci* **26**(1):70-82 (2021). https://doi.org/10.1016/j.tplants.2020.08.009
19. El Modafar C, Elgadda M, RE Boutachfaiti R, Abouraicha E, Zehhar N, Petie E, et al., Induction of natural defence accompanied by salicylic acid-dependant systemic acquired resistance in tomato seedlings in response to bioelicitors isolated from green algae. *Sci Hortic* **138**:55-63 (2012). https://doi.org/10.1016/j.scienta.2012.02.011
20. Wu Y, Du C, Xiao R, Zhu B, Song X, Wang X, et al., Effect of oligosaccharides from Enteromorpha clathrata on tolerance of wheat (*Triticum aestivum* L.) seedings to saline-alkali stress. *Algal Res* **88**:103975 (2025). https://doi.org/10.1016/j.algal.2025.103975
21. Ma Y, Dias MC, Freitas H, Drought and salinity stress responses and microbe-induced tolerance in plants. *Front Plant Sci* **11**:591911 (2020). doi: https://doi.org/10.3389/fpls.2020.591911
22. Kidgell JT, Magnusson M, de Nys R, Glasson RK, Ulvan: a systematic review of extraction, composition and function. *Algal Res* **39**:101422 (2019). https://doi.org/10.1016/j.algal.2019.101422
23. Gao J, Chen Z, Kaewprachu P, Jaisan C, Liu Y, Sangsawad P, et al., Structural and rheological properties of ulvan polysaccharides and their potential for food packaging applications. *Food Chem* **488**:144850 (2025). https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2025.144850

24. Ganesan AR, Shanmugam M, Bhat R, Producing novel edible films from semi refined carrageenan (SRC) and ulvan polysaccharides for potential food applications. *Int J Biol Macromol* **112**:1164-1170 (2018). https://doi.org/10.1016/j.ijbiomac.2018.02.089
25. Bari R, Jones JDG, Role of plant hormones in plant defence responses. *Plant Mol Biol* **69**:473-488 (2009). https://doi.org/10.1007/s11103-008-9435-0 doi:10.1007/s11103-008-9435-0
26. Kamle M, Borah R, Bora H, Jaiswal AK, Singh RK, Kumar P, Systemic acquired resistance (SAR) and induced systemic resistance (ISR): Role and mechanism of action against phytopathogens. In: Hesham AL, Upadhyay R, Sharma G, Manoharachary C, Gupta V, editors. Fungal Biotechnology and Bioengineering. Springer, Cham (2020). https://doi.org/10.1007/978-3-030-41870-0_20
27. Jaulneau V, Lafitte C, Corio-Costet MF, Stadnik MJ, Salamagne S, Briand X, et al., An *Ulva armoricana* extract protects plants against three powdery mildew pathogens. *Eur J Plant Pathol* **131**:393-401 (2011). https://doi.org/10.1007/s10658-011-9816-0
28. Freitas MB, Stadnik MJ, Ulvan-induced resistance in *Arabidopsis thaliana* against Alternaria brassicicola requires reactive oxygen species derived from NADPH oxidase. *Physiol Mol Plant Pathol* **90**:49-56 (2015) https://doi.org/10.1016/j.pmpp.2015.03.002
29. Hernandez-Herrera RM, Virgen-Calleros G, Ruiz-López M, Zañudo-Hernández J, Délano-Frier J, Sánchez-Hernández C, Extracts from green and brown seaweeds protect tomato (*Solanum lycopersicum*) against the necrotrophic fungus *Alternaria solani*. *J Appl Phycol* **26**:1607-1614 (2014). https://doi.org/10.1007/s10811-013-0193-2
30. Paulert R, Talamini V, Cassolato JEF, Duarte MER., Noseda M D, Smania Jr A, et al., Effects of sulfated polysaccharide and alcoholic extracts from green seaweed Ulva fasciata on anthracnose severity and growth of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *J Plant Dis Prot* **116**(6):263-270 (2009). doi: https://doi.org/10.1007/BF03356321

Caracterização de microrganismos no controle de fitonematoides e promoção do crescimento vegetal na interação bactéria-planta

Ellen Peixoto Azeredo[1], *Fabio Lopes Olivares*[1], *Letícia Cespom Passos*[1], *Rafael Chaves Ribeiro*[2], *Letícia Oliveira da Rocha*[1]

Filiação: [1]Laboratório de Biologia Celular e Tecidual/ CBB, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil; ellenpeixoto1522@gmail.com.

RESUMO
A avaliação do potencial ecofisiológico da microbiota constitui um indicador relevante dos impactos ambientais. Este estudo teve como objetivo analisar a capacidade de promoção do crescimento vegetal e o potencial de biocontrole de fitonematoides por microrganismos isolados de sedimentos do rio Itapemirim–ES. Foram selecionados oito isolados bacterianos e avaliadas suas características de síntese de enzimas hidrolíticas (quitinase e protease), utilizando meios de cultura suplementados com quitina coloidal e proteína do leite. Também foram analisados o efeito sobre a promoção do crescimento vegetal, a influência destes microrganismos sobre a atividade microbiana do solo por degradação do diacetato de fluoresceína. Os resultados evidenciaram halos de atividade proteolítica para as estirpes CCES39, CCES63 e CCES21, sendo que apenas CCES39 apresentou atividade quitinase. Em ensaios conduzidos em casa de vegetação, as estirpes inoculadas em plantas de milho promoveram aumento significativo da biomassa fresca e seca, tanto na parte aérea quanto nas raízes. Além disso, verificou-se um aumento da atividade microbiana no solo rizosférico. Dessa forma, os isolados bacterianos avaliados demonstraram potencial na promoção do crescimento vegetal e no aumento da qualidade do solo, configurando-se como candidatos promissores para aplicações biotecnológicas e no biocontrole de fitonematoides em sistemas agrícolas sustentáveis.
Palavras-chave: Fitonematoides; biocontrole; Microrganismo; Sustentabilidade.

INTRODUÇÃO

A crescente demanda dos consumidores, associada à intensificação da competitividade no mercado global, tem levado a necessidade da produção de alimentos com padrões elevados de qualidade, contemplando atributos nutricionais, sensoriais e funcionais (Zayat et al., 2022). Nesse contexto, a interface entre agricultura moderna, práticas sustentáveis e abordagens tecnológicas inovadoras constitui um campo de investigação em expansão, direcionado não apenas ao incremento da produtividade agrícola, mas também à conservação dos recursos naturais e à promoção de sistemas de produção mais resilientes e ambientalmente responsáveis. Sendo assim, o uso de novas tecnologias (Rejeb at al., 2022; Wakchaure et al., 2023) associadas ao estudo da influência de microrganismos na agricultura e sua atividade no biocontrole (Singh et al., 2020; Baron e Rigobelo., 2022; Wang at al., 2021; Poveda et al., 2020), tornam-se alvo de diferentes estudos que visam cada vez mais uma agricultura de maior qualidade.

Evidências científicas relatam o papel de microrganismos na promoção do crescimento vegetal e no incremento da produtividade agrícola. Amogou et al. (2019) observaram que a inoculação de *Serratia marcescens* em milho, associada a 50% de NPK, resultou em maior altura, biomassa aérea e radicular, além de maior rendimento de grãos. De forma semelhante, Dartora et al. (2013) verificaram que a inoculação combinada de *Azospirillum brasiliense* (Ab-V5) e *Herbaspirillum seropedicae* (Smr1), acompanhada de adubação nitrogenada, promoveu aumento de 12% na matéria seca da parte aérea e incremento significativo na produtividade em relação ao controle.

Além de atuarem na promoção do crescimento vegetal, diversos fungos e bactérias têm sido reportados como agentes no controle de doenças e pragas agrícolas, destacando-se os fitonematoides, responsáveis por expressivas perdas econômicas e pela redução da produtividade em diferentes cultivos. Estudos demonstram que microrganismos apresentam potencial no biocontrole desses patógenos, promovendo a redução do número de galhas, da massa de ovos e da população de fêmeas (Moslehi et al., 2021; Banihashemian et al., 2022), fatores diretamente relacionados à severidade das doenças em grandes culturas. Adicionalmente, infecções por fitonematoides estão associadas a alterações fisiológicas e bioquímicas (Loveys e Bird, 1973; Sharma e Sharma, 2016), modificações no arranjo estrutural das células vegetais (Ekino et al., 2020), bem como à modulação de respostas imunológicas, hormonais e gênicas em plantas (Bali et al., 2019; Molinari e Leonetti, 2019).

Dito isto, a busca por agentes microbianos envolvidos na PCV e no biocontrole, tem se tornado cada vez mais frequente, visando otimizar a produção destes produtos biotecnológicos e promovendo uma agricultura de menor impacto e mais sustentável. Sendo assim, O projeto aponta para a construção de conhecimento científico para melhor compreensão na interação planta-bactéria e sua ação na promoção do crescimento vegetal e ainda na direção dos mecanismos de biocontrole de doenças, contribuindo para o desenvolvimento de novas tecnologias que poderão auxiliar no controle dos fitonematoides e no aumento da produção agrícola.

2. METODOLOGIA

Todos os ensaios foram realizados com 8 estirpes bacterianas, isoladas a partir de sedimento coletado no rio Caparaó Capixaba, Espírito Santo. As bactérias encontram-se isoladas e compõem a coleção de microrganismos do setor de Ecofisiologia microbiana no LBCT/CBB/UENF.

2.1 Avaliação da produção de quitinase e protease por isolados microbianos.

O preparo da quitina coloidal e a produção de quitinase foram realizados de acordo com Salas-Oliva et al. (2019). Uma alíquota de 10µL dos isolados, previamente cultivados em meio Dygs, foi inoculada em meio sólido contendo quitina coloidal, pH 7.0. As placas foram incubadas por cinco dias em estufa a 32°C. A análise da atividade protease foi realizada segundo Oliveira et al. (2012), onde, após 48h de cultivo, os microrganismos foram semeados em meio de cultura com proteína do leite e incubados por 24h a 30°C. Para ambos os ensaios, o resultado foi obtido pela razão entre o diâmetro do halo e o da colônia.

2.2 Prospecção de isolados com atividade nematicida in vitro.

Os isolados foram cultivados em meio Dygs por 48h. Uma alíquota de 10µL foi transferida para placa de Petri contendo meio ágar/água, onde ocorreu a interação com o nematoide de vida livre Panagrellus sp. O período de interação foi acompanhado por microscopia óptica por sete dias, a fim de confirmar a ação bacteriana sobre a migração e mortalidade destes nematoides, demonstrando sua atividade nematicida.

2.3 Delineamento e avaliação da promoção do crescimento vegetal em casa de vegetação.

O ensaio de interação bactéria/planta foi realizado com oito estirpes. O substrato utilizado foi Basaplant® Hortaliças, preenchendo 60 tubetes em seis repetições. Foram distribuídas três sementes de milho da variedade DKB 177 por tubete e, após a dispersão, aplicaram-se 3mL de cada inóculo. Um controle positivo foi obtido com Herbaspirillum seropedicae (HRC54), bem como um controle negativo, sendo a planta testemunha, totalizando 10 tratamentos. O ensaio ocorreu em casa de vegetação por 25 dias. Foram avaliados peso fresco e seco da parte aérea e raiz, densidade populacional (UFC/g solo) e atividade microbiana no solo pelo método de diacetato de fluoresceína.

2.4 Atividade microbiana no solo.

A atividade microbiana foi identificada pelo método modificado do FDA (Battin, 1997). O FDA foi dissolvido em acetona absoluta para solução estoque de 1g/L. Amostras de 0,5g de solo foram incubadas com 6mL de tampão PO4 (50mM, pH 7,6) e 120µL de FDA por 1h em shaker a 32°C. O controle negativo utilizou solo autoclavado. A reação foi interrompida com 6mL de acetona 50%, seguida de centrifugação a 5000 rpm por 20min, e a leitura foi realizada em espectrofotômetro a 492nm.

4.5 Análise estatística dos dados.

As análises estatísticas foram realizadas com GraphPad Prism 5.0. Após a caracterização da promoção do crescimento vegetal e biocontrole in vitro, foram obtidas médias e desvio padrão. A comparação dos dados foi feita pelo teste de Tukey. Para resultados em casa de vegetação, utilizou-se o teste de Scott-Knott e obtidas médias e desvio padrão de cada ensaio. O nível de significância foi $p<0,05$.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Avaliação da presença de enzimas hidrolíticas microbiana.

Dentre as estirpes avaliadas (Tabela 1), durante o ensaio de protease, foi possível demonstrar que as estirpes bacterianas CCES62 e CCES53 não apresentaram halo de degradação, quando comparada as demais estirpes bacterianas. Porém, o halo de degradação para proteína, foi observado para as estirpes CCES39, CCES63, CCES21. Para o ensaio com quitina coloidal, somente a estirpe CCES39 demonstrou a

presença de halo para degradação de quitina, característica essencial para seleção de estirpes capazes de promover o biocontrole de fitonematoides. No entanto, além da formação de halos, foi observado ainda alterações morfológicas no crescimento radial das colônias, quando na presença de quitina coloidal.

Tabela 1. Valores medianos para a síntese de enzimas hidrolíticas bacterianas.

HALO DE SOLUBILIZAÇÃO (cm)								
Estirpes	06C	67	21	63	39	74	53	62
Quitina	0	0	0	0	0,65	0	0	0
OBS	HPV, CR	HPV, CR	HPV, CR	HPV, CR	CH, CR	HPV, CR	SH, SR	SH, SR
Protease	0,55	0,8	1,05	1,1	1,225	0,475	0	0
OBS	CH,SR	CH,SR	CH, SR	CH,SR	CH,SR	CH,SR	SH, SR	SH, SR

SH= sem halo CR= com ramificações HPV= halo pouco visivel

CH= com halo SR= sem ramificações

3.2. Prospecção de isolados com atividade nematicida *in vitro*

Para o ensaio de motilidade e mortalidade de nematoides, após cinco dias de observação para a interação das larvas com as oitos estirpes bacterianas (figura 1), com larvas do nematoide de vida livre Panagrellus spp., foi possível observar a formação de um filme que envolveu os nematoides, o que levou a diminuição da motilidade e/ou a mortalidade das larvas. Além da formação do filme bacteriano, foi possível visualizar também um agregado celular formado em volta destas larvas. Este ensaio, possibilitou também a caraterização da atividade nematicida dos isolados bacterianos. No ensaio nematicida com Panagrellus sp. e oito estirpes bacterianas pré-selecionadas, após cinco dias de incubação a 32°C, observou-se em microscópio óptico invertido que a maioria dos nematoides estava morta, presa a aglomerados bacterianos ou apresentava atividade reduzida. Também foram identificados indivíduos em reprodução e em fase juvenil.

3.3. Avaliação da promoção do crescimento vegetal em casa de vegetação.

Foi demonstrado que as bactérias inoculadas foram capazes de modular o crescimento das plantas de milho, sendo avaliado os parâmetros de biomassa (Figuras 2 e 3) e observado sua influência sobre o peso seco referente a parte aérea, para as estirpes CCES21 (0,65g), CCES62 (0,59g), CCES39 (0,57g), CCES06C (0,57g) e CCES53 (0,55), respectivamente, sendo está também observada para peso fresco.

A influência das estirpes também foi demonstrada sobre o aumento da biomassa seca e fresca da raiz de plantas de milho (Figura 3). Sendo assim, para a análise do peso seco da raiz as estirpes CCES21, CCES62, CCES39, CCES06C e CCES53 proporcionaram um aumento da biomassa seca nas raízes. No entanto, o aumento da

biomassa fresca de raízes de milho foi proporcionado pelas estirpes CCES21, CCES63, CCES39, CCES67 e CCES53, sendo estes resultados superiores ao controle.

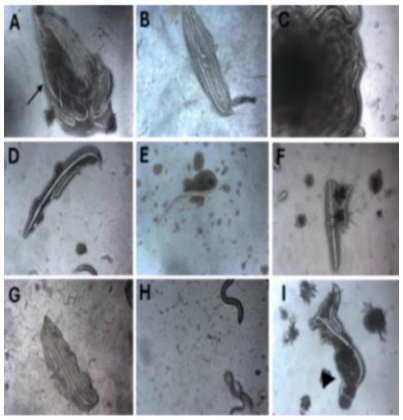


Figura 1. Atividade nematicida das estirpes bacterianas. Após cinco dias, foram observadas a interação entre bactérias e o nematoide de vida livre *Panagrellus* spp., o qual foi observado a presença de um filme (A) indicado por uma seta, bem como a presença de aglomerado bacteriano (I), indicado pela cabeça de seta. As imagens demonstraram a interferência na motilidade dos nematoides, pelas estirpes CCES06 (A), CCES21 (B), CCES39 (C), CCES53 (D), CCES62 (E), CCES63 (F), CCES67 (G), controle negativo (H) e CCES74 (I).

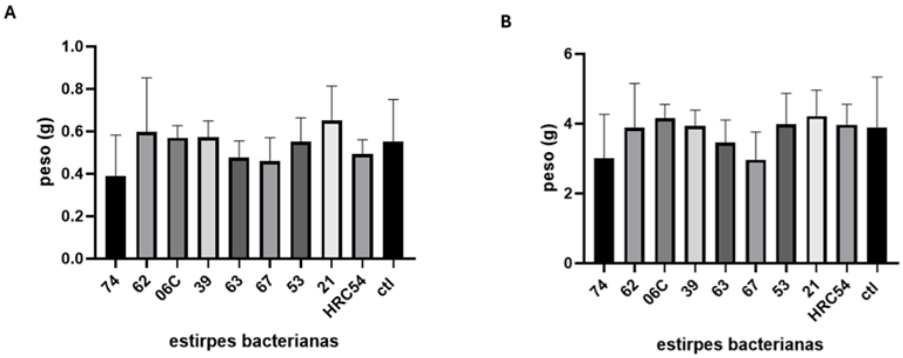


Figura 2. Biomassa vegetal parte aérea. O aumento da biomassa foi demonstrado para parte aérea, após inoculação das estirpes em plantas de milho. Para ambos, biomassa seca (A) e biomassa fresca (B) foi observado que as estirpes CCES21, CCES62, CCES39, CCES06C e CCES53 apresentaram uma modulação positiva quando comparadas ao controle. Todo ensaio foi realizado com cinco réplicas e foram usados um controle positivo com H. seropedicae HRC54 e controle negativo (planta testemunha).

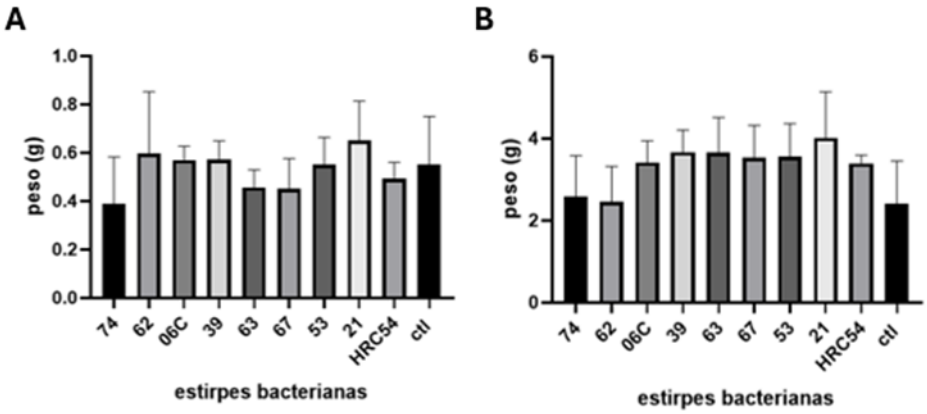


Figura 3. Biomassa vegetal da raiz. O aumento da biomassa foi demonstrado para as raízes de milho, após inoculação das estirpes. Para ambos, biomassa seca (A) foi observado que as estirpes CCES21, CCES62, CCES39, CCES06C e CCES53 apresentaram uma modulação positiva quando comparadas ao controle. Em contrapartida, o aumento da biomassa fresca (B) foi influenciado pelas estirpes CCES21, CCES39, CCES63, CCES67, CCES53 e CCES06C. Todo ensaio foi realizado com 5 réplicas e foram usados um controle positivo com H. seropedicae HRC54 e controle negativo (planta testemunha).

Além dos parâmetros de peso fresco e seco, foi avaliado o comprimento das plantas como um indicador do efeito das estirpes bacterianas na promoção de crescimento vegetal (Figura 4). Observou-se que as estirpes CCES06, CCES39, CCES62 e CCES74 induziram um aumento significativo ($p<0,05$) no comprimento total das plantas, sugerindo um papel relevante dessas bactérias na melhoria do desenvolvimento estrutural da cultura de milho.

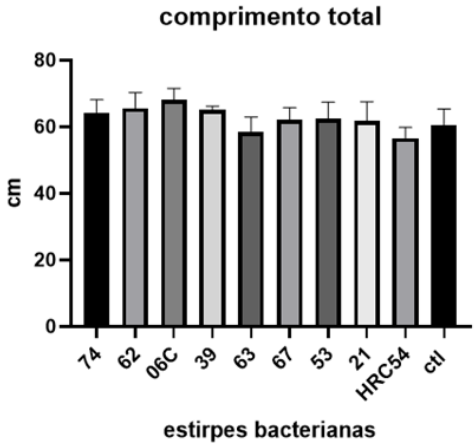


Figura 4. Comprimento total vegetal. Foi observado que as estirpes tiveram influência significativa sobre o comprimento total da planta, os tratamentos inoculados com as

bactérias CCES74, CCES62, CCES06C, CCES39 obtiveram os valores mais relevantes, inclusive superiores ao controle positivo (HRC54), sendo esta diferença significativa quando p<0,05.

Sabendo-se que a densidade populacional pode afetar atividade metabólica microbiana do solo, esta foi demonstrada para solo rizosférico através do método de diacetato de fluoresceína. Sendo assim, pode-se observar que a estirpe CCES74 apresentou maior atividade quando comparada ao controle, seguido da CCES06C. No entanto, quando observado a atividade da bactéria CCES39 pode-se observar uma alta atividade metabólica. Através da análise estatística foi possível demonstrar a diferença significativa para atividade bacteriana quando p<0,0001.

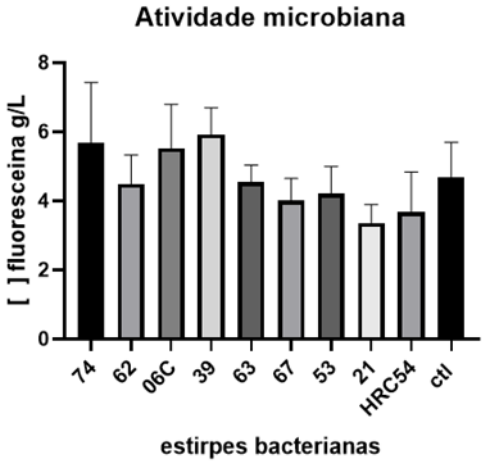


Figura 5. Atividade microbiana do solo. A atividade microbiana foi demonstrada através do método de degradação do diacetato de fluoresceína, através do qual a quantidade de fluoresceína liberada foi quantificada com auxílio de um espectrofotômetro em comprimento de onda de 420nm. A análise foi realizada em triplicata e o cálculo para concentração final de fluoresceína foi realizado através da equação da reta y=0,0433x+0,0679 obtida através da construção da curva padrão.

CONCLUSÃO

Através dos ensaios realizados foi possível demonstrar que as bactérias isoladas modulam positivamente o crescimento do milho quando inoculadas no solo. Das oito estirpes bacterianas avaliadas, CCES62 e CCES53 apresentaram síntese para enzimas hidrolíticas, enquanto apenas CCES39 apresentou halo para degradação de quitina, característica associada ao biocontrole. Durante a atividade microbiana, estirpes como CCES39, CCES74, CCES06C e CCES62 aumentam a atividade metabólica em solo rizosférico. Assim, esses microrganismos podem promover o desenvolvimento vegetal e auxiliar no controle de nematodiose, constituindo-se como potenciais agentes sustentáveis para incrementar a produção agrícola do país.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: Mais Ciência| Prefeitura de Campos dos Goytacazes; CNPQ

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Banihashemian, S.N.; Jamali, S.; Golmohammadi, M.; Ghasemnezhad, M.; "Isolation and identification of endophytic bacteria associated with kiwifruit and their biocontrol potential against Meloidogyne incognita". Egyptian Journal of Biological Pest Control. v. 32, p. 111, 2022.

Ekino, T.; Kirino, H.; Kanzaki, N.; Shinya, R.; "Ultrastructural plasticity in the plant-parasitic nematode, Bursaphelenchus xylophilus". Scientific RepoRtS. v. 10, p. 11576, 2020.

Loveys, B.R.; Bird, A.F. "The influence of nematodes on photosynthesis in tomato plants". Physiological Plant Pathology. v. 3, p. 525-629, 1973.

Molinari, S.; Leonetti, P.; "Bio-control agents activate plant immune response and prime susceptible tomato against root-knot nematodes". PLoS ONE. v. 14, 2019.

Moslehi, S.; Pourmehr, S.; Shirzad, A.; Khakvar, R.; "Potential of some endophytic bacteria in biological control of root-knot nematode Meloidogyne incognita". Egyptian Journal of Biological Pest Control. v. 31, p. 50, 2021.

Oliveira, A. C. D. et al. Comparação entre três bioprocessos para a produção de enzimas proteolíticas utilizando resíduos agroindustriais. Revista Brasileira de Tecnologia Agroindustrial. v. 6, 2012.

Salas-Oliva, R.; Gálvez-López, D.; Vázquez-Ovando, A.; Salvador-Figueroa, M.; Rosas-Quijano, R.; "Isolation and identification of marine strains of *Stenotrophomona maltophilia* with high chitinolytic activity. Peer J. v. 7, p. 6102, 2019.

Sharma, I.P.; Sharma A.K.; "Co-inoculation of tomato with an arbuscular mycorrhizal fungus improves plant immunity and reduces root-knot nematode infection". Rhizosphere. v. 4, p. 25-28, 2017.

Expressões fisiológicas e proteômicas do milho-pipoca UENF WS01 inoculado com *Bacillus cereus* UENF-LMS 71 sob duas condições hídricas

Uéliton Alves de Oliveira [1], *Monique de Souza Santos* [1], *Samuel Henrique Kamphorst* [1], *Jardel da Silva Figueiredo* [1], *Samuel Pereira da Silva* [1], *Maria Luiza Ferreira Teixeira* [1], *Gabriella Rodrigues Gonçalves* [1] *e Antônio Teixeira do Amaral Junior* [1]

[1] Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV), Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias (CCTA), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil. Email: uelitonalves2011@hotmail.com

RESUMO
A seca é um dos principais fatores que limitam a produtividade agrícola, afetando o metabolismo, a fotossíntese e o crescimento das plantas. Neste estudo, avaliou-se a resposta fisiológica e proteômica do híbrido de milho-pipoca UENF WS01 inoculado com *Bacillus cereus* UENF-LMS 71 sob condições de irrigação plena e estresse hídrico. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, com quatro tratamentos (com/sem inoculação × com/sem estresse hídrico). A inoculação com *Bacillus cereus* UENF-LMS71 aumentou em 78,74% a Fv/Fo, 54,55% a condutância estomática e 50,39% o teor de clorofila no milho-pipoca UENF WS01 sob estresse hídrico. Sob irrigação plena, houve elevações de 22,22% na condutância estomática, 15,74% no conteúdo relativo de água foliar e 13,90% em antocianinas. A análise proteômica identificou 726 proteínas, sendo 70 diferencialmente acumuladas em plantas inoculadas e apenas 20 em plantas não inoculadas. As proteínas em plantas com *B. cereus* estavam associadas a processos como fotossíntese, metabolismo energético, defesa antioxidante, regulação redox e síntese proteica. Destaque para proteínas como plastocyanin, ADP/ATP translocase, glutathione reductase e Hsp70, que contribuíram para maior eficiência fotossintética, proteção celular e melhor uso da água. Esses resultados indicam que a bactéria é uma aliada promissora para a agricultura em ambientes com baixa disponibilidade hídrica.
Palavras-chave: Estresse abiótico; Proteínas; *Zea mays everta*.

INTRODUÇÃO

A produtividade agrícola é essencial para a segurança alimentar e a sustentabilidade ambiental, mas sofre ameaças das mudanças climáticas e da escassez hídrica (Rehman et al., 2022; Coronado-Apodaca et al., 2023). O aumento da temperatura intensifica estresses que comprometem metabolismo e rendimento, e fatores abióticos respondem por cerca de 50% das perdas agrícolas, sendo o déficit hídrico o mais crítico por limitar crescimento e exigir mecanismos de adaptação (Ingrao et al., 2023; Yang et al., 2023; Junaid et al., 2023; Kopecká et al., 2024)

Esse estresse aciona regulação hormonal, controle estomático, defesas antioxidantes, ajustes radiculares e alterações na expressão gênica (Haghpanah et al., 2024; Qiao et al., 2024). No milho-pipoca, provoca queda no índice de verde foliar,

mudanças radiculares e redução no rendimento, massa e capacidade de expansão dos grãos (Kamphorst et al., 2018; Kamphorst et al., 2019; Santos et al., 2021; Leite et al., 2022), além de prejudicar fotossíntese e condutância estomática (Kamphorst et al., 2020; Oliveira et al., 2024b). Nesse contexto, a caracterização fisiológica torna-se fundamental para compreender os mecanismos de tolerância ao déficit hídrico e identificar estratégias biotecnológicas promissoras, como a inoculação com microrganismos benéficos.

Nesse cenário, o uso de Bactérias promotoras do crescimento de plantas (BPCP) são uma alternativa sustentável, capazes de reduzir os efeitos da seca e favorecer o crescimento em condições normais (Mishra et al., 2021; Fanai et al., 2024). Atuam por meio da produção de fitohormônios, solubilização de nutrientes, fixação de nitrogênio, produção de sideróforos e indução de resistência sistêmica, além de modularem respostas ao estresse e melhorarem a absorção de fósforo, nitrogênio e ferro (Maurya et al., 2024; Shah et al., 2024).

A interação planta-bactéria envolve redes moleculares complexas (Gianneli et al., 2023; Mattedi et al., 2024). No híbrido UENF WS01 de milho-pipoca, compreender os efeitos de *Bacillus cereus* sob déficit hídrico é essencial para desvendar mecanismos de adaptação (Oliveira et al., 2024a; Uday et al., 2024). Para isso, técnicas de alto rendimento, como genômica, transcriptômica, metabolômica e proteômica, são fundamentais (Wei et al., 2023).

A proteômica identifica alterações no perfil proteico em resposta à seca e à inoculação microbiana, incluindo proteínas de choque térmico, antioxidantes, osmólitos, aquaporinas e relacionadas à sinalização hormonal (Moloi et al., 2024; Schmitt et al., 2024). Essa abordagem mostra como microrganismos influenciam a fisiologia vegetal em diferentes condições hídricas, mas ainda há poucos estudos sobre a contribuição das BPCP na modulação proteômica (Zhao et al., 2022; Chiquito-Contreras et al., 2024) Assim, este trabalho analisou proteínas diferencialmente acumuladas no híbrido UENF WS01 de milho-pipoca inoculado com *Bacillus cereus* UENF-LMS 71 sob estresse hídrico e irrigação plena, visando identificar mecanismos moleculares associados à tolerância à seca e ao crescimento em ambiente adequado.

METODOLOGIA

O inóculo da cepa *Bacillus cereus* UENF-LMS71 foi preparado a partir do estoque do LBCT/UENF. A bactéria foi cultivada em meio DYGS sólido por 72 h a 30 ºC, transferida para pré-inóculo em meio líquido (5 mL) sob agitação a 180 rpm/24 h e, posteriormente, inoculada em 100 mL de DYGS líquido. Após crescimento, a densidade óptica foi ajustada a 600 nm para obter 1,8 × 10^9 UFC mL^{-1}.

O híbrido UENF WS01 de milho-pipoca (MAPA nº 46965) foi utilizado como material vegetal. As sementes foram desinfestadas (NaOCl 3%, 3 min; etanol 70%, 2 min), enxaguadas com água destilada estéril e pré-germinadas por 24 h a 25 ºC. O experimento foi realizado em casa de vegetação, com delineamento em blocos ao acaso, em esquema fatorial 2 × 2 (inoculação × estresse hídrico), totalizando quatro tratamentos: WSI (inoculado com estresse), WSC (controle com estresse), WWI (inoculado irrigado) e WWC (controle irrigado), com nove repetições. As plântulas foram transplantadas para tubos de PVC (10 × 150 cm) com 70% de substrato Basaplant® e

30% de perlita. No plantio, sementes inoculadas receberam 1 mL do inóculo de *Bacillus cereus* UENF-LMS71, e as não inoculadas, 1 mL de meio estéril.

A irrigação foi conduzida até 24 dias após o plantio (DAP). Em seguida, os tratamentos WS tiveram irrigação suspensa até atingir 40% da capacidade de campo (40 DAP), mantida por oito dias. Já as plantas WW permaneceram em 100% da capacidade. A capacidade de campo foi determinada pela diferença entre o peso do substrato saturado (após drenagem) e seco (estufa 70 ºC, 72 h). Durante o experimento, os tubos foram pesados a cada 2 dias para reposição hídrica. Em média, a capacidade de água foi de 4,77 L em WW (100%) e 3,16 L em WS (40%).

As plantas receberam solução nutritiva completa de Hoagland & Arnon (1938), com 224 ppm de N, aplicada em todas as irrigações até a imposição do estresse. Condições de temperatura, umidade e radiação foram monitoradas por estação WatchDog®, variando de 23,8 a 32,5 ºC, 56,5 a 75% de umidade e 185 a 423 µmol m^{-2} s^{-1} de PAR. Todas as características fisiológicas descritas abaixo foram avaliadas 49 dias após o plantio (DAP), correspondente ao estádio fenológico V12. As medições foram realizadas no terço médio da última folha totalmente desenvolvida, entre 10h e 14h.

Para a análise proteômica, três amostras biológicas (300 mg) de cada tratamento foram maceradas em N_2 líquido e extraídas em tampão de ureia/tioureia. A concentração proteica foi determinada (2-D Quant Kit®) e 100 µg de proteínas foram precipitadas, digeridas por FASP (Wiśniewski et al., 2009) e quantificadas em NanoDrop. As amostras foram analisadas por LC-ESI-MS/MS em espectrômetro SYNAPT G2 Si, com identificação via UniProtKB (*Zea mays*). A quantificação label-free foi processada pelo IsoQuant, considerando apenas proteínas presentes em todas as réplicas. Foram aplicados teste t ($p < 0,05$) e fold change (≤ -0,585 ou ≥ 0,585). As proteínas diferencialmente acumuladas foram submetidas à anotação funcional e análises de enriquecimento nos softwares OmicsBox e Metascape.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A inoculação com *B. cereus* resultou em um aumento percentual em todas as características fisiológicas avaliadas na condição hídrica (CH) WS e WW, exceto para WUEint e WUEinst na CH WS e Fm, WUEint, WUEinst e WUEagro na CH WW (Figura 1).

Em comparação com as plantas controle sob estresse hídrico (WSC), as inoculadas (WSI) apresentaram os maiores aumentos percentuais em Fv/Fo (78,74%), Condutância estomática (54,55%) e Clorofila (50,39%). Sob irrigação plena, as plantas inoculadas (WWI) mostraram maiores ganhos em condutância estomática (22,22%), conteúdo relativo de água foliar (15,74%) e antocianinas (13,90%) em relação às testemunhas (WWC) (Figura 1).

Bacillus cereus melhora a conservação de água, a eficiência fotossintética, reduz o estresse oxidativo e preserva a integridade celular, permitindo maior captura de luz, menor produção de ROS e melhor sobrevivência em condições de restrição hídrica (Singh et al., 2022). Essas melhorias foram confirmadas no milho-pipoca WS01 sob estresse hídrico e irrigação plena, destacando o potencial de biofertilizantes para uso eficiente em ambas as condições.

Na análise proteômica, foram identificadas 726 proteínas no híbrido de milho-pipoca UENF WS01. Nos tratamentos com *B. cereus* (WSI/WWI), 70 proteínas foram diferencialmente acumuladas (68 up-acumuladas e uma única proteína específica de cada ambiente). Sem inoculação (WSC/WWC), foram 20 DAPs (14 up e 6 down). Todas as proteínas de WSC/WWC estavam presentes em 6.3WSI/WWI, conforme o diagrama de Venn (Figura 2).

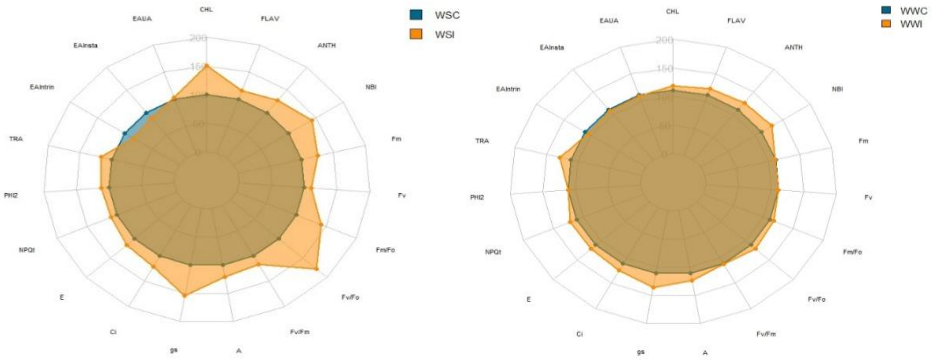


Figura 1. Aumento percentual das 19 características fisiológicas avaliadas no híbrido de milho-pipoca WS01, inoculado com Bacillus cereus, sob condições de estresse hídrico e irrigado. Conteúdo relativo de clorofila (Chl), conteúdo de antocianina foliar (Anth), flavonoides (Flv), índice de balanço de nitrogênio (NBI), intensidade máxima de fluorescência (Fm), fluorescência variável (Fv), produção quântica basal de processos não fotoquímicos em PSII (Fm/Fo), eficiência quântica potencial de PSII (Fv/Fo), rendimento quântico potencial (Fv/Fm), taxa fotossintética líquida (A), condutância estomática (Gs), concentração intercelular de CO_2 (Ci), taxa de transpiração (E), extinção não fotoquímica (NPQT), rendimento quântico de PSII (PHI2), conteúdo relativo de água foliar (RLWC), eficiência intrínseca do uso da água (WUEint), eficiência instantânea do uso da água (WUEinst) e eficiência agronômica do uso da água (WUEagro).

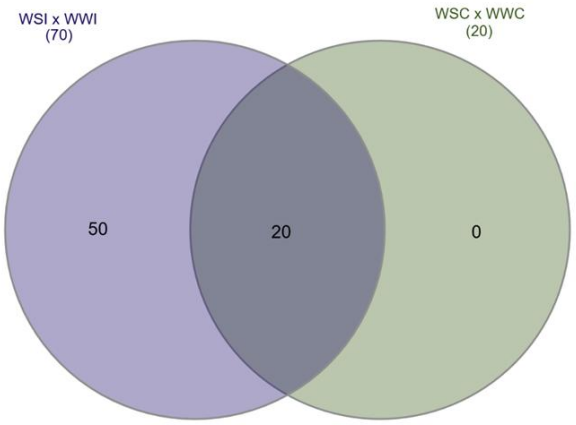


Figura 2. Diagrama de Venn das proteínas diferencialmente expressas (DAPs) nos tratamentos: WSI – estresse hídrico com inoculação; WSC – estresse hídrico sem inoculação; WWI – irrigado com inoculação; WWC – irrigado sem inoculação.

Além disso, foi realizada a análise de enriquecimento de ontologia gênica (GO), que classificou as DAPs em diferentes categorias funcionais, abrangendo processos biológicos, componentes celulares e funções moleculares.

Para os processos biológicos, as principais classes funcionais reguladas em WSI/WWI foram “cellular metabolic process” (GO: 0044237), “photosynthesis” (GO: 0015979) e “protein folding” (GO: 0006457). Para os componentes celulares, as principais categorias foram “apoplast” (GO: 0048046), “extracellular region” (GO: 0005576), “peroxisome” (GO: 0005777), “microbody” (GO: 0042579) e “cytoplasm” (GO: 0005737). Em se tratando da função molecular, as DAPs identificadas pertenciam apenas à classe de “antioxidant activity” (GO: 0016209) (Figura 3).

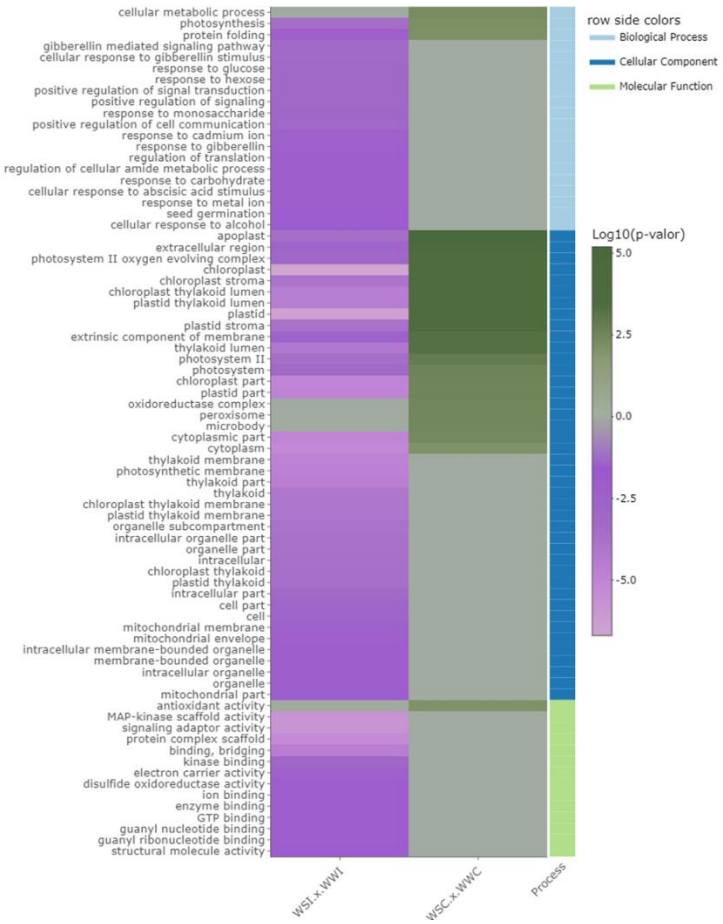


Figura 3. *Heatmap* dos grupos de ontologia gênia (GO) de acordo com a categoria funcional obtidos para as DAPs em proteínas de amostras de folha do híbrido UENF

WS01 cultivado em condição de irrigação adequada e de estresse hídrico com e sem inoculação por *Bacillus cereus* UENF-LMS 71.

Os principais grupos de GO observados para as DAPs em WSC/WWC foram relacionados aos processos biológicos “photosynthesis” (GO: 0015979), “gibberellin mediated signaling pathway” (GO: 0010476), “cellular response to gibberellin stimulus” (GO: 0071370), “positive regulation of signal transduction” (GO:0009967) e “cellular response to alcohol” (GO: 0097306). Para os componentes celulares, as categorias principais incluíram “chloroplast” (GO: 0009507), “cytoplasm” (GO: 0005737), “apoplast” (GO: 0048046), “photosynthetic membrane” (GO:0034357) e “photosystem II” (GO: 0009523). Para a função molecular, as categorias identificadas foram “signaling adaptor activity” (GO:0035591), “electron carrier activity” (GO: 0009055), “enzyme binding” (GO: 0019899), “guanyl nucleotide binding” (GO: 0019001) e structural molecule activity (GO: 0005198) (Figura 5).

Dentro dos principais grupos de GO, destacam-se as DAPs relacionadas ao metabolismo energético, ao transporte de moléculas, à regulação redox e a defesa antioxidante, à síntese e modulação do metabolismo de aminoácidos e proteínas, à proteção de organelas e ao controle de apoptose celular.

No tratamento WSI/WWI, proteínas como plastocyanin, ADP/ATP translocase e carbamoyl-phosphate synthase foram up-acumuladas, regulando metabolismo energético e transporte de moléculas, sustentando fotossíntese, produção de ATP, Ciclo de Calvin e homeostase celular. A plastocyanin melhorou taxa fotossintética, eficiência quântica e conteúdo de clorofila, enquanto proteínas mitocondriais garantiram distribuição eficiente de ATP e controle estomático. EF1G2 e MHT regulam síntese proteica e metabolismo do folato, aumentando condutância estomática, eficiência do uso de água e biomassa (Oliveira et al., 2024; Wang et al., 2021). Isso sugere que essas proteínas são cruciais para a manutenção da energia e adaptação ao estresse hídrico, suportando crescimento e produção mesmo sob déficit de água (Oziturk et al., 2021; Qiao et al., 2024).

Thioredoxin M-type, glutathione reductase, Hsp70 e Hsp90 foram up-acumuladas em WSI/WWI, protegendo células contra ROS, estresse oxidativo e apoptose, além de preservar cloroplastos e mitocôndrias. A biossíntese de flavonoides e antocianinas foi favorecida, aumentando eficiência fotossintética e uso da água (Jena et al., 2023; Zhang et al., 2024). A presença dessas proteínas indica que a defesa antioxidante e a reparação de proteínas são essenciais para tolerância ao estresse hídrico, mantendo metabolismo e crescimento celular mesmo sob condições adversas (Povea-Cabello et al., 2024; Chen et al., 2024).

A 50S ribosomal protein L12-1 e a alanine-glyoxylate transaminase foram up-acumuladas com *B. cereus*, regulando síntese proteica e metabolismo de aminoácidos essenciais, incluindo produção de HSPs. Elas mantêm equilíbrio celular, homeostase e eficiência do uso de água, promovendo adaptação ao estresse hídrico (Heinemann et al., 2021; Wang et al., 2023). Isso evidencia que a modulação proteica é fundamental para a resposta fisiológica das plantas e garante continuidade da fotossíntese e crescimento sob déficit hídrico (Ling et al., 2023; Bakshi et al., 2023).

A inoculação com *B. cereus* modulou a expressão de proteínas-chave em WSI/WWI, promovendo regulação redox, defesa antioxidante e manutenção da fotossíntese. Estudos anteriores demonstram que bactérias promotoras de crescimento

influenciam proteínas associadas ao estresse abiótico e síntese proteica (Naher et al., 2018; Kubori et al., 2022). Esses resultados indicam que *B. cereus* atua como modulador molecular, aumentando a tolerância ao estresse hídrico e otimizando crescimento, metabolismo e eficiência do uso de água em milho-pipoca.

CONCLUSÃO

As plantas inoculadas apresentaram melhorias fisiológicas significativas, como maior teor de clorofila, eficiência fotossintética, área foliar, além de maior eficiência no uso da água, indicando o papel de *Bacillus cereus* na mitigação do estresse hídrico. As proteínas mais relevantes foram identificadas principalmente nos tratamentos WSI e WWI (com inoculação de *Bacillus cereus*), indicando que a bactéria contribui para maior tolerância ao estresse hídrico ao otimizar fotossíntese, regulação redox e estabilidade celular. A inoculação modulou a expressão de proteínas associadas ao metabolismo energético, transporte de moléculas e defesa antioxidante, reduzindo os impactos da seca e favorecendo a adaptação das plantas à escassez de água.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: Capes, CNPq, FAPERJ, UENF.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Chiquito-Contreras, C. J. et al. (2024). Molecular insights into plant–microbe interactions: A comprehensive review of key mechanisms. Frontiers in Bioscience-Elite, 16(1): pp. 9.

Coronado-Apodaca, K. G. et al. (2023). Agro-food sustainability transitions: New Frontiers for food security. Current Opinion in Environmental Science & Health, 31: pp. 100412.

Fanai, A. et al. (2024). Plant growth promoting bacteria (PGPB)-induced plant adaptations to stresses: an updated review. PeerJ, 12: e17882.

Giannelli, G.; Potestio, S.; Visioli, G. (2023). The contribution of PGPR in salt stress tolerance in crops: Unravelling the molecular mechanisms of cross-talk between plant and bacteria. Plants, 12(11): pp. 2197.

Haghpanah, M. et al. (2024). Drought tolerance in plants: Physiological and molecular responses. Plants, 13(21): pp. 2962.

Ingrao, C. et al. (2023). Water scarcity in agriculture: An overview of causes, impacts and approaches for reducing the risks. Heliyon.

Kamphorst, S. H. et al. (2018). Can genetic progress for drought tolerance in popcorn be achieved by indirect selection?. Agronomy, 9(12): pp. 792.

Kamphorst, S. H. et al. (2019). Can genetic progress for drought tolerance in popcorn be achieved by indirect selection? Agronomy, 9:792.

Kamphorst, S. H. et al. (2020). Comparison of Selection Traits for Effective Popcorn (*Zea mays* L. var. everta) Breeding Under Water Limiting Conditions. Front Plant Sci, 11.

Kopecká, R. et al. (2023). Abiotic stress in crop production. International Journal of Molecular Sciences, 24(7): pp. 6603.

Leite, J. T. et al. (2022). All are in a drought, but some stand out: multivariate analysis in the selection of agronomic efficient popcorn genotypes. Plants, 11(17): pp. 2275.

Maurya, N.; Sharma, A.; Sundaram, S. (2024). The role of PGPB-microalgae interaction in alleviating salt stress in plants. Current Microbiology, 81(9): pp. 270.

Mishra, P.; Mishra, J.; Arora, N. K. (2021). Plant growth promoting bacteria for combating salinity stress in plants–Recent developments and prospects: A review. Microbiological Research, 252: pp. 126861.

Oliveira, U. A. et al. (2024a). *Bacillus cereus*: An ally against drought in popcorn cultivation. Microorganisms, 12(11): pp. 2351.

Oliveira, U. A. et al. (2024b). Unveiling drought-resilient Latin American popcorn lines through agronomic and physiological evaluation. Life, 14(6): pp. 743.

Qiao, M. et al. (2024). Impacts of drought on photosynthesis in major food crops and the related mechanisms of plant responses to drought. Plants, 13(13): pp. 1808.

Rehman, A. et al. (2022). Sustainable agricultural practices for food security and ecosystem services. Environmental Science and Pollution Research, 29(56): pp. 84076-84095.

Santos, T. O. et al. (2021). Phenotyping Latin American open-pollinated varieties of popcorn for environments with low water availability. Plants, 10(6): pp. 1211.

Schmitt, K. F. M. et al. (2024). Decoding the effects of drought stress on popcorn (Zea mays var. everta) flowering combining proteomics and physiological analysis. Plant Physiol Biochem, 208: pp. 108444.

Shah, M. H. et al. (2024). Beneficial microbes in soil and plant nutrition. In: Plant Holobiome Engineering for Climate-Smart Agriculture. Singapore: Springer Nature, pp. 163-181.

Singh, G. M. et al. (2022). Biochemical, gas exchange, and chlorophyll fluorescence analysis of maize genotypes under drought stress reveals important insights into their interaction and homeostasis. Photosynthetica, 60: 376–388.

Uday, G. et al. (2024). Advances in plant proteomics toward improvement of crop productivity and stress resistance. In: Plant Proteomics: Implications in Growth, Quality Improvement, and Stress Resilience, pp. 11-29.

Wei, L. et al. (2023). A proteomics insight into advancements in the rice–microbe interaction. Plants, 12(5): pp. 1079.

Yang, Z. et al. (2023). Genetic and molecular exploration of maize environmental stress resilience: Toward sustainable agriculture. Molecular Plant, 16(10): pp. 1496-1517.

Zhao, Y. et al. (2022). Physiological, proteomic, and metabolomic analysis provide insights into Bacillus sp.-mediated salt tolerance in wheat. Plant Cell Reports, pp. 1-24.

I CONGRESSO REGIONAL DE BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Estratégias científicas e inovadoras para a agricultura e meio ambiente

2025

06 a 08 de outubro

INOVAÇÃO E TECNOLOGIAS SUSTENTÁVEIS EM BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Realização:

UENF Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

CBB-UENF

Apoio:

FAPERJ

CAPES

Patrocínio:

ALEMMAR

HUMPBACK

revvity

LOBOV Científica

Waters

ZEISS

Avaliação da Utilização de Diferentes Gerações do Levedo na Produção e Qualidade de Cerveja Artesanal

Yasmin Mathias Vasconcellos Lembrance, Jorge Alves Machado II, Maria Bremenkamp, Christiane Mileib Vasconcelos

A produção da cerveja é dividida em três fases: moagem do malte, mostura, filtração, fervura e clarificação do mosto. Na segunda fase ocorre o processo fermentativo, abrangendo a fermentação, a maturação, a filtração e na última fase ocorre a pasteurização. As leveduras têm uma grande influência nos aspectos sensoriais e no tipo de cerveja a ser produzida. Durante a produção, é reaproveitada a camada intermediária da levedura, que apresenta alta atividade fermentativa. Portanto, o objetivo desse trabalho é avaliar a viabilidade de reutilização do levedo utilizado durante a produção da cerveja Pilsen e a qualidade dessa bebida. As amostras foram cedidas pela cervejaria Kingbier, localizada em Vila Velha – ES. Foram realizadas análises físico-química (pH, acidez total, teor de sólidos solúveis totais, cor instrumental), contagem celular em câmara de Neubauer e análise sensorial pelo teste de dominância temporal das sensações utilizando o software Sensomaker. Os resultados foram analisados por meio da ANOVA a 5% de probabilidade e para os resultados que apresentaram $p \leq 0,05$ foram realizados testes de comparação de médias pelo Teste Duncan na mesma probabilidade. Quanto aos resultados, até o atual momento foram analisadas cinco gerações de levedo e suas respectivas cervejas. Não houve diferença estatística para os resultados das análises físico-química e microbiológica dos levedos e das cervejas ($p>0,05$), o que é benéfico para a produção de cerveja sustentável, pois demonstra que o levedo pode ser reutilizado por mais vezes e mesmo assim suas características serão mantidas. Quanto a análise sensorial das cervejas, avaliando as diferenças entre os gráficos gerados pelo Sensomaker, percebe-se que as cervejas apresentaram os seguintes atributos como mais dominantes: amargo, refrescância, alcóolico e sem sabor. Sendo assim, pode-se concluir que o levedo e a cerveja estão mantendo suas características físico-químicas, assim como o percentual de viabilidade do levedo.

Palavras-chave: Produção de cerveja; Reaproveitamento de leveduras; *Saccharomyces cerevisae*; Análise sensorial.

Agradecimentos: À Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Espírito Santo (FAPES) bela bolsa concedida.

Diagnóstico de sustentabilidade em startups agrícolas: desenvolvimento e validação de um framework ESG

Daniele Cruz Grangeiro; *Gonçalo Apolinário de Souza Filho*

A crescente demanda por práticas sustentáveis e pelos critérios ambientais, sociais e de governança (ESG) tem transformado startups agrícolas, especialmente no Brasil, onde políticas públicas incentivam o uso de bioeconomia. Este estudo objetivou desenvolver e validar um framework ESG para diagnosticar o nível de sustentabilidade dessas empresas, fortalecendo sua competitividade e atração de investimentos. O método consistiu em questionário com 24 perguntas, sendo 19 distribuídas nos eixos Ambiental (6), Social (7) e Governança (6), aplicado a 61 startups. O framework utilizou escala Likert de cinco pontos, permitindo classificar níveis de maturidade e gerar pré-diagnóstico automatizado. Os resultados mostraram estágio inicial de sustentabilidade: no eixo Social, a comunicação interna atingiu nível estratégico em 53% das empresas, mas persistem desafios de diversidade; no eixo Ambiental, predominaram níveis elementares para gestão de energia, água e resíduos; em Governança, 41% possuem código de ética e 37% políticas de proteção de dados, mas 56% permanecem em nível elementar quanto à matriz de dupla materialidade e 41% não elaboram relatórios ESG. Conclui-se que, embora apresentem potencial competitivo, fragilidades em governança e rastreabilidade limitam a atratividade dessas startups. O framework mostrou-se eficaz como ferramenta de pré-diagnóstico, contribuindo para o alinhamento à bioeconomia e a transição para uma economia verde.

Palavras-chave: Critérios ESG; Práticas Sustentáveis; Bioeconomia.;

Agradecimentos: À CAPES, à FAPERJ pelo apoio financeiro; à Tec Incubadora; e à UENF pela oportunidade acadêmica.

Bactéria do gênero *Azospirillum* revela eficiência metabólica e potencial para integrar consórcios microbianos em formulações de inoculantes biológicos da startup iMicro-Biotech

Maria Gabrielly da Silva Maciel, Rafael Chaves Ribeiro, Bruna Sthefanie Paz Souza, Aline Chaves Intorne, Marília Amorim Berbert de Molina, Gonçalo de Apolinário de Souza Filho, Fabio Olivares, Júlia Rosa Moreira

O desenvolvimento de fertilizantes biológicos com base em consórcios microbianos representa uma proposta inovadora e sustentável para a agricultura. O objetivo deste estudo foi avaliar a cinética de crescimento e consumo de glicose da bactéria do gênero Azospirillum, além da sua compatibilidade com outro microrganismo promotor do crescimento vegetal, para aplicação em culturas agrícolas de relevância econômica visando formulações eficientes, para startup iMicro-Biotech. A cinética de crescimento e consumo de glicose foi determinada em meio líquido, com leituras espectrofotométricas (OD600) a cada duas horas, por 12 horas, e a quantificação de glicose foi realizada pelo método colorimétrico com 3,5-dinitrossalicílico (DNS), utilizando curva padrão de glicose, a cada duas horas. As amostras reagiram com o reagente de DNS em banho-maria a 100 °C e a absorbância foi medida a 570 nm. A concentração foi determinada por comparação com a curva de calibração. O isolado de Azospirillum apresentou perfil de crescimento caracterizado pela fase midlog entre 6 e 8 horas, evidenciando rápido estabelecimento da fase exponencial, aliado ao baixo consumo de nutrientes do meio, como a glicose, o que favorece sua utilização em processos industriais de larga escala, pois reduz a demanda de insumos e, consequentemente, os custos de produção da matéria-prima. Além disso, os testes de compatibilidade revelaram interações simbióticas entre Azospirillum e outro microrganismo promissor para promoção de crescimento vegetal, sem ocorrência de zonas de inibição. Essa interação reforça o potencial do consórcio microbiano para aplicação em diferentes culturas agrícolas. Os resultados obtidos evidenciam a importância da seleção de microrganismos com características metabólicas vantajosas, como o baixo consumo de insumos, e com compatibilidade simbiótica, destacando seu uso em formulações de inoculantes mais acessíveis e sustentáveis para a agricultura.

Palavras-chave: microrganismos promotores do crescimento vegetal; agricultura sustentável; iMicro-Biotech

Agradecimentos: UENF, FAPERJ, iMicro-Biotech

A densidade de tricomas foliares modifica a resposta de *Solanum lycopersicum* (cv. Micro-Tom) a nanomateriais?

Juliana do Prado Valeriano, Aline Lemos Ferreira, Nathalia Souza Teixeira, Mirella Pupo Santos, Daniel Basílio Zandonadi

A agricultura desempenha um papel significativo na economia brasileira, mas apresenta grande dependência da importação de fertilizantes. A aplicação foliar de biofertilizantes tem mostrado efeitos promissores; contudo, seus mecanismos de ação, incluindo formas de absorção foliar, ainda são pouco elucidados. Isto é especialmente relevante para nanomateriais carbonáceos com propriedades óticas de absorção e emissão de luz com potencial de afetar a fotossíntese. O cultivar Micro-Tom de tomateiro (*Solanum lycopersicum*) é um modelo amplamente utilizado e possui mutantes como o Lanata, que apresenta maior densidade de tricomas. Assim, visando testar a hipótese de que a maior densidade de tricomas em Lanata aumenta a retenção e a absorção foliar do nanomaterial, Este trabalho teve como objetivos definir a concentração ótima do biofertilizante nanomaterial Arbolina® aplicado por via foliar em Micro-Tom WT e Lanata; avaliar seus efeitos sobre características morfológicas, fisiológicas e a produtividade e; investigar a influência dos tricomas na absorção dos nanomateriais. As plantas foram cultivadas em casa de vegetação e submetidas a cinco condições (controle com água e quatro concentrações crescentes do nanomaterial), aplicados via foliar, semanalmente, durante quatro semanas durante o período vegetativo do tomateiro. Os resultados preliminares indicaram, por meio da análise de regressão polinomial de segundo grau, a concentração de aproximadamente 3 g/L de Arbolina® como a mais eficiente para a produção de plantas Micro-Tom do genótipo Lanata, enquanto o WT não apresentou ganhos significativos de produtividade na mesma concentração. Além disso, foram observadas respostas fisiológicas distintas entre os genótipos, com destaque para valores de eficiência quântica efetiva (Phi2) mais elevados sob a concentração de 3 g/L em Lanata, sugerindo que o ganho de produtividade neste genótipo pode estar associado em parte a uma maior eficiência fotossintética. Análises de microscopia e quantificação da absorção estão em andamento para confirmar o papel da densidade de tricomas e elucidar seu impacto final na produtividade de cada genótipo.

Palavras-chave: Tomate; agricultura sustentável; nanomaterial

Agradecimentos: UENF; FAPERJ; NUPEM; Krilltech.

Indicadores espectrais como ferramentas biotecnológicas na seleção de genótipos de feijão via análise de trilha

Ana Caroline de Freitas Gonçalves[1], *Karina Kazue Nakamura Fukuji*[1], *Anderson Yusei Suzuki Fukuji*[1], *Maria Lúcia Rangel Ferreira Gomes*[1], *Rosana Rodrigues*[1]

Filiação
[1]LMGV, UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil; e-mail: Anacarollnyfg@gmail.com.

RESUMO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das culturas mais relevantes do Brasil, com grande importância nutricional e socioeconômica, sendo fundamental o uso de ferramentas que permitam avaliar seu desenvolvimento de forma precisa e não destrutiva. Nesse contexto, os índices espectrais surgem como alternativa eficiente para monitorar vigor vegetativo, status hídrico e produtividade. Este estudo teve como objetivo integrar dados espectrais à análise de trilha para identificar indicadores fisiológicos relacionados ao vigor e ao estresse em genótipos de feijoeiro. O experimento foi conduzido em casa de vegetação da UENF, utilizando 40 genótipos em delineamento em blocos ao acaso, avaliados em cinco estádios fenológicos por meio de espectrômetro portátil. Foram analisados 22 índices espectrais e correlacionados com o NDVI por análise de trilha. Os resultados destacaram o NDVI como variável central, apresentando fortes correlações positivas com índices de vigor (WBI, ARI2, CRI2) e negativas com indicadores de estresse (SIPI, NPCI), confirmando sua sensibilidade à biomassa, aos pigmentos fotossintéticos e à integridade hídrica. A integração entre índices espectrais e biométricos mostrou-se promissora para o monitoramento do feijoeiro, permitindo a detecção precoce de estresses fisiológicos e subsidiando estratégias de fenotipagem, manejo mais sustentável e seleção de genótipos com maior potencial produtivo.
Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris* L.; Vigor vegetativo; NDVI.

INTRODUÇÃO

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das principais leguminosas cultivadas no Brasil, destacando-se não apenas pelo seu valor nutricional, mas também por sua relevância socioeconômica (Zambom; Neto; Moulin, 2024). O Brasil é o segundo maior produtor de feijão do mundo, com uma produção que corresponde a aproximadamente dez por cento da produção global (Faostat, 2023; Loureiro *et al*., 2018).

Diante disso, essa significativa produção posiciona o feijão como um componente essencial na agricultura nacional, com relevância direta para a segurança alimentar e nutricional da população, uma vez que é fonte rica de proteínas, fibras, vitaminas e minerais (Moraes; Menelau, 2017).

Nesse contexto, torna-se indispensável o uso de técnicas e métodos capazes de monitorar o crescimento e o estágio fisiológico da cultura como os índices de refletância, que permitem estimar a área foliar da biomassa e produtividade, que auxiliam no manejo da lavoura e na previsão da colheita, uma vez que plantas saudáveis

absorvem mais radiação fotossintética favorecendo o acúmulo de biomassa e o aumento da produção de grãos, pois a radiação incidente é parcialmente refletida transmitida e absorvida, sendo a absorção fundamental para a fotossíntese (Santana, 2015).

Contudo, compreender o quanto cada uma dessas variáveis influencia diretamente na produtividade exige o uso de análises mais aprofundadas como a análise de trilha que permite identificar os efeitos diretos e indiretos entre variáveis, facilitando a seleção de características com maior impacto real sobre a cultura (Cruz; Carneiro, 2012). Assim, ao aplicar essa técnica sobre variáveis obtidas via índices espectrais, é possível determinar quais indicadores fisiológicos possuem relação causal com características agronômicas do feijoeiro.

Portanto, diante da escassez de estudos que correlacionem essas abordagens na literatura, esta pesquisa tem como objetivo integrar dados espectrais com a análise de trilha para apoiar decisões no manejo da cultura do feijoeiro e na seleção de genótipos com maior potencial produtivo.

METODOLOGIA

O experimento foi conduzido em casa de vegetação da unidade de apoio à pesquisa (UAP) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), utilizando 40 genótipos de feijões do tipo especiais provenientes do banco de sementes do Laboratório de Melhoramento Vegetal da UENF (LMGV). O delineamento experimental foi em blocos ao acaso (DBC), com três blocos. Para cada genótipo em cada bloco, foi selecionada uma folha totalmente expandidas, escolhidas aleatoriamente, para as leituras fisiológicas.

Posteriormente, realizou-se cinco medições durante os estádios fenológicos mais relevantes: expansão do primeiro par de folhas trifolioladas, floração, enchimento do fruto, maturação das vagens e senescência foliar. Os dados foram obtidos com o uso de um mini espectrômetro foliar portátil (*CID Bio-Science*, CI-720), mantendo-se condições e horário padronizados em cinco dias consecutivos para reduzir variações ambientais de curto prazo (Fukuji, 2020).

A partir dessas medições, foram mensurados 22 índices de reflectância foliar (variáveis vegetativas) presentes no banco de dados: ARI1, ARI2, CRI1, CRI2, SIPI, FRI, CNDVI, Ctr1, Ctr2, G, GM1, GM2, NDVI, NPCI, NPQI, SRPI, TCARI, RENDVI, PRI, PSRI, WBI.

Por outro lado, na análise de trilha, considerou-se o NDVI como variável dependente, e os índices mais correlacionados foram utilizados como preditores; os dados foram padronizados (z-score) antes do ajuste, e a colinearidade foi verificada por VIF (Variance Inflation Factor), adotando-se critérios usuais (atenção para VIF > 5 e crítica para VIF > 10) (Cruz e Carneiro, 2003 ; Cruz, Regazzi & Carneiro, 2004). Toda a análise foi realizada com o software estatístico R (R Development Core Team 2017).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

De acordo com Nogueira *et al.* (2012), para interpretar uma correlação, é necessário considerar três aspectos principais: magnitude, direção e significância estatística. A estimativa de um coeficiente de correlação positivo indica a tendência de que uma variável apresente aumento concomitante ao aumento da outra.

Em contrapartida, coeficientes de correlação negativos sugerem que o aumento de uma variável está associado à diminuição da outra.

Nesse contexto, a análise de correlação evidenciou um padrão de inter-relações estruturado em dois grandes grupos fisiológicos. Conforme Moreira (2012), o NDVI está fortemente ligado ao vigor das plantas, pois reflete diretamente a capacidade fotossintética e o nível de água presente nas folhas. Assim, O NDVI destacou-se como variável principal da rede, mostrando correlações positivas bastante intensas com índices associados ao vigor vegetativo e ao teor de pigmentos fotossintéticos como o WBI (r = 0,97), ARI2 (r = 0,93), CRI2 (r = 0,81) e FRI (r = 0,81). Essas relações indicam que o aumento da biomassa foliar e do teor de água (captado pelo WBI), bem como da concentração de pigmentos como clorofilas e antocianinas (detectados por ARI e CRI), estão fortemente associados ao incremento no vigor espectral.

A forte ligação NDVI e WBI é coerente com observações anteriores de que a reflectância no infravermelho próximo e no vermelho é influenciada tanto pela estrutura interna da folha quanto pelo teor hídrico (Peñuelas et al., 1993). Plantas saudáveis tendem a absorver intensamente a radiação na região do vermelho, devido à alta concentração de clorofila, e a refletir fortemente na região do infravermelho próximo (NIR), em função da organização celular e da morfologia foliar (Vian, 2025).

Por sua vez, foram observadas correlações negativas relevantes do NDVI com SRPI (r = –0,73), NPCI (r = –0,72) e SIPI (r = –0,72), que estão associados a alterações nos pigmentos carotenoides e a processos de estresse foto-oxidativo. Isso indica que níveis elevados de NDVI, representando maior vigor, estão ligados a menor estresse fisiológico e preservação dos pigmentos fotoprotetores. A relação inversa entre o NDVI e o SIPI reforça a associação entre o vigor e a razão carotenoides/clorofila, frequentemente afetada por estresse oxidativo. Igualmente, índices de estresse como NPQI e NPCI mostraram correlações negativas marcantes com indicadores associados à folhas saudáveis, como ARI2 (r = –0,90) e FRI (r = –0,85). Esses resultados sugerem que índices de vigor, como o NDVI, são bons indicadores de baixa degradação pigmentária e maior integridade fotossintética.

Os resultados apresentados indicam que plantas sob maior estresse fotoinibitório tendem a acumular menos pigmentos fotossintéticos, o que se reflete em menor vigor espectral. Isso ocorre porque o Índice de Vegetação por Diferença Normalizada (NDVI) é calculado a partir da reflectância nas faixas do vermelho e do infravermelho próximo, variando em uma escala de -1 a 1, sendo que valores positivos acima de 0,2 normalmente indicam plantas saudáveis e vigorosas, enquanto valores próximos de zero ou negativos são associados a plantas estressadas ou com baixa atividade fotossintética (Vian, 2025; Rissini *et al*.2015).

Além disso, a análise da rede revelou um agrupamento consistente de índices relacionados ao estresse pigmentário e à fotoproteção (NPQI, NPCI, SRPI, PRI, PSRI e SIPI), que se correlacionam positivamente entre si e negativamente com os índices de vigor. Esse grupo representa uma resposta fisiológica distinta, ligada a mecanismos de dissipação de energia sob estresse. Essa dinâmica se alinha ao que é descrito por Taiz e Zeiger (2004), onde, nos estádios iniciais sob estresse pode ocorrer o fechamento estomático podendo aumentar temporariamente a eficiência no uso da água. No entanto, com o agravamento do estresse, ocorre desidratação celular e queda na fotossíntese, o que reduz o vigor da planta.

Já em relação às medidas morfológicas e biométricas, como GM1, GM2 e G, apresentaram correlações elevadas (r = 0,87) entre si e conexões com ambos os blocos

da rede, sugerindo que o crescimento estrutural reflete a integração de respostas fisiológicas relacionadas ao balanço entre produtividade fotossintética e mecanismos de defesa. Dessa forma, essa interligação reforça a aplicabilidade de combinar parâmetros espectrais e biométricos para o monitoramento integrado do desenvolvimento vegetal.

Por isso, o padrão observado confirma que o NDVI, embora amplamente utilizado como indicador de vigor, pode ser complementado por índices sensíveis a pigmentos e fotoproteção para aumentar a sensibilidade na detecção precoce de estresses fisiológicos. Nesse sentido, análises de trilha futuras, tendo o NDVI como variável dependente e índices como ARI2, WBI, CRI2 (vigor) e NPQI, SIPI (estresse) como variáveis independentes, podem elucidar efeitos diretos e indiretos, evitando redundâncias decorrentes de multicolinearidade

Por outro lado, a análise de rede de coeficiente de correlação considerando $|r| > 0,6$ revelou interações expressivas entre o índice de vegetação NDVI e um conjunto de variáveis espectrais e fisiológicas. Observou-se que o NDVI apresentou correlações positivas muito fortes com CNDVI ($r = 0,94$), Ctr2 ($r = 0,93$), ARI2 ($r = 0,93$) e GM1 ($r = 0,87$), indicando que esses índices possuem comportamento altamente congruente, possivelmente refletindo respostas semelhantes associadas à biomassa verde e à integridade foliar. Correlações positivas também foram evidentes com GM2 ($r = 0,87$), CRI1 ($r = 0,78$) e PRI ($r = 0,66$), sugerindo que tanto parâmetros pigmentares quanto índices estruturais da folha apresentam variação proporcional ao incremento do NDVI.

A partir dos dados observados, verificou-se que índices espectrais relacionados à estrutura do dossel (GM1, GM2), ao teor relativo de clorofila (CNDVI, ARI2) e à eficiência fotoquímica (PRI) são bons preditores do NDVI, podendo ser empregados como variáveis complementares em modelos de estimativa de produtividade e na detecção precoce de estresses. As correlações negativas com índices associados ao estresse fisiológico, como NPCI, SRPI e SIPI, reforçam a sensibilidade do NDVI à degradação da integridade foliar. Assim, a elevada correlação entre variáveis pigmentares e estruturais indica um grupo de parâmetros redundantes, cuja variabilidade conjunta pode ser aproveitada para otimizar a seleção de indicadores em análises multivariadas. Esse agrupamento contribui para reduzir a colinearidade e aprimorar estratégias de fenotipagem e monitoramento agrícola de forma mais eficiente e direcionada.

CONCLUSÃO

O NDVI mostrou-se central na rede de correlações, associando-se positivamente a GM1, GM2, CNDVI, G, WBI, FRI e ARI, refletindo maior biomassa, status hídrico e vigor vegetativo. Correlações negativas com SIPI, SRPI e Ctr2 indicam sensibilidade a estresses e alterações pigmentares, confirmando o NDVI como indicador robusto para diagnósticos não destrutivos na agricultura de precisão.

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

Este trabalho foi financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES (Código Financeiro 001). Agradecimentos adicionais à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pelas bolsas e auxílios concedidos à execução do projeto.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos Biométricos aplicados ao Melhoramento Genético. Viçosa: UFV, v.2, 2003. 585 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Editora UFV, 2012. v. 2. 514p.

D.; FERREIRA, D. G. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. Bioscience Journal, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. *FAOSTAT Statistical Database*. Rome, 2021. Disponível em: https://www.fao.org/faostat/en/. Acesso em: 17 ago. 2025. Food and agriculture organization of the united nations (FAO); international fund for agricultural development (IFAD); united nations children's fund (UNICEF); world food programme (WFP); world health organization (WHO).The State of Food Security and Nutrition in the World 2023: Urbanization, agrifood systems transformation and healthy diets across the rural–urban continuum. Rome: FAO, 2023.

FUKUJI, K. K. N. Termografia e espectrometria na fenotipagem de variedades locais de feijoeiro quanto à reação ao crestamento bacteriano comum. 2020. 95 f. Tese (Doutorado) - Curso de Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – Uenf, Campos dos Goytacazes - Rj, 2020.

LOUREIRO, M. P. et al. Biofortificação de alimentos: problema ou solução?.

MORAES,E. S.; MENELAU, A. S. Análise do mercado de feijão comum. Revista de Política Agrícola, v. 16, n.1, p. 81-92, 2017

MOREIRA, A. M. Fundamentos do sensoriamento remoto e metodologias de aplicação. 4. ed. Viçosa: Ed. UFV, 2012.

NOGUEIRA, A. P; SEDIYAMA, Y.; SOUZA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C,

p. 613–642.

R Core Team. R: a language and environment for statistical computing. R Found. Stat Comput Vienna Austria, 2017.

RISSINI, A. L. L.; KAWAKAMI, J.; GENÚ, A. M. Índice de vegetação por diferença normalizada e produtividade de cultivares de trigo submetidas a doses de nitrogênio. Revista Brasileira de Ciência do Solo, v. 39, n. 6, p. 1703-1713, 2015.

SANTANA, A. V. Uso do índice de reflectância NDVI na estimativa de características fenotípicas em quatro genótipos de feijão-comum. 2015. 79 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Goiás Escola de Agronomia, Goiânia, Go, 2015.

Segurança Alimentar e Nutricional, v. 25, n. 2, p. 66 84, 2018.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. Fisiologia vegetal. 3. ed. Porto Alegre: Artmed, 2004. Cap. 25,

VIAN, A. L. et al. NDVI e suas aplicações. Boletim Agronômico. Porto Alegre. Vol. 3, n. 5 (maio 2025), p. 8-15, 2025.

Zambom, A. F.; Neto, J. D. S.; Moulin, M. M. Caracterização molecular de acessos tradicionais de feijão comum coletados no Estado do Espírito Santo. 2024. 31 f. TCC (Graduação) - Curso de Licenciatura em Ciências Biológicas, Instituto Federal do Espírito Santo - Campus de Alegre, Alegre-Es, 2024.

I CONGRESSO REGIONAL DE BIOTECNOLOGIA VEGETAL

Estratégias científicas e inovadoras para a agricultura e meio ambiente

2025

06 a 08 de outubro

INTERAÇÕES PLANTA-MICRORGANISMO

Realização:

UENF Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

CBB-UENF

Apoio:

FAPERJ

CAPES

Patrocínio:

ALEMMAR

HUMPBACK

revvity

LOBOV Científica

Waters

ZEISS

O estudo compartimentalizado dos microbiomas radicular e rizosférico como forma de aprimorar a prospecção e o desenvolvimento de bioinoculantes.

João Pedro Campos Matos, Sara Sangi, Rafael Chaves Ribeiro, Letícia Oliveira da Rocha, Diego Vinicius de Sena Martins, Fabio Lopes Olivares

O avanço de práticas agrícolas sustentáveis encontra nos microrganismos do solo ferramentas estratégicas para inovação biotecnológica. A compreensão da interação planta-microrganismo pode direcionar soluções mais precisas e sustentáveis, capazes de aliar produtividade e conservação. Partindo da hipótese de que diferentes regiões do eixo radicular e suas rizosferas abrigam comunidades microbianas distintas, este trabalho avaliou a distribuição, diversidade e atividade bacteriana em plântulas de soja (*Glycine max* L.) cultivadas por 10 dias em casa de vegetação. Foram amostrados: solo sem influência radicular (S), rizosferas associadas à coifa-zona de alongamento (SR1) e à zona de emissão de pêlos radiculares-ramificação (SR2), além dos respectivos compartimentos radiculares (R1 e R2). A radícula germinada em condições axênicas também foi analisada para identificar bactérias associadas à semente. O DNA total foi extraído e submetido ao sequenciamento, por metabarcoding, da região V4 do gene 16S rRNA (primers 515F/806R). Os resultados revelaram maior diversidade microbiana em SR1-SR2 quando comparadas a R1-R2, bem como diferenças na abundância e distribuição de táxons. O ensaio de hidrólise do diacetato de fluoresceína demonstrou maior atividade microbiana nos compartimentos rizosféricos, seguidos pelos radiculares. Ensaios de contagem e determinação do Número Mais Provável (NMP) mostraram tendências distintas: maiores contagens de bactérias heterotróficas em S, enquanto diazotróficas foram mais abundantes em R1-R2, indicando especialização progressiva em direção ao interior do eixo. A microscopia eletrônica de varredura revelou diferenças estruturais entre R1-R2. A caracterização funcional mostrou variação no metabolismo do carbono e na absorção de nutrientes, avaliada por Ecoplacas® e meios de cultura seletivos, evidenciando perfis distintos de utilização de substratos entre compartimentos. A análise de transcriptoma (RNA-seq) das regiões R1-R2 apontou regulação diferencial de genes relacionados à interação microrganismo-planta, reforçando a hipótese de compartimentalização funcional ao longo do sistema radicular. Os resultados obtidos reforçam a importância da nova perspectiva para compreender a montagem e o funcionamento do microbioma da soja, o que permite aprofundar o conhecimento sobre interações planta-microrganismo. Estes dados direcionam a formulação mais eficiente de bioinoculantes, alinhada às necessidades fisiológicas da planta e às demandas de uma agricultura cada vez mais tecnológica, sustentável e de impacto social positivo.

Palavras-chave: Bioinoculante, Compartimentalização, Ecologia Microbiana

Agradecimentos: FAPERJ, CAPES, CNPq

O Papel da Arquitetura e Morfologia Radicular e da Sinalização de Auxina na Estruturação do Microbioma de *Arabidopsis thaliana*

Gabriela Azevedo Alves Souza[1], Daniel Basílio Zandonadi[2], Antônio Jesus Dorighetto Cogoutor[1], Mirella Pupo Santos[2], Fábio Lopes Olivares[1]

A rizosfera é um ambiente dinâmico onde ocorre intensa comunicação entre raízes e microrganismos, sendo diretamente influenciada pela arquitetura radicular. O entendimento de como as características morfológicas específicas das raízes modulam o microbioma rizosférico é essencial para o desenvolvimento de bioinsumos mais eficientes, tais como inoculantes e biofertilizantes, que promovem o crescimento vegetal e a saúde do solo. Contudo, persistem lacunas no conhecimento sobre como alterações genéticas, que afetam a formação de pelos radiculares ou a sinalização hormonal, impactam a composição, a estrutura e a funcionalidade da comunidade bacteriana associada à rizosfera. Este projeto pretende testar a hipótese de que características genéticas que definem a arquitetura radicular e a sinalização hormonal modifiquem a composição e a função da comunidade bacteriana. Assim, iremos caracterizar e comparar o microbioma rizosférico do genótipo selvagem de *Arabidopsis thaliana* (Col-0) com dois mutantes de fenótipos contrastantes: *rhd2*, que é desprovido de pelos radiculares, e *wei8-1 sur2*, que apresenta alterações na sinalização de auxina e superprodução de pelos e raízes laterais. Para isso, os experimentos serão conduzidos *in vitro* e em solo, permitindo a análise de diferentes compartimentos radiculares. Serão utilizadas abordagens microbiológicas e moleculares, incluindo a contagem de Unidades Formadoras de Colônia (UFC), o isolamento seletivo de bactérias heterotróficas e diazotróficas, colorações para microscopia óptica e de fluorescência, ensaio de viabilidade celular (TTC), análise de hidrólise enzimática (FDA), perfil funcional da comunidade (Ecoplaca) e análises taxonômicas do gene 16S rRNA, com posterior análise bioinformática dos dados. Espera-se elucidar como as alterações na morfologia dos pelos radiculares e na sinalização hormonal radicular influenciam a diversidade, a distribuição e a funcionalidade do bacterioma rizosférico. Este trabalho poderá auxiliar o entendimento dos mecanismos fundamentais da interação planta-bactérias, como base para o direcionamento de estratégias biotecnológicas em culturas de interesse agrícola. Espera-se contribuir para o entendimento dos mecanismos que podem tornar as plantas mais eficientes na absorção de nutrientes e menos dependentes de insumos sintéticos.

Palavras-chave: agricultura; modulação microbiana; morfologia radicular.

Agradecimentos: Uenf; PGBV; Nupem; Cnpq; Capes; Faperj.

Melhoria da Qualidade da Água com Plantas Aquáticas: O Potencial do Extrato de *Ruppia maritima*

Andressa Oliveira, Suema Branco, Michael Ribas, Mauro Villar, Sandra Azevedo

A eutrofização é um processo que afeta os ambientes aquáticos, gerando consequências como a floração de cianobactérias tóxicas. Dentre essas, *Microcystis aeruginosa* é uma das mais representativas, ocorrendo em várias regiões do mundo. Muitas alternativas estão sendo estudadas para encontrar uma solução de baixo custo e menos agressiva ao meio ambiente para o seu controle. Nesse contexto, a macrófita *Ruppia maritima* surge como uma solução promissora, por suas características biológicas, ecológicas e fisiológicas. O estudo buscou avaliar o efeito do extrato aquoso de *R. maritima* sobre organismos planctônicos. Foram testadas as espécies *M. aeruginosa* (cianobactéria), *Monoraphidium capricornutum* (microalga verde) e *Moina micrura* (zooplâncton). A macrófita foi desidratada e transformada em extrato aquoso, o qual foi esterilizado em filtro 0.22µm. Foram avaliadas as concentrações de 0,5 g/L, 1,5 g/L, 2,5 g/L e 3,5 g/L. Para a alga verde e a cianobactéria, foi analisada a concentração de clorofila-*a* (µg/L) ao longo de 24 dias de experimento, e para o zooplâncton analisou-se a taxa de sobrevivência. Os resultados mostraram que todas as concentrações de extrato inibiram o crescimento de *M. aeruginosa* de forma dose-dependente. A inibição foi observada desde o segundo dia, alcançando 72% de redução na concentração de 3,5 g/L. Por outro lado, não foram observados efeitos negativos sobre o crescimento da alga verde *M. capricornutum*. Em relação ao zooplâncton, foi verificada uma redução de até 50% na sobrevivência nas concentrações mais elevadas (2,5 g/L e 3,5 g/L). Apesar disso, a concentração de 0,5 g/L demonstrou potencial para ser utilizada de forma segura. Embora sejam necessários estudos adicionais para avaliar efeitos em outros organismos aquáticos, os resultados são promissores. O extrato aquoso de *Ruppia maritima*, obtido de maneira simples e econômica, apresenta potencial para a prevenção de florações de *M. aeruginosa* e para a melhoria da qualidade de águas eutrofizadas.

Palavras-chave: Eutrofização; Alelopatia; Cianobactérias; *Ruppia*.

Agradecimentos: Agradeço ao CNPq pelo financiamento.

Efeitos de compostos orgânicos voláteis de bactérias da Mata Atlântica na promoção do crescimento vegetal, perfil hormonal e proteômico de *Arabidopsis thaliana*

Elaine Gimenez Guimarães, Kariny Marley De Castro Martins, Fabiano Silva Soares, Amanda Forte, Matheus Augusto Oliveira Ferreira, Gonçalo Apolinário de Souza Filho

Os compostos orgânicos voláteis (VOCs) produzidos por bactérias promotoras do crescimento vegetal exercem funções fundamentais na modulação de vias metabólicas associadas à defesa, ao crescimento e ao desenvolvimento das plantas, o que os torna uma alternativa biotecnológica promissora para a redução do uso de agroquímicos. Diante disso, este trabalho visa investigar os efeitos dos VOCs produzidos por bactérias isoladas da Mata Atlântica na promoção do crescimento vegetal. Foram avaliadas quatro cepas bacterianas (UENFLBT303, UENFLBT296, UENFLBT256 e UENFLBT201), previamente isoladas da serrapilheira da Mata Atlântica em Campos dos Goytacazes/RJ, e pertencentes à Coleção de Culturas do Laboratório de Biotecnologia da UENF. Essas cepas foram co-cultivadas *in vitro* com *Arabidopsis thaliana* (Col-0) em placas bipartidas contendo os meios DYGS e MS 0,5X, respectivamente, durante 21 dias, sob um fotoperíodo de 12 horas de luz, à temperatura de 23 ºC e umidade relativa do ar de 60%. Ao final do período de co-cultivo, foi observado um incremento significativo no crescimento das plantas, com aumentos na massa fresca de 305%, 227%, 116% e 95%, e na massa seca de 283%, 230%, 147% e 126%, para as cepas UENFLBT256, UENFLBT303, UENFLBT296 e UENFLBT201, respectivamente. Esses resultados preliminares indicam o potencial biotecnológico dessas cepas na produção de VOCs promotores do crescimento vegetal. Estudos futuros se concentrarão em explorar as alterações fisiológicas e proteômicas em *A. thaliana* reguladas pelos VOCs, além de identificar e caracterizar esses compostos voláteis.

Palavras-chave: Bactérias Promotoras do Crescimento Vegetal; Compostos Orgânicos Voláteis (VOCs); biomassa vegetal.

Agradecimentos: CAPES, FAPERJ, UENF.

Caracterização e Identificação de Bactérias Solubilizadoras de Fosfato da Mata Atlântica

Matheus Augusto Oliveira Ferreira, Jéssica Luizi de Souza Andrade, Elaine Gimenez Guimarães, Fabiano Silva Soares, Gonçalo Apolinário de Souza Filho

O fósforo (P) é um macronutriente essencial ao desenvolvimento vegetal. Porém, sua baixa disponibilidade nos solos brasileiros exige o uso de fertilizantes fosfatados, cuja eficiência é limitada. Uma alternativa sustentável é o uso de bactérias solubilizadoras de P (BSP), capazes de disponibilizar o nutriente presente no solo. Este trabalho teve como objetivo avaliar a solubilização de P entre 45 BSP da Coleção de Culturas do LBT/UENF, previamente isoladas da serrapilheira da Mata Atlântica, em Campos dos Goytacazes/RJ. A triagem das cepas, anteriormente cultivadas por 24 h, foi realizada em placas de Petri contendo meio LGIm suplementado com $Ca_5(PO_4)_3OH$ a 0,54%, incubadas a 30 ºC por 96 h. Das 45 BSP avaliadas, 15 apresentaram alto índice de solubilização (IS > 3,10), superando a cepa controle positivo *Gluconacetobacter diazotrophicus* PAL5 (IS = 3,0). As cepas UENFLBT52 (IS = 3,89) e UENFLBT3 (IS = 3,54) se destacaram individualmente. Ensaios preliminares com consórcios envolvendo essas cepas e as demais BSP foram conduzidos, revelando combinações promissoras a serem exploradas em futuras análises. Para a identificação taxonômica das 15 bactérias selecionadas, foi realizada a extração de DNA genômico pelo método CTAB, seguida da amplificação da região 16S rRNA por PCR utilizando os primers 16sF e 16sR. Os fragmentos amplificados foram sequenciados e analisados no software BioEdit para remoção de regiões de baixa qualidade. As sequências obtidas foram submetidas à ferramenta BLASTn para comparação com o GenBank, permitindo determinar a identidade dos microrganismos baseados em sequências conhecidas. Os resultados evidenciam o potencial biotecnológico das BSP isoladas da Mata Atlântica e reforçam a relevância da Coleção de Culturas do LBT/UENF como fonte de microrganismos aplicáveis em estratégias sustentáveis para aumentar a disponibilidade do nutriente nos solos brasileiros.

Palavras-chave: Bactérias solubilizadoras de fósforo; Mata Atlântica; DNA genômico

Agradecimentos: UENF; FAPERJ; PIBIC-UENF; LBT-CBB; Equipe Biologia Integrativa

Microrganismos promotores do crescimento vegetal e eficiência fotossintética: estratégias para otimizar o uso de água e do nitrogênio em genótipos de milho-pipoca

Talles de Oliveira Santos, Letícia Peixoto Gomes, Deyvid Victorio Tavares de Souza, Jussara Tamires de Souza Silva Goulart, Julia Caetano Vimecarti, Bruna Rohem Simão, Aline Chaves Intorne, Fábio Lopes Olivares, Danielle Leal Lamego, Eliemar Campostrini, Antônio Teixeira do Amaral Junior

Embora o nitrogênio (N) seja indispensável ao desenvolvimento agrícola, seu uso em excesso traz sérios impactos ambientais. Diante da necessidade urgente de sistemas produtivos mais sustentáveis, a associação entre o melhoramento de plantas e microrganismos benéficos desponta como alternativa promissora. Nesse contexto, bactérias capazes de realizar a fixação biológica de nitrogênio (FBN) e fungos que promovem o crescimento vegetal, quando empregados em sinergia, podem reduzir a dependência de insumos sintéticos e contribuir para uma agricultura mais sustentável. No milho-pipoca, cultura de alto valor econômico e ainda pouco explorada sob esse enfoque, este trabalho avaliou os efeitos fisiológicos da inoculação com microrganismos promotores de FBN e de crescimento vegetal sob restrição de N, a fim de promover a eficiência fotossintética mesmo em condições limitantes de N. Para isso, três genótipos foram cultivados com apenas 10% (22,4 mg N L^{-1}) do N recomendado, inoculados com *Enterobacter* sp. (E), *Purpureocillium lilacinum* (P) e o consórcio EP. Aos 30 dias, foram avaliadas a taxa fotossintética líquida (fotossíntese), condutância estomática (*gs*), transpiração (*TE*) e concentração intercelular de CO_2 (*Ci*), por meio de analisador de gás por infravermelho. A inoculação com *Enterobacter* sp. promoveu aumentos de 21,5% na fotossíntese, 32% em gs e 4,69% em *Ci*. As maiores reduções em *TE* foram observadas tanto com *Enterobacter* sp. quanto com *P. lilacinum*, indicando menor perda de água por unidade de carbono fixado. Esses resultados demonstram que, além de aumentar a eficiência no uso do N, os microrganismos testados também elevam a eficiência no uso da água por molécula de CO_2 fixada na fotossíntese. Este estudo aponta caminhos concretos para o desenvolvimento de estratégias biotecnológicas voltadas à sustentabilidade no cultivo do milho-pipoca.

Palavras-chave: Agricultura Sustentável; Estresse abiótico; *Zea mays* var. *everta*.

Agradecimentos: FAPERJ, CAPES e CNPq

Genes candidatos à resistência ao crestamento bacteriano comum revelados por GWAS em feijões brasileiros

Karina Kazue Nakamura Fukuji[1], *Anderson Yusei Suzuki Fukuji*[1], *Leandro Simões de Azeredo*[2], *Vania Moda Cirino*[3], *Rosana Rodrigues*[1]

Filiação: [1]Departamento, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil; karyna-kazue@hotmail.com: Karina Kazue Nakamura Fukuji, correspondente.
[2]Departamento, Universidade Estadual de Londrina, Londrina, Paraná, Brasil.
[3]Instituto de Desenvolvimento Rural – Paraná, Londrina, Paraná, Brasil.

RESUMO

O crestamento bacteriano comum (CBC), causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, é uma doença de grande impacto na cultura do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.), especialmente em regiões tropicais. Este trabalho teve como objetivo identificar regiões genômicas associadas à resistência ao CBC por meio de estudos de associação genômica ampla (GWAS), utilizando 126 genótipos do germoplasma brasileiro. Dois experimentos em casa de vegetação foram conduzidos, e as variáveis severidade final (FS) e área abaixo da curva de progresso da doença (AUDPC) foram avaliadas. A genotipagem por GBS resultou em 25.011 SNPs, utilizados em seis metodologias multi-locus. Foram identificados 11 QTNs estáveis associados à resistência, localizados em nove cromossomos, além de 48 genes candidatos relacionados a vias de sinalização de defesa, como proteínas quinases e receptores tipo LRR. O genótipo GEN203 destacou-se como altamente resistente. Os resultados demonstram o potencial do uso da GWAS multi-locus na identificação de marcadores moleculares para seleção assistida, contribuindo com o melhoramento genético do feijoeiro visando à resistência durável ao CBC.
Palavras-chave: *Phaseolus vulgaris, Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli,* Marcadores SNPs, Melhoramento genético.

INTRODUÇÃO

O feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais cultivadas no mundo, sendo essencial para a segurança alimentar em muitos países devido ao seu alto valor nutricional e acessibilidade. No Brasil, o feijão é cultivado tanto por grandes produtores quanto por agricultores familiares, sendo este último grupo responsável por cerca de 42% da produção nacional (CONAFER, 2022). Os cultivares do grupo carioca representam aproximadamente 70% da produção brasileira, seguidos pelos do grupo preto com cerca de 15% (Pereira et al., 2019).

A produtividade do feijoeiro, no entanto, é frequentemente comprometida por doenças que afetam todas as fases do ciclo da cultura. O crestamento bacteriano comum (CBC), causado pela bactéria *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, destaca-se como uma das principais doenças bacterianas da cultura, provocando lesões necróticas com halo clorótico em folhas, hastes e vagens, resultando em redução da produtividade e da qualidade comercial dos grãos (Ferreira, 2021). A transmissão ocorre

por irrigação, chuva, vento e instrumentos agrícolas contaminados, dificultando o controle em ambientes tropicais, onde a doença se manifesta com maior severidade (Canale et al., 2021).

Dentre as estratégias de manejo, a resistência genética tem se mostrado a alternativa mais eficiente e sustentável. No entanto, a resistência ao CBC apresenta herança quantitativa e é condicionada por múltiplos genes, o que torna o processo de melhoramento mais complexo (Viteri et al., 2014; Simons et al., 2021). A utilização de marcadores moleculares associados à resistência pode acelerar o processo seletivo, especialmente em programas que buscam a piramidação de alelos favoráveis.

A abordagem de mapeamento associativo genômico amplo (GWAS – *Genome-Wide Association Studies*) tem sido amplamente utilizada para investigar características complexas em plantas, permitindo identificar SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) associados a fenótipos de interesse em populações naturalmente divergentes (Schmutz et al., 2014; Delfini et al., 2021). Diferentes modelos estatísticos vêm sendo aplicados em GWAS, entre os quais os modelos multi-locus se destacam por aumentar o poder de detecção de QTNs (*Quantitative Trait Nucleotides*) ao considerar múltiplos efeitos genéticos simultaneamente (Wang et al., 2016; Tamba & Zhang, 2018).

Neste contexto, o presente estudo teve como objetivo identificar regiões genômicas e associados à resistência ao CBC em 126 genótipos de feijoeiro comum do banco de germoplasma do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR-Paraná), utilizando diferentes metodologias de GWAS multi-locus. A identificação de marcadores associados à resistência contribuirá com programas de melhoramento genético voltados ao desenvolvimento de cultivares resistentes, adaptadas às condições tropicais e com maior durabilidade frente ao CBC.

METODOLOGIA

O estudo foi conduzido com 126 genótipos de feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) pertencentes ao banco de germoplasma Mesoamericano do Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR-Paraná). Este banco reúne genótipos oriundos de diversas instituições brasileiras de pesquisa, representando ampla variabilidade genética, incluindo linhagens, cultivares comerciais e acessos locais.

Dois experimentos foram realizados em casa de vegetação localizada no IDR-Paraná, em Londrina (PR), nos ciclos de outubro de 2021 (verão) e março de 2022 (inverno). As condições ambientais registradas foram, em média, de 35°C/26°C (dia/noite) no primeiro experimento e 31°C/20°C no segundo, ambos com fotoperíodo de 12 horas. O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso, com quatro repetições. As sementes foram inicialmente semeadas em bandejas contendo substrato comercial (Carolina Soil™) e, após sete dias, transplantadas para vasos de 5 L com o mesmo substrato.

A inoculação foi realizada no estádio vegetativo V3-V4 com o isolado Xap-139y de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*, pertencente à coleção do Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal (LMGV/UENF). O isolado foi cultivado em meio dextrose-yeast-glucose-sucrose (Rodrigues Neto et al., 1986) e incubado a 26°C por 36 horas. A concentração bacteriana foi ajustada para 10^7 UFC·mL^{-1}. A inoculação seguiu o método proposto por Andrus (1948), com dois cortes paralelos de 1 cm na margem foliar mediana utilizando tesoura esterilizada embebida na suspensão bacteriana. Folíolos-controle receberam apenas água deionizada.

As avaliações foram iniciadas 24 horas após a inoculação, sendo realizadas diariamente por 16 dias no primeiro experimento e por 20 dias no segundo. A severidade foi avaliada visualmente, utilizando escala de notas de 1 a 5 (Pastor-Corrales et al., 1981), onde 1 indica plantas sem sintomas e 5 indica mais de 50% de necrose. Com os dados diários, foi calculada a área abaixo da curva de progresso da doença (AUDPC), conforme a fórmula de Shaner & Finney (1977).

Os dados fenotípicos (AUDPC e escore final - FS) foram submetidos à análise estatística via modelo linear misto usando o software Selegen-REML/BLUP (Resende, 2016). Foram estimados os componentes de variância (genótipos, ambiente, interação G×A, erro), herdabilidade no sentido amplo, acurácia seletiva e médias genotípicas preditas.

Para a genotipagem, folhas liofilizadas foram utilizadas para extração de DNA genômico, que foi quantificado com o kit Quant-iT PicoGreen™ (Thermo Fisher). As bibliotecas foram preparadas com a enzima CviAII e sequenciadas na plataforma Illumina HiSeq 4000 (UC Davis Genome Center), utilizando o protocolo GBS descrito por Delfini et al. (2021). Após o controle de qualidade, foram selecionados 25.011 SNPs com MAF ≥ 0,05.

A GWAS foi conduzida na plataforma R usando o pacote mrMLM.GUI (Zhang et al., 2018), aplicando seis métodos multi-locus: FASTmrMLM, ISIS-EM-BLASSO, mrMLM, pLARmEB, FASTmrEMMA e pKWmEB. QTNs significativos foram considerados apenas se detectados por dois ou mais métodos (LOD ≥ 3).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises fenotípicas evidenciaram ampla variabilidade na resposta dos 126 genótipos de *Phaseolus vulgaris* ao crestamento bacteriano comum (CBC). A severidade foi determinada a partir da média das notas diárias e do cálculo da área abaixo da curva de progresso da doença (AUDPC), obtendo-se uma estratificação precisa da resistência. A variável AUDPC apresentou amplitude de 23,72 a 46,30, permitindo classificar os genótipos em cinco categorias: altamente suscetível, suscetível, moderadamente resistente, resistente e altamente resistente. O genótipo GEN203 destacou-se como altamente resistente em ambos os ambientes avaliados.

Os parâmetros genéticos estimados via REML/BLUP demonstraram que a variância genotípica (Vg) e a interação genótipo × ambiente (Vint) contribuíram significativamente para a variabilidade observada, embora o ambiente tenha tido peso considerável. A herdabilidade no sentido amplo para FS e AUDPC foi de 0,46 e 0,44, respectivamente, valores de magnitude intermediária segundo a classificação de Resende (2002), o que indica potencial de sucesso para seleção genotípica. A acurácia seletiva foi elevada (Acclon > 0,86), corroborando a consistência dos dados e a possibilidade de ganhos genéticos. A interação G×A mostrou-se de baixa magnitude (c^2int = 13% para FS e 21% para AUDPC), indicando boa estabilidade dos genótipos entre os dois experimentos.

A análise de associação genômica ampla (GWAS) foi realizada utilizando seis modelos multi-locus, com critérios rigorosos para seleção de QTNs, considerando apenas aqueles identificados por ao menos dois métodos diferentes. Foram identificados 11 QTNs estáveis, associados às variáveis FS e AUDPC, localizados nos cromossomos Pv01, Pv02, Pv03, Pv05, Pv07, Pv08, Pv09 e Pv11. Os valores de LOD variaram entre 3,07 e 5,66, e os QTNs explicaram de 2,78% a 14,46% da variação

fenotípica, destacando-se como regiões genômicas com forte associação à resistência ao CBC.

Os QTNs associados ao AUDPC mostraram-se particularmente relevantes, com destaque para os SNPs S01_50735044 e S09_7645146, que apresentaram efeitos consistentes nos dois experimentos. O SNP S11_50935764 foi associado à variável FS, com efeito negativo significativo sobre a severidade da doença, indicando que o alelo alternativo contribui para a resistência.

Foram identificados 48 genes candidatos próximos aos QTNs selecionados, distribuídos ao longo das janelas genômicas determinadas com base no decaimento do desequilíbrio de ligação (LD ≈ 294 kbp), conforme descrito por Delfini et al. (2021). Dentre esses genes, destacam-se proteínas relacionadas a vias de defesa vegetal, como proteínas quinases (serina/treonina e tirosina quinases), proteínas com domínios leucina-rich repeat (LRR) e proteínas ativadas por ácido jasmônico.

No cromossomo Pv11, foi identificado um grupo expressivo de genes codificadores de proteínas com domínio de resistência (R genes), como *Phvul.011G193100*, *Phvul.011G194401*, *Phvul.011G194600* e *Phvul.011G196200*, que desempenham papel fundamental na ativação de respostas imunes mediadas por receptores do tipo quinase (Ranf, 2018; Melotto et al., 2017). Esses genes estão relacionados à ativação da imunidade desencadeada por padrões moleculares associados a microrganismos (MAMPs), bem como à resposta hipersensível.

Além disso, genes associados à via do ácido jasmônico foram identificados próximos aos QTNs nos cromossomos Pv03 e Pv07, incluindo múltiplas cópias da enzima jasmonato-O-metiltransferase (*Phvul.003G255900*, *Phvul.003G256100*, etc.), e proteínas quinases responsivas a estresses abióticos e bióticos. Como discutido por Browse (2009) e Ferraz et al. (2015), o ácido jasmônico participa da regulação da resistência a patógenos necrotróficos, sendo um dos principais mediadores da resposta a infecções bacterianas.

Portanto, os resultados obtidos neste trabalho confirmam a natureza poligênica da resistência ao CBC, envolvendo múltiplos loci com efeitos aditivos e epistáticos, e ressaltam a importância do uso de métodos multi-locus em estudos de associação genômica. Ao permitir a identificação simultânea de múltiplos QTNs com efeitos consistentes, os modelos empregados superam as limitações dos métodos single-locus tradicionais, como a subestimação da variância explicada e o aumento de falsos negativos (Wang et al., 2016; Tamba & Zhang, 2018).

Além disso, a utilização de uma população com ampla diversidade genética, aliada ao uso de diferentes métodos estatísticos e à correção para estrutura populacional e parentesco, conferiu robustez às análises, garantindo maior confiabilidade na detecção dos loci associados à resistência.

CONCLUSÃO

O presente estudo permitiu a identificação de 11 QTNs estáveis associados à resistência ao crestamento bacteriano comum em feijoeiro comum. Os dados fenotípicos e genotípicos evidenciaram variabilidade genética significativa entre os genótipos, com destaque para o genótipo GEN203. A abordagem multi-locus de GWAS demonstrou elevada eficiência na detecção de loci associados à resistência, reforçando seu valor em programas de melhoramento assistido por marcadores. Os resultados obtidos oferecem subsídios relevantes para a seleção de genótipos resistentes e aprofundamento dos mecanismos genéticos de defesa vegetal.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: Este trabalho foi financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES (Código Financeiro 001). Agradecimentos adicionais à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pelas bolsas e auxílios concedidos à execução do projeto.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Alvarez-Diaz JC, Laugé R, Delannoy E, Huguet S, Paysant-Le Roux C, Gratias A, Geffroy V (2022). Genome-wide transcriptomic analysis of the effects of infection with *Colletotrichum lindemuthianum* on common bean. *Plants*, 11:1995. https://doi.org/10.3390/plants11151995

Andrus CF (1948). A method of testing beans for resistance to bacterial blights. *Phytopathology*, 38:757–759.

Barbosa CCF, Paulino JFC, Almeida CP, Carbonell SAM, Chiorato AF, Benchimol-Reis LL (2022). Association mapping for common bacterial blight in carioca beans. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 22:e41712239. https://doi.org/10.1590/1984-70332022v22n3a32

Browse J (2009). Jasmonate passes muster: a receptor and targets for the defense hormone. *Annual Review of Plant Biology*, 60:183–205. https://doi.org/10.1146/annurev.arplant.043008.092007

Canale MC, Ribeiro LP, Castlhos RV, Wordell Filho JA (2021). Pragas e doenças do feijão: diagnose, danos e estratégias de manejo. *Boletim Técnico EPAGRI*, 197. https://publicacoes.epagri.sc.gov.br/BT/article/view/1113

CONAFER (2022). Feijão no prato: produção supera consumo no país; agricultura familiar é responsável por 42% da produção nacional. https://conafer.org.br

Delfini J, Moda Cirino V, Santos Neto J, Zeffa DM, Nogueira AN, Gonçalves LSA (2021). Population structure, genetic diversity, and genomic selection signatures among a Brazilian common bean germplasm. *Scientific Reports*, 11:2964. https://doi.org/10.1038/s41598-021-82437-4

Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14:2611–2620. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x

Ferraz HGM, Resende RS, Moreira PC, Silveira PR, Milagres EA, Oliveira JR, Rodrigues FA (2015). Antagonistic rhizobacteria and jasmonic acid induce resistance against tomato bacterial spot. *Bragantia*, 74:417–427. https://doi.org/10.1590/1678-4499.0074

Ferreira AW (2021). Doenças bacterianas em cultivo de feijão. Embrapa Arroz e Feijão. https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/producao/doencas/doencas-bacterianas

Jurado M, Campa A, Ferreira JJ (2022). Differentially expressed genes against *Colletotrichum lindemuthianum* in a bean genotype carrying the *Co-2* gene revealed by RNA-sequencing analysis. *Frontiers in Plant Science*, 13:981517. https://doi.org/10.3389/fpls.2022.981517

Melotto M, Zhang L, Oblessuc PR, He SY (2017). Stomatal defense a decade later. *Plant Physiology*, 174:561–571. https://doi.org/10.1104/pp.16.01853

Pastor-Corrales MA, Beebe SE, Correa FJ (1981). Comparing two inoculation techniques for evaluating resistance in beans to *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. *International Conference on Plant Pathogenic Bacteria*. CIAT, pp. 493–503.

Pereira HS, Mota APS, Rodrigues LA, Souza TLPO, Melo LC (2019). Genetic diversity among common bean cultivars based on agronomic traits and molecular markers and application to recommendation of parent lines. *Euphytica*, 215:38. https://doi.org/10.1007/s10681-018-2324-y

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155:945–959. https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945

Ranf S (2018). Pattern recognition receptors – versatile genetic tools for engineering broad-spectrum disease resistance in crops. *Agronomy*, 8:134. https://doi.org/10.3390/agronomy8080134

Resende MDV (2002). *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Embrapa Florestas, Colombo.

Resende MDV (2016). Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16:330–339. https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49

Rodrigues Neto J, Malavolta JR, Victor O (1986). Meio simples para o isolamento e cultivo de *Xanthomonas campestris* pv. *citri* tipo B. *Summa Phytopathologica*, 12:16.

Schmutz J et al. (2014). A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. *Nature Genetics*, 46:707–713. https://doi.org/10.1038/ng.3008

Shaner G, Finney RF (1977). The effects of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. *Phytopathology*, 70:1183–1186.

Simons KJ, Oladzad A, Lamppa R, Maniruzzaman MP, Osorno JM, Pasche JS (2021). Using breeding populations with a dual purpose: cultivar development and gene mapping for resistance to common bacterial blight. *Frontiers in Plant Science*, 12:621097. https://doi.org/10.3389/fpls.2021.621097

Tamba CL, Zhang Y (2018). A fast mrMLM algorithm for multi-locus genome-wide association studies. *bioRxiv*, 341784. https://doi.org/10.1101/341784

Wang SB, Feng JY, Ren WL, Huang B, Zhou L, Wen YJ, Zhang J, Dunwell JM, Xu S, Zhang YM (2016). Improving power and accuracy of genome-wide association studies via a multi-locus mixed linear model methodology. *Scientific Reports*, 6:19444. https://doi.org/10.1038/srep19444

Wang J, Zhang Z (2021). GAPIT version 3: boosting power and accuracy for genomic association and prediction. *Genomics, Proteomics & Bioinformatics*, 19:629–640. https://doi.org/10.1016/j.gpb.2021.08.005

Zhang Y, Li P, Ren W, Ni Y, Zhang Y (2018). mrMLM: multi-locus random-SNP-effect mixed linear model tools for genome-wide association study. R package version 3.1.

Seleção de Genótipos Superiores de *Capsicum* spp. com Resistência à Antracnose: Uma Estratégia para Fortalecer Programas de Melhoramento

Francisco Sidicleiton Aguiar da Silva[1], Karina Kazue Nakamura Fukuji[2], Anderson Yusei Suzuki Fukuji[2], Maria Lúcia Rangel Ferreira Gomes[2], Claúdia Pombo Sudré[2], Kaio dos Santos Ribeiro Silva[2] e Rosana Rodrigues[2]

Filiação: [1]Departamento, Universidade do Estado de Mato Grosso, Cáceres, Mato Grosso, Brasil. e-mail: cleiton066@gmail.com
[2]Departamento, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campus dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil

RESUMO

A antracnose, causada por espécies do complexo *Colletotrichum*, é uma das principais doenças em pimentas do gênero *Capsicum*, ocasionando perdas expressivas na produção e qualidade dos frutos. Este estudo teve como objetivo avaliar a resistência de 27 genótipos de pimenta à antracnose, por meio da inoculação em frutos imaturos com isolados patogênicos de *Colletotrichum scovillei*. Foram avaliadas as variáveis área abaixo da curva de progresso da doença (AUDPC), período de incubação (IP), período de latente (LP) e nota final (FS). Foi realizado o teste de Scott-Knott. Os genótipos apresentaram respostas diferenciadas ao patógeno, com destaque para UENF_1381 e UENF_1732, que demonstraram altos níveis de resistência em múltiplas variáveis. Os resultados destacam a relevância da variabilidade genética para resistência à antracnose e indicam genótipos promissores para programas de melhoramento genético e desenvolvimento de cultivares resistentes.
Palavras-chave: *Capsicum spp.*, *Colletotrichum*, resistência genética, variabilidade, patossistema.

INTRODUÇÃO

As pimentas e os pimentões (*Capsicum* spp.) representam culturas de grande importância econômica, nutricional e sociocultural em diversas regiões do mundo, incluindo o Brasil, onde seu cultivo é amplamente praticado por agricultores familiares (Barboza et al., 2022). Esses frutos são consumidos in natura, processados em condimentos, molhos, corantes e apresentam elevado valor nutricional, destacando-se pelas concentrações de vitamina C, carotenoides e compostos antioxidantes como os capsaicinoides (Batiha et al., 2020). Além do aspecto alimentar, estudos apontam potenciais usos farmacológicos das pimentas, incluindo propriedades anti-inflamatórias, analgésicas e hipoglicemiantes (Batiha et al., 2020).

Apesar de sua relevância, o cultivo de *Capsicum* enfrenta diversos desafios fitossanitários. Entre as doenças mais severas destaca-se a antracnose, causada por espécies do complexo *Colletotrichum*, que compromete significativamente a produção e qualidade dos frutos (Araújo et al., 2023). Em regiões tropicais e subtropicais, as condições de alta umidade e temperatura favorecem o desenvolvimento da doença, que pode causar perdas superiores a 80% em cultivos comerciais e familiares (Peterle et al., 2023). No Brasil, embora *C. gloeosporioides* tenha sido historicamente apontado como

principal agente etiológico, estudos moleculares recentes identificaram *C. scovillei* como a espécie predominante em pimentas (Araújo et al., 2023).

O controle da antracnose é tradicionalmente baseado na aplicação de fungicidas, mas essa prática enfrenta limitações como a seleção de isolados resistentes, os impactos ambientais e o custo elevado para pequenos produtores (Shafi et al., 2017). Nesse contexto, o desenvolvimento de cultivares resistentes desponta como a estratégia mais sustentável e eficaz, alinhando-se aos princípios da agricultura de baixo impacto e da segurança alimentar (Resende, 2020).

A diversidade genética do gênero *Capsicum* representa um recurso valioso para o melhoramento genético, oferecendo oportunidades para a seleção de genótipos resistentes à antracnose (Brilhante et al., 2021). No entanto, essa variabilidade ainda é pouco explorada em programas de melhoramento no Brasil. A caracterização de acessos disponíveis em bancos de germoplasma, por meio de análises morfoagronômicas e fitopatológicas, permite a identificação de materiais promissores e adaptados a condições edafoclimáticas específicas (Silva & Silva, 2021).

Diante disso, estudos que avaliem a resposta de genótipos de *Capsicum* spp. frente a diferentes isolados de *Colletotrichum* spp. são essenciais para embasar estratégias de manejo genético da antracnose. Além de permitir a seleção de materiais resistentes, tais investigações contribuem para o entendimento da interação planta-patógeno, fornecendo subsídios para programas de melhoramento focados em resistência durável e ampla.

METODOLOGIA

Condições experimentais e material vegetal

O experimento foi conduzido entre abril e dezembro de 2024, em casa de vegetação da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), localizada em Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil (21º 19’ 23’’ S, 41º 19’ 40’’ W; altitude de 14 m). A temperatura e umidade internas foram monitoradas diariamente com auxílio de um termohigrômetro Climalogger©, posicionado a 1,5 m do solo. Dados complementares foram obtidos da estação meteorológica A607, operante desde 2006, conforme o INMET.

Foram avaliados 27 acessos da Coleção de Germoplasma de *Capsicum* da UENF, a seleção baseou-se em diversidade genética (Sudré et al., 2005; Bianchi et al., 2020), disponibilidade de sementes e inclusão de novos materiais.

A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno expandido (128 células), utilizando substrato comercial organovegetal. Devido à variabilidade no tempo de armazenamento das sementes (2002–2023), foram adotados tratamentos pré-germinativos para superar a dormência: embebição em solução de nitrato de potássio (0,2%) por 24h e substrato umedecido com ácido giberélico (GA3, 0,05%) por 24h. Para *C. pubescens*, utilizou-se adicionalmente infusão de camomila (3 g/100 mL) e aclimatação a baixas temperaturas (4,4–21,1 ºC), conforme Ciju (2012).

As mudas com dois pares de folhas definitivas foram transplantadas para vasos de 5 L contendo areia e terra (2:1), adubados com 1 g/L de NPK (04-14-08). O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, com três repetições e três plantas por parcela.

Inoculação e avaliação da resistência à antracnose

Frutos imaturos (35 dias após a antese) foram colhidos e submetidos à desinfestação superficial em álcool 70% (1 min), hipoclorito de sódio 0,2% (5 min) e três lavagens com água deionizada autoclavada (2:1:1 min). Seis frutos foram inoculados com *Colletotrichum scovillei* (isolado UEL8.1 – GenBank MN121780 a MN121822) e três frutos foram usados como controle. A suspensão conidial (1×10^6 conídios/mL) foi preparada em BDA (pH 7,0, 28 °C/7 dias). Cada fruto recebeu 10 µL da suspensão, com perfuração de 1 mm na região central.

A severidade da antracnose foi avaliada diariamente por oito dias, utilizando escala de notas de 1 (imune) a 9 (altamente suscetível), conforme Araújo et al. (2023). Foram estimadas as variáveis: Período de Incubação (PI), Período de Latência (PL), Nota Final (NF) e Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AUDPC), esta última calculada segundo Campbell e Madden (1990).

Análise estatística

Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) para cada variável e estádio fenológico (fruto imaturo), utilizando o modelo de blocos ao acaso. As médias dos genótipos foram comparadas por meio do teste de Scott-Knott a 5% de significância. As análises foram conduzidas no software RStudio®.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância (ANOVA) revelou efeitos significativos dos genótipos avaliados quanto à resistência à antracnose em frutos de pimenta (*Capsicum* spp.). Todos os caracteres avaliados: área abaixo da curva de progresso da doença (AUDPC), período de incubação (IP), período de latência (LP) e nota final de severidade (FS), apresentaram diferenças estatisticamente significativas ($p < 0,05$) entre os tratamentos (genótipos), indicando variabilidade genética expressiva para os parâmetros fitopatológicos avaliados.

Esses resultados confirmam a existência de genótipos com diferentes níveis de resistência à antracnose, sendo a variável AUDPC especialmente sensível para discriminar os acessos avaliados em ambos os estádios de maturação.

Foram considerados os seguintes parâmetros: AACPD – Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença; PI – Período de Incubação (dias); PL – Período de Latência (dias); NF – Nota Final de Severidade (escala 1–9). GL: graus de liberdade; QM: quadrado médio; Pr>Fc: probabilidade associada ao teste F; CV: coeficiente de variação (%).

A análise de agrupamento Scott-Knott evidenciou ampla variabilidade genética entre os genótipos quanto à resistência à antracnose em frutos imaturos, com destaque para UENF_1381, que apresentou o menor valor de AUDPC (11,42), alto PI (5 dias) e PL (8 dias), além de NF reduzido (2,83), confirmando seu desempenho consistente como controle resistente. Genótipos como UENF_1755, UENF_1732 e UENF_1718 também demonstraram resistência, com baixos valores de severidade e altos períodos de incubação e latência. Em contraste, genótipos com UENF_1787 e UENF_1784 apresentaram os maiores valores de AUDPC (acima de 35) e FS = 9, indicando alta suscetibilidade. A análise reforça a importância do uso conjunto de variáveis integrativas e temporais (AUDPC, IP, LP e FS) para a seleção robusta de materiais resistentes, revelando genótipos promissores para ampliação da base genética em programas de melhoramento voltados ao controle da antracnose.

Tabela 1. Quadro da análise de variância (ANOVA) para quatro variáveis fitopatológicas relacionadas à resistência à antracnose (*Colletotrichum* spp.) em genótipos de pimenta (*Capsicum* spp.), avaliados em frutos imaturos.

		IMATURO AACPD		IMATURO PI		IMATURO PL		IMATURO NF	
	GL	QM	Pr>Fc	QM	Pr>Fc	QM	Pr>Fc	QM	Pr>Fc
Tratamento	26	507.92	0	6.3636	0	4.7449	0	48.671	0
CV		14.26		31.13		6.97		15.25	

Tabela 2. Análise de agrupamento Scott-Knott dos genótipos de pimenta (*Capsicum* spp.) avaliados quanto à resistência à antracnose (*Colletotrichum* spp.) em frutos imaturos.

FRUTOS IMATUROS											
AUDPC			IP			LP			FS		
Grupo	Tratamento	Média	Grupo	Tratamento	Média	Grupo	Tratamento	Média	Grupo	Tratamento	Média
a	UENF_2030	41.00	a	UENF_1755	6.50	a	UENF_1381	8.00	a	UENF_1632	9.00
b	UENF_1787	38.00	a	UENF_1732	5.71	a	UENF_1616	8.00	a	UENF_1730	9.00
b	UENF_1784	36.56	a	UENF_2031	5.50	a	UENF_1639	8.00	a	UENF_1765	9.00
b	UENF_1782	35.50	b	UENF_1381	5.00	a	UENF_1718	8.00	a	UENF_1768	9.00
b	UENF_1632	34.67	b	UENF_1788	4.67	a	UENF_1732	8.00	a	UENF_1770	9.00
c	UENF_2689	33.00	c	UENF_1718	4.20	a	UENF_1752	8.00	a	UENF_1782	9.00
c	UENF_1793	32.25	c	UENF_1730	4.20	a	UENF_1753	8.00	a	UENF_1784	9.00
c	UENF_1770	31.00	c	UENF_1639	4.00	a	UENF_1755	8.00	a	UENF_1787	9.00
c	UENF_1789	31.00	c	UENF_2691	4.00	a	UENF_1788	8.00	a	UENF_1789	9.00
c	UENF_1791	30.25	c	UENF_1768	3.83	a	UENF_2692	8.00	a	UENF_1793	9.00
c	UENF_1627	30.08	c	UENF_1787	3.50	b	UENF_2690	7.33	a	UENF_2030	9.00
c	UENF_1730	30.00	c	UENF_2692	3.50	b	UENF_1791	7.17	a	UENF_2031	9.00
c	UENF_1768	29.67	d	UENF_1765	3.33	b	UENF_1627	7.00	a	UENF_2689	9.00
c	UENF_1765	28.67	d	UENF_2689	3.33	b	UENF_2031	7.00	a	UENF_2691	9.00
d	UENF_2691	25.00	d	UENF_2690	3.33	b	UENF_2691	7.00	a	UENF_2690	8.67
d	UENF_2690	24.50	d	UENF_1791	3.17	c	UENF_1765	6.67	a	UENF_1627	8.50
e	UENF_2031	20.50	d	UENF_1627	3.00	c	UENF_1770	6.67	a	UENF_1791	8.50
f	UENF_1616	15.95	d	UENF_1752	3.00	c	UENF_1768	6.50	b	UENF_1788	5.33
g	UENF_1752	13.67	d	UENF_1753	3.00	c	UENF_1789	6.50	c	UENF_1616	3.27
g	UENF_2692	13.58	d	UENF_1770	3.00	d	UENF_1730	6.20	c	UENF_1639	3.00
g	UENF_1639	13.50	d	UENF_1782	3.00	d	UENF_1782	6.00	c	UENF_1752	3.00
g	UENF_1788	12.83	d	UENF_2030	3.00	d	UENF_1793	6.00	c	UENF_1381	2.83
g	UENF_1753	12.67	d	UENF_1789	2.75	e	UENF_2689	5.83	c	UENF_2692	2.50
h	UENF_1381	11.42	d	UENF_1793	2.75	e	UENF_1632	5.67	d	UENF_1753	2.33
h	UENF_1718	11.30	d	UENF_1616	2.73	e	UENF_1787	5.50	d	UENF_1718	2.00
h	UENF_1732	10.21	d	UENF_1632	2.67	f	UENF_1784	5.33	d	UENF_1755	1.83
h	UENF_1755	8.92	d	UENF_1784	2.11	f	UENF_2030	5.00	d	UENF_1732	1.71

Foram consideradas as variáveis fitopatológicas: AACPD – Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença; PI – Período de Incubação (dias); PL – Período de Latência (dias); NF – Nota Final de Severidade (escala de 1 a 9). As letras representam grupos estatisticamente distintos ao nível de 5% de significância, segundo o teste de Scott-Knott.

CONCLUSÃO

Os resultados demonstram uma ampla variabilidade na resistência à antracnose entre os genótipos de *Capsicum* spp. no estádio imaturo, com o acesso UENF_1381 e UENF_1732 se sobressaindo. A combinação de variáveis fitopatológicas permitiu identificar genótipos resistentes e suscetíveis. Esses resultados são valiosos para orientar programas de melhoramento genético voltados ao controle da doença.

AGÊNCIAS DE FOMENTO:

Este trabalho foi financiado pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES (Código Financeiro 001).
Agradecimentos adicionais à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro – FAPERJ e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pelas bolsas e auxílios concedidos à execução do projeto.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Araújo, M. D. S. B.; Sudré, C. P.; Graça, G. A.; Alencar, A. A. S.; Geronimo, I. G. C.; Rodrigues, R. (2023). The state-of-the-art in the genetics of resistance to the *Colletotrichum* species complex in *Capsicum*. RAPP, v. 29, p. 7-34. doi: 10.31976/0104-038321v290001.

Barboza, G. E.; García, C. C.; Bianchetti, L. B.; Romero, M. V.; Scaldaferro, M. (2022). Monograph of wild and cultivated chili peppers (*Capsicum* L., *Solanaceae*). PhytoKeys, v. 1, p. 1-423. doi: 10.3897/phytokeys.200.71667.

Batiha, G. E-S.; Alqahtani, A.; Ojo, O. A.; Shaheen, H. M.; Wasef, L.; Elzeiny, M.; Ismail, M.; Shalaby, M.; Murata, T.; Bastida, A. Z.; Perez, N. R.; Beshbishny, A. M.; Kasozi, K. I.; Jeandet, P.; Hetta, H. F. (2020). Biological properties, bioactive constituents, and pharmacokinetics of some *Capsicum* spp. and capsaicinoids. International Journal of Molecular Sciences, v. 21, n. 15, p. 5179. https://doi.org/10.3390/ijms21155179.

Brilhante, B. D. G.; Santos, T. D. O.; Santos, P. H. A. D.; Kamphorst, S. H.; Neto, J. D. S.; Rangel, L. H.; Valadares, F. V.; Almeida, R. N.; Rodrigues, R.; Júnior, A. C. S.; Moulin, M. M. (2021). Phenotypic and molecular characterization of Brazilian *Capsicum* germplasm. Agronomy, v. 11, p. 854. https://doi.org/10.3390/agronomy11050854.

Peterle, M. A. dos S., da Silva, F. P., Bento, C. dos S., da Costa, A. F., Sudré, C. P., & Moulin, M. M. (2023). O cultivo de pimentas e pimentões e a necessidade da busca por cultivares resistentes a doenças. Revista Científica Intelletto, 8(1), 100-111.

Shafi, J., Tian, H., & Ji, M. (2017). Bacillus species as versatile weapons for plant pathogens: a review. Biotechnology & Biotechnological Equipment, 31(3), 446–459. https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1286950.

Resende, L. M. (2020). Caracterização bioquímica e atividade antimicrobiana de peptídeos de frutos de Capsicum chinense Jacq. sobre fungos dos gêneros *Colletotrichum* e *Fusarium*. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, 62 p.

Silva, M. R. E.; Silva, R. N. O. (2021). Morpho-agronomic characterization and genetic diversity in peppers (*Capsicum* spp.). Revista Caatinga, v. 34, n. 3, p. 505-513. https://doi.org/10.1590/1983-21252021v34n302rc.

Prospecção de microrganismos associados ao tomateiro para o biocontrole de *Alternaria solani*

Laysa Henrique Balbi de Oliveira[1], Ana Beatriz Silva Lopes March Frota de Souza[1], Gabriela Petroceli-Mota [1], Sarah Henaut Jacobs[2], Thiago Motta Venancio [2], Fabio Lopes Olivares[1], Sara Sangi[1]

Filiação: [1]LBCT/CBB, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil; [2]LQFPP/CBB, Universidade Estadual do Norte Fluminense, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil; e-mail: 20211200077@pq.uenf.br (Apresentador, Correspondente).

RESUMO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é amplamente cultivado, mas sua produtividade é afetada por fitopatógenos como *Alternaria solani*, agente da pinta-preta, que compromete a fotossíntese e reduz a qualidade e rendimento dos frutos. O uso intensivo de defensivos químicos impacta negativamente a microbiota do solo, essencial para fertilidade e sustentabilidade agroecológica. Consórcios microbianos surgem como alternativa promissora para manejo biológico de doenças e promoção do crescimento vegetal. Nesse sentido, este estudo prospectou microrganismos com potencial para compor consórcios com *Trichoderma longibrachiatum*, visando o biocontrole de *A. solani* e a promoção do crescimento do tomateiro. Foram isolados 16 microrganismos, dos quais dois se destacaram por inibir ~80% e ~60% do crescimento fúngico, respectivamente. Ensaios de compatibilidade confirmaram a viabilidade de co-inoculação. Os isolados apresentaram atividade enzimática diversificada (protease, amilase, glucanase e celulase) e capacidade de fixação de nitrogênio. Os resultados evidenciam o potencial desses isolados em consórcios microbianos para manejo de *A. solani* e promoção do crescimento do tomateiro.

Palavras-chave: Biocontrole; Promoção do crescimento vegetal; Consórcios microbianos.

INTRODUÇÃO

A crescente demanda por alimentos tem colocado à agricultura o desafio de aumentar a produtividade sem comprometer a sustentabilidade dos sistemas produtivos. (Santos; Nogueira; Hungria, 2019) Nesse contexto, o solo assume papel central por abrigar o microbioma mais diverso e complexo da Terra, sendo um reservatório essencial para o equilíbrio dos ecossistemas e para a implementação de estratégias agrícolas sustentáveis (Banerjee; Van der Heijden, 2023).

O uso intensivo de fungicidas e outros pesticidas, embora eficaz no controle de pragas e doenças, tem causado impactos negativos, como a degradação ambiental, a eliminação de microrganismos benéficos do solo e a crescente dependência de insumos externos (Ahmad; Ahmad; Bhatt, 2022; Bünemann et al., 2018; Saleem; Hu; Jousset, 2019). Somam-se a isso os efeitos das mudanças climáticas, que reduzem a capacidade natural de defesa das plantas e aceleram o ciclo de vida dos patógenos ao criar

condições favoráveis para sua proliferação, aumentando a frequência de surtos de doenças. Todos esses fatores combinados resultam em perdas de produtividade e aumento dos preços dos produtos agrícolas (Singh et al., 2023).

A cultura do tomate (*Solanum lycopersicum* L.) trata-se de uma das hortaliças mais consumidas mundialmente e de grande importância econômica, tanto para consumo *in natura* quanto como matéria-prima industrial (Kumar et al., 2020). No Brasil, ocupa posição de destaque pelo elevado valor de produção (IBGE, 2023). Contudo, o manejo fitossanitário convencional da cultura é fortemente dependente de fungicidas, o que acarreta impactos ambientais e riscos à saúde (Panno et al., 2021; Singh; Singh; Kumar, 2017). Diante desse cenário, torna-se imprescindível buscar alternativas que conciliem produtividade e conservação ambiental.

Entre as estratégias promissoras, destacam-se as interações entre plantas e microrganismos benéficos da rizosfera. Por meio da liberação de exsudados radiculares, as plantas modulam a composição microbiana do solo, recrutando organismos capazes de promover o crescimento vegetal, fixar nutrientes e atuar no controle biológico de patógenos (Khan, 2022; Santoyo, 2022). Esses microrganismos utilizam mecanismos como competição por recursos, produção de substâncias antimicrobianas e enzimas hidrolíticas (Saleem; Hu; Jousset, 2019). Com base nesse potencial, inoculantes microbianos vêm sendo estudados como alternativas sustentáveis, com menor impacto ambiental que os produtos químicos e efeito adicional de aumentar a tolerância das plantas a estresses bióticos e abióticos (Basu et al., 2021; Köhl; Kolnaar; Ravensberg, 2019).

Desta forma, o presente estudo tem como objetivo identificar e caracterizar microrganismos com potencial para controlar doenças microbianas em plantas de tomate e promover o crescimento da planta, buscando soluções para o uso desenfreado de substâncias químicas que degradam os solos e sua comunidade natural.

METODOLOGIA

Bioprospecção e Seleção dos Microrganismos

Para obtenção dos isolados bacterianos, foram realizadas prospecções a partir da rizosfera, raízes e folhas de *Solanum lycopersicum* (cv. Santa Clara), cultivadas em substrato comercial sob condições de casa de vegetação, utilizando sementes previamente desinfestadas. As amostras foram submetidas a diluições seriadas, plaqueamento e repiques sucessivos para obtenção de colônias puras.

Ensaios de Antibiose contra *A. solani* e Compatibilidade com *T. longibrachiatum*

No total, foram utilizadas 16 bactérias isoladas diretamente da prospecção. Esses isolados foram avaliados em ensaio de antibiose *in vitro* contra *Alternaria solani*. O teste consistiu na deposição de um spot micelial do patógeno (5 mm), cultivado em BDA, no centro da placa, e quatro alíquotas (20 µL) de cada isolado bacteriano dispostas equidistantemente, em triplicata. Microrganismos com potencial inibitório foram selecionados. Seguindo a mesma metodologia, também foi avaliada a compatibilidade com *Trichoderma longibrachiatum*, fungo benéfico que comporá o consórcio.

Extração de DNA e Sequenciamento

A identificação taxonômica de isolados selecionados foi realizada por extração de DNA genômico (kit Wizard® e protocolo alternativo CTAB 2%), quantificação em NanoDrop 2000® e amplificação do gene 16S rRNA via PCR utilizando os primers 27F (5'-AGAGTTTGATCCTGGCTCAG-3') e 1492R (5'-TACGGYTACCTTGTTACGACTT-3'). O produto da PCR foi purificado e sequenciado em um sistema ABI 3500xL Genetic Analyzer. As sequências obtidas, foram montadas no Geneious Prime 8 e comparadas ao banco NCBI via formato FASTA. Além disso, para os isolados promissores, também foi realizada a extração e sequenciamento do genoma total.

Avaliação da Produção de Enzimas Hidrolíticas, Fixação Biológica de Nitrogênio (FBN) e Solubilização de Fosfato de Cálcio e Óxido de Zinco

Para investigar mecanismos de ação, foram realizados testes para produção de enzimas hidrolíticas (protease, amilase, glucanase e celulase) conforme Deb e Dutta (2021). A capacidade de fixação de nitrogênio foi avaliada em meios semissólidos LGI e JNFb (Döbereiner; Baldani; Baldani, 1995; Lipman, 1904), enquanto a solubilização de fosfato e zinco utilizou os meios descritos por Goldstein (1986) e Saravanan et al. (2003), respectivamente.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Seleção e Identificação dos Microrganismos

A partir da fração cultivável do microbioma de tomate, foram isoladas 16 bactérias com diferenças morfológicas visíveis, representando a diversidade associada à planta. Apesar de menos de 5% dos microrganismos ambientais serem cultiváveis (Rappé; Giovannoni, 2003), essa abordagem permite trabalhar diretamente com os isolados, possibilitando análises funcionais, ensaios de interação com plantas e a prospecção de microrganismos de interesse biotecnológico.

Alguns isolados bacterianos foram identificados pelo sequenciamento do gene 16S rRNA, marcador amplamente por sua relação custo-benefício e robustez na análise taxonômica. Conservado entre bactérias, mas com regiões variáveis que permitem discriminação em nível de gênero e, muitas vezes, de espécie (Janda; Abbott, 2007), o 16S rRNA possibilitou a identificação confiável dos isolados (Tabela 1). Além disso, foram sequenciados os genomas completos de dois isolados: L5.1 (*Pseudomonas mandelii*) e L3 (*Bacillus subtilis*).

Avaliação do Potencial Antagônico dos Microrganismos Selecionados

Os microrganismos foram avaliados pelo teste de antibiose in vitro contra *Alternaria solani*, agente causal da pinta preta do tomateiro. Entre os isolados, *B. subtilis* L3 e *P. mandelli* L5.1 apresentaram as maiores taxas de inibição, com cerca de 80% e 60%, respectivamente (Figura 1 e 2), sendo, portanto, selecionados para as etapas seguintes.

Tabela 1 - Identificação de 10 dos 16 isolados do estudo, via sequenciamento do gene 16s rRNA. Fonte: Produzida pelo autor.

Isolado	Identificado pelo 16S rRNA	Nº de acesso	Identidade (%)	Cobertura (%)
L2	*Pseudomonas sp.*	LT601012	99,60%	99,85%
L5.1	*Pseudomonas sp.*	NR_180497.1	99,30%	100%
L5.2	*Enterobacter sp.*	KR189233	99.7%	100%
L6.7	*Kosakonia oryzae*	NR_116033.1	99.03%	99%
L8.3	*Enterobacter cloacae*	MK841570	100%	100%
L8.4	*Klebsiella variicola*	OR889274	99,80%	100%
L9.8	*Enterobacter cloacae*	OR835983	99.9%	100%
L10.9	*Klebsiella variicola*	OR889320	99.8%	100%
L10.10	*Enterobacter cloacae*	MK841570	99.8%	100%

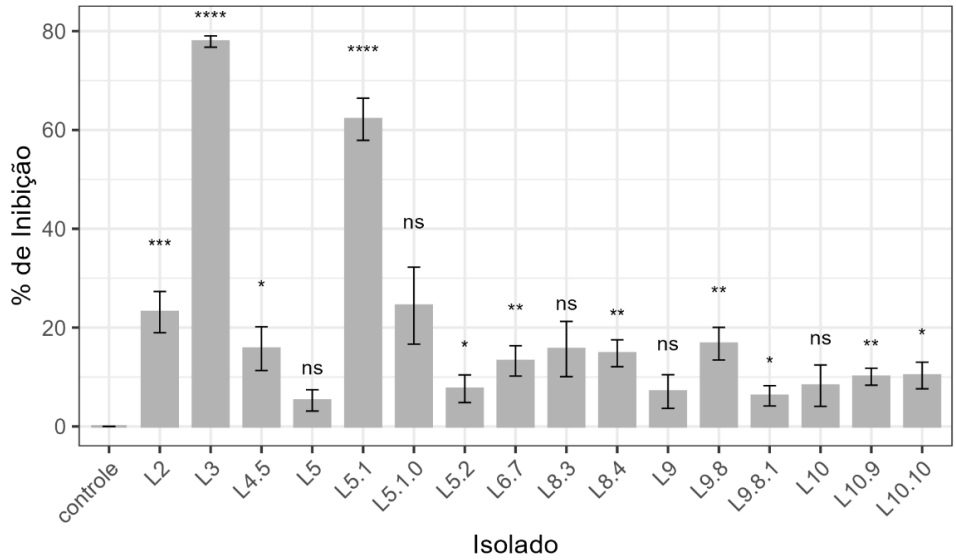


Figura 1 – Porcentagem de inibição dos isolados obtidos do microbioma quando confrontado contra *A. solani,* após 10 dias de incubação. Diferenças significativas em relação ao controle foram indicadas por símbolos de acordo com o valor de p: * p ≤ 0.05; ** p ≤ 0.01; *** p ≤ 0.001; **** p ≤ 0.0001; ns = não significativo.

Espécies tanto de *Bacillus* como de *Pseudomonas* já são amplamente descritas como promissoras na formulação de bioinoculantes, por atuarem no controle de fitopatógenos e na promoção do crescimento vegetal por meio de diversos mecanismos (Jia et al., 2023). Os resultados obtidos com *B. subtilis* L3 e *P. mandelli.* L5.1, portanto, alinham-se a essas evidências, confirmando seu potencial como candidatos a formulação de bioinoculantes para o manejo da pinta preta do tomateiro.

Teste de Compatibilidade dos Isolados com Fungo Benéfico

Com o objetivo de avaliar a compatibilidade dos isolados bacterianos com o fungo *Trichoderma longibrachiatum*, foram realizados testes específicos para verificar a viabilidade da co-inoculação. Esse fungo foi selecionado para compor o consórcio

microbiano devido aos seus múltiplos benefícios, incluindo a promoção do crescimento vegetal, além de sua ampla aplicação em bioformulações já estabelecidas (Guzmán-Guzmán et al., 2019; Zin; Badaluddin, 2020).

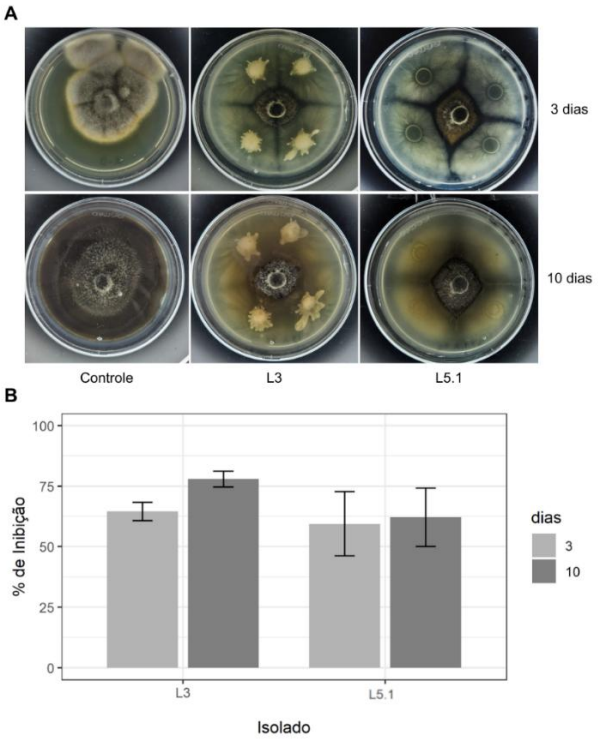


Figura 2 – Teste de antibiose (A) e percentual de inibição dos isolados L3 e L5.1 contra *A. solani* após 3 e 10 dias de incubação (B).

Os testes de compatibilidade foram conduzidos exclusivamente com os isolados promissores provenientes da bioprospecção (*B. subtilis* L3 e *P. mandelli.* L5.1), previamente selecionados nos ensaios de antibiose (Figura 2). Os resultados indicaram que ambos são compatíveis com *T. longibrachiatum*, não apresentando efeitos inibitórios entre si (Figura 3). Esse achado reforça o potencial dos microrganismos para o desenvolvimento de uma formulação microbiana eficaz, estratégia já empregada no biocontrole de fitopatógenos (Poveda; Eugui, 2022).

Produção de Enzimas Hidrolíticas pelos Microrganismos

Para investigar os mecanismos de ação, foram realizados ensaios de atividades enzimáticas (protease, amilase, glucanase e celulase). O isolado *B. subtilis* L3 apresentou atividade em todos os testes (Tabela 2), indicando capacidade multifatorial de degradação de proteínas, amido, β-glucanos e celulose. Já em *P. mandelli* L5.1 não foram detectadas atividades hidrolíticas, sugerindo que sua atuação ocorra por outros mecanismos descritos para o gênero na literatura (Hernández-León et al., 2015; Jia et al., 2023).

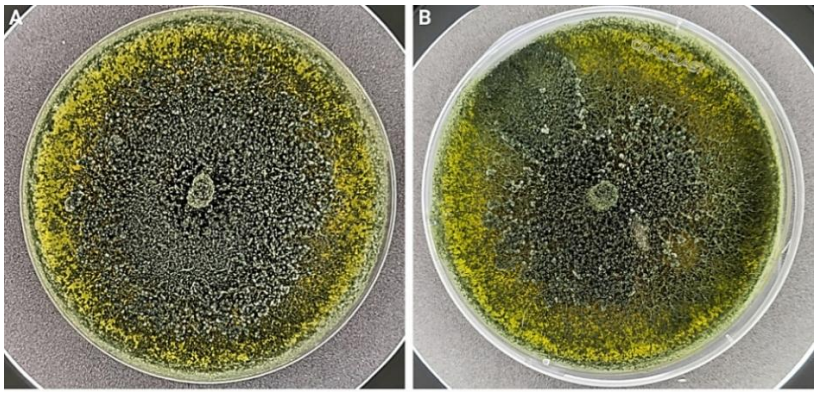


Figura 3 - Placa controle (A) e placa do teste de compatibilidade (B), onde o fungo *T. longibrachiatum* cresce em co-cultivo com os isolados L3 e L5.1, após 10 dias de incubação em estufa.

Tabela 2 - Potencial dos isolados baseado nos índices enzimáticos médios e desvios padrão, em centímetros. Considerando nd para as que não detectamos potencial.
Fonte: Produzida pelo autor.

Isolado	Índice Enzimático (IE)			
	Amilase	Celulase	Glucanase	Protease
Bacillus subtilis L3	3.65 ± 0.22	3.82 ± 0.12	2.39 ± 0.14	3.01 ± 0.14
Pseudomonas mandelli (L5.1)	nd	nd	nd	nd

Vale ressaltar que bactérias produtoras dessas enzimas hidrolíticas têm a capacidade de degradar as paredes celulares de fitopatógenos, o que pode contribuir tanto para o controle de doenças quanto para o desenvolvimento das plantas (Mishra et al., 2020).

Fixação Biológica de Nitrogênio (FBN) e Solubilização de Fosfato de Cálcio e Óxido de Zinco

Foram conduzidos ensaios de fixação biológica de nitrogênio (FBN) e solubilização de nutrientes minerais. No meio LGI, apenas o isolado *B. subtilis* L3 formou película, enquanto no JNFb tanto *ele* quanto *P. mandelli* L5.1 apresentaram fixação, indicando metabolismo distinto frente às fontes de carbono utilizadas. A FBN é um mecanismo central de promoção do crescimento vegetal, pois converte o N atmosférico em formas assimiláveis e pode ainda favorecer a defesa da planta por efeitos metabólicos e fisiológicos induzidos (Wilson; Arunachalam, 2024).

Quanto à solubilização de nutrientes minerais, avaliou-se a formação de halos em meios sólidos contendo fosfato de cálcio e óxido de zinco, onde ambos os isolados apresentaram baixa atividade, indicando que, nas condições testadas, esse não é um mecanismo central. Ainda assim, microrganismos rizosféricos podem liberar ácidos orgânicos, sideróforos e outras moléculas capazes de aumentar a biodisponibilidade de

fósforo e zinco, nutrientes essenciais ao metabolismo e crescimento vegetal (Zaheer et al., 2019).

CONCLUSÃO

Os isolados *Bacillus subtilis* L3 e *Pseudomonas mandelli* L5.1demonstraram forte potencial de biocontrole de *Alternaria solani*, com L3 alcançando ~80% de inibição e L5.1 ~60% nos testes *in vitro*. L3 apresentou atividades enzimáticas hidrolíticas, enquanto L5.1 provavelmente atua por outros mecanismos, como metabólitos secundários. Ambos fixam nitrogênio, nutriente essencial ao crescimento vegetal, e ainda apresentam baixa solubilização de fósforo e zinco. A compatibilidade com *Trichoderma longibrachiatum* indica viabilidade de consórcios microbianos integrados, reforçando o potencial desses isolados como bioinoculantes e a importância de estratégias microbianas sustentáveis para proteção e desenvolvimento do tomateiro.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: PIBIC-UENF; FAPERJ

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AHMAD, Sajjad; AHMAD, Hafiz Waqas; BHATT, Pankaj. Microbial adaptation and impact into the pesticide's degradation. *Archives of Microbiology*, v. 204, n. 5, p. 1–25, 28 abr. 2022.

BANERJEE, Samiran; VAN DER HEIJDEN, Marcel G. A. Soil microbiomes and one health. *Nature Reviews Microbiology*, v. 21, n. 1, p. 6–20, jan. 2023.

BASU, Anirban et al. Plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) as green bioinoculants: recent developments, constraints, and prospects. *Sustainability*, v. 13, n. 3, p. 1140, 22 jan. 2021.

BÜNEMANN, Else K. et al. Soil quality – a critical review. *Soil Biology and Biochemistry*, v. 120, p. 105–125, 1 maio 2018.

DEB, Lipa; DUTTA, Pranab. Antagonistic potential of *Beauveria bassiana* (Balsamo) Vuillemin against *Pythium myriotylum* causing damping off of tomato. *Indian Phytopathology*, v. 74, n. 3, p. 715–728, 1 set. 2021.

DÖBEREINER, Johanna; BALDANI, Vera Lúcia Divan; BALDANI, José Ivo. *Como isolar e identificar bactérias diazotróficas de plantas não-leguminosas*. [S.l.]: Embrapa SPI, 1995.

GOLDSTEIN, A. H. Bacterial mineral phosphate solubilization: historical perspective and future prospects. *American Journal of Alternative Agriculture*, v. 1, p. 57–65, 1986.

GUZMÁN-GUZMÁN, Paulina et al. *Trichoderma* species: versatile plant symbionts. *Phytopathology*, v. 109, n. 1, p. 6–16, jan. 2019.

HERNÁNDEZ-LEÓN, Rocío et al. Characterization of the antifungal and plant growth-promoting effects of diffusible and volatile organic compounds produced by *Pseudomonas fluorescens* strains. *Biological Control*, v. 81, p. 83–92, fev. 2015.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (IBGE). *Produção Agrícola Municipal – PAM*. Disponível em: https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457. Acesso em: 15 set. 2025.

JANDA, J. Michael; ABBOTT, Sharon L. 16S rRNA gene sequencing for bacterial identification in the diagnostic laboratory: pluses, perils, and pitfalls. *Journal of Clinical Microbiology*, v. 45, n. 9, p. 2761–2764, set. 2007.

JIA, Yinxue et al. Synergistic biocontrol of *Bacillus subtilis* and *Pseudomonas fluorescens* against early blight disease in tomato. *Applied Microbiology and Biotechnology*, v. 107, n. 19, p. 6071–6083, 1 out. 2023.

KHAN, Shams Tabrez. Consortia-based microbial inoculants for sustaining agricultural activities. *Applied Soil Ecology*, v. 176, p. 104503, 1 ago. 2022.

KÖHL, Jürgen; KOLNAAR, Rogier; RAVENSBERG, Willem J. Mode of action of microbial biological control agents against plant diseases: relevance beyond efficacy. *Frontiers in Plant Science*, v. 10, 19 jul. 2019.

KUMAR, Amarjeet et al. Tomato (*Solanum lycopersicon*). In: Antioxidants in Vegetables and Nuts – Properties and Health Benefits. Singapore: Springer Singapore, 2020. p. 191–207.

LIPMAN, J. G. Soil bacteriological studies. Further contributions to the physiology and morphology of the members of the *Azotobacter* group. *Report of the New Jersey State Agricultural Experiment Station*, v. 25, p. 237–289, 1904.

MISHRA, Priya et al. Microbial enzymes in biocontrol of phytopathogens. [S.l.: s.n.], 2020. p. 259–285.

PANNO, Stefano et al. A review of the most common and economically important diseases that undermine the cultivation of tomato crop in the Mediterranean basin. *Agronomy*, v. 11, n. 11, p. 2188, 1 nov. 2021.

POVEDA, Jorge; EUGUI, Daniel. Combined use of *Trichoderma* and beneficial bacteria (mainly *Bacillus* and *Pseudomonas*): development of microbial synergistic bio-inoculants in sustainable agriculture. *Biological Control*, v. 176, p. 105100, dez. 2022.

RAPPÉ, Michael S.; GIOVANNONI, Stephen J. The uncultured microbial majority. *Annual Review of Microbiology*, v. 57, n. 1, p. 369–394, out. 2003.

SALEEM, Muhammad; HU, Jie; JOUSSET, Alexandre. More than the sum of its parts: microbiome biodiversity as a driver of plant growth and soil health. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, v. 50, n. 1, p. 145–168, 2 nov. 2019.

SANTOS, Mariana Sanches; NOGUEIRA, Marco Antonio; HUNGRIA, Mariangela. Microbial inoculants: reviewing the past, discussing the present and previewing an outstanding future for the use of beneficial bacteria in agriculture. *AMB Express*, v. 9, n. 1, p. 205, 21 dez. 2019.

SANTOYO, Gustavo. How plants recruit their microbiome? New insights into beneficial interactions. *Journal of Advanced Research*, v. 40, p. 45–58, 1 set. 2022.

SARAVANAN, V. S.; SUBRAMONIAM, S. R.; RAJ, S. A. Assessing *in vitro* solubilization potential of different zinc solubilizing bacterial (ZSB) isolates. *Brazilian Journal of Microbiology*, v. 34, n. 2, p. 121–125, 2003.

SINGH, Brajesh K. et al. Climate change impacts on plant pathogens, food security and paths forward. *Nature Reviews Microbiology*, v. 21, n. 10, p. 640–656, 1 out. 2023.

SINGH, Vipin Kumar; SINGH, Amit Kishore; KUMAR, Ajay. Disease management of tomato through PGPB: current trends and future perspective. *3 Biotech*, v. 7, n. 4, p. 1–10, 1 ago. 2017.

WILSON, Karun; ARUNACHALAM, Sathiavelu. Microbiome transition mediated plant immune response to *Alternaria solani* (Ellis & Martin) Jones & Grout infection in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). *Heliyon*, v. 10, n. 17, p. e37203, set. 2024.

ZAHEER, Ahmad et al. Isolation, characterization, and effect of phosphate-zinc-solubilizing bacterial strains on chickpea (*Cicer arietinum* L.) growth. *Saudi Journal of Biological Sciences*, v. 26, n. 5, p. 1061–1067, jul. 2019.

ZIN, Nur A.; BADALUDDIN, Noor A. Biological functions of *Trichoderma* spp. for agriculture applications. *Annals of Agricultural Sciences*, v. 65, n. 2, p. 168–178, dez. 2020.

Sinergia microbiana como estratégia para otimizar o uso de fósforo em milho-pipoca

Bruna Rohem Simão[1], Talles de Oliveira Santos[2], Gabriela Petroceli Mota[2], Letícia Peixoto Gomes[3], Flávia Nicácio Viana[2], Diogo Calfa Galvão[4], Fabio Lopes Olivares[5], Antônio Teixeira do Amaral Junior[5]

Filiação: [1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, rohembruna@gmail.com; [2]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – Pós Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas; [3]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas; [4]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – Graduando em Engenharia Agronômica; [5]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – Docente.

RESUMO

A busca por sistemas agrícolas resilientes às mudanças climáticas tem fortalecido estratégias baseadas na bioeconomia e na economia circular, com destaque para bioinsumos de baixo impacto ambiental. Este estudo avaliou a interação entre bactérias solubilizadoras de fosfato (BSP) e o milho-pipoca, cultura promissora no agronegócio, mas carente de soluções sustentáveis. O objetivo foi compreender como essas interações podem otimizar o uso do fósforo (P), nutriente limitante em solos tropicais. Foram selecionadas espécies com capacidade de solubilizar fosfato de cálcio e termofosfato, testadas em genótipos de milho-pipoca (linhagens contrastantes e híbridos dialélicos) cultivados sob baixa disponibilidade de P. Os tratamentos incluíram inoculação com *Azospirillum brasilens* (AbV5) e *Leclercia adecarboxylata* (LMS25) e controle. Avaliaram-se parâmetros morfofisiológicos e eficiência de absorção e uso do P. Os híbridos superaram as linhagens, com destaque para *A. brasilense*, que promoveu maior altura de planta, área foliar e biomassa. *L. adecarboxylata* também contribuiu, especialmente no híbrido L75×L80. Houve melhorias em fotossíntese, condutância estomática e transpiração, sobretudo com *A. brasilense*. A análise dialélica revelou predominância de efeitos não aditivos, reforçando o papel da heterose. Os resultados evidenciam o potencial das BSPs para promover eficiência nutricional e sustentabilidade no cultivo de milho-pipoca, reduzindo a dependência de insumos químicos.

Palavras-chave: Insumos biológicos; Bioprospecção; Eficiência no uso de fósforo; Dialelo; Melhoramento genético vegetal.

INTRODUÇÃO

A expansão da agricultura, aliada à necessidade de sistemas mais sustentáveis e adaptados a estresses abióticos, representa um dos maiores desafios para o desenvolvimento de novas cultivares (Yassitepe et al., 2019). Entre os estresses, a baixa disponibilidade de fósforo (P) é particularmente relevante, pois limita o crescimento e o desenvolvimento vegetal (Zhang et al., 2023; Jiang et al., 2017;

Gerhardt et al., 2019). Estima-se que cerca de 30% dos solos aráveis no mundo sejam deficientes em P, exigindo aplicação contínua de fertilizantes (MacDonald et al., 2011; De Oliveira et al., 2021). O crescimento populacional, previsto para 9,6 bilhões em 2050 (World Population Prospects, 2024), intensifica a pressão por alimentos e torna o manejo eficiente do fósforo central para a bioeconomia agrícola resiliente (Liu et al., 2015; Alewell et al., 2020; Solangi et al., 2023).

No Brasil, solos tropicais imobilizam mais de 80% do P aplicado, principalmente por interações com ferro e alumínio (Withers et al., 2018). O país consome cerca de 2,5 milhões de toneladas de P_2O_5 ao ano, em grande parte importadas, gerando vulnerabilidade econômica (ANDA, 2023). Embora os recursos globais de fosfato ultrapassem 300 bilhões de toneladas, apenas 21 Gt de P_2O_5 são economicamente viáveis, concentrados em países como Marrocos e China, o que impõe desafios geopolíticos e eleva custos (IFA, 2023; Farmonaut, 2023). Além disso, o uso intensivo de fertilizantes causa eutrofização, degradação do solo e emissões de gases (Alewell et al., 2020).

Nesse contexto, o desenvolvimento de cultivares eficientes no uso de P e a associação com bactérias solubilizadoras de fosfato (BSP) surgem como estratégias promissoras (Lynch, 2007). Programas de melhoramento já têm identificado germoplasma eficiente em milho comum (Gerhardt et al., 2017; Fritsche-Neto e Borém, 2022; Simão et al., 2022; Bispo et al., 2024), mas o milho-pipoca permanece pouco explorado, apesar de seu valor agregado.

As BSPs atuam pela secreção de ácidos orgânicos, produção de enzimas e troca iônica, convertendo fosfatos insolúveis em solúveis, além de promover benefícios adicionais como fixação biológica de N, maior absorção de água, produção de hormônios e resistência a patógenos (Patil et al., 2012; Busby et al., 2017; O'Callaghan et al., 2022). O uso de inoculantes microbianos é estratégico para os ODS 2, 12 e 13 da ONU.

No Brasil, a Lei do Bioinsumo (nº 15.070/2024) fortaleceu o setor. Produtos como *BiomaPhos*®, à base de *Bacillus subtilis* e *Bacillus megaterium*, já demonstraram ganhos de até 30% na absorção de P em milho, trigo, soja e arroz (Adnan et al., 2022; Zhao et al., 2023; De Oliveira et al., 2021). Contudo, faltam estudos específicos para o milho-pipoca.

Diante disso, compreender os efeitos gênicos da interação BSP–milho-pipoca é fundamental para selecionar linhagens responsivas e desenvolver cultivares biointeligentes. Este trabalho objetiva avaliar esses efeitos e identificar bactérias promissoras, contribuindo para a construção de sistemas agrícolas mais circulares, resilientes e alinhados à bioeconomia sustentável.

METODOLOGIA

O experimento foi conduzido em casa de vegetação da UENF (Campos dos Goytacazes, RJ), utilizando quatro linhagens S_7 de milho-pipoca previamente classificadas quanto à eficiência no uso do fósforo: P2 e P7 (eficientes e responsivas) e L75 e L80 (ineficientes e não responsivas) (Gerhardt et al., 2017). A partir dessas linhagens foram obtidos seis híbridos dialélicos (sem recíprocos): P2×P7, P2×L80, P2×L75, P7×L80, P7×L75 e L75×L80. Assim, foram avaliados dez genótipos submetidos a três condições de inoculação: *Azospirillum brasilense* (AbV5), *Leclercia adecarboxylata* (LMS25) e controle (sem inoculação). O delineamento experimental foi

em blocos completos casualizados, com quatro repetições e uma planta por vaso, totalizando 120 unidades experimentais.

As sementes foram pré-germinadas em papel germitest umedecido por 72 h e transplantadas para vasos de 2,3 L contendo areia lavada, previamente analisada e suplementada com 20 g de termofosfato natural. A partir do terceiro dia após a emergência, iniciou-se a irrigação com solução nutritiva de Hoagland e Arnon (1950), modificada para fonte de fosfato (0,5 mg L^{-1} de $NH_4H_2PO_4$). A solução foi fornecida inicialmente a ¼ da força e, a partir do quarto dia, em dose completa, ajustada diariamente até o estádio V4).

As avaliações morfofisiológicas incluíram altura de plântula (AP), medida com régua; área foliar (AF), obtida via imagens digitalizadas e processadas no software ImageJ; diâmetro de colmo (DC), estimado por paquímetro digital; e massa seca da parte aérea (MSF), obtida após secagem em estufa (70 °C/72 h).

Após a secagem, as amostras foram moídas, digeridas em HNO_3 e H_2O_2 e analisadas em espectrômetro ICPE-9000 (Shimadzu, Japão) para determinação do teor de P. A eficiência do uso do fósforo (PUE) foi calculada como a razão entre MSF e o P total aplicado, enquanto a eficiência de absorção (PUpE) correspondeu à razão entre o conteúdo de P na parte aérea e o P total aplicado (Moll, 1982).

Para caracterização fisiológica, foram medidos pigmentos foliares – clorofila, flavonoides, antocianinas e índice de balanço de nitrogênio – no terço médio da última folha expandida (V4), com auxílio do medidor Dualex® (FORCE-A, França), entre 9h e 10h, um dia antes da colheita. No mesmo período, foram mensuradas as trocas gasosas foliares com IRGA LI-6400 (LI-COR, EUA), sob condições padronizadas de fluxo de fótons (1.500 μmol m^{-2} s^{-1}), 400 ppm de CO_2, 55–60% de umidade relativa e 25 °C. As variáveis incluíram taxa fotossintética líquida (A), condutância estomática (gs), concentração interna de CO_2 (Ci) e taxa de transpiração (E).

Os dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, considerando os efeitos de genótipo (G), condições de inoculação (A) e interação G×A. Posteriormente, realizou-se análise dialélica segundo o Método 2 de Griffing (1956), estimando-se efeitos de capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC), bem como a importância relativa de cada componente para as características avaliadas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

O estudo evidenciou que os genótipos de milho-pipoca responderam de forma diferenciada à inoculação com bactérias solubilizadoras de fosfato (BSP), confirmando a complexidade das interações planta-microrganismo. De modo geral, os híbridos apresentaram desempenho superior às linhagens, tanto em parâmetros morfofisiológicos quanto fisiológicos, o que reforça a importância da heterose em ambientes com baixa disponibilidade de fósforo (P). Na avaliação da altura de plantas (AP), observou-se que a inoculação com *Azospirillum brasilense* promoveu um incremento médio de 23% em relação ao controle, sendo 18% nas linhagens e 27% nos híbridos. Já *Leclercia adecarboxylata* resultou em ganhos mais moderados, com média de 20%, sendo 15% nas linhagens e 20% nos híbridos. Esses resultados indicam que ambas as bactérias favoreceram o crescimento em altura, embora os efeitos tenham sido mais expressivos nos híbridos.

Para o diâmetro de colmo (DC), os resultados também foram positivos, com aumentos em quase todos os genótipos, exceto na combinação P2 × L75 inoculada com

L. adecarboxylata. Em termos percentuais, *L. adecarboxylata* proporcionou acréscimos médios de 27%, sendo 33% nas linhagens e 22% nos híbridos, enquanto *A. brasilense* promoveu incrementos ainda maiores, com média de 38%, sendo 32% nas linhagens e 47% nos híbridos. A massa seca da parte aérea (MSF) também respondeu de forma significativa à inoculação. *A. brasilense* foi responsável pelos maiores ganhos, atingindo 70% nas linhagens e 85% nos híbridos, enquanto *L. adecarboxylata* proporcionou aumentos de 66% e 51%, respectivamente. Esses dados reforçam a capacidade de *A. brasilense* em estimular a alocação de biomassa aérea. A área foliar (AF) mostrou impactos ainda mais expressivos. Com *A. brasilense*, o aumento médio foi de 107%, sendo 87% nas linhagens e 121% nos híbridos. Já *L. adecarboxylata* promoveu acréscimos médios de 89%, sendo 76% nas linhagens e 97% nos híbridos. Entre os híbridos, destacou-se L75×L80, no qual a inoculação com *L. adecarboxylata* superou os ganhos promovidos por *A. brasilense*, alcançando valores superiores às médias gerais em altura (35%), diâmetro de colmo (33%) e massa seca da parte aérea (103%), evidenciando a importância da especificidade genótipo-bactéria para maximizar as respostas às inoculações.

Em relação à eficiência de aproveitamento do fósforo, observou-se que a inoculação bacteriana promoveu aumentos significativos tanto na eficiência de uso (PUE) quanto na eficiência de absorção (PUpE). Para *A. brasilense*, os ganhos médios foram de 96% em PUE e 154% em PUpE. Nas linhagens, os valores foram de 71% e 134%, respectivamente, enquanto nos híbridos chegaram a 111% e 157%. Já *L. adecarboxylata* proporcionou incrementos médios de 92% em PUE e 130% em PUpE, com ganhos de 137% em PUE nas linhagens e de 128% em PUpE nos híbridos. Esses resultados mostram que, embora ambas as bactérias tenham potencializado o aproveitamento do fósforo, *A. brasilense* foi mais eficiente, especialmente nos híbridos.

Do ponto de vista fisiológico, a inoculação também promoveu melhorias expressivas. A taxa fotossintética líquida apresentou aumento médio de 70% com *A. brasilense*, sendo 87% nas linhagens e 55% nos híbridos, enquanto *L. adecarboxylata* elevou essa variável em 37%, com ganhos de 50% nas linhagens e 26% nos híbridos. A condutância estomática também foi significativamente favorecida, com incremento médio de 107% após a inoculação com *A. brasilense*, sendo 103% nas linhagens e 94% nos híbridos, enquanto *L. adecarboxylata* resultou em ganhos de 31%, com 51% nas linhagens e 15% nos híbridos. A taxa de transpiração seguiu a mesma tendência, apresentando aumento médio de 79% nas plantas inoculadas com *A. brasilense* (95% nas linhagens e 65% nos híbridos) e de 41% nas plantas inoculadas com *L. adecarboxylata* (58% nas linhagens e 28% nos híbridos). Esses dados demonstram que as BSPs, em especial *A. brasilense*, não apenas favoreceram a nutrição mineral, mas também otimizaram processos fisiológicos fundamentais para a resiliência e o desempenho das plantas em condições de limitação nutricional.

A análise dialélica revelou predominância de efeitos não aditivos, sobretudo para biomassa foliar e parâmetros fisiológicos, indicando que a capacidade específica de combinação desempenha papel central na resposta das plantas à inoculação. Isso confirma que a heterose não impacta apenas o rendimento, mas também influencia a interação simbiótica com microrganismos, reforçando a necessidade de considerar a interação genótipo-bactéria em programas de melhoramento. A combinação entre melhoramento genético e uso de BSPs pode, assim, potencializar a seleção de híbridos mais responsivos e bioeficientes, adaptados às condições de baixa disponibilidade de fósforo em solos tropicais. O desempenho singular do híbrido L75×L80 com *L.*

adecarboxylata ilustra esse potencial e reforça a importância de identificar interações específicas para maximizar ganhos produtivos e fisiológicos.

Além dos efeitos diretos sobre crescimento e metabolismo vegetal, os resultados reforçam o papel estratégico das BSPs como alternativas sustentáveis para reduzir a dependência de fertilizantes químicos. Em alguns casos, a inoculação mais que dobrou a eficiência de absorção e de uso do fósforo, o que representa um avanço relevante frente à vulnerabilidade do setor agrícola em relação ao suprimento de fertilizantes minerais. A integração de microrganismos promotores de crescimento com programas de melhoramento genético pode acelerar a transição para sistemas produtivos de base biológica, mais resilientes, circulares e alinhados aos princípios da bioeconomia. Essa abordagem representa não apenas uma estratégia para otimizar recursos e reduzir custos, mas também um caminho para enfrentar os desafios impostos pelas mudanças climáticas e pela crescente demanda por alimentos.

CONCLUSÃO

O estudo demonstrou que genótipos de milho-pipoca respondem de forma diferenciada à interação com bactérias solubilizadoras de fosfato, ressaltando a importância da especificidade genótipo-microrganismo no melhoramento genético. A inoculação com *A. brasilense e L. adecarboxylata* promoveu crescimento vegetal, melhorias fisiológicas e maior eficiência no uso do fósforo, sobretudo em híbridos, que apresentaram desempenho superior às linhagens. Os resultados evidenciam o potencial de reduzir fertilizantes químicos e fortalecer práticas agrícolas sustentáveis, alinhadas à bioeconomia e à economia circular. Assim, a integração entre biotecnologia microbiana e melhoramento genético surge como estratégia viável para enfrentar desafios climáticos e garantir produtividade agrícola.

AGÊNCIAS DE FOMENTO: CAPES, FAPERJ, CNPQ, UENF.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Adnan, M., Fahad, S., Zamin, M., Shah, S., Danish, S., Saud, S., ... & Saeed, B. (2022). *Phosphate-solubilizing bacteria improve soil P availability and maize productivity under P-deficient conditions*. Journal of Soil Science and Plant Nutrition, 22(1), 1–14.

Alewell, C., Ringeval, B., Ballabio, C., Robinson, D., Panagos, P., & Borrelli, P. (2020). Global phosphorus scarcity will be aggravated by soil erosion. Nature Communications, 11. https://doi.org/10.1038/s41467-020-18326-7

ANDA – Associação Nacional para Difusão de Adubos. (2023). *Boletim estatístico do setor de fertilizantes*. São Paulo, SP.

Bispo, R., Barboza Bispo, R., Teixeira do Amaral, A., Pinto, V. B., de Oliveira Santos, T., Jário de Lima, V., Rohem Simão, B., & Alvarez, S. (2024). Unraveling the mechanisms of efficient phosphorus utilization in popcorn (*Zea mays* L. var. *everta*): Insights from proteomic and metabolite analysis. *Journal of Proteome Research.* https://doi.org/10.1021/acs.jproteome.4c00001

Busby, P. E., Soman, C., Wagner, M. R., Friesen, M. L., Kremer, J., Bennett, Dangl, J. L. (2017). Research priorities for harnessing plant microbiomes in sustainable agriculture. *PLOS Biology*, 15(3), e2001793. https://doi.org/10.1371/journal.pbio.2001793

De Oliveira, L. C. A., Carneiro, M. de A., Litter, F. A. ., Carvalho, M. A. C. de., Yamashita, O. M. ., & Caione, G. (2021). Frações de fósforo em função do uso de fertilizantes fosfatados em distintas classes de solo. *Revista em Agronegócio e Meio Ambiente*, 14(4), 1–15. https://doi.org/10.17765/2176-9168.2021v14n4e8921

Farmonaut. (2023). *Global Phosphate Fertilizer Forecast and Supply Chain Trends*. [Relatório Técnico]. Disponível em: www.farmonaut.com

Fritsche-Neto, R., & Borém, A. (2022). Melhoramento de plantas para estresses abióticos.

Gerhardt, I. F. S., Amaral Júnior, A. T., Guimarães, L. J. M., Schwantes, I. A., Santos, A., Kamphorst, S. H., & Myers, G. O. (2017). Intraspecific variability of popcorn S_7 lines for phosphorus efficiency in the soil. *Genetics and Molecular Research, 16*(3), 1–13. https://doi.org/10.4238/gmr16039836

Gerhardt, I. F., Amaral Junior, A. T., Ferreira Pena, G., Moreira Guimarães, L. J., De Lima, V. J., Vivas, M., & Kamphorst, S. H. (2019). Genetic effects on the efficiency and responsiveness to phosphorus use in popcorn as estimated by diallel analysis. *PLOS ONE, 14*(5), e0216980. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0216980

Griffing, B. (1956). A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance.

IFA – International Fertilizer Association. (2023). *IFASTAT Phosphate Rock 2023 Global Resources Report*. Paris, France.

Jiang, H., Zhang, J., Han, Z., Yang, J., Ge, C., & Wu, Q. (2017). Revealing new insights into different phosphorus-starving responses between two maize (*Zea mays*) inbred lines by transcriptomic and proteomic studies. *Scientific Reports, 7*(1), 44294. https://doi.org/10.1038/srep44294.

Liu, J., Yang, L., Luan, M., Wang, Y., Zhang, C., Zhang, B., & Luan, S. (2015). A vacuolar phosphate transporter essential for phosphate homeostasis in *Arabidopsis*. *Proceedings of the National Academy of Sciences, 112*(47), E6571–E6578. https://doi.org/10.1073/pnas.1516093112

Lynch, J. P. (2007). Roots of the second green revolution. *Australian Journal of Botany, 55*(5), 493–512. https://doi.org/10.1071/BT06118

MacDonald, G. K., Bennett, E. M., Potter, P. A., & Ramankutty, N. (2011). Agronomic phosphorus imbalances across the world's croplands. *Proceedings of the National Academy of Sciences, 108*(7), 3086–3091. https://doi.org/10.1073/pnas.1010808108

Moll, R. H., Kamprath, E. J., & Jackson, W. A. (1982). Analysis and interpretation of factors which contribute to efficiency of nitrogen utilization. *Agronomy Journal*, 74, 562-564.

O'Callaghan, M., Ballard, R. A., Wilson, M., et al. (2022). *Microbial inoculants: designing selection strategies for consistent functional traits in agriculture*. Current Opinion in Biotechnology, 74, 177–184.

Patil, S. S., Gaurkar, S. G., & Raut, R. L. (2012). *Phosphate solubilizing microorganisms: mechanism and their role in plant growth*. Journal of Agricultural Research and Technology, 37(1), 95–104.

Simão, B. R. (2022). Eficiência no uso do fósforo em milho-pipoca: Desvendando efeitos gênicos. Trabalho de Conclusão de Curso, Campos dos Goytacazes.

Solangi, F., Zhu, X., Khan, S., Rais, N., Majeed, A., Sabir, M., Iqbal, R., Ali, S., Hafeez, A., Ali, B., Ercişli, S., & Kayabasi, E. (2023). The global dilemma of soil legacy phosphorus and its improvement strategies under recent agroecosystem

sustainability changes. *ACS Omega*, 8, 23271-23282. https://doi.org/10.1021/acsomega.3c00823

United Nations, Department of Economic and Social Affairs, Population Division. (2024). *World Population Prospects 2024: Summary of Results*. United Nations. Disponível em: https://population.un.org/wpp

Withers, P. J. A., et al. (2018). Transitions to sustainable management of phosphorus in Brazilian agriculture. Scientific Reports, 8(1), 2537.

Yassitepe, J. D. C., Dante, R. A., Gerhardt, I. R., Fernandes, F., de Souza, R. S. C., da Silva, V. C. H., ... & Paulo Arruda. (2019). Centro de pesquisa em genômica aplicada a mudanças climáticas. *Microbiology, 10*, 1-18.

Zhang, J., Liu, W., Bu, J., Lin, Y., & Bai, Y. (2023). Host genetics regulate the plant microbiome. *Current Opinion in Microbiology*, *72*, 102268.

Zhao, K., Wang, D., & Li, Z. (2023). Phosphate-solubilizing Bacillus species improve soil fertility and crop yield: A meta-analysis. Applied Soil Ecology, 184, 104732.

Realização:

UENF
Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro

GERMINAÇÃO
NÚCLEO DE ESTUDOS EM BIOTECNOLOGIA VEGETAL - PGBV - UENF

CBB-UENF

Apoio:

Sociedade Brasileira de Fisiologia Vegetal
Desde 1987

FAPERJ
Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro

CAPES

Patrocínio:

ALEMMAR 75+

HUMPBACK
COFFEE - BAKERY - BEER

revvity

LOBOV Científica

Waters

ZEISS

Campos dos Goytacazes/RJ - 2025