

Caracterização e Avaliação





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

ANÁLISE DA MORFOLOGIA E FENOLOGIA DO MELÃO NEVE

Guilherme de Oliveira Vieira^{1*}; Aurinete Daienn Borges do
Val¹; Francisco Wilian Melo de Brito¹; Jean Carvalho dos
Santos¹; Maura Rejane de Araújo Mendes¹

¹Universidade Estadual do Piauí - *Campus* Parnaíba. *guilhermedeov@aluno.uespi.br

O melão neve (*Cucumis melo* var. *momordica*) é cultivado por pequenos agricultores da região norte do Piauí. O hábito de manter a espécie em cultivo é visto pelos agricultores locais como algo tradicional que garante a preservação desse recurso genético na região. Entendendo que a caracterização morfológica e fenológica é fundamental para subsidiar programas de melhoramento genético, esse trabalho teve como objetivo caracterizar a fenologia e descrever caracteres morfológicos de um acesso de *Cucumis melo* var. *momordica* coletado na zona urbana do município de Cocal dos Alves (PI). O experimento foi conduzido na Faculdade de Ciências Agrárias da Universidade Estadual do Piauí, *Campus* Parnaíba (PI). O plantio foi realizado no espaçamento de 1,0m x 1,0m. A sementeira foi feita de forma manual. Foi usado irrigação por gotejamento. Foram avaliadas as seguintes características morfológicas: formato de folhas, número médio de flores/ramos de 1,5 m, tamanho de folhas, flores e frutos, em cm. Para a realização das medidas foi utilizado um paquímetro. Quanto à fenologia, foram analisados o tempo (em dias) entre a sementeira e a germinação, início do florescimento e início da frutificação e colheita. O genótipo apresentou folhas lobadas, flores amarelas monoicas com comprimento latitudinal médio de 2,63 cm. Observou-se que, em média, ocorrem 5 flores masculinas e 3 femininas por ramo de 1,5 metros. As folhas lombadas tem tamanho aproximado de 14,0cm de comprimento e 17,0cm de largura. Seus frutos possuem formato alongado com cor verde quando imaturo progredindo para o amarelo conforme avança o processo de maturação. Após quinze dias do início do florescimento, os frutos apresentaram, em média, largura de 1,19 cm e 1,63 cm de diâmetro, enquanto na fase final as dimensões médias foram de 25,64 cm de largura e 10,26 cm de diâmetro. O início da germinação ocorreu no quinto dia após a sementeira. O surgimento do primeiro par de folhas verdadeiras ocorreu no nono dias após a germinação. Aos vinte dias após a germinação do início da brotação, foi possível visualizar o surgimento dos primeiros botões florais. A abertura das flores ocorreu no sétimo dia após o surgimento dos botões florais. O ciclo completo da planta foi de aproximadamente 95 dias, com início da floração aos 29 dias após a sementeira e frutificação ocorrendo dez dias após antese. A primeira colheita de frutos aconteceu 70 dias após a sementeira. Observou-se que o acesso possui características hostis para a espécie, observou-se também que a espécie possui crescimento indeterminado, pois as fases vegetativas e reprodutivas acontecem de forma simultânea.

Palavras-chave: *Cucumis melo* var. *momordica*; Parnaíba; Piauí.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

ANÁLISE DE SUSCEPTIBILIDADE E PREVALÊNCIA VIRAL EM GENÓTIPOS DE ABACAXIZEIRO VIA TÉCNICA RT-qPCR

Paulo Henrique da Silva¹; Luís Gustavo Sales Souza²; Andressa Henrique Sousa^{3*};
Adriel Sousa Matos Silva³; Eduardo Chumbinho de Andrade¹, Fernanda Vidigal
Duarte Souza¹

¹Embrapa Mandioca e Fruticultura. ²Centro Universitário Maria Milza - UNIMAM. ³Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. *andressa.henrique.s@gmail.com

O Banco de Germoplasma de Abacaxi (BAG Abacaxi) da Embrapa Mandioca e Fruticultura tem aproximadamente 750 acessos em condições de campo, expostos a diversas intempéries. O complexo viral *Pineapple mealybug wilt-associated virus* (PMWaV) vem causando várias perdas no BAG em campo, assim como graves danos no cultivo comercial. A identificação de genótipos tolerantes é uma abordagem essencial para o manejo e conservação desses recursos genéticos. A técnica de RT-qPCR é uma ferramenta fundamental para detectar e quantificar a titulação viral, permitindo estimar a prevalência e identificar genótipos resistentes ou suscetíveis. Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi avaliar, por meio de RT-qPCR, a prevalência das estirpes PMWaV-1, PMWaV-2 e PMWaV-3 em genótipos de abacaxi, a fim de identificar aquelas de maior ocorrência. Para isso, foram analisados 63 genótipos de abacaxizeiro integrantes do conjunto de recursos genéticos utilizados no programa de melhoramento da Embrapa Mandioca e Fruticultura, por meio da técnica de RT-qPCR. Amostras que não apresentaram CT (Cycle Threshold) foram consideradas livres do patógeno, entretanto, as amostras positivas (com valor de CT), nas quais a titulação viral é inversamente proporcional ao valor de CT, ou seja, valores menores indicam maior carga viral. Para identificar o genótipo mais suscetível e o vírus com maior prevalência, foram calculadas as médias dos valores de CT para cada genótipo e para cada vírus, considerando apenas as amostras positivas. Considerando apenas amostras positivas, o PMWaV-3 apresentou a maior prevalência (55/63; 87,3%) e a menor média de CT entre os vírus analisados ($30,22 \pm 5,43$), enquanto PMWaV-1 e PMWaV-2 foram detectados em 34,9% e 7,9% das amostras, e médias de CT de $34,03 \pm 4,39$ e $36,70 \pm 5,21$, respectivamente. Classificando a carga viral de forma absoluta por faixa de CT, onde: alta: $CT \leq 25$; moderada: $25 < CT \leq 30$; baixa: $CT > 30$, o PMWaV-3 apresentou nove amostras com titulação alta, 21 com titulação moderada e 25 com baixa titulação. A maior titulação individual foi observada no BGA-855 infectado por PMWaV-3 ($CT = 22,72$). Em consideração à análise por grupos de genótipo (média das amostras positivas por genótipo), alguns acessos/ híbridos relacionados ao 'BRS Imperial' e BGA-344 apresentaram médias de CT menores, indicando maior susceptibilidade relativa. Esse estudo evidencia de forma clara a prevalência do PMWaV-3 e permite delinear estratégias mais direcionadas para mitigar o problema. Evidencia também que os resultados de alguns acessos são promissores para avaliações mais robustas voltadas para a busca da tolerância ao vírus.

Palavras-chave: virologia; PMWaV; qualidade fitossanitária; técnica molecular.

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



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

ANÁLISE MULTIVARIADA DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE PIMENTEIRAS

Maria Alice Santos de Holanda^{1*}; Francisca Aparecida de Sousa Alves¹; Yasmim
Dias Nunes Rocha¹; Joara Milena Silva Alves¹; Raimundo Nonato Oliveira Silva¹

¹UFPI, *Campus* Amílcar Ferreira Sobral, *mariaalicee572@gmail.com

O gênero *Capsicum* possui considerável diversidade genética, expressa em uma ampla variedade de formas, tamanhos, cores e níveis de ardência de seus frutos. Para além do consagrado uso culinário, suas espécies são valorizadas por propriedades medicinais, ornamentais e industriais, tornando a caracterização do germoplasma fundamental para programas de melhoramento. O objetivo deste estudo foi caracterizar a diversidade genética de 20 genótipos de *Capsicum* spp. com base em características morfoagronômicas. O experimento foi conduzido em telado, em delineamento inteiramente casualizado com três repetições. Foram avaliados 18 descritores, compreendendo características de fruto (comprimento, largura, massa, formato, coloração, número de lóculos), componentes de produtividade (número de frutos e sementes), qualidade (BRIX) e arquitetura de planta. Os dados foram submetidos à análise multivariada pelos métodos UPGMA e Tocher, com base na distância de Gower. Além disso, foi realizada Análise de Componentes Principais (PCA). O método de Tocher formou cinco grupos distintos, revelando ampla divergência entre os genótipos. O agrupamento UPGMA revelou a formação de 7 grupos geneticamente distintos, com coeficiente cofenético de 0,886, indicando excelente representatividade dos dados originais. Os genótipos distribuíram-se de forma heterogênea, com destaque para o Grupo 3 (7 genótipos) e Grupo 5 (5 genótipos), enquanto os Grupos 1, 6 e 7, compostos por um genótipo único cada, representam materiais geneticamente divergentes. A PCA revelou que 63,4% da variância total foi explicada pelas duas primeiras componentes, sendo as variáveis Massa de fruto, largura do fruto, BRIX e comprimento do fruto as de maior contribuição para a diversificação. Observou-se correlação positiva entre comprimento do fruto e massa, enquanto o número de frutos por planta mostrou tendência inversa com o tamanho individual dos frutos. A existência de grupos distintos e a identificação de genótipos singulares confirmam a expressiva diversidade genética na coleção, oferecendo subsídios valiosos para a seleção de genitores em programas de melhoramento da cultura.

Palavras-chave: *Capsicum* spp; caracteres morfológicos; UPGMA.

Agradecimentos: CAPES, UFPI, CAFS, CTF



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

ANOTAÇÃO FUNCIONAL DE SEQUÊNCIAS DE *HANCORNIA SPECIOSA* VISANDO CONSERVAÇÃO E MELHORAMENTO GENÉTICO

Juliana Lopes Souza¹, Ana da Silva Léo¹, Ana Veruska Cruz da Silva¹

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros. * juliana_lopes_souza@live.com

O avanço das tecnologias de sequenciamento de nova geração possibilitou a obtenção de informações genômicas de diversas espécies, mas estudos com plantas nativas de relevância econômica ainda são limitados. Entre essas espécies têm-se *Hancornia speciosa*, a mangabeira, frutífera nativa do Cerrado e Mata Atlântica, com alto potencial comercial devido a seus frutos e propriedades bioativas. Apesar de sua importância econômica e farmacológica, ainda não há um genoma nuclear de referência para a espécie, afetando avanços em conservação e melhoramento genético. Diante desse cenário, objetivou-se realizar a anotação funcional de sequências genômicas de *H. speciosa*, com foco em ontologia gênica, visando subsidiar estratégias de conservação e uso sustentável. Foram coletadas folhas de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros para a extração de DNA e sequenciamento. A análise de ontologia gênica foi conduzida por meio da ferramenta Blast2GO, gerando 692 anotações funcionais com atribuição de termos funcionais, biológicos e celulares. Os principais BlastHits apresentaram similaridade com proteínas de espécies como *Coffea canephora*, *Raphanus sativus*, *Brassica napus* e *Gossypium australe*. Houve recorrência de resultados relacionados a RNA-dependent RNA polymerases (RdRP), enzimas que agem em mecanismos de silenciamento pós-transcricional. Também foram identificados hits relacionados a proteases ligadas à senescência e quinases de membrana, sugerindo ação na regulação do desenvolvimento e nas respostas a estresses. A análise de termos GO observou genes associados a membranas celulares, metabolismo lipídico e rotas de biossíntese de ácidos graxos, além de funções ligadas à regulação por RNA interferente. Foram observados resultados para processos biológicos como biossíntese de carboidratos, fotossíntese, transporte mitocondrial e resposta ao etileno, relacionados tanto ao metabolismo primário quanto mecanismos adaptativos da espécie. Entre as funções moleculares predominaram transportadores dependentes de ATP, oxidoredutases e polimerases, enquanto os componentes celulares mais representativos foram plastídeos, cloroplastos e organelas do sistema endomembranar. A diversidade funcional identificada indica que *H. speciosa* possui rotas metabólicas relacionadas tanto a processos essenciais de crescimento quanto à produção de metabólitos secundários de interesse farmacológico. A abundância de genes associados à fotossíntese, síntese de lipídios e regulação por RNA sugere mecanismos adaptativos relevantes frente às mudanças climáticas.

Palavras-chave: mangabeira; sequenciamento; ontologia gênica.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – bolsa de pós-doutorado (176622/2023-3).



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

ASSOCIAÇÃO ENTRE CARACTERES MORFOMÉTRICOS E COLORIMÉTRICOS EM SEMENTES DE *Mimosa* spp.

Jordana Resende de Melo^{1*}; Mariana Gomes Adriano¹; Luenne da Silva Costa^{1*};
Maria Luiza Gomes Carvalho¹; Livia do Vale Martins²; Jardel Oliveira Santos¹

¹Departamento de Biologia, CCN, UFPI. ²Campus Amilcar Ferreira Sobral, UFPI.
*jordana.melo@ufpi.edu.br

Os estudos de correlação permitem entender a associação entre caracteres morfométricos e colorimétricos presentes em diferentes espécies do gênero *Mimosa* e facilitam a caracterização, conservação e o manejo da diversidade, fortalecendo a base do uso potencial dos Recursos Genéticos Vegetais. Assim, objetivou-se estimar correlações fenotípicas, genotípica e ambiental entre caracteres morfométricos e colorimétricos de genótipos de *Mimosa* spp. Neste estudo investigou-se a diversidade de sementes de dez genótipos de *Mimosa* spp. coletadas no Piauí (Aroazes, Amarante, Altos, Campo Maior, Teresina, Parnaíba), no Ceará (Tatajuba) e recebidas do NEMA/UNIVASF. Houve correlações de diferentes magnitudes e significâncias. A correlação fenotípica mais forte ocorreu entre a luminosidade (L)* e a coordenada b* (0,896**). A correlação genética máxima foi estimada entre a espessura da semente (1**) e todos os atributos avaliados. Sob influência ambiental, destacou-se novamente a relação entre luminosidade e a coordenada b (0,973**), revelando alta sensibilidade às condições externas. Quanto às dimensões físicas, verificou-se correlação fenotípica elevada, mas não significativa, entre comprimento e largura (0,801ns). Em contraste, no nível genético, constatou-se alta correlação entre comprimento, largura e espessura (1**). Em relação às correlações ambientais, não houve significância entre comprimento e largura (0,378ns). Nas análises colorimétricas, a coordenada b* mostrou forte associação com a cromaticidade em todos os níveis: fenotípico (0,967**), genético (0,967**) e ambiental (0,980**). As características físicas e colorimétrica das sementes do gênero *Mimosa* possuem interdependências de modo a serem aproveitadas no manejo da espécie, principalmente entre espessura e luminosidade; coordenada a e coordena b; cromaticidade e comprimento, largura e massa da semente, de modo que favorecem o uso potencial da diversidade do gênero *Mimosa*.

Palavras-chave: colorimetria; morfometria; *Mimosa*.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

AVALIAÇÃO DA PRODUÇÃO DE MATÉRIA SECA DE TREVO- PERSA SUBMETIDO À INOCULAÇÃO COM DIFERENTES ESTIRPES DE RIZÓBIO

Ana Cristina Mazzocato^{1*}; Eduarda Acosta Soares²; Marcos Vinícius Silva Meleiro²; Nadine Alves Silveira³; Adilson Lopes Lima¹; Gustavo Martins da Silva¹

¹Embrapa Pecuária Sul. ²URCAMP. ³IFSul; ⁴UNIPAMPA. *ana.mazzocato@embrapa.br

A fixação biológica de nitrogênio (FBN) se constitui em um processo natural conduzido especialmente por bactérias diazotróficas simbiotes associadas às raízes de leguminosas. Por meio desse processo, esses procariontes são capazes de converter o nitrogênio atmosférico (N₂) em formas absorvíveis pelas plantas, como a amônia (NH₄). O objetivo do trabalho foi avaliar a produção de matéria seca de trevo-persa (*Trifolium resupinatum* L.), uma leguminosa forrageira adaptada às terras baixas do Rio Grande do Sul, submetido a tratamentos com diferentes estirpes de bactérias do gênero *Rhizobium*, além de dois tratamentos controle (com e sem nitrogênio mineral). O experimento foi implantado na Embrapa Pecuária Sul, Bagé-RS, constando de cinco tratamentos e cinco repetições (bloco): T1 a T5. Foram avaliadas outras características além da matéria verde e seca, tendo como função analisar a quantidade de água perdida e calcular o teor de massa seca, para saber o quanto de matéria útil se obteve dos tratamentos. As plantas foram coletadas a campo na área experimental, e as raízes foram lavadas em água corrente para retirar o excesso de solo, antes de serem levadas ao laboratório de sementes. As plantas, individualizadas, foram separadas em parte aérea e radicular, e as raízes dos trevos analisadas para verificar os nódulos formados, sendo contados e retirados com auxílio de pinça e bisturi, ao microscópio estereoscópico. A parte aérea e os nódulos foram pesados antes e após serem colocados na estufa. O tratamento com a inoculação da Estirpe SEMIA 258 (Bioagro), apresentou maior produção de matéria seca. Já o tratamento sem fertilizante nitrogenado e sem inoculante, possuiu uma maior perda de água. Conclui-se que, sob as condições avaliadas, não foram detectadas diferenças significativas na produção de matéria seca entre os tratamentos testados. Recomenda-se continuidade do acompanhamento experimental, ou novos ensaios para confirmação dos resultados observados.

Palavras-chave: bioinsumos; melhoramento vegetal; recursos genéticos

Agradecimentos: CNPq, FAPERGS e Embrapa. Ao colega pesquisador Juliano Lino Ferreira pela análise estatística realizada. Aos bolsistas Luís Felipe Ritta Gonçalves, Paola G. Feijó, Tainá S. Gularte, e Daniane Muniz Veiga pelo auxílio na etapa inicial do trabalho



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

AVALIAÇÃO DA QUALIDADE FÍSICO-QUÍMICA EM ACESSOS DE BATATA-DOCE CULTIVADOS NO SEMIÁRIDO POTIGUAR

Ingrid Justino Gomes^{1*}; Lindomar Maria da Silveira¹; Antonio Gideilson Correia da Silva¹; João Everthon da Silva Ribeiro¹; Aurélio Paes Barros Júnior¹

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

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é fonte de vitaminas, minerais, fibras e compostos bioativos capazes de satisfazer as necessidades nutricionais humanas. Tais fatores fizeram dessa raiz um dos principais alimentos nas dietas de alto potencial nutritivo, visando a segurança alimentar das populações mais carentes. Em virtude da grande variabilidade de genótipos de batata-doce existentes atualmente, programas de melhoramento genético vêm promovendo diversos estudos com germoplasmas dessa espécie, visando à obtenção de cultivares que ofereçam além da produtividade agrícola, altos valores nutricionais para os consumidores. Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo avaliar a qualidade físico-química em acessos de batata-doce da Coleção Didática de Germoplasma de batata-doce da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA). O experimento foi desenvolvido no período de agosto de 2023 a janeiro de 2024. O experimento foi conduzido na Horta Experimental do Departamento de Ciências Agrônômicas e Florestais (DCAF), Centro de Ciências Agrárias (CCA) da UFERSA, *Campus* Leste Mossoró/RN, Brasil. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com quatro repetições. Os tratamentos consistiram de seis acessos de batata-doce de polpa laranja (21-21; 24-01; 31-01; 31-12; 35-11 e 56-23) e a cultivar (Paraná). Após a colheita das raízes, foram avaliados o teor de vitamina C (VC) (mg/100g) e os sólidos solúveis totais (SST) (%). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade, utilizando-se o Programa estatístico R[®]. Os resultados demonstraram características distintas para as variáveis físico-químicas entre os acessos estudados. O acesso 56-23 apresentou maior média no teor de vitamina C com valor de 40 mg/100g, enquanto o acesso 21-21 demonstrou 34 mg/100g, menor valor para a avaliação. Houveram diferenças significativas na avaliação de SST, com destaque para o acesso 24-01 que apresentou teor de 7,5% sendo o maior valor dentre os demais acessos. Valores intermediários de 6,5% foram identificados nos acessos 21-21 e 31-01, enquanto o menor valor foi demonstrado de forma respectiva nos acessos 31-12 e 56-23 com 6,0%. Conclui-se que esses acessos de batata-doce apresentam variabilidade significativa em termos de teor de vitamina C e sólidos solúveis, indicando potencial para seleção de genótipos com características nutricionais superiores.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*; germoplasma de batata-doce; valor nutricional.

Agradecimentos: CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior)



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

AVALIAÇÃO DE CARACTERÍSTICAS MORFOLÓGICAS DA BIOMASSA DE ACESSOS DO BAG DE SISAL DA EMBRAPA

Tarcísio Marcos de Souza Gondim^{1*}; Marleide Magalhães de Andrade Lima¹; Rosa Maria Mendes Freire¹; Everaldo Paulo de Medeiros¹; Ana Sabrina Barbosa Machado²; Joabel Freire Dias Junior²

¹Embrapa. *tarcisio.gondim@embrapa.br; ²Bolsista do Projeto Nº 8369 (Embrapa Algodão - Santa Anna Bioenergia -21156.002510/2023-12)

O Agave tem diferentes aplicações, e tradicionalmente a produção de fibra de sisal foi a principal característica avaliada nos acessos de Agave do Banco Ativo de Germoplasma de Sisal da Embrapa (BAG de Sisal). Todavia, no México, país de origem dos Agaves, a produção de tequila é a principal cadeia de exploração da biomassa desse gênero. No Brasil, a exploração da fibra constitui a principal atividade econômica do sisal, mas a produção de etanol a partir da biomassa de agave para biocombustível tem despertado interesses. Assim o objetivo deste trabalho foi avaliar características morfológicas da biomassa de acessos *Agave* spp. do BAG de Sisal da Embrapa visando à produção de etanol e, ou fibra. O BAG está localizado no Campo Experimental da Embrapa Algodão em Monteiro, PB (coordenadas: latitude 7°52'34,81"S; longitude 37°7'37,33"O e altitude 617 m). O BAG Sisal está constituído por 82 acessos registrados na plataforma Alelo da Embrapa, incluindo a recente introdução do acesso de *Agave tequila* Weber var. Azul, cadastrado com o BRA 00317676-5. Os acessos plantados em 8 de fevereiro de 2018 no espaçamento de 3 m x 1 m, estão representados por uma linha com um a sete indivíduos, mantidos em condições de sequeiro e conduzidos livre de plantas daninhas. Em julho de 2025, foi amostrada uma planta de 35 acessos e avaliaram-se características de altura de planta, comprimento de folhas, de fibra e do tronco ("piña"), diâmetro e massa da piña e massa de folha e de fibra. Aos 88 meses, observou-se que houve variação, entre os acessos, na altura de planta (124 cm a 325 cm), comprimento médio de folha e de fibra com 123 cm e 122 cm, respectivamente. Em relação à média de massa fresca das folhas e de piña dos acessos avaliados, verificou-se 63,2 kg e de 67,5 kg, respectivamente, com uma biomassa de 130,7 kg/planta. Para o aproveitamento das folhas para a extração de fibra, os acessos apresentaram ampla variabilidade com massa de 0,6 kg a 6,9 kg de fibra por planta. Quanto ao crescimento da piña observou-se uma proporção de 62% entre o diâmetro e o comprimento médio, que influencia no formato dessa estrutura entre os diferentes acessos, variando do cilíndrico ao ovalado. Há variabilidade entre as características morfológicas da biomassa dos acessos do BAG de sisal avaliados com potencial para o aproveitamento da biomassa para biocombustível e, ou fibra.

Palavras-chave: *Agave* spp; piña; biocombustível.

Agradecimentos: À Santa Anna Bioenergia/Casa dos Ventos pelo apoio financeiro concedido para a realização deste trabalho.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

AVALIAÇÃO DE COMPOSTOS FENÓLICOS TOTAIS EM ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA ATIVO DO CAJUEIRO

Laura de Lima Alves¹; Arlene Santisteban Campos²; Domingos Savio Leitão
Machado da Silva Filho³; Ana Cecília Ribeiro de Castro^{1*}

¹Embrapa - Agroindústria Tropical. ²Centro de Energia Nuclear na Agricultura da Universidade de São Paulo (CENA/USP). ³Universidade Federal do Ceará. *cecilia.castro@embrapa.br

O pedúnculo do caju (*Anacardium occidentale* L.) é rico em compostos antioxidantes, especialmente polifenóis, que despertam interesse por seu potencial bioativo, sendo de fundamental importância a avaliação da concentração destes compostos em diferentes genótipos da espécie. O objetivo deste trabalho foi avaliar a concentração de polifenólicos totais presentes nos pedúnculos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma do Cajueiro (BAG Caju), oriundos do Campo Experimental da Embrapa em Pacajus. Foram colhidos e processados pedúnculos de 45 acessos e, a partir das amostras de polpa obtidas, utilizou-se solventes (solução de metanol 50% e de acetona 70%) para a extração dos polifenóis. Os extratos obtidos foram analisados por espectrofotometria UV-vis pelo método de Folin-Ciocalteu, para a obtenção dos valores de concentração. A análise de variância (ANOVA) dos resultados revelou efeito significativo dos acessos sobre o teor de polifenóis, e o teste de Scott-Knott agrupou os acessos em cinco grupos distintos, com médias variando de 89,7 a 481,1 mg.100g⁻¹. O grupo "A" concentrou os acessos com maiores teores fenólicos, enquanto o grupo "E" reuniu os de menores valores. O coeficiente de variação foi de 3,67%, com média geral de 285,38 mg.100g⁻¹. Como referência, o clone comercial CCP 76, amplamente cultivado na cajucultura, apresenta, em média, cerca de 120 mg.100g⁻¹ de polifenóis totais, segundo dados da literatura. Nesse contexto, 44 dos 45 acessos avaliados superaram esse valor, evidenciando o elevado potencial funcional do germoplasma analisado. Embora o teor de compostos fenólicos não deva ser considerado isoladamente como critério de seleção, trata-se de uma característica relevante do ponto de vista funcional e nutricional, além de altamente variável entre os acessos do BAG Caju. A expressiva diversidade observada reforça a importância da sua caracterização, que se mostra promissora para a identificação de genótipos superiores e para o desenvolvimento de produtos com valor agregado.

Palavras-chave: Pedúnculo do caju; Espectrofotometria; Cajucultura.

Agradecimentos: CNPq, Embrapa.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

AVALIAÇÃO DE FRUTOS DE VARIEDADES CRIOULAS DE ABÓBORA CONSERVADAS POR AGRICULTORES FAMILIARES DO AGRESTE ALAGOANO

Semíramis Rabelo Ramalho Ramos^{1*}; João Gomes da Costa²; Isabela Maria da
Silva Santos³; Sophia Braz Rodrigues⁴; Alan Douglas Fernandes de Lima⁵

^{1,2} Embrapa Alimentos e Territórios. ^{3,4} IFAL-Maceió. ⁵ UFAL. *semiramis.ramos@embrapa.br

Agricultores familiares, em Alagoas, selecionam, ao longo dos anos, frutos de abóbora e destes retiram as sementes para estoque ou plantio de nova lavoura. Contudo, a avaliação do germoplasma conservado pelos agricultores desta região é ainda incipiente. Ao mesmo tempo, acesso a estas informações pode valorizar e agregar valor ao germoplasma local, tanto para a conservação de sementes quanto para promover a comercialização de frutos. O objetivo deste trabalho foi avaliar, de forma preliminar e por meio de descritores agrônômicos, frutos de variedades crioulas de abóbora. Foram selecionadas duas comunidades no município de Estrela de Alagoas, AL para a implantação dos experimentos. Em ambas, a semeadura foi realizada diretamente nas covas, no espaçamento de 5,0m x 3,0m. O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso, com duas repetições e cinco plantas por parcela na comunidade 1 e com três repetições na comunidade 2. Onze frutos na comunidade 1 e cinco frutos na comunidade 2 foram colhidos e selecionados pelos agricultores como prioritários para a avaliação, por meio dos seguintes descritores: massa do fruto (MF-kg); espessura da polpa (EPO-cm); diâmetro da cavidade interna (DCI-cm) e comprimento do fruto (COMPF-cm); teor de sólidos solúveis (TSS-°Brix); espessura da casca (EPC-cm); formato do fruto (FF); cor (Cor) e intensidade da cor da polpa (IntCP), formato do fruto (FF) e cor da casca (CorC). O valor médio para a MF foi cerca de 5,0 kg para os frutos das duas comunidades. Os frutos apresentaram valores elevados para TSS na comunidade 1, com média de 12,09 °Brix e valores máximos de 15,4°Brix. A polpa e a casca apresentaram espessura média de, respectivamente, 3,57 cm (EPO) e 0,31 cm (EPC) para os frutos da comunidade 1 e de 3,22 cm (EPO) e 0,30 cm (EPC) para os frutos da comunidade 2. Constatou-se que 100% dos frutos foram classificados como de cor de polpa laranja, variando apenas na IntCP entre forte e intermediário. Os frutos selecionados pelos agricultores foram classificados em cinco diferentes formatos: globular (27,3%), oblongo (9,1%); elíptico (27,3%); cordiforme (18,18%) e piriforme (18,18%). A avaliação foi realizada e constata-se que o critério de seleção dos agricultores é marcado no sentido de manter a diversidade genética.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata* D.; Conservação *on farm*; agrobiodiversidade; agricultura familiar

Agradecimentos: ao Ministério do Desenvolvimento Agrário e Agricultura Familiar pelo apoio e contribuição para o desenvolvimento deste trabalho; a Associação dos Agricultores Alternativos (AAGRA) e aos agricultores familiares das comunidades.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

AVALIAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE FRUTOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI DA EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA

Aline Simões da Rocha Bispo¹; Cintia Paula Feitosa Souza Araújo¹; Paulo Henrique da Silva¹; Michele dos Santos Ferreira¹; Antônio Batista de Souza Neto¹; Fernanda Vidigal Duarte de Souza¹

¹Embrapa Mandioca e Fruticultura. *fernanda.souza@embrapa.br

A conservação de recursos genéticos do abacaxizeiro é estratégica para o desenvolvimento de novas cultivares com atributos de qualidade de fruto. A caracterização físico-química dos acessos permite identificar genótipos promissores para consumo *in natura* e para fins industriais, contribuindo para programas de melhoramento genético e o uso sustentável da diversidade disponível. Nesse sentido, esse trabalho teve por objetivo avaliar a variabilidade fenotípica e a qualidade de frutos de acessos conservados no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de abacaxi da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Para tanto, foram avaliados 77 acessos do BAG de abacaxi, com três repetições por genótipo. As variáveis analisadas incluíram comprimento e diâmetro do fruto e da coroa (cm), largura do eixo (mm), peso do fruto com e sem coroa (g), pH, acidez titulável (%), sólidos solúveis (°Brix) e relação SS/AT. As análises estatísticas foram realizadas por meio da ANOVA e agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$), utilizando o software R. Observou-se ampla variabilidade entre os acessos para todas as características avaliadas ($p < 0,05$). Os maiores frutos foram registrados nos acessos BGA-72, BGA-1022, BGA-1018 e BGA-1017, enquanto BGA-773 e BGA-772 apresentaram frutos menores. O peso sem coroa variou de 294 g a mais de 2 kg, com destaque para BGA-137, BGA-960 e BGA-969. O teor médio de sólidos solúveis foi de 13,2 °Brix, alcançando valores acima de 16 °Brix no BGA-344, BGA-966, BGA-153, BGA-677 e BGA-837. A acidez titulável variou de 0,27 a 1,81 %, com pH médio de 3,7. A combinação de altos teores de sólidos solúveis e acidez moderada foi observada no BGA-411, BGA-335 e BGA-193 e podem ser considerados genótipos com relevante potencial organoléptico. Os acessos BGA-344 e BGA-411 se destacam como materiais promissores para programas de melhoramento pela combinação com outras características importantes. A variabilidade observada entre os acessos de abacaxi evidencia o potencial do BAG da Embrapa Mandioca e Fruticultura como fonte de genótipos superiores quanto à qualidade organoléptica.

Palavras-chave: caracterização; recursos genéticos; sólidos solúveis.

Agradecimentos: À Embrapa Mandioca e Fruticultura pelo apoio institucional e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo fomento à pesquisa e concessão de bolsas.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

AVALIAÇÃO QUÍMICA DE VARIEDADES LOCAIS DE *Dioscorea* spp. CONSERVADAS POR AGRICULTORES FAMILIARES EM ALAGOAS

José Willian de Almeida Silva¹; Amanda Lima Cunha¹; Samuel Anderson Calheiros da Silva Siqueira²; Edy Souza de Brito³; Semíramis Rabelo Ramalho Ramos³; João Gomes da Costa^{3*}

¹Universidade Federal de Alagoas. ²Instituto Federal de Alagoas. ³Embrapa Alimentos e Territórios. *joao-gomes.costa@embrapa.br.

O inhame ou cará (*Dioscorea* spp.) integra os sistemas agrícolas e culturais da região Nordeste e representa um importante recurso genético e alimentar, tanto com relação a tradição de consumo, quanto a composição química e o conteúdo de compostos bioativos, integrando os sistemas agrícolas e culturais da região. — Diante dos desafios impostos pelas mudanças climáticas e pela necessidade de fortalecer a segurança alimentar, o conhecimento e a conservação da variabilidade genética dessas espécies tornam-se fundamentais para a adaptação dos sistemas produtivos e a valorização das comunidades rurais, guardiãs da agrobiodiversidade. Contudo, há lacuna de conhecimento com relação a variabilidade genética do germoplasma conservado pelos agricultores, inclusive relacionados à variabilidade fitoquímica e bioativa do gênero *Dioscorea*, que é uma importante fonte de metabólitos secundários com potencial nutracêutico. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade química de seis variedades crioulas de inhame manejadas e conservadas por agricultores familiares em Alagoas. Foram quantificados os fenóis totais (Folin–Ciocalteu), flavonoides totais (AlCl₃), teor de antocianinas e atividade antioxidante pelo ensaio DPPH (CE₅₀). Os dados, analisados por ANOVA e Scott-Knott ($p < 0,05$), revelaram variação significativa, com a CE₅₀ entre 365,75 e 735,91 µg/mL. Com o teor de flavonoides variando de 0,72 a 7,43 mg EQ/100g, os achados comprovam uma alta heterogeneidade genético-química. As análises evidenciaram ampla variabilidade entre os acessos, com destaque para as variedades 'Cará Roxo Comprido da Mata' e 'Cará Roxo Médio da Mata', ricas em antocianinas e flavonoides, e para o 'Cará Ferro do Maranhão', com elevado teor de fenóis totais. Os resultados ressaltam o valor da agrobiodiversidade local e o potencial das variedades crioulas de inhame como fontes de compostos funcionais e germoplasma estratégico para programas de conservação, melhoramento participativo e uso sustentável em contextos de mudança climática.

Palavras-chave: agrobiodiversidade; compostos bioativos; cará; conservação on farm; segurança alimentar.

Agradecimentos: Ao Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC)/Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq); Ministério do Desenvolvimento Agrário e Agricultura Familiar (MDA) e a Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Alagoas (FAPEAL).



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

AVALIAÇÃO DO POTENCIAL FARMACOLÓGICO DA ESPÉCIE *Mimosa pteridifolia* (Benth.) em ensaios *in vitro* E *in vivo*

Kauan Ferreira da Rocha¹; Ezequias dos Reis Sousa^{1*}; Marcones Ferreira
Costa¹; Maria do Carmo Gomes Lustosa¹; Elisângela Cláudia Alves de
Oliveira²; Livia do Vale Martins¹

¹Universidade Federal do Piauí, Floriano, Piauí. ²Universidade Federal do Piauí, Campus
Ministro Petrônio Portella, Teresina, Piauí. *ezequiasreissousa@gmail.com.

Mimosa pteridifolia (Benth.), popularmente conhecida como jurema roxa, é uma espécie endêmica do Brasil, encontrada principalmente na região Nordeste, em especial nos estados do Ceará e Piauí. Na medicina tradicional, essa espécie tem sido utilizada em pequenos procedimentos odontológicos devido às suas propriedades sedativas, bem como no tratamento de feridas e processos inflamatórios. Entretanto, seu potencial como recurso genético permanece pouco elucidado. O presente estudo teve como objetivo avaliar o perfil toxicogenético e de ação antibacteriana do extrato hidrometanólico da casca do caule de *M. pteridifolia* em estudos pré-clínicos. Realizou-se a avaliação da toxicidade através do bioensaio *in vivo* de *Artemia salina* L. com concentrações variando de 31,25 a 1000 µg/mL. Essas concentrações não interferiram na viabilidade dos náuplios. Em seguida, para as concentrações mais altas do extrato (250, 500 e 1000 µg/mL), realizou-se o bioensaio *Allium cepa* L., para avaliação dos índices de germinação (IG), mitótico (IM) e de alterações cromossômicas (IAC), seguindo Marin-Morales (2009). Para o ensaio *in vitro*, utilizou-se linhagens bacterianas Gram positivas (GP) e Gram negativas (GN) tratadas com concentrações variando entre 0,078 a 10 mg/mL. A análise estatística foi realizada pelo teste de análise de variância, seguido pelo teste de comparações múltiplas Tukey ($p < 0,05$). Os resultados mostram que, na maior concentração (1000 µg/mL), foram observadas reduções estatisticamente significativas no IG e IM, quando comparados ao controle negativo (água mineral). Além disso, nas concentrações de 500 e 1000 µg/mL, verificou-se um aumento de aproximadamente 11 vezes no IAC, incluindo micronúcleos, brotos nucleares, além de pontes anafásicas e telofásicas. Verificou-se que o extrato apresentou um efeito inibitório em bactérias GP e GN, com concentração inibitória média de 0,000625, 1,5 e 2,5 mg/ml. Os resultados obtidos indicam que o extrato de *M. pteridifolia* apresenta efeitos antibacterianos, além de atóxico e não apresentar efeitos citogenotóxicos, sendo observados efeitos danosos apenas nas concentrações mais elevadas. Este estudo fornece evidências iniciais sobre o perfil de segurança para uso e potencial farmacológico desse recurso genético vegetal, além de potencial antibiótico para tratamento de feridas.

Palavras-chave: Atividade antibacteriana; Efeito biológico; Medicina popular.

Agradecimentos: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

AVALIAÇÃO TOXICOLÓGICA E ESTUDO QUÍMICO DO EXTRATO ETANÓLICO DE SEMENTES *Senegalia bahiensis* (Benth.) Seigler & Ebinger

Claudejane Vieira Ferreira^{1*}; Kauan Ferreira da Rocha¹; Islâine Gomes de
Sousa¹; Marcones Ferreira Costa¹; Lívia do Vale Martins¹; Maria do Carmo
Gomes Lustosa¹

¹Universidade Federal do Piauí. *claudejane.ferreira@ufpi.edu.br

A espécie *Senegalia bahiensis* (Benth.) Seigler & Ebinger (Fabaceae L.), popularmente conhecida como espinheiro-branco, é um recurso genético vegetal com utilização como planta forrageira, na medicina popular e na produção de madeira. No entanto, estudos químicos e biológicos para validar cientificamente sua eficácia e segurança são necessários. Diante disso, o objetivo do estudo foi avaliar a toxicidade do extrato etanólico das sementes de *S. bahiensis* por meio do bioensaio com *Artemia salina* L., além de investigar a composição fitoquímica do extrato derivatizado, utilizando cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (CG-EM). A metodologia de *Artemia salina* seguiu o protocolo descrito por Meyer et al. (1982). Após 24 horas de exposição, a taxa de mortalidade dos náuplios foi determinada, sendo os dados utilizados para o cálculo da concentração letal média (CL₅₀), indicando a toxicidade do extrato. A análise estatística foi realizada por ANOVA de fator fixo, seguida do teste de Tukey para comparações múltiplas, com nível de significância de $p < 0,05$. Observou-se que apenas as altas concentrações (1000, 500 e 250 µg/mL) do extrato, inibiram a taxa de sobrevivência dos náuplios em relação ao CN (solução salina), evidenciando um potencial tóxico. Já as menores concentrações (125, 62,25 e 31,25 µg/mL) apresentaram efeitos semelhantes ao controle, não havendo diferença significativa sendo, portanto, não tóxicas. O valor de CL₅₀ foi de 166,2 µg/mL, evidenciando a toxicidade moderada do extrato analisado. A análise química da fração hexânica do extrato permitiu identificar 11 metabólitos, pertencentes principalmente à classe dos ácidos graxos. Os compostos mais abundantes foram os ácidos: hexadecanoico (palmítico), 9,12-octadecadienoico (linoleico), 9-octadecenoico (elaídico), 11-octadecenoico, octadecanoico (esteárico) e docosanoico (behênico). Os resultados deste estudo indicam que o extrato etanólico das sementes de *S. bahiensis* apresentou toxicidade apenas nas concentrações elevadas (1000, 500 e 250 µg/mL). São necessárias, portanto, análises adicionais químicas e biológicas para avaliar a utilização segura e eficaz dessa espécie por comunidades tradicionais do Nordeste brasileiro.

Palavras-chave: *Artemia salina*, Toxicidade, Calumbi, Composição química.

Agradecimentos: UFPI, IQ/UNESP





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA DE LEGUMINOSAS NATIVAS DA CAATINGA

Idaiane Cristina Alves de Oliveira¹; Grazielly Santos da Silva¹; Márcia Vieira de Sousa¹; Loane Costa Sampaio²; Marcones Ferreira Costa¹, Lívia do Vale Martins¹

¹Universidade Federal do Piauí. ²Universidade Federal de Pernambuco.
*idaianec423@gmail.com

Leguminosae Juss. é a família com maior diversidade e número de espécies na flora brasileira, sendo uma importante fonte de recursos genéticos vegetais (RGVs), com espécies de alto valor social, econômico, medicinal e ambiental. Contudo, apesar de sua importância, estudos de caracterização e diversidade genética estão limitados a poucas espécies do grupo, principalmente sob o ponto de vista citogenético. Diante disso, o presente estudo objetivou realizar a caracterização citogenética em seis espécies de leguminosas nativas da caatinga do Nordeste brasileiro, utilizando bandeamento por fluorocromos base-específicos CMA (Cromomicina A3) e DAPI (4',6-diamidino-2-fenilindol). As espécies apresentaram número cromossômico variável, com $2n = 20$ (*Dalbergia cearensis* Ducke e *Pterogyne nitens* Tul.), $2n = 24$ [*Cenostigma pyramidale* Tul. Gagnon & G.P.Lewis], $2n = 26$ [*Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan e *Pityrocarpa moniliformis* (Benth.) Luckow & R.W.Jobson] e $2n = 42$ (*Erythrina velutina* Willd.). Em relação ao número de bandas heterocromáticas (CMA positivas, ricas em GC), houve uma variação de dois, em *A. colubrina* e *P. moniliformes*, a 60 blocos, em *E. velutina*, com todas as espécies apresentando pelo menos um par de bandas CMA mais intensa, possivelmente, correspondendo a região organizadora de nucléolo (RON). *Dalbergia cearensis* apresentou um pequeno número de blocos, com quatro pares de bandas CMA na região terminal. Enquanto isso, *P. nitens* e *C. pyramidale* revelaram um número de intermediário de blocos, com 20 e 28 sítios de CMA, respectivamente. Interessantemente, *E. velutina* foi a única espécie que apresentou bandas DAPI (18 blocos), rica em AT, além de bandas CMA (42), presentes na região pericentromérica em todos os cromossomos. No presente trabalho, reportamos pela primeira vez o perfil de distribuição CMA/DAPI para *E. velutina*, *D. cearensis*, *A. colubrina*, *P. moniliformes* e *P. nitens*. Nossos resultados ampliam nossa compreensão acerca da diversidade citogenética existente entre as espécies analisadas e da organização cariotípica desses recursos genéticos de grande importância regional e nacional, além de contribuir para estratégias de conservação e preservação da biodiversidade florística do bioma Caatinga.

Palavras-chave: diversidade citogenética; CMA/DAPI; *Fabaceae*.

Agradecimentos: CNPq, CAPES.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DA GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE SEIS ACESSOS DE PIMENTEIRA-DO-REINO (*Piper nigrum* L.) VISANDO A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS VIGOROSOS

Wanessa Kleyciane Magalhães Alves¹; Milene Menezes dos Santos²; Winícios
Wilsom de Sousa Miranda¹; Oriel Filgueira de Lemos^{3*}

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ²Universidade Federal do Pará. ³Embrapa
Amazônia Oriental. *wanessagro@gmail.com.

A pipericultura no Brasil tem grande relevância econômica, principalmente nos estados do Espírito Santo e Pará. As viroses causam redução da produção e limitam a expansão do cultivo e a propagação vegetativa é fonte de disseminação via mudas infectadas. A revitalização dos acessos pela produção de mudas livres de vírus conservará a variabilidade genética mantida no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) e dará suporte ao programa de melhoramento genético da espécie. O objetivo deste trabalho foi obter plântulas vigorosas e uniforme de pimenteira-do-reino a partir de seis acessos para identificar plantas livres de vírus por meio da indexação utilizando o método de CTAB adaptado, com os seguintes reagentes 2% de CTAB (1,4M NaCl, 0,1M Tris-HCl com pH 8, 2mM EDTA) e inclusão de 0,2% 2-mercaptoetanol para evitar a oxidação do material. e clonagem via micropropagação. Os frutos de seis acessos (Itó-9, Clonada-17, Apra, laçarará, Cleo e Alencar), provenientes do BAG da Embrapa Amazônia Oriental, foram submetidos a protocolo rigoroso de assepsia com fungicida (Nativo® 0,3%) e hipoclorito de sódio, e as sementes inoculadas em meio MS (Murashige & Skoog, 1962) acrescido com fosfato de sódio monobásico (NaH₂PO₄) a 0,17 mg.L⁻¹. Foram avaliados durante o processo germinativo, tempo para emissão da radícula, desdobramento do hipocótilo e emissão do primeiro par de folhas definitivas. Constataram-se diferenças entre si, com destaque para Apra que apresentou maior precocidade, emitindo a radícula aos 22 dias, enquanto laçarará se sobressaiu nas fases subsequentes, alcançando a emissão do primeiro par de folhas definitivas em apenas 69 dias. Os clones da Clonada-17 apresentaram desempenho intermediário e relativamente estável entre os estádios observados. Houve distinção entre os acessos para os diferentes estádios até a formação da plântula. O comportamento da germinação de Apra foi mais precoce na fase inicial, enquanto outros, como laçarará, mostraram maior vigor no estabelecimento foliar. Conclui-se que a germinação *in vitro* de sementes é importante para a identificação de padrões distintos de desenvolvimento, permitindo a seleção de plântulas mais vigorosas e uniformes para clonagem *in vitro* e produção de mudas saudáveis para o fortalecimento da sustentabilidade da cadeia produtiva da pimenta-do-reino.

Palavras-chave: micropropagação; conservação de germoplasma; clonagem de plantas.

Agradecimentos: Tropoc; viveiro Promudas e CNPq.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE BATATA-DOCE POR DESCRITORES AGRONÔMICOS

Ingrid Justino Gomes^{1*}; Lindomar Maria da Silveira¹; Antonio Gideilson Correia da Silva¹; João Everthon da Silva Ribeiro¹; Aurélio Paes Barros Júnior¹

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

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é uma das hortaliças mais cultivadas no Brasil, sendo amplamente adaptada a diversas condições edafoclimáticas e apresentando elevado rendimento agrícola. Contudo, observa-se grande variabilidade de cultivares utilizadas nos diferentes sistemas de cultivo praticados no país. Dessa forma, pode-se inferir que as respostas dessas cultivares não serão as mesmas quando submetidas a condições de clima, solo e manejo diferenciados. Com isso, este estudo teve como objetivo caracterizar acessos de batata-doce da Coleção Didática de Germoplasma de batata-doce da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA). O experimento foi desenvolvido no período de agosto de 2023 a janeiro de 2024. O mesmo foi conduzido na Horta Experimental do Departamento de Ciências Agrônômicas e Florestais (DCAF), Centro de Ciências Agrárias (CCA) da UFERSA, Campus Leste Mossoró/RN, Brasil. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com quatro repetições. Os tratamentos consistiram de seis acessos de batata-doce de polpa laranja (21-21; 24-01; 31-01; 31-12; 35-11 e 56-23) e a cultivar (Paraná). Após a colheita, foram avaliadas a produtividade total de raízes (PTR) ($t\ ha^{-1}$), a produtividade de raízes comerciais (PRC) ($t\ ha^{-1}$), o número total de raízes (NTR) (raízes ha^{-1}) e o número de raízes comerciais (NRC) (raízes ha^{-1}). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade, utilizando-se o Programa estatístico R[®]. Os resultados demonstraram diferenças para as variáveis agrônômicas entre os acessos estudados. Maiores produtividades totais e comerciais foram apresentadas pelos acessos 21-21 e 56-23 com valores respectivos de 4,63 e 4,71 $t\ ha^{-1}$. O destaque também ocorreu no NRT e NRC, onde os mesmos acessos superaram os demais, com valores de 127,50 e 97,50 mil raízes ha^{-1} . Os acessos 31-01 e 35-11 demonstraram baixo desempenho produtivo total e comercial em todas as avaliações. Diante disso, conclui-se que os acessos 21-21 e 56-23 apresentaram um maior potencial para serem utilizados em programas de melhoramento genético de batata-doce no semiárido, devido às suas características agrônômicas superiores aos demais acessos analisados.

Palavras-chave: *Ipomoea batatas*; conservação; germoplasma de batata-doce.

Agradecimentos: CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior).



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA E MOLECULAR DE GENÓTIPOS DE GERGELIM RESISTENTES À MURCHA-DE-FUSARIUM

Erika Fernandes Gomes¹; Catarina Araújo de Souza¹; Keveny Claudino Martins²;
Marleide Magalhães de Andrade Lima³; Nair Helena Castro Arriel^{3*}; Liziane Maria de
Lima³

¹Universidade Estadual da Paraíba; ²Universidade Estadual da Paraíba, ³Embrapa Algodão
*nair.arriel@embrapa.br

O gergelim (*Sesamum indicum* L.) é uma cultura com elevado valor nutricional e com grande potencial de expansão nos mercados nacional e internacional. Entretanto, durante o seu cultivo, pode ser severamente afetado por doenças como a murcha-de-fusarium, que pode acometer a cultura em qualquer fase do ciclo e causar clorose, murcha e morte das plantas. Uma alternativa para o controle desta doença é o uso de genótipos resistentes. Este trabalho teve como objetivo identificar e caracterizar genótipos de gergelim, oriundos do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Algodão, quanto ao nível de resistência à murcha-de-fusarium, por meio de caracteres fenotípicos e marcadores moleculares. O experimento foi conduzido em casa de vegetação na Embrapa Algodão (Campina Grande, PB), em delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial 6 (genótipos) x 2 (i - inoculado com *Fusarium* spp. CCMF-CNPA 895; ii - testemunha), com duas repetições. O desenvolvimento dos sintomas foi avaliado por 30 dias, com o índice de escurecimento vascular (IEV) e, posteriormente, na classificação da resistência à murcha-de-fusarium (CRMV). Para a análise molecular, foram empregados sete primers R-ISSR. Os dados fenotípicos foram analisados no programa Sisvar e as médias foram comparadas pelo agrupamento de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Na análise molecular, foi identificada uma marca associada à resistência, presente no primer OP-B05+UBC-825 (600 pb), em dois genótipos (BRA 27243 e BRS Morena). Fenotipicamente, quatro genótipos (BRA 27243, BRA BORD 2, BRS Morena e BRS Seda) foram classificados como altamente resistentes à murcha-de-fusarium, enquanto BRS Anahí e BRS Pérola Negra apresentaram alta suscetibilidade, com morte total das plantas avaliadas. Os genótipos BRS Morena e BRA 27243 que apresentaram a marca molecular associada à resistência também se mostraram resistentes segundo a expressão fenotípica. Os resultados demonstraram o potencial desses genótipos como fonte de recursos genéticos para o melhoramento do gergelim, visando à resistência à murcha-de-fusarium.

Palavras-chave: *Fusarium oxysporum* f. sp. *sesami*; R-ISSR; *Sesamum indicum* L.

Agradecimentos: CNPQ, Embrapa Algodão, UEPB.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO FÍSICA DE SEMENTES DO GÊNERO *Mimosa* spp.

Mariana Gomes Adriano^{1*}, Jordana Resende de Melo¹, Luenne da Silva Costa¹, Livia do Vale Martins², Regina Lucia Ferreira Gomes², Jardel Oliveira Santos¹

¹Universidade Federal do Piauí - UFPI. *marianagomes@ufpi.edu.br

O gênero *Mimosa* L. é amplamente distribuído nas regiões tropicais e subtropicais das Américas, e o uso de estratégias que facilitem a caracterização irá refletir sobre a conservação. Deste modo, objetivou-se caracterizar 10 grupos de sementes do gênero *Mimosa* a partir da morfometria e colorimetria analítica. Os genótipos avaliados foram: *Mimosa ophthalmocentra* (NEMA), *M. tenuiflora* pop 1, *M. arenosa* (NEMA), *M. verrucosa* (Indivíduo I, Aroazes-PI), *M. verrucosa* (Indivíduo II, Amarante-PI), *M. caesalpinifolia* pop 1 e pop 2 (NEMA), *M. tenuiflora* pop 1, *M. sensitiva*, e *M. ophthalmocentra* (NEMA). O comprimento da semente, a largura da semente - CS e a espessura da semente - ES foram determinados a massa média de 30 sementes - MS. A partir do sistema CIELAB, foram estimados os valores de Luminosidade, Coordenada a, Coordenada b*, Cromaticidade e Ângulo da cor. As médias dos caracteres físicos de sementes e caracteres da colorimetria analítica dividiu os dez genótipos de *Mimosa* spp. em pelo menos dois grupos de médias, revelando expressiva variabilidade entre as espécies. Dois grupos foram formados a partir da LS 0,50 mm (Grupo a, *M. tenuiflora* pop 2) e 0,39 mm (Grupo b, *M. verrucosa* pop 2). Três grupos foram estabelecidos, com os caracteres: Luminosidade da semente, 28,00 (Grupo a, *M. tenuiflora* pop 2) e 17,00 (Grupo b, *M. ophthalmocentra* pop 2) e 6,50 (Grupo c, *M. sensitiva*). Coordenada a 13,25 (Grupo a, *M. ophthalmocentra* pop 2) e 9,00 (Grupo b, *M. verrucosa* pop 1) e 2,00 (Grupo c, *M. tenuiflora* pop 1). CS 0,69 (Grupo a, *M. tenuiflora* pop2) e 0,55 (Grupo b, *M. caesalpinifolia* pop 1) e 0,44 (Grupo c, *M. verrucosa* pop 2). Os 10 grupos de sementes do gênero *Mimosa* caracterizam-se pela morfometria e colorimetria analítica, sendo importantes atributos para diferenciar as espécies caracterizadas.

Palavras-chave: *Mimosa* spp.; morfometria; colorimetria analítica.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE FRUTOS DE VINTE ACESSOS DE CAMBUÍ (*Myrciaria floribunda*)

Adrielly Oliveira de Albuquerque¹; Berenice Lucas dos Santos Voss¹; Artur dos Santos¹; Eurico Eduardo Pinto de Lemos¹

¹Universidade Federal de Alagoas. *eurico@ceca.ufal.br

O cambuí, *Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg, é uma frutífera nativa do Brasil, conhecida por seus frutos de sabor agridoce que apresentam grande potencial para consumo in natura e para o processamento de sucos, geleias e derivados. Apesar de seu valor ecológico e econômico em algumas regiões, o cambuí ainda é pouco estudado, especialmente quanto às características produtivas e de pós-colheita dos acessos disponíveis para a seleção de tipos superiores. Neste trabalho, foram avaliados 20 acessos de cambuí com 15 anos de idade e frutos de diferentes cores (alaranjado, vermelho e roxo) do Banco de germoplasma do CECA-UFAL, com o objetivo de identificar aqueles com bom desempenho de produção e qualidade dos frutos para o processamento. Os frutos maduros de cambuí foram colhidos manualmente e cada acesso teve sua produção total pesada. Em seguida, foram separados três grupos de 100 frutos de cada acesso para análises físico-químicas. Foram medidas a massa média dos frutos e, separadamente, da polpa, da casca e da semente. Também foram determinados o teor de sólidos solúveis (°Brix) e a acidez total titulável (%). Entre os 20 acessos avaliados, o acesso 3 (frutos alaranjados) apresentou a maior capacidade produtiva, com um total de 7,65 kg de frutos por planta na safra. Esse mesmo acesso também se destacou no teor de sólidos solúveis totais, de 19,22, confirmando seu potencial de qualidade para consumo in natura e processamento. O acesso 1 (frutos vermelhos) obteve o maior peso médio de frutos por repetição (1,0 g), além de apresentar maior acidez total titulável de 4,56%. O acesso 6 (frutos vermelhos) destacou-se pelo maior volume de massa de polpa, alcançando 0,76 g/fruto, além de maior volume médio de suco (0,28 mL/fruto). Observou-se ainda que os acessos com frutos de cor roxa foram os que menos se destacaram em relação às características avaliadas, evidenciando menor potencial quando comparados aos frutos de coloração alaranjada e vermelha. De modo geral, os resultados indicam considerável variabilidade entre os acessos, com diferentes características de interesse para a seleção de clones superiores da espécie *Myrciaria floribunda*.

Palavras-chave: conservação, seleção, fruticultura.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE ACESSOS DE GERGELIM (*Sesamum indicum* L.)

Erika Fernandes Gomes¹; Catarina Araújo de Souza¹; Thuane Barbosa Medeiros Franco¹; Marleide Magalhães de Andrade Lima²; Nair Helena Castro Arriel²; Liziane Maria de Lima²

¹Universidade Estadual da Paraíba; ²Embrapa Algodão. *nair.arriel@embrapa.br

O gergelim (*Sesamum indicum* L.) é uma cultura que pode enfrentar limitações produtivas ao longo do seu ciclo de vida, como suscetibilidade a pragas, maturidade irregular, baixo rendimento e alta ramificação. Para mitigar esses entraves, uma estratégia promissora consiste no estudo de recursos genéticos disponíveis no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) visando à implementação em programas de melhoramento genético. Este trabalho teve como objetivo caracterizar acessos de gergelim do BAG de Gergelim da Embrapa Algodão com descritores morfológicos e agronômicos. O experimento foi conduzido em casa de vegetação na Embrapa Algodão (Campina Grande, PB), em delineamento inteiramente casualizado com 15 acessos e duas repetições. Na fase de maturidade dos acessos, foram realizadas avaliações morfológicas e agronômicas, utilizando onze descritores morfológicos e dois agronômicos. Os dados morfológicos foram descritos em quadro e os agronômicos foram avaliados no programa Sisvar e suas médias comparadas pelo teste Tukey a 5% de significância. Todas as plantas avaliadas apresentaram um arranjo foliar alternado e cápsulas bicarpelares. A maioria dos acessos apresentou a abertura da cápsula do tipo deiscente, com exceção dos genótipos BRA 27332 e BRA 26158, que apresentaram o tipo semi-deiscente. Verificou-se grande variação na coloração do tegumento das sementes, predominando tons bege e marrom. Os acessos BRA 28541 e BRA 32760 apresentaram os maiores valores de massa de mil sementes e número de sementes por cápsula. Os dados obtidos neste estudo reforçam a importância de bancos de germoplasma como fonte de variabilidade genética para a seleção de genitores promissores para o melhoramento genético da cultura, visando ao incremento da produtividade.

Palavras-chave: descritores morfológicos; semi-deiscência; melhoramento genético.

Agradecimentos: CNPQ, Embrapa Algodão, UEPB.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE PIMENTEIRAS ORNAMENTAIS

Júnia Mariza Alves Araújo¹; Luciano Rodrigues de Almeida¹; Gabriel Vianna Ferraz¹;
Carlos Humberto Aires Matos Filho¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Verônica Brito
da Silva¹.

¹Universidade Federal do Piauí. *junialves321@gmail.com

O gênero *Capsicum* possui uma notável diversidade e tem ganhado destaque no mercado de floricultura no Brasil. O Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí (BAG - UFPI) destaca-se como uma das coleções de germoplasma de *Capsicum* mais importantes do Nordeste, conservando 260 acessos. A caracterização morfoagronômica é fundamental para a gestão e aproveitamento desses recursos genéticos. Este estudo objetivou-se por realizar a caracterização de pimentas do gênero *Capsicum* conservadas no BAG-UFPI. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia, no Centro de Ciências Agrárias da UFPI, Teresina, utilizando um delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições, avaliando 18 acessos de pimentas. Foram utilizados 23 descritores, sendo 10 quantitativos e 13 qualitativos multicategóricos. Os dados quantitativos foram submetidos ao teste de Scott-Knott, e a análise de agrupamento utilizou a metodologia UPGMA (Método da ligação média entre grupos não ponderado), baseada na distância de Gower. Os descritores morfológicos e agronômicos foram eficientes na diferenciação dos genótipos de *Capsicum*. A maioria dos acessos apresentou características comuns, como cor do caule verde, formato da folha deltoide, cor da corola branca, e frutos maduros vermelhos com formato triangular. A diversidade genética foi observada em todos os caracteres avaliados, exceto para pubescência da folha e hábito de crescimento. O acesso BGC-UFPI 228 (da espécie *C. annuum*) destacou-se por apresentar caracteres agronômicos desejáveis, como maior largura do dossel vegetal (18,90 cm) e maiores dimensões de fruto, sendo indicado para preparo de condimentos e conservas. A espécie *C. annuum* formou o maior número de grupos no dendrograma. Especificamente, os acessos BGC-UFPI 203 e BGC-UFPI 258 (*C. annuum*) foram os mais divergentes, apresentando potencial para serem utilizados como genitores em programas de melhoramento de pimentas ornamentais. O trabalho identificou acessos promissores com potencial para uso ornamental.

Palavras-chave: *Capsicum*; germoplasma; UPGMA.

Agradecimentos: CAPES; UFPI; NURGEM



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DA BANANINHA-DO-MATO (*Bromelia karatas* L.)

Ana Alice de Sousa Rodrigues da Silva¹; Marlon Manoel Pereira Rocha¹; Rafael da Costa Almeida²; Márcia Vieira de Sousa¹; Livia do Vale Martins¹; Marcones Ferreira Costa¹

¹Universidade Federal do Piauí. ²Instituto Federal do Piauí. *marlon.rocha@ufpi.edu.br.

Bromelia karatas L., conhecida popularmente como bananinha-do-mato ou croatá, é uma bromélia típica das regiões semiáridas do Brasil, destacando-se por sua rusticidade e adaptação aos solos da Caatinga. Além de seu papel ecológico na manutenção da biodiversidade, possui relevância econômica e cultural, sendo utilizada tradicionalmente na alimentação e reconhecida por propriedades medicinais. A caracterização por meio de descritores morfológicos é fundamental para compreender a variabilidade intraespecífica, orientar estratégias de conservação e subsidiar programas de melhoramento. Entretanto, os estudos sobre a caracterização morfológica de croatá ainda são escassos. Nesse sentido, este trabalho teve como objetivo caracterizar uma população natural de *B. karatas* no município de Cajazeiras, Piauí. Foram avaliadas 20 plantas, com três frutos por indivíduo, considerando variáveis morfoagronômicas como número de frutos por planta, comprimento e largura da folha, peso, comprimento, relação comprimento/largura, número de sementes, cor e forma do fruto. As análises foram realizadas no software R, empregando análise de agrupamento hierárquico pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Os resultados da análise de agrupamento, representados por um dendrograma, revelaram coeficiente de correlação cofenética de 0,79 e ponto d-e corte de 0,32, definido com base no critério de Mojena, o que permitiu a formação de quatro grupos. O Grupo IV destacou-se por reunir plantas com maiores médias para número de frutos por planta, comprimento da folha e largura do fruto, indicando maior potencial produtivo e, portanto, maior relevância para programas de melhoramento. Os resultados evidenciam significativa variabilidade morfológica na população estudada, confirmando o valor do croatá como recurso genético de interesse para conservação, manejo sustentável e exploração econômica no semiárido.

Palavras-chave: recurso genético vegetal; caatinga; variabilidade intraespecífica.

Agradecimentos: UFPI/CNPq (Universidade Federal do Piauí e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico)



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA (BAG) DE *PASSIFLORA* DA EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA

Jeovani Silva Almeida^{1*}; Lucas Kennedy Silva Lima²; Onildo Nunes de Jeus³

¹Universidade Estadual de Feira de Santana. ²Universidade Estadual de Feira de Santana,

³Embrapa Mandioca e Fruticultura. *jeeovanielmeida@gmail.com

O gênero *Passiflora* L. (família Passifloraceae) é amplamente distribuído em regiões tropicais e subtropicais, com cerca de 600 espécies descritas. Parte dessa diversidade está conservada *ex situ* em bancos de germoplasma que são essenciais para preservar a variabilidade e para uso pelos programas de melhoramento. A caracterização morfológica e agrônômica permite identificar potenciais genótipos para uso em cruzamentos visando desenvolvimento de cultivares com características superiores. O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Mandioca e Fruticultura abriga 370 acessos, muitos dos quais ainda não foram totalmente caracterizados. Neste trabalho, objetivou-se caracterizar acessos deste BAG utilizando descritores morfológicos específicos para *Passiflora*, visando descrever a variabilidade disponível e identificar acessos com características de interesse do melhoramento genético. Para a caracterização, foram avaliados 73 acessos, pertencentes a 32 espécies do BAG-Maracujá, utilizando 59 descritores relativos a ramos, folhas e flores (42 qualitativos e 17 quantitativos). Esses dados foram submetidos à análise multivariada, empregando como medida de dissimilaridade a distância de Gower e o método de agrupamento UPGMA. A partir da matriz de dissimilaridade fenotípica, foram formados seis grupos principais (G1 a G6). Os agrupamentos G1 (n = 15), G2 (n = 11) e G3 (n = 13) mostraram-se relativamente homogêneos, reunindo predominantemente genótipos pertencentes às espécies *P. edulis*, *P. cincinnata* e *P. alata*, respectivamente. Os grupos G4 (n = 3) e G5 (n = 3) alocaram majoritariamente acessos de *P. mucronata* e *P. porophylla*. O grupo G6 (n = 28) apresentou maior heterogeneidade e foi subdividido em quatro subgrupos compostos por acessos de espécies silvestres. Os resultados apontam para ampla variabilidade fenotípica no BAG-Maracujá da Embrapa e permitiram identificar indivíduos promissores para incorporação em programas de melhoramento genético.

Palavras-chave: Passifloraceae; descritores morfológicos; melhoramento.

Agradecimentos: CAPES, UFRB, UEFS, FAPESB, CNPq e à Embrapa.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DOS GRÃOS DE PÓLEN E DO ESTIGMA EM *Aechmea distichantha* Lem. (BROMELIOIDEAE, BROMELIACEAE)

PATRICIA DE JESUS SILVA¹; SARA CRISTINA SANTOS OLIVEIRA¹; FERNANDA
VIDIGAL DUARTE SOUZA²; EVERTON HILO DE SOUZA³

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura. ³Fundação
Getúlio Vargas. *patriciasilva@aluno.ufrb.edu.br

A espécie *Aechmea distichantha* ocorre no Brasil e em outros países da América do Sul, onde se destaca por suas adaptações morfoanatômicas, associadas ao seu sucesso reprodutivo. *Aechmea distichantha* distingue-se pelas inflorescências compostas por brácteas rosadas e flores arroxeadas, conferindo-lhe elevado potencial ornamental. A análise da morfologia dos grãos de pólen e do estigma é fundamental para compreender os processos relacionados à biologia reprodutiva, polinização e delimitação taxonômica no grupo. Diante disso, o objetivo deste estudo foi investigar a morfologia dos grãos de pólen e do estigma em *A. distichantha*, por meio de análises realizadas com Microscopia Eletrônica de Varredura (MEV) e Microscopia de Luz (ML). As medições dos grãos de pólen foram efetuadas utilizando a técnica de acetólise lática fraca (ACLAC 40); as mensurações do estigma foram realizadas utilizando o programa ImageJ. Os resultados morfométricos apontam médias de comprimento/diâmetro do estilete de $10,02 \pm 1,50$ mm / $0,30 \pm 0,02$ mm, e para o estigma, $1,50 \pm 0,04$ mm / $1,23 \pm 0,04$ mm. Os grãos de pólen encontrados são mônades, de tamanho médio, heteropolares, oblatos, elípticos e apresentam abertura biporada, variando quanto à vista equatorial: $53,10 \pm 2,75$ / $41,51 \pm 2,29$ μ m; e à vista polar: $37,41 \pm 0,63$ μ m / $25,84 \pm 1,4$ μ m. Com exina microrreticulada, com espessura variando de $1,01 \pm 2,20$ μ m. Em razão de sua ampla distribuição geográfica e reconhecido valor ornamental, *A. distichantha* enfrenta pressões oriundas do extrativismo predatório, que comprometem populações naturais, e esses resultados constituem bases relevantes para pesquisas taxonômicas, subsidiando tanto estratégias de conservação do germoplasma quanto programas de melhoramento genético da espécie.

Palavras-chave: Bromeliaceae; mata atlântica; plantas ornamentais.

Agradecimentos: Capes; CNPq; FAPESB.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA EM ACESSOS DE MANDACARU (*Cereus spp.*)

Efigênia do Rego Barros^{1*}; Gleice Ribeiro Orasmo¹

¹Universidade Federal do Piauí – UFPI. *efigenia.producoes@gmail.com

Com o objetivo de caracterizar morfologicamente duas espécies de mandacaru oriundas de diferentes Regiões do Brasil, foram utilizados quatro acessos: BGM 16 e BGM 30, da espécie *Cereus jamacaru* DC e BGM 45 e BGM 50 da espécie *C. hildmannianus* K. Shum., conservados no Banco de Germoplasma de Mandacaru da Universidade Federal do Piauí. Para a germinação, 30 sementes de cada acesso foram colocadas em placas de Petri, sobre papel toalha umedecido com água destilada, em BOD, com temperatura de 28° no escuro (sem fotoperíodo). Após a germinação, as plântulas e sementes não germinadas, foram transferidas para vasos contendo substrato orgânico, dispostos em casa de vegetação e mantidos com regas periódicas. Foram avaliados, cinco descritores de sementes considerando uma amostragem de 10 sementes/acesso, a saber: : 1) comprimento médio; 2) altura média; 3) largura média; 4) massa média; e 5) índice de germinação por acesso. Constatou-se que o comprimento médio variou de 0,363 mm (BGM 50) a 0,449 mm (BGM 45), a altura média das sementes variou de 0,233 mm (BGM 50) a 0,299 mm (BGM 45) e a largura média de dez sementes variou de 0,173 mm (BGM 50) a 0,184 mm (BGM 45). Menores tamanhos foram encontrados para o BGM 50 e os maiores para o BGM 45, ambos acessos pertencentes a espécie *C. hildmannianus* K. Shum., oriundas da Região Sul do Brasil.

O acesso BGM 50 também apresentou a menor massa média de sementes (0,0025 g) e o BGM 45 o maior valor (0,0053 g). Já o índice de germinação entre os acessos analisados foi a variável que apresentou maior diferenças, tendo sido de 0% (zero) para o BGM 30, 3,33% para o BGM 45, 10% para o BGM 50 e 13,33% para o BGM 16, mostrando uma correlação entre os acessos BGM 45 e BGM 50, ambos da espécie *C. hildmannianus* K. Shum., e valores discrepantes entre os acessos BGM 16 e BGM 30, ambos da espécie *Cereus jamacaru* DC. As variações morfológicas observadas a partir de dados preliminares das sementes podem auxiliar no conhecimento da variação genética existente nas espécies de *Cereus spp.* Os resultados obtidos podem ser utilizados em estudos futuros, em conjunto com dados em nível molecular, contribuindo para o melhor conhecimento da diversidade genética nas espécies de mandacaru.

Palavras-chave: cactos; caracterização; variabilidade morfológica.

Agradecimentos: UFPI.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

COLORIMETRIA DE CLONES DE ROSAS DO DESERTO (*Adenium* spp. Roem. & Schult)

Luenne da Silva Costa^{1*}; Mariana Gomes Adriano¹; Jordana Resende de Melo¹; Maria Luiza Gomes Carvalho¹; Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos¹; Jardel Oliveira Santos¹.

¹Departamento de Biologia, CCN, UFPI. *luennedasilvacosta38@gmail.com

A colorimetria analítica permite classificar, ordenar e quantificar clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.) de modo mais preciso, por evitar a subjetividade da determinação da cor pela visão humana. E a partir de informações sobre a variabilidade colorimétrica das pétalas e da morfometria das estruturas florais, importantes para o mercado de ornamentais, que ainda são escassas, objetivou-se estimar a diversidade entre 34 clones de rosas do deserto baseados em análise por técnicas de colorimetria analítica, definindo a intensidade de cores pela interpretação dos critérios e parâmetros que definem a sensação de cor obtida pelo sistema CIEL^{*}ab^{*} e de caracteres da estrutura floral. Os clones avaliados (acima de 2 anos e com pelo menos uma floração) pertencem ao acervo pessoal de colecionadores, da cidade de Valença, PI e Teresina, PI. A amostragem do material vegetal para obtenção dos dados morfométricos foi realizada a partir da escolha aleatória de três flores em cada clone de *Adenium* spp. estabelecendo uma subamostra de população de rosas do deserto de 34 clones, diferentes fenotipicamente pela coloração das flores. Foram analisados dados de colorimetria dos clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.), incluindo: luminosidade (L^{*}), coordenadas a^{*} (verde-vermelho) e b^{*} (azul-amarelo), cromaticidade (C) e ângulo da cor (H). A estruturação da dissimilaridade entre os 34 clones foi realizada por meio da distância média dos descritores, utilizando os métodos de Tocher, projeção bidimensional e análise de contribuição dos caracteres segundo Singh. Na primeira cor padrão das pétalas, L^{*} variou de 0,8 a 100, a^{*} de -0,1 a 69, b^{*} de -0,1 a 43,1, H de -0,13 a 2,66 e C de 0,01 a 84,02. Na segunda cor padrão, L^{*} variou de 10,3 a 82,7, a^{*} de -1,3 a 68,9, b^{*} de -0,1 a 44,9, H de -0,29 a 2,34 e C de 9,67 a 83,42. A análise por técnicas de colorimetria analítica aplicada aos 34 clones de rosas do deserto possibilitou a determinação objetiva da intensidade e tonalidade das cores das pétalas, a partir da interpretação dos parâmetros definidos pelo sistema CIELab. Entre as variáveis avaliadas, destacaram-se como mais relevantes para a caracterização da diversidade dos clones, a cromaticidade (C), a coordenada a e a luminosidade, diretamente associadas às percepções analíticas padrões de cor entre os 34 clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.).

Palavras-chave: Colorimetria analítica; Variabilidade; Padronização de cores.

Agradecimentos: UFPI e os colecionadores de rosas do deserto que gentilmente forneceram material para coletar dados dessa pesquisa.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CONSERVAÇÃO DE BLOCOS HETEROCROMÁTICOS NO CARIÓTIPO DE DIFERENTES ACESSOS DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.)

Ana Júlia Rodrigues Maroto¹; Leonardo William Albuquerque Bezerra Lopes¹, Márcia Vieira de Sousa¹; Verônica Brito da Silva¹, Regina Lucia Ferreira Gomes¹; Livia do Vale Martins¹

¹Universidade Federal do Piauí. *ana.maroto@ufpi.edu.br

A citogenética é uma ferramenta valiosa para a caracterização e comparação de recursos genéticos vegetais, sendo possível identificar o número, tamanho, morfologia dos cromossomos, além de regiões eu- e heterocromáticas no genoma das espécies analisadas. O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L., $2n = 22$), é uma leguminosa de importância social, econômica e ecológica, sendo um importante cultivar da agricultura familiar e da segurança alimentar brasileira. O presente trabalho objetivou caracterizar os blocos de heterocromatina constitutiva (CMA⁺) em oito acessos de *P. lunatus*, pertencentes ao banco ativo de germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí, mediante bandeamento por fluorocromos CMA (Cromomicina A3) e (DAPI 4'-6-diamidino-2-fenilindol). Observamos uma estabilidade em relação ao número e posição de blocos heterocromáticos distribuídos no cariótipo dos acessos analisados. Um par de bandas terminais CMA⁺⁺/DAPI⁻, provavelmente correspondente à RON (região organizadora de nucléolo) foi observado em todos os acessos. Adicionalmente, foram observados blocos heterocromáticos pericentroméricos de diferentes tamanhos/ intensidade de sinal em todos os cromossomos, em todos os acessos de *P. lunatus*, corroborando com dados prévios da literatura. A continuidade dos estudos envolvendo técnicas citogenéticas mais detalhadas, como a FISH (Hibridização *in situ* Fluorescente) utilizando diferentes sondas de DNA repetitivo, contribuirão para uma maior compreensão acerca da distribuição de DNA repetitivo no genoma dessa espécie, importantes para a regulação da expressão gênica, proteção e estabilidade genômica.

Palavras-chave: citogenética; CMA/DAPI; recursos genéticos vegetais; agricultura familiar.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CONTROLE DA CONTAMINAÇÃO DE SEMENTES NA GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE PIMENTEIRA-DO-REINO (*Piper nigrum* L.) VISANDO A CONSERVAÇÃO

Wanessa Kleyciane Magalhães Alves¹; João Pedro Abraham Chaves²; Milene Menezes dos Santos²; Oriel Filgueira de Lemos^{3*}

¹Universidade Federal Rural da Amazônia. ²Universidade Federal do Pará. ³Embrapa Amazônia Oriental. *wanessagro@gmail.com

A pimenteira-do-reino (*Piper nigrum* L.) é uma das principais commodities produzidas no Brasil, apresentando relevância econômica e social, sobretudo nos estados do Espírito Santo e Pará. No entanto, a propagação da cultura é afetada por questões fitossanitárias. Nesse cenário, o controle da contaminação das sementes na germinação *in vitro* está associado ao uso de fungicidas no processo de assepsia, sendo uma estratégia para obtenção de plântulas saudáveis e vigorosas para a conservação *in vitro* e uso dos recursos genéticos vegetais da espécie. Diante disso, este trabalho estabeleceu uma metodologia de assepsia com fungicida para controle da contaminação e germinação *in vitro* de sementes de pimenteira-do-reino. Desta forma, o experimento foi realizado no Laboratório de Biotecnologia da Embrapa Amazônia Oriental com as sementes do acesso laçará conservado no BAG dessa instituição. Os frutos foram macerados para a retirada da polpa e as sementes foram submetidas a tratamentos com fungicidas Nativo, Tecto, Protreat, Bendazol, 2, 4-D Amina e Agral a 0%, 0,2%, 0,3%, 0,4% e 0,8% e posteriormente, foram semeadas em meio de cultura MS (Murashige & Skoog, 1962). As avaliações foram quanto à taxa de contaminação, germinação, vigor inicial e estabelecimento de plântulas. Desse modo, os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) em delineamento inteiramente casualizado (DIC), seguida do teste de Tukey a 5% de probabilidade para comparação das médias. Com isso, verificou-se diferenças significativas entre os tratamentos em relação à germinação e à ocorrência de contaminações. Os fungicidas Nativo® e Agral®, na concentração de 0,3%, destacaram-se por reduzir a contaminação para valores próximos de 0% e, ao mesmo tempo, favorecer maior uniformidade e vigor no crescimento das plântulas, enquanto concentrações elevadas inviabilizaram o processo germinativo. Portanto, é importante ajustar o protocolo de assepsia e o uso dos fungicidas Nativo® e Agral® a 0,3% são eficientes para a assepsia e germinação de sementes de pimenteira-do-reino. A metodologia de assepsia com esses fungicidas proporcionam controle da contaminação e viabilizam a germinação visando a conservação *in vitro* desses materiais para produção de plântulas vigorosas, e aprimorando protocolos de micropropagação e produção de mudas de qualidade.

Palavras-chave: assepsia; micropropagação; fungicidas.

Agradecimentos: Embrapa Amazônia Oriental, TROPOC e CNPq.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

CORRELAÇÃO ENTRE CONTEÚDO DE DNA E NÍVEIS DE PLOIDIA EM ESPÉCIES DO GÊNERO *Mimosa* L. (Leguminosae Juss.)

Grazielly Santos da Silva¹; Márcia Vieira de Sousa¹; Loane Costa Sampaio²; Mariana Ellen Costa de Freitas Barbosa²; Marcones Ferreira Costa¹; Livia do Vale Martins¹

¹Universidade Federal do Piauí. ²Universidade Federal Rural de Pernambuco.
*grazy.slva@ufpi.edu.br

Mimosa L. possui recursos genéticos vegetais com importância socioeconômica, medicinal e ambiental. O Brasil é um centro de diversidade desse gênero, com cerca de 75% de espécies endêmicas, das quais metade ocorrem no bioma Cerrado. Apesar da sua importância, estudos genéticos são escassos, com dados de conteúdo de DNA (1C) apenas para: *M. pudica* L. (tetraploide; 1C = 0,60 pg) e *M. invisia* Mart. ex Colla (diploide; 1C = 0,70 pg). O presente estudo objetivou estimar o 1C para sete novas espécies de *Mimosa* com diferentes níveis de ploidia, mediante citometria de fluxo, além de avaliar a correlação entre conteúdo de DNA e seu nível de ploidia. Para análise estatística, aplicou-se análise de variância (ANOVA com fator fixo), seguida do teste de comparações múltiplas de Tukey ($p < 0,05$). O conteúdo de DNA variou de 1C = 0.64 ± 0.04 pg em *M. sensitiva* L. (diploide) a 1.55 ± 0.08 pg em *M. arenosa* (Willd.) Poir. (triploide), com variação de 2.42 vezes entre as espécies analisadas. Nossos resultados não revelaram uma correlação positiva entre 1C e níveis de ploidia nas espécies analisadas ($r = 0.1417$). As espécies diploides *M. sensitiva*, *M. opthalmocentra* Mart. ex Benth. e *M. caesalpinifolia* Benth. foram agrupadas no grupo A. Já *M. verrucosa* (diploide), significativamente diferente de *M. sensitiva* mas não diferente das outras espécies do grupo A, foi alocada no grupo B. *Mimosa candollei* R. Grether (tetraploide) foi agrupada sozinha (grupo C), enquanto *M. tenuiflora* Benth. (diploide) e *M. arenosa* (triploide) foram agrupadas juntas (grupo D). A variação do tamanho do genoma pode estar associada a diferentes mecanismos biológicos, incluindo poliploidia e acúmulo de DNA repetitivo no genoma das espécies. Nossos resultados, contudo, não mostraram uma correlação direta entre conteúdo de DNA e poliploidia nas espécies analisadas. A redução do tamanho do genoma seguida de poliploidização, evento evolutivo recorrente e biologicamente significativo, pode estar associado ao tamanho do genoma pequeno e uniforme de *Mimosa*, possivelmente causado pela eliminação de DNA repetitivo, como elementos transponíveis e DNA satélite. Estudos futuros envolvendo um maior número de espécies com diferentes níveis de ploidia são, portanto, necessários para ampliar essa correlação entre o conteúdo de DNA e ploidia em *Mimosa*, gênero resiliente aos diferentes biomas brasileiros, porém ainda pouco explorado.

Palavras-chave: tamanho do genoma; poliploidia; mimosas.

Agradecimentos: CNPq, CAPES.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DESEMPENHO DE ROSEIRAS (*Rosa spp*) TERMOTOLERANTES E PROPAGAÇÃO POR ESTAQUIA NO PIAUÍ

Mônica Vilanova Santos Alves¹; Vinícius Damasceno Castro¹; Matheus Rufino
Fernandes Gama¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹, Júnia Mariza Alves Araújo¹,
Verônica Brito da Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. *monica.vilanova@ufpi.edu.br

As roseiras (*Rosa spp.*) ocupam posição de destaque na floricultura mundial, especialmente no Brasil, que apresenta grande potencial produtivo. No entanto, o cultivo de roseiras enfrenta limitações em regiões com clima quente e seco, como Teresina, Piauí, onde as altas temperaturas comprometem o crescimento, o enraizamento das estacas e a qualidade das flores. O estresse térmico afeta atributos como número de flores, diâmetro floral e longevidade das pétalas, configurando -se como um desafio crescente diante da previsão de mais eventos de calor extremo. Este trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho agrônômico e a eficiência da propagação por estaquia de genótipos de roseiras sob condições de altas temperaturas em Teresina - PI, visando identificar materiais termotolerantes. Foram avaliados 11 genótipos da coleção de germoplasma da UFPI coletados nos estados do Ceará, Piauí e Maranhão. As estacas, com 10–12 cm de comprimento, foram cultivadas em copos plásticos de 300 mL contendo substrato Basaplant (turfa, vermiculita, carvão vegetal e casca de pinus), em três repetições com três estacas cada. O enraizamento foi estimulado com ácido indolbutírico (AIB) dissolvido em álcool 70% e água destilada, nas concentrações de 3 000 mg·L⁻¹ e 6 000 mg·L⁻¹, e com extrato aquoso de tiririca (*Cyperus rotundus*), obtido pela maceração de bulbos frescos diluídos em 100 mL de água. As plantas foram mantidas em ambiente telado, com irrigação diária e manejo fitossanitário. Observou-se ampla variação entre os genótipos: o genótipo 01 apresentou 100% de sobrevivência, enquanto 31 e 30 tiveram mortalidade total. A concentração de 3 000 mg·L⁻¹ de AIB proporcionou melhor equilíbrio entre indução radicular e viabilidade, enquanto 6 000 mg·L⁻¹ provocou necrose tecidual. O extrato de tiririca estimulou o enraizamento inicial, mas as mudas não resistiram à aclimação externa. Conclui-se que a propagação por estaquia é viável apenas para determinados genótipos, sendo o sucesso dependente do ajuste de fatores ambientais e da concentração adequada de reguladores de crescimento.

Palavras-chave: rosas; propagação vegetativa; termotolerância.

Agradecimentos: Agradecemos à Universidade Federal do Piauí (UFPI) pelo apoio institucional e ao Departamento de Fitotecnia pela infraestrutura oferecida. Agradecemos ainda aos amigos e os colegas de laboratório pela colaboração e aos nossos familiares pelo apoio constante.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DISTRIBUIÇÃO GLOBAL DE FEIJÕES SUBUTILIZADOS: PADRÕES ATUAIS E DESAFIOS DIANTE DAS MUDANÇAS CLIMÁTICAS

Paulo Moutinho Andrade de Souza¹; Herbert Lay Machado¹; José Geraldo de
Aquino Assis¹; Bruno Vilela de Moraes e Silva¹

¹Universidade Federal da Bahia. *andrade.bio95@gmail.com

A emergência climática é um dos maiores problemas do mundo no século XXI, com efeitos negativos sobre a biodiversidade, os ecossistemas e as comunidades humanas. Os impactos das mudanças climáticas sob os processos fisiológicos fundamentais das plantas – como a fotossíntese, o crescimento e a reprodução – afetam a produção agrícola, elevando os custos e criando sistemas de distribuição ineficazes, o que coloca em risco a saúde humana. Uma possível solução para mitigar os impactos das mudanças climáticas está na promoção de espécies subutilizadas pela agricultura convencional. O uso dessas espécies pode ser vantajoso em contextos de mudanças climáticas, pois muitas delas são naturalmente adaptadas a condições extremas, como altas temperaturas, baixa fertilidade do solo e escassez de água. O objetivo deste estudo foi compreender a distribuição de três espécies de leguminosas subutilizadas em nível global (*Cajanus cajan*, conhecida popularmente como feijão-guandu; *Lablab purpureus*, como feijão-mangalô; e *Canavalia ensiformis*, como feijão-de-porco) e investigar os possíveis impactos das mudanças climáticas nessa distribuição. Para isso, usamos a modelagem de distribuição para identificar como 19 variáveis bioclimáticas ligadas a temperatura e precipitação estão correlacionadas aos dados globais de ocorrência dessas espécies. Especificamente, utilizamos 10 possíveis combinações de parâmetros do algoritmo MaxEnt, e selecionamos o modelo com a melhor combinação com base no critério de Akaik (AIC). O modelo selecionado foi utilizado para estimar a distribuição futura das espécies com base nas projeções climáticas do CNRM-CM6-1-HR para quatro cenários socioeconômicos globais de emissões de gases de efeito estufa para os períodos: 2021-2040, 2041-2060 e 2061-2080. Os resultados da modelagem de distribuição indicam que essas espécies apresentam uma distribuição geográfica predominantemente tropical, mas cosmopolita, confirmando seu papel como importantes recursos genéticos vegetais para a segurança alimentar no Sul Global. Todavia, as projeções climáticas indicam perda progressiva de adequabilidade nos trópicos, especialmente sob cenários de maiores emissões. Em contraste, as regiões temperadas ganham adequabilidade, favorecendo a expansão para latitudes mais altas e elevando o potencial de uso alimentar dessas espécies nessas áreas. Em suma, a mudança climática desloca a adequabilidade climática dessas culturas para latitudes e economias de maior PIB, contraindo sua ocorrência em regiões com alta insegurança alimentar e, assim, acentuando desigualdades.

Palavras-chave: feijão-guandu; modelagem de distribuição de espécies; MaxEnt.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DO MAIOR E MAIS ANTIGO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE *Elaeis guineenses* JACQ. DO NORDESTE

Amaro Antonio Silva Neto^{1*}; Anderson Carvalho Vieira¹; José Inácio Lacerda Moura²;
Antônia Marlene Magalhães Barbosa¹; Fernanda Amato Gaiotto¹

¹Universidade Estadual de Santa Cruz - UESC. ²Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira - CEPLAC. *amaroasneto@gmail.com

O dendezeiro (*Elaeis guineensis* Jacq.), uma palmeira de origem africana, é uma das maiores produtoras de óleo vegetal do mundo, uma vez que é possível extrair óleo tanto do mesocarpo quanto do endosperma do fruto. O Dendezeiro possui um rendimento anual de cerca de 5.000 kg/ha de óleo, o qual pode ser utilizado na indústria alimentícia, farmacêutica e energética. Os atuais dendezeiros são resultados de anos de pesquisa de programas de melhoramento. No Brasil, a EMBRAPA é o principal órgão responsável pelo programa de melhoramento desta espécie e tais programas são desenvolvidos na região norte do país. A Comissão Executiva do Plano da Lavoura Cacaueira (CEPLAC) também realiza algumas pesquisas com a espécie. Entretanto, não há informação sobre a diversidade genética dos indivíduos presentes no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) desta instituição. Tais dados podem auxiliar na identificação de genitores contrastantes para os programas de melhoramento. Portanto, este trabalho visou caracterizar a diversidade genética de acessos de dendezeiros do BAG da CEPLAC. Para isso, acessos oriundos do cruzamento de dois genitores da variedade Tenera e localizados na Estação Experimental Lemos Maia (ESMAI) da CEPLAC, situada em Una-Ba, tiveram seu DNA extraído e amplificado via PCR. Polimorfismos no DNA foram identificados com o uso de oito locos microssatélites específicos da espécie. O *software* GenAlEx versão 6.5 foi utilizado para estimar parâmetros genéticos característicos da diversidade genética. Entre os 191 acessos amostrados, foram identificados 47 alelos no total e uma média de 5,875 alelos por loco. A heterozigosidade observada foi maior que a heterozigosidade esperada, com médias de 0,642 e 0,573 respectivamente, indicando que o BAG possui elevados níveis de indivíduos heterozigóticos. Foi observado um índice de Shannon médio de 1,060 e um índice de fixação médio de -0,119. Apesar dos acessos de *E. guineensis* analisados serem oriundos de uma única progênie, nossos resultados indicaram a existência de acessos com elevada distância genética. Isto reforça a importância do BAG da ESMAI/CEPLAC como reservatório de indivíduos que podem ser utilizados em programas de melhoramento para a espécie no país.

Palavras-chave: caracterização molecular; dendezeiro; marcadores moleculares.

Agradecimentos: À ESMAI/CEPLAC pela concessão das amostras biológicas, ao CBG/UESC pela infraestrutura para realização das análises genéticas e à CAPES pela concessão da bolsa de estudo.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DIVERSIDADE GENÉTICA DE MATRIZES DE *Anacardium* NO MUNICÍPIO DE FLORIANO, PIAUÍ

Joara Milena da Silva Alves^{1*}; Francisca Aparecida de Sousa Alves¹; Ewerthon Silva Ferreira¹; Yasmim Dias Nunes¹, Rôzy Maria Almeida Nunes Carvalho¹; Raimundo Nonato Oliveira Silva^{1*}

¹Universidade Federal do Piauí. * joaramilena2015@gmail.com

Os produtos derivados do cajueiro possuem múltiplas formas de aproveitamento, sendo consumidos *in natura*, torrados ou utilizados na produção de sucos, doces, xaropes e cajuína. O cajueiro é considerado uma cultura de subsistência de relevância agrônômica e social, atuando como fonte de renda para pequenos e médios agricultores, especialmente em comunidades do semiárido, devido à sua elevada capacidade de adaptação às condições climáticas. No município de Floriano-PI, o cajueiro é amplamente cultivado e desempenha um papel significativo na economia local. Além disso, a comunidade Canela de Velho utiliza essa frutífera como sua principal fonte de renda, reforçando sua importância socioeconômica. Considerando a relevância do cajueiro para essas comunidades o objetivo deste estudo foi avaliar a diversidade genética por meio da caracterização morfológica de 16 genótipos de cajueiros. Foram avaliados seis caracteres quantitativos: comprimento do pedúnculo (CP), peso do pedúnculo (PP), largura da castanha (LC), peso da castanha (PC), comprimento da castanha (CC) e teor de sólidos solúveis (SST- °Brix). As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o ambiente R. Análise de Componentes Principais (PCA) demonstrou que os dois primeiros eixos principais representaram 78,5% da variação total. O primeiro componente principal (PC1) explicou 60,2% da variação, e foi associado às variáveis CP, SST e PP, consideradas as que mais contribuíram para estimar a diversidade genética. O segundo componente principal (PC2) explicou 18,3% da variação, estando relacionado às variáveis PC, CC e LC. O agrupamento UPGMA (coeficiente de correlação cofenética = 0,8879) formou seis clusters distintos, evidenciando a confiabilidade dos resultados obtidos. Observou-se a formação de seis grupos distintos, indicando a existência de variabilidade genética entre os grupos. Destaque para: grupo I, composto apenas pelo genótipo C.11, com maiores médias para CP e PP; grupo II, formado pelo genótipo C.09, menores médias para PP e PC; grupo V, constituído pelos genótipos C.05 e C.06 apresentou CP, PP e CC com valores altos. Diante dos resultados, evidencia que há ampla diversidade genética entre os genótipos de cajueiro, confirmando a sua importância para recursos genéticos. A população natural avaliada apresentou ampla variação nos valores de características de relevância para alimentação e indústria, reforçando que a produção de caju representa uma alternativa econômica promissora para as comunidades rurais.

Palavras-chave: cajueiro; UPGMA; variabilidade genética.

Agradecimentos: UFPI/CAFS.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA NO SUL PIAUIENSE

Rayvony Miranda Guimarães¹; Manoel José Pereira Neto¹; Valdemiza da Silva
Campelo¹; Nataly Raquel Santana Marques¹; Joara Milena da Silva Alves¹;
Raimundo Nonato Oliveira Silva¹

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

Os recursos genéticos vegetais constituem a base essencial para a manutenção e o aprimoramento da agricultura, da segurança alimentar e da conservação da biodiversidade. A variabilidade genética fornece os elementos necessários ao desenvolvimento de materiais genéticos mais produtivos e tolerantes às mudanças climáticas. Entre os cultivos que expressam claramente a importância dos recursos genéticos vegetais para a subsistência, destaca-se o feijão-fava (*Phaseolus lunatus*), uma leguminosa de reconhecido valor nutricional, econômico e cultural, amplamente cultivada em comunidades rurais do nordeste brasileiro. Trata-se de uma cultura tradicional que, ao longo do tempo, consolidou-se como um dos pilares da agricultura de base familiar, especialmente em regiões semiáridas, por sua rusticidade, capacidade de adaptação e valor alimentar. Este estudo tem como objetivo analisar a variabilidade genética dos genótipos do feijão-fava. O presente experimento foi conduzido na fazenda do Colégio Técnico de Floriano (CTF), localizada na cidade de Floriano, região sul do Piauí. Utilizaram-se 12 genótipos de feijão-fava em delineamento experimental de blocos incompletos do tipo alfa-látice, com três repetições. Foram avaliados seis caracteres morfoagronômicos: número de dias para floração (NDF), comprimento de vagem (CV), largura de vagem (LV), número de sementes por vagem (NSV), massa de 100 sementes (M100S) e produtividade (PROD). Os resultados revelaram diferenças significativas ($p < 0,01$) para a maioria das características, evidenciando expressiva variabilidade genética entre os genótipos. Foram observadas amplas variações fenotípicas, com coeficientes de variação experimental (CV) que variaram de 9,1% (NDF) a 28,9% (PROD). Os CVs indicam que o delineamento alfa-látice foi eficiente no controle da variação ambiental. A análise de componentes principais demonstrou que os dois primeiros componentes explicaram 72,6% da variabilidade total, com forte contribuição das variáveis produtividade, massa de sementes e dimensões de vagem. A análise de agrupamento hierárquico permitiu a formação de três grupos distintos, confirmando a existência de variabilidade genética estruturada entre os materiais avaliados. Os resultados indicam potencial para seleção e melhoramento genético, com base na diversidade genética identificada para as características morfoagronômicas avaliadas.

Palavras-chave: germoplasma; *Phaseolus lunatus*; recursos genéticos.

Agradecimentos: UFPI/CAFS; CTF.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DIVERSIDADE MORFOLÓGICA DE PEDÚNCULOS DOS ACESSOS NUCLEARES DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE CAJU DA EMBRAPA AGROINDÚSTRIA TROPICAL

Domingos Savio Leitão Machado da Silva Filho¹; Vanessa Cláudia Vasconcelos
Segundo²; Laura de Lima Alves³; Ana Cecília Ribeiro de Castro^{3*}

¹Universidade Federal do Ceará - UFC. ²Centro Universitário Leonardo da Vinci - Uniasselvi.

³Embrapa - Agroindústria Tropical. *domingossavio204@gmail.com

O Banco Ativo de Germoplasma de Caju da Embrapa Agroindústria Tropical (BAG Caju) conserva um dos maiores e mais antigos acervos da espécie, constituindo um patrimônio de grande valor para o desenvolvimento da cultura. A caracterização dos acessos, tanto em aspectos básicos quanto aplicados, é essencial para agregar valor a esse acervo e orientar estratégias de melhoramento e conservação. O objetivo deste trabalho foi analisar a variabilidade e identificar padrões de similaridade entre acessos da coleção nuclear do BAG Caju, com base em caracteres morfológicos dos pedúnculos. Para isso, foram analisados cinco pedúnculos de cada um dos 28 acessos que compõem essa coleção. Foram avaliados os seguintes descritores morfológicos: quantitativos (massa, comprimento, diâmetro apical e diâmetro basal) e qualitativos (formato, cor e descastanhamento). Os dados obtidos foram submetidos à análise multivariada de agrupamento pelo método hierárquico – Ligação Média entre Grupos (UPGMA), e a distância de *Mahalanobis* para construção de dendrograma. As análises foram realizadas utilizando-se os softwares GENES e R. A partir das análises, foram formados quatro grupos (G1, G2, G3, G4). O grupo “G1” foi o mais divergente, composto por um único acesso (BGC 049), caracterizado por pedúnculos leves e pequenos, de coloração amarela, formato obovado-cônico e descastanhamento intermediário. O grupo “G2” concentrou a maioria dos acessos (21), com pedúnculos de massa e dimensões médias. Cerca de 53% apresentaram coloração amarelada, 70% exibiram formato obovado-cônico e desses menos de 10% apresentaram descastanhamento solto. O grupo “G3” agrupou dois acessos com pedúnculos pesados e grandes, de coloração predominantemente alaranjada. Metade deles apresentou formato cilíndrico e todos apresentaram castanhas aderidas. O grupo “G4” foi composto por acessos com pedúnculos pesados e compridos. Deste grupo, 70% apresentaram a coloração amarela, sendo os outros 30% vermelho-escuro, 60% dos pedúnculos possuem formato cilíndrico e 55% com descastanhamento aderido. Os resultados evidenciam ampla variabilidade morfológica entre os acessos da coleção nuclear do BAG Caju, fornecendo informações relevante que podem subsidiar estratégias de conservação e melhoramento.

Palavras-chave: caracterização; dissimilaridade; descritores.

Agradecimentos: CNPq, Embrapa.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DIVERSIDADE DE MUDAS PRODUZIDAS EM VIVEIRO DA ZONA NORTE DA CIDADE DE TERESINA

Ellen Fernanda Barbosa de Oliveira^{1*}; Rayara Vitoria Silva Gonzaga; Thayssa Maira Barbosa Pinheiro; Maria Letícia Magalhães de Andrade; Jardel Oliveira Santos; Maria Carolina de Abreu*.

¹Departamentode Biologia, CCN, Universidade Federal do Piauí. *fernandaboliveira2005@gmail.com

A dispensação de mudas integradas na arborização urbana é um elemento importante para a manutenção da diversidade genética. No bairro Mocaminho, zona norte de Teresina está localizado um viveiro de mudas com papel essencial na arborização urbana e na recuperação de áreas verdes da cidade. É responsável por cultivar e distribuir plantas, contribuindo para o equilíbrio ecológico e a melhoria da qualidade ambiental urbana e consequentemente para manutenção dos recursos genéticos vegetais. Este trabalho teve como objetivo identificar taxonomicamente a diversidade de espécies cultivadas e distribuídas pelo viveiro da zona norte de Teresina, PI. O viveiro iniciou com capacidade de produção de 4 mil mudas, entretanto atualmente multiplica cerca de 90 mil plantas, com produção mensal média de 8 mil mudas. Os funcionários do viveiro são responsáveis por todo o processo de produção, desde a coleta de sementes até o plantio, utilizam um sistema de poço tubular para rega diária, e o substrato é uma mistura de areia vegetal e esterco de gado. A gestão do viveiro organiza as espécies em três categorias: nativas, frutíferas e ornamentais. A diversidade de mudas do viveiro para dispensação ao público é de 60 espécies pertencentes a 29 famílias botânicas. Destacam-se Fabaceae (10 espécies.), Arecaceae (8 espécies), Bignoniaceae (8 espécies), Anacardiaceae (5 espécies). As espécies com maior número de mudas produzidas são os ipês amarelos (*Handroanthus albus* (Cham.) Mattos) e rosa (*Tabebuia roseoalba* (Ridl.) Sandwith), cajá (*Spondias mombin* L.), manga (*Mangifera indica* L.) e caju (*Anacardium occidentale* L.). Das espécies exóticas ornamentais destacam-se jasmim-laranja (*Murraya paniculata* (L.) Jack) e buquê-de-noiva (*Plumeria pudica* Jacq.). Dentre as frutíferas nativas, estão espécies como açaí (*Euterpe precatoria* Mart.), cajá (*Spondias mombin* L.), jenipapo (*Genipa americana* L.), que são importantes para a biodiversidade local e atraem polinizadores. Já as frutíferas exóticas, incluem manga (*Mangifera indica* L.), acerola (*Malpighia emarginata* DC.), carambola (*Averrhoa carambola* L.) e jambo (*Syzygium jambos* (L.) Alston), muito procuradas pela população por seu valor alimentar. Para maior clareza quanto à origem e ao uso das plantas do viveiro de modo a destacar a importância de valorizar as espécies nativas na arborização urbana, propomos classificação das espécies em quatro categorias: nativas frutíferas, exóticas frutíferas, nativas ornamentais e exóticas ornamentais. As espécies mais cultivadas no viveiro da Zona Norte de Teresina pertencem principalmente às famílias Fabaceae, Arecaceae, Bignoniaceae e Anacardiaceae e os ipês amarelos (*Handroanthus albus*) e são distribuídas em formas de mudas para ocupar espaços de arborização, sensibilização ambiental e promover o uso responsável das espécies nativas e exóticas no ecossistema urbano.

Palavras-chave: Ecossistemas urbanos, árvores; plantas nativas.

Agradecimentos: UFPI.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DIVERSIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES CRIOULAS DE MILHO: ABORDAGEM ESTRATÉGICA PARA CONSERVAÇÃO EM COLEÇÃO DE GERMOPLASMA

José Rodrigues da Silva^{1*}; Elais do Nascimento Santos¹; Joara Milena da Silva
Alves¹; Luzineide Fernandes de Carvalho¹; Michelli Ferreira dos Santos¹; Raimundo
Nonato Oliveira Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. *jrodriguesdasilva504@gmail.com

As variedades crioulas de milho (*Zea mays* L.) são produzidas e conservadas pela agricultura familiar. As coleções de germoplasma desempenham papel essencial na conservação desses genótipos, os quais são adquiridos por meio de coletas em campo ou doações feitas por guardiões de sementes. O objetivo deste estudo foi quantificar a diversidade fisiológica e vigor germinativo de sementes crioulas de *Z. mays* pertencentes à coleção de germoplasma da Universidade Federal do Piauí – CAFS/UFPI. Os experimentos foram conduzidos no Laboratório de Sementes do Colégio Técnico de Teresina, seguindo as Regras para Análise de Sementes. Adotou-se o delineamento inteiramente casualizado, avaliando-se nove genótipos, com quatro repetições de 50 sementes por tratamento. As sementes foram semeadas em folhas de papel Germitest. Em seguida, foram colocadas em câmara de germinação do tipo Mangelsdorf, sob temperatura de 25°C. As avaliações do Índice de Velocidade de Germinação (IVG) tiveram início no quarto dia após a semeadura, momento em que foram computadas as primeiras plântulas normais, sendo as análises estendidas até o sétimo dia. Os resultados indicam que as maiores médias do IVG foram observadas nas variedades conservadas sob refrigeração na coleção de germoplasma do CAFS/UFPI, a saber: ZEACAFS1 (6,41); ZEACAFS5 (8,45); ZEACAFS9 (10,84); ZEACAFS14 (8,46); ZEACAFS17 (8,89); e ZEACAFS18 (9,23). Por outro lado, dois genótipos incorporados à coleção dias antes de iniciar os testes — provenientes de doação — apresentaram médias significativamente inferiores: ZEACAFS20 (0,26) e ZEACAFS21 (0,47). Essas duas variedades eram mantidas armazenadas em garrafas PET, em casa de semente. Contudo, o genótipo ZEACAFS22, também recebido na mesma doação, apresentou IVG adequado (9,32), indicando que, apesar das condições de armazenamento que estavam submetidas, suas sementes mantiveram o IVG satisfatório. Conclui-se que as coleções de germoplasma constituem uma estratégia fundamental para a conservação de genótipos crioulos, uma vez que as variedades armazenadas nesse tipo de ambiente e utilizadas no estudo apresentaram IVG significativamente superior em comparação a sementes armazenadas em casas de semente. Assim, sublinha-se a importância do estabelecimento de parcerias entre as instituições de ensino e pesquisa responsáveis pelas coleções de germoplasma — incluindo as casas de sementes e os guardiões de sementes — como medida essencial para assegurar a conservação desse patrimônio genético.

Palavras-chave: agricultura familiar; agrobiodiversidade; variedades crioulas.

Agradecimentos: UFPI.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DIVERSIDADE GENÉTICA DE DEZ ACESSOS INTRODUZIDOS NO BANCO DE GERMOPLASMA DE MORINGA DA EMBRAPA TABULEIROS COSTEIROS

Tássia Fernanda Santos Neri Soares^{1*}; Juliana Lopes Souza¹; Iranildo Soares Bispo²;
Sandy Cruz Santos²; Evandro Neves Muniz¹; Ana Veruska Cruz da Silva¹

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros. ²Universidade Federal de Sergipe. *tfsnsoares@gmail.com.

Pertencente à família Moringaceae, a *Moringa oleifera* Lam. é a espécie mais conhecida dentre as 13 que compõem essa família. A moringa é nativa da Índia, mas se encontra amplamente adaptada em diferentes regiões de clima tropical e subtropical. Seus múltiplos usos e alto valor nutricional para alimentação humana e animal têm atraído atenção de pesquisadores e consumidores de regiões tropicais e subtropicais. Nesse sentido, desde 2009, a Embrapa Tabuleiros Costeiros promove ações para conservação dos acessos dessa espécie no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Moringa, localizado no Campo Experimental Jorge Prado Sobral, em Nossa Senhora das Dores, Sergipe. O objetivo desse trabalho foi avaliar a diversidade genética entre dez novos acessos de moringa introduzidos no BAGs. Para isso, sementes provenientes dos estados da Bahia, Sergipe, Alagoas, Paraíba, Rio Grande do Norte, São Paulo e Acre foram obtidas por meio de intercâmbio e coletas de campo. As mudas foram produzidas em casa de vegetação e transplantadas entre 55 e 85 dias após a sua semeadura. As folhas das mudas produzidas foram coletadas para extração do DNA e posterior análise de PCR (Reação em cadeia polimerase) com o uso de 20 primers previamente testados. Foram reveladas 96 bandas polimórficas com taxa de polimorfismo de 67%. A variabilidade genética foi avaliada pelos índices de Diversidade de Shannon ($I = 0,37$) e da heterozigose esperada ($H_e = 0,26$), cujos índices indicaram baixa diversidade genética entre os acessos avaliados. Dos 20 primers testados, 19 apresentaram polimorfismo. Dentre eles, os primers 827, 813, 825, 848 e 845 foram os que amplificaram mais bandas polimórficas. Com base na análise de agrupamento por meio do software Structure, foram definidos quatro grupos. Os acessos não foram agrupados de acordo com a sua origem geográfica. Por meio do método UPGMA, os acessos foram agrupados em dois grandes grupos, no qual apenas o acesso proveniente de Ilha Solteira-SP ficou isolado dos demais. Os marcadores foram eficientes para avaliar a diversidade genética dos acessos de moringa. Contudo, os resultados evidenciam a importância de ampliar a variabilidade genética do BAG de Moringa por meio da introdução de novos materiais.

Palavras-chave: Variabilidade genética, *Moringa oleifera*, Marcadores moleculares.

Agradecimentos: Embrapa Tabuleiros Costeiros e CNPq – Bolsa de pós-doutorado (151366/2024-1).



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

DIVERSIDADE GENÉTICA DE MATRIZES DE MORINGA DA REGIÃO METROPOLITANA DE ARACAJU-SE

Tássia Fernanda Santos Neri Soares^{1*}; Juliana Lopes Souza¹; Isadora Luz Silva
Moreira Vieira²; Wallace Batista Nascimento²; Evandro Neves Muniz¹; Ana Veruska
Cruz da Silva¹

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros. ²Universidade Federal de Sergipe. *tfsnsoares@gmail.com.

Moringa oleifera Lam. é uma espécie arbórea nativa da Índia e amplamente distribuída em diferentes estados brasileiros. Conhecida pelos seus múltiplos usos, a moringa se destaca na alimentação humana e animal, na produção de cosméticos e na purificação de água. Diante do potencial econômico da espécie e da necessidade de caracterizar e conservar seu material genético, o objetivo desse trabalho foi avaliar a diversidade genética de matrizes de moringa da região metropolitana de Aracaju-SE. Para isso, no período de abril a maio de 2025, folhas de 21 matrizes foram coletadas em diferentes locais para extração do DNA, realizada no Laboratório de Biologia Molecular da Embrapa Tabuleiros Costeiros. Nas análises de PCR (Reação em cadeia da polimerase), foram utilizados 20 primers ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) previamente testados. Foram amplificadas 94 bandas, sendo 83% polimórficas. A estimativa da variabilidade genética foi obtida pelos índices de Diversidade de Shannon ($I = 0,41$) e da heterozigosidade esperada ($H_e = 0,28$), indicando baixa diversidade genética entre os indivíduos amostrados. A partir da análise de agrupamento bayesiano, realizada no software 'Structure' foi possível agrupar os 21 genótipos em nove diferentes grupos. Pelo método UPGMA, estimou-se a distância genética entre os indivíduos, agrupando os 21 genótipos em três grupos, com as matrizes 5, 8 e 21 isoladas das demais. Ambas as análises de agrupamento não refletiram a origem geográfica dos genótipos. Os resultados evidenciam a eficiência dos marcadores ISSR para avaliar diversidade genética em *M. oleifera* e reforçam a necessidade de estratégias para a conservação do material genético dessa espécie.

Palavras-chave: Moringaceae; Recursos genéticos; Primers ISSR.

Agradecimentos: Embrapa Tabuleiros Costeiros e CNPq – Bolsa de pós-doutorado (151366/2024-1).



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

ESTABELECIMENTO DE COLEÇÃO TEMÁTICA EM UM BANCO DE GERMOPLASMA DO COMPLEXO SACCHARUM

Tassiano Maxwell Marinho Câmara^{1*}; Adriane Leite do Amaral¹.

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

A caracterização de acessos em bancos ativos de germoplasma (BAGs) é de grande relevância para a valoração e uso do germoplasma conservado. Caracterizar e agrupar acessos para determinados fins é uma ação que reforça atributos específicos de subgrupos de uma coleção principal dando ênfase e foco a acessos com potencial para usos específicos. O objetivo do trabalho foi caracterizar acessos do Banco Ativo de Germoplasma do Complexo Saccharum (BAGCana) da Embrapa Tabuleiros Costeiros, quanto a atributos de qualidade industrial para a produção de açúcar. Os trabalhos foram realizados no BAGCana, localizado em Nossa Senhora das Dores – SE, e no laboratório de sacarose da usina Taquari, em Capela - SE. As avaliações foram realizadas em sete de dezembro de 2022 e 13 de dezembro de 2023, em amostras de colmos com 12 meses de idade, coletadas do BAGCana, correspondendo a segunda e terceira rebrotas dos acessos, respectivamente, sendo realizadas avaliações em 91 acessos. Após colhido, o material foi imediatamente enviado ao laboratório da usina para processamento. A análise da matéria-prima, quantificação do teor de açúcar e outros componentes seguiu a metodologia adotada na usina para avaliação de amostras comerciais de cana-de-açúcar. Para a formação da coleção temática foram considerados indicadores comumente utilizados como referência para a qualidade da cana-de-açúcar, tais como a quantidade de sólidos solúveis (Brix), sacarose aparente (POL), teor de fibra, açúcares redutores (AR), açúcares redutores totais (ART) e açúcar total recuperável (ATR). Com base nos resultados obtidos foram selecionados 54 acessos para integrarem a coleção temática de canas para açúcar do BAGCana. Os acessos selecionados superaram ou igualaram os valores padrões dos indicadores para a produção de açúcar em uma usina típica da região Nordeste do Brasil. Os indicadores de qualidade da cana-de-açúcar variam de acordo com a variedade, com o ambiente, clima (temperatura, umidade relativa do ar, chuva), solo e tratamentos culturais utilizados no canavial. Como o BAGCana é cultivado num único ambiente e recebe práticas de manejo uniformes, as diferenças nos indicadores refletem o potencial genético dos acessos selecionados da coleção como fonte de germoplasma no desenvolvimento de novos ativos.

Palavras-chave: cana-de-açúcar; qualidade industrial; germoplasma.

Agradecimentos: À destilaria Taquari, pelo suporte nas análises industriais.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA POR MEIO DA ANÁLISE FOLIAR COM O PACOTE EBIMAGE

Marcos Vinicius Carvalho de Castro¹; Deivison Borge da Silva Almeida¹; Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos¹; Guilherme Damasceno de Sousa¹; Renato Oliveira de Sousa¹; Verônica Brito da Silva^{1*}

¹Universidade Federal do Piauí. *verabritosl@hotmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa que apresenta ampla diversidade genética. A avaliação de parâmetros morfológicos foliares configura-se como uma estratégia eficiente para estimar essa variabilidade na espécie. Assim, o presente estudo objetivou avaliar a diversidade genética entre 16 genótipos de feijão-fava, utilizando o software R, pacote EBIImage, para estimar parâmetros morfológicos da folha. O experimento foi realizado na área experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, em delineamento em blocos casualizados, com três repetições. Para isso, foi coletada a parte aérea de uma planta por repetição de cada genótipo, da qual todas as folhas foram retiradas individualmente. Em seguida, as folhas foram dispostas sobre um lençol de cor azul, contrastante com sua coloração e escaneada via smartphone. Logo após, as folhas e os caules foram pesados para obtenção da massa fresca e posteriormente, acondicionadas em estufas a 65°C por 72 h, para medição da massa seca. Para análise dos dados, inicialmente, aplicou-se o teste F, a 1% de significância, para avaliação da variância. Em seguida, realizou-se a comparação de médias por meio do teste Scott-Knott, a 5% de significância, além da construção de um dendrograma com base na distância euclidiana. Os dados analisados demonstraram significância para todas as características, exceto para a suculência da folha. O teste Scott-Knott indicou que o genótipo H25-58 se destacou em relação aos demais quanto ao peso de massa seca, massa fresca da folha e área foliar, assim como a UFPI-1356. Isoladamente, a UFPI-1356 evidenciou maior área foliar específica, além de maior índice de área foliar. O genótipo H94-30 destacou-se maior número de folhas e elevada suculência. O dendrograma revelou a formação de grupos distintos entre os genótipos, indicando similaridade entre os pares (H25-67, H81-34, H25-54), (H25-57, H25-53), (H81-32, H25-63), (VG5, H94-31) e (H25-64, H25-64). Observou-se a formação de três grupos a uma distância de 1,0, sendo o genótipo H81-33 o mais divergente. Conclui-se, a partir da avaliação dos resultados, que a metodologia empregada por meio do EBIImage, mostrou-se eficiente para estimar parâmetros relacionados à morfologia foliar, além de fornecer evidências da diversidade genética entre os genótipos, permitindo o agrupá-los em grupos de similaridade. Dessa forma, constitui uma alternativa viável para a avaliação da variabilidade genética existente em feijão-fava.

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

Agradecimentos: CAPES, UFPI, RGMP, FAPEPI.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

ESTUDO DA DIVERGÊNCIA FENOTÍPICA EM BANANINHA DO MATO (*Bromelia karatas* L.) COM BASE NO AGRUPAMENTO DE TOCHER

Ana Alice de Sousa Rodrigues da Silva¹; Marlon Manoel Pereira Rocha^{1*}; Rafael da Costa Almeida²; Márcia Vieira de Sousa¹; Lívia do Vale Martins¹; Marcones Ferreira Costa¹

¹Universidade Federal do Piauí. ²Instituto Federal do Piauí. *marlon.rocha@ufpi.edu.br.

A bananinha do mato, também conhecida como croatá e cientificamente denominada *Bromelia karatas* L., é uma bromélia nativa do semiárido brasileiro, amplamente distribuída nas regiões de Caatinga. Sua capacidade de se desenvolver em solos pobres e sob condições climáticas adversas evidencia sua rusticidade e notável adaptação ambiental. Além disso, essa espécie possui importância econômica e cultural para as comunidades locais. Nesse contexto, a utilização de descritores morfológicos na caracterização de acessos da espécie se mostra essencial para avaliar a variabilidade intraespecífica, orientar ações de conservação genética e servir de base para programas de melhoramento voltados ao uso sustentável da espécie. Deste modo, são escassos estudos sobre a caracterização morfológica de bananinha do mato. Nesse sentido, este trabalho tem o objetivo de avaliar a diversidade genética dos genótipos de *B. karatas* comparando os agrupamentos obtidos por meio dos métodos não-hierárquicos (Tocher) no município de Cajazeiras, Piauí. Foram avaliadas 20 plantas, com três frutos por indivíduo (tratamento), considerando variáveis como número de frutos por planta, comprimento e largura da folha, peso, comprimento e largura do fruto, relação comprimento/largura, número de sementes, cor e forma do fruto. As análises foram conduzidas no software R, utilizando o método de agrupamento de Tocher. Foram identificados sete clusters (C1-C7): C1 com quatro plantas (04, 06, 01 e 13); C2 com cinco plantas (15, 18, 16, 14 e 05); C3 com três plantas (09, 20 e 02); C4 com duas plantas (17 e 19); C5 com três plantas (07, 11 e 08); C6 com duas plantas (03 e 12); e C7 composto por uma única planta (10). O grupo C5 apresentou menor distância em relação ao grupo C6 (42,25), enquanto a maior distância foi observada entre os grupos C4 e C6 (121,09). Esses resultados são importantes, pois a identificação de grupos geneticamente distintos permite selecionar genótipos mais adaptados, promovendo a preservação da diversidade genética e o uso sustentável dos recursos vegetais na região.

Palavras-chave: análise de agrupamento; bromélia; croatá.

Agradecimentos: UFPI/CNPq (Universidade Federal do Piauí e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico)



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

MAPEAMENTO DE BLOCOS HETEROCROMÁTICOS E DE DNA RIBOSSOMAL 5S EM LEGUMINOSAS DA PLANÍCIE LITORÂNEA PIAUIENSE

Loane Costa Sampaio^{1*}, Márcia Vieira de Sousa², Mariana Ellen Costa de Freitas
Barbosa¹, Grazielly Santos da Silva², Marcones Ferreira Costa², Livia do Vale
Martins²

¹Universidade Federal Rural de Pernambuco. ²Universidade Federal do Piauí.
*sampaio_loane@gmail.com

Leguminosae Juss. reúne recursos genéticos vegetais de grande relevância social, econômica, ecológica e medicinal amplamente distribuídos no mundo. O litoral piauiense, no Nordeste do Brasil, apesar de possuir menor tamanho em extensão, apresenta uma rica biodiversidade de leguminosas. Nesse sentido, compreender a diversidade cariotípica dessa família contribui para a sua caracterização citogenética, fornecendo subsídios para programas de conservação e uso sustentável dessas leguminosas. Diante disso, o objetivo do presente trabalho foi investigar a diversidade de blocos de heterocromatina constitutiva (HC) e de sítios de DNA ribossomal (DNAr) 5S em treze leguminosas distribuídas no litoral piauiense, por meio do bandeamento por fluorocromos Cromomicina A3 (CMA) e 4'-6-diamino-2-fenilindol (DAPI) e Hibridização *in situ* fluorescente (FISH). Novos dados citogenéticos foram reportados para nove espécies: *Bauhinia forficata* Link, *B. unguolata* L., *Centrosema brasilianum* (L.) Benth., *Chloroleucon tenuiflorum* (Benth.) Barneby & J.W.Grimes, *Enterolobium contortisiliquum* (Vell.) Morong, *Anadenanthera colubrina* (Vell.) Brenan, *Abrus precatorius* L., *Tephrosia purpurea* (L.) Pers e *Parkia platycephala* Benth. Todas as leguminosas apresentaram pelo menos um par de bandas terminais CMA⁺⁺/DAPI⁻ fortemente coradas, possivelmente associadas às Regiões Organizadoras de Nucléolos (RONs). Adicionalmente, houve grande variação de número, tamanho e localização das demais bandas de HC entre as espécies. Quanto ao número de sítios de DNAr 5S, a maioria das espécies apresentou um par de bandas, exceto *P. platycephala* e *Vachelia farnesiana* (L.) Wight & Arn., que exibiram dois pares de sítios de DNAr 5S em seus cariótipos. Foi reportado, pela primeira vez em *E. contortisiliquum* ($2n = 26$), a ocorrência de polissomatia, ou seja, a presença de células com diferentes níveis de ploidia em seu meristema radicular (diploides e tetraploides). Esse fenômeno pode estar associado a processos de adaptação, crescimento e desenvolvimento da planta ao ambiente de restinga. Os resultados evidenciam a diversidade cariotípica (número cromossômico, padrões heterocromáticos e polissomatia) entre as espécies estudadas e reforçam a importância da sua caracterização citogenética, ampliando nossa compreensão sobre a organização do genoma e os mecanismos de diversificação das leguminosas distribuídas no litoral piauiense.

Palavras-chave: diversidade cariotípica; leguminosas do litoral; citogenômica.

Agradecimentos: FAPEPI, CNPq, CAPES.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

MICROBIOLIZAÇÃO IN VITRO DE MUDAS DE UM ACESSO DO BAG ABACAXI E DE VARIEDADES COMERCIAIS

Cintia Paula Feitosa Souza Araújo¹; Aline Simões da Rocha Bispo¹; Fernanda
Vidigal Duarte Souza¹

¹Embrapa Mandioca e Fruticultura. *fernanda.souza@embrapa.br

A produção de mudas para renovação de bancos de germoplasma pode ser feita por micropropagação, que assegura rapidez na multiplicação, uniformidade no desenvolvimento e qualidade fitossanitária. É uma estratégia essencial também para o fornecimento de mudas destinadas ao cultivo comercial. Entretanto, um dos principais gargalos da micropropagação é a fase de aclimatização, considerada crítica, pois envolve a adaptação das plantas às condições *ex vitro*, o que a torna longa e onerosa. Dessa forma, o uso de microrganismos promotores de crescimento é uma alternativa que pode minimizar esse impacto. A microbiolização consiste na introdução desses microrganismos nas plantas *in vitro*. Assim, este estudo buscou otimizar o processo de microbiolização *in vitro* de mudas de abacaxizeiros em sistema de agitação contínua. Para isso, mudas micropropagadas do BGA 001 e das variedades Ajubá e Imperial foram introduzidas em frascos Erlenmeyer de 100 mL contendo 3 mL de meio MS (0,5 mg L⁻¹ de BAP) e inoculadas com BAC 25 (OD₅₄₀ = 0,1). Os tratamentos foram distribuídos por genótipo e tempo de cultivo (T10, T20 e T30 dias), com substituição periódica do meio por MS (0,02 mg L⁻¹ de ANA). As culturas foram mantidas a 27 ± 1 °C, sob agitação orbital contínua a 100 rpm, fotoperíodo de 16 h e intensidade luminosa de 30 μmol m⁻² s⁻¹. Após 30 dias, avaliaram-se vigor (plantas com bom desempenho vegetativo e sem sinais de senescência foliar), mortalidade (% de plantas mortas) e número de brotações. O experimento foi conduzido em triplicata, com três repetições por tratamento e controle, sendo que uma repetição se constitui de 12 plantas e os dados submetidos à ANOVA e ao teste de Tukey (p ≤ 0,05). Os resultados evidenciaram que os efeitos da microbiolização com o isolado bacteriano BAC 25 variaram conforme o genótipo e o tempo de exposição. Na variedade Ajubá, BAC 25 promoveu redução completa da mortalidade em todos os períodos, comparado aos controles com taxas de 41,7% (T10), 8,3% (T20) e 16,7% (T30). Além disso, em T10 houve incremento no número de brotações (11 por tratamento em média). No BGA 001, BAC 25 foi determinante em T20, reduzindo a mortalidade de 75% (controle) para 0%, com manutenção do vigor. Já o Imperial manteve bom desempenho mesmo sem microbiolização. Conclui-se que a microbiolização *in vitro* pode otimizar a etapa de obtenção de plantas a partir da micropropagação, tanto para a renovação do BAG quanto para a produção em larga escala de variedades comerciais.

Palavras-chave: micropropagação; produção de mudas; bactérias.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao CNPq e à Embrapa Mandioca e Fruticultura pelo apoio financeiro e técnico.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

MORFOMETRIA DAS FLORES DE CLONES DE ROSA-DO-DESMERTO (*Adenium* spp. Roem. & Schult)

Luenne da Silva Costa^{1*}; Mariana Gomes Adriano¹; Jordana Resende de Melo¹;
Maria Luiza Gomes Carvalho¹; Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos¹; Jardel
Oliveira Santos¹.

¹Departamento de Biologia, CCN, UFPI. *luennedasilvacosta38@gmail.com

As rosas do deserto (*Adenium* spp. Roem. & Schult.) são angiospermas nativas da África que são desejadas por colecionadores, principalmente pela beleza bem como a facilidade de cultivo. A coloração das flores pode variar em tons de amarelo, vermelho, rosa, branca e/ou mistas, e despertam o interesse do mercado ornamental, todavia, informações sistematizadas sobre a variabilidade das estruturas florais, importantes para o melhoramento vegetal e o mercado de ornamentais e conservação, ainda são escassas. Assim, objetivou-se estimar a diversidade entre 25 clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.) baseados em caracteres da estrutura floral. Os clones avaliados (acima de 2 anos e com pelo menos uma floração) pertencem ao acervo pessoal de colecionadores, da cidade de Valença, PI e Teresina, PI. A amostragem do material vegetal para obtenção dos dados morfométricos foi realizada a partir da escolha aleatória de três flores em cada clone de *Adenium* sp. estabelecendo uma subamostra de população de rosas do deserto de 25 clones, diferentes fenotipicamente pela coloração das flores. Os dados morfométricos avaliados foram: distância da pétala até o cálice (DPC), distância do ovário até a base (DOB), comprimento do pedúnculo (CPD), diâmetro do pedúnculo (DPD), comprimento do tubo da corola (CTC), diâmetro do tubo da corola (DTC), comprimento da pétala (CP) e largura da pétala (LP). A estruturação da dissimilaridade entre os clones foi obtida pela distância média dos descritores analisados com o uso do método Ligação Média entre Grupos – UPGMA e contribuição dos caracteres para diversidade por Singh. Os 25 clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.) possuem variabilidade genética a partir da morfometria da estrutura floral, sendo o clone 4 e clone 19 os mais divergentes ($D^2 = 122,38$), e o clone 7 e o clone 8, os mais similares ($D^2 = 3,67$). Desta forma, 5 grupos de diversidade foram estruturados com base no método de otimização Tocher. E considerando o ponto de corte a 20% de dissimilaridade, observou-se a estruturação de 13 grupos de diversidade entre os clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.). Os caracteres de flor CTC, LP e CPD, acumulam 64,26 % da variabilidade genética dos clones. A morfometria floral permite estimar a diversidade genética entre clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.), sobretudo, a partir dos caracteres: CTC, LP e CPD que podem ser indicados como importantes descritores do gênero *Adenium* para estimar a variabilidade genética entre clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.).

Palavras-chave: morfometria floral; descritores quantitativos; germoplasma.

Agradecimentos: UFPI e os colecionadores de rosas do deserto que forneceram material para coletar dados dessa pesquisa.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

OBTENÇÃO DE PROGÊNIES INTERESPECÍFICAS PARA RESISTÊNCIA AO *Fusarium oxysporum* f. sp. *passiflorae*

Jeovani Silva Almeida^{1*}; Lucas Kennedy Lima Lima¹; Onildo Nunes de Jesus²

¹Universidade Estadual de Feira de Santana. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura,
*jeeovani Almeida@gmail.com

O Brasil é o maior produtor e consumidor do mundo de maracujá amarelo (*Passiflora edulis* Sims). Essa espécie apresenta susceptibilidade a pragas e doenças impactando na produção e qualidade dos frutos. O *Fusarium oxysporum* f. sp. *passiflorae* – FOP é a doença de solo que mais acomete os pomares comerciais de maracujá no Brasil, tornando inviável economicamente a produção em áreas afetadas. Em contraste, espécies silvestres de *Passiflora*, apresentam resistência ao FOP. Assim, o programa de melhoramento genético da Embrapa Mandioca e Fruticultura identificou genótipos silvestres promissores para resistência ao FOP, contudo, é necessário realizar a introgressão de genes de resistência em *P. edulis* por meio de cruzamentos interespecíficos para obtenção de híbridos produtivos. Com isso, o objetivo do trabalho foi obter progênies segregantes por meio de cruzamentos interespecífico entre espécies silvestres de *Passiflora* e a espécie comercial (*P. edulis*). Foram realizadas 152 polinizações entre *Passiflora edulis* e espécies silvestres (*P. gibertii*, *P. mucronata* e *P. setacea*). Além disso, realizou-se cruzamentos recíprocos entre *P. edulis* e *P. mucronata*. Os cruzamentos foram realizados entre as 14:00 e 18:00 horas, sendo contabilizado o número de cruzamentos realizados em cada combinação, para obtenção da porcentagem de pegamento. Além disso, foram mensuradas as características dos frutos formados após maturação como comprimento do fruto (CF), diâmetro do fruto (DF), peso do fruto (PF) e número de sementes por fruto (NS). Cruzamentos interespecíficos entre *P. mucronata* (♀) × *P. edulis* (♂) (n = 62) apresentaram maior taxa de pegamento (16,0%) em comparação ao cruzamento recíproco (n = 71; 4,8%). A combinação *P. edulis* (♀) × *P. gibertii* (♂) (n = 9) registrou a maior taxa de pegamento entre as combinações testadas (22,5%), enquanto cruzamentos (n = 10) com *P. setacea* (♀) × *P. edulis* (♂) não obtiveram sucesso, embora seja possível. Para caracterização dos frutos, *P. mucronata* × *P. edulis* exibiram médias mais elevada de comprimento (54,43 mm) e diâmetro (24,96 mm); o maior número médio de sementes por fruto (125) foi observado quando *P. edulis* foi utilizado como parental feminino. Esses resultados demonstram a viabilidade de obtenção de progênies interespecíficas entre espécies silvestres resistentes ao FOP e a espécie comercial *P. edulis*, com aplicação potencial em programas de melhoramento e como porta-enxerto em áreas afetadas pela fusariose.

Palavras-chave: híbridos; *Passiflora*; cruzamentos interespecíficos.

Agradecimentos: CAPES, UEFS, FAPESB, CNPQ e à Embrapa.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

PERFIL QUÍMICO E TOXICOLÓGICO DE *Senegalia tenuifolia* (L.) Britton & Rose (LEGUMINOSAE JUSS.)

Islaine Gomes de Sousa^{1*}; Kauan Ferreira da Rocha¹; Claudejane Vieira
Ferreira¹; Marcones Ferreira Costa¹; Maria do Carmo Gomes Lustosa¹; Lívia do
Vale Martins¹

¹Universidade Federal do Piauí, Campus Amílcar Ferreira Sobral, Floriano, Piauí.

*islaine.sousa@ufpi.edu.br

As plantas, reservatórios naturais de compostos químicos e biológicos com propriedades nutricionais e terapêuticas, são amplamente utilizadas pelas comunidades tradicionais com diferentes finalidades, como na alimentação e na medicina local. *Senegalia tenuifolia* ("calumbi") (Leguminosae Juss.), é amplamente distribuída no Nordeste brasileiro e empiricamente utilizada no tratamento de dores e inflamações sendo, portanto, um recurso genético valioso para povos tradicionais. O presente estudo teve como objetivo avaliar preliminarmente a toxicidade e a composição química do extrato etanólico obtido a partir de sementes de *S. tenuifolia* através do bioensaio *Artemia salina* e análise dos constituintes químicos derivatizados por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (CG- EM). As seguintes concentrações do extrato foram testadas: 1000, 500, 250, 125, 62,5 e 31,25 µg/mL. A análise estatística foi realizada pelo teste de análise de variância (ANOVA com fator fixo), seguido pelo teste de comparações múltiplas Tukey ($p < 0,05$). Na menor concentração (31,25 µg/mL), foi observada uma sobrevivência de 40% dos náuplios de *A. salina*. Por outro lado, nas demais concentrações ocorreu a total ou quase total letalidade dos náuplios. O valor de CL_{50} (Concentração letal média) foi de 22,11 µg/mL, evidenciando o potencial tóxico do extrato da planta. A caracterização fitoquímica obtida a partir da fração hexânica do extrato permitiu identificar 20 metabólitos. Os compostos mais abundantes e importantes são os ácidos: hexadecanóico (ácido palmítico), 9,12-octadecadienóico (ácido linoleico), 9-octadecenóico (ácido elaidico) e octadecanóico (ácido esteárico), além de um esteroide. Os resultados preliminares indicam que o extrato de *S. tenuifolia* possui atividade tóxica nas concentrações testadas, no tempo de exposição e no bioensaio utilizado. Ensaio *in vivo* e *in vitro* adicionais são, portanto, necessários para uma avaliação detalhada do perfil citotóxico, genotóxico e mutagênico dessa espécie, garantindo um uso seguro e eficaz dessa planta nas comunidades tradicionais do Nordeste brasileiro.

Palavras-chave: *Artemia salina*, Calumbi, Toxicidade, Ácidos graxos.

Agradecimentos: Rede de Sementes NEMA/UNIVASF, IQ/UNESP



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

POTENCIAL DA CASCA DE FRUTO DE *Pachira aquatica* EM SUBSTRATOS ECOLÓGICOS

Mirian Araujo de Oliveira¹; Tainá Carneiro da Silva¹; Vitor Manoel da Costa Felix¹;
Loyse Moreira Portela¹ Darlene Maria Silva¹; Marilha Vieira de Brito¹

¹Escola Estadual de Educação Profissional Professor Sebastião Vasconcelos Sobrinho.
*darleneagro@gmail.com

A *Pachira aquática*, conhecida popularmente como o falso-cacau, castanheira ou munguba, espécie nativa de regiões tropicais, apresenta grande potencial para utilização devido à sua adaptabilidade a diferentes condições ambientais e versatilidade. Diante da necessidade de buscar substratos ecológicos para a produção de mudas, objetivou-se com o seguinte estudo avaliar o potencial da casca do fruto de *P. aquatica* como alternativa para o cultivo inicial de alface (*Lactuca sativa* L.), contribuindo para o aproveitamento de resíduos vegetais. O experimento foi conduzido no período de março a maio de 2025, em casa de vegetação, na área de campo do Curso Técnico em Agronegócio da Escola Estadual de Educação Profissional Professor Sebastião Vasconcelos Sobrinho, localizada em Tianguá – CE, cujo clima é o tropical do tipo Aw' (classificação de Köppen). As cascas dos frutos foram coletadas, submetidas à secagem, trituração e lavagem, sendo utilizadas como substrato em quatro bandejas de semeadura, totalizando 60 células. Cada célula sementes de alface, e a irrigação foi realizada diariamente, visando manter a umidade adequada do substrato. A germinação das sementes iniciou-se no quinto dia após a semeadura, e o desenvolvimento das plântulas foi avaliado aos 7, 14, 21 e 28 dias, considerando altura, número de folhas e vigor. Aos 14 dias, observou-se germinação de 100% das sementes. A altura média das plântulas foi de 2,0 cm aos 14 dias, 4,5 cm aos 21 dias, 6,9 cm aos 28 dias e 8,8 cm posteriormente, com três a cinco folhas bem desenvolvidas e aparência vigorosa, indicando que o substrato proporcionou condições adequadas para o crescimento inicial das mudas. Os resultados indicam que a casca do fruto de *P. aquatica* se constitui em uma alternativa promissora e sustentável para produção de mudas, oferecendo benefícios tanto na utilização de resíduos vegetais quanto no potencial para conservação, uso e manejo de recursos genéticos nativos negligenciados.

Palavras-chave: substrato; munguba; espécies nativas.

Agradecimentos: MCTI, CNPq, CAPES, SNCT 2025 e a CREDE 5.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

RASCUNHO DO GENOMA NUCLEAR DE *Simarouba versicolor* (Simaroubaceae, Sapindales).

Marla A. Almeida-Silva^{*1,2}; Ramilla S. Braga-Ferreira^{1,3}; Cíntia P. Targueta¹;
Leonardo C. J. Corvalán^{1,4}; Rhewter Nunes^{1,4} e Mariana P. C. Telles^{1,5}

¹Universidade Federal de Goiás. ²Universidade Estadual do Piauí. ³Universidade Federal de Rondonópolis. ⁴Universidade Estadual de Goiás. ⁵Pontifícia Universidade Católica de Goiás.
*marla.arianne@srn.uespi.br.

Simarouba versicolor é uma espécie de árvore neotropical distribuída entre a Bolívia e o Brasil. A espécie é usada na medicina tradicional por possuir atividades citotóxicas e antitumorais, tratando doenças como malária, câncer, helmintíase e infecções virais, sendo considerada um recurso genético relevante. O objetivo deste estudo foi gerar, pela primeira vez, o rascunho do genoma nuclear para *S. versicolor*. O DNA total de folhas frescas de *S. versicolor* foi isolado de acordo com o protocolo CTAB. A biblioteca genômica foi preparada utilizando o reagente *Illumina DNA Prep* e o sequenciamento realizado na plataforma *Illumina MiSeq* usando o reagente V2 300 ciclos. A qualidade das leituras de sequenciamento foi avaliada no programa *FastQC* e filtrada no programa *Trimmomatic*. Então, o genoma nuclear foi montado usando a ferramenta *SPAdes genome assembler v3.13.1*. Para acessar a completude do genoma, foi utilizado o *software BUSCO v. 5.6.1*. A profundidade de sequenciamento foi calculada a partir do alinhamento das leituras de sequenciamento do genoma, usando o alinhador *Burrows-Wheeler (BWA) v.0.7.17*. O melhor valor de *Kmer* e o tamanho do genoma foram estimados usando a ferramenta *kmergenie*. Como resultado, 16.800.708 leituras de sequenciamento *paired-end* foram geradas. O tamanho total do genoma recuperado foi de 241.977.620 pb, correspondente a 96,8% do tamanho estimado (249.780.341 pb). O maior *contig* foi de 176.144 pb e os valores de N50 e L50 foram de 22.312 pb e 3.227 pb, respectivamente. As métricas de completude apresentaram 94,08% de genes BUSCO completos e a profundidade de sequenciamento de 36,25. O rascunho do genoma disponibilizado, representa o primeiro esforço na geração de recursos genômicos com potencial uso no desenvolvimento de ferramentas moleculares mais eficientes, baseadas em sequenciamento de alto rendimento. Pesquisas de acesso à diversidade genética, caracterização de germoplasma e inserção da espécie em programas de melhoramento genético poderão ser desenvolvidas a partir destes dados.

Palavras-chave: sequenciamento de alto rendimento; recurso genômico; árvore-de-perdiz.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

RECURSO GENÉTICO DE *CAPSICUM* COM POTENCIAL ORNAMENTAL

Raissa Matos Monção¹; Júnia Mariza Alves Araújo¹; Maria Vitória de Paiva Oliveira¹;
Gérson do Nascimento Costa Ferreira²; Verônica Brito da Silva¹; Regina Lucia
Ferreira Gomes¹

¹Universidade Federal do Piauí. ²Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” -
Universidade de São Paulo. *raissamatos.m12@ufpi.edu.br

Pimenteiras são utilizadas como plantas ornamentais, em razão da folhagem variegada, do porte anão e dos frutos com diferentes cores no processo de maturação que contrastam com a folhagem. No Brasil, existem poucas cultivares de pimenteiras destinadas à ornamentação. Nesse sentido, objetivou-se avaliar o potencial ornamental de acessos de pimenta presentes no Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BGC – UFPI), para estimular a utilização de forma mais efetiva no setor da floricultura, bem como auxiliar programas de melhoramento genético no desenvolvimento de novas cultivares ornamentais. No BGC - UFPI foi depositado um acesso de pimenta *Capsicum annuum*, encontrado no Sítio Jurema Norte, Município de Ibiapina - CE, na região da Serra da Ibiapaba, a 850 m de altitude, 3°56'06" de latitude S e 40°56'29" de longitude W. O referido acesso, documentado com o código BGC-UFPI 199, após caracterização, apresentou potencial ornamental, exibindo estética harmoniosa para porte, folhagem, flores e frutos, e mostrando-se apropriado ao cultivo em vaso. Na descendência obtida por autofecundação de plantas do acesso BGC-UFPI 199, realizou-se avaliação em telado, localizado no Departamento de Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias, da UFPI, em Teresina - PI, localizado a 72,7m de altitude, 05°05'05" de latitude S e 42°05' de longitude W. A população de pimenteiras foi representada por 50 plantas, uma planta por vaso, avaliada com base em descritores propostos para o gênero *Capsicum* (IPGRI, 1995), além dos Critérios de Classificação de Pimenta Ornamental da Cooperativa Veiling Holambra. Foram utilizados dez descritores, sendo quatro quantitativos (comprimento e largura do fruto, número de frutos por planta e altura da planta,) e seis qualitativos multicategóricos (cor da folha, cor do fruto no estado intermediário, cor do fruto maduro, formato do fruto, cor do caule e hábito de crescimento). A população de pimenteiras do acesso BGC-UFPI 199 apresenta características ideais para o cultivo ornamental, como crescimento compacto, coloração variada das folhas e frutos, e formato atrativo dos frutos. A predominância de frutos com coloração roxo escuro a preto confere um apelo visual distinto, tornando a população promissora para o setor ornamental, visando a obtenção de linhagens com as tonalidades de cores de flores e frutos roxa, tendência atual do mercado de pimenteiras ornamentais, e preta, rara no mercado floricultor brasileiro.

Palavras-chave: *Capsicum annuum*; cor do fruto; formato do fruto.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

RECURSOS GENÉTICOS DO CAMBUIZEIRO: DIVERSIDADE GENÉTICA EM DUAS POPULAÇÕES NATURAIS DE SERGIPE

Ana Veruska Cruz da Silva^{1*}; Maria Vanessa Gama de Oliveira²; Tássia Fernanda Santos Neri Soares¹; Juliana Lopes Souza¹; Ana da Silva Ledo¹; Josué Francisco da Silva Júnior

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros. ²Universidade Federal de Sergipe.
*ana.veruska@embrapa.br

O cambuizeiro (*Myrciaria floribunda* (West ex Willd.) O. Berg), é uma espécie frutífera nativa do Brasil, da família Myrtaceae. Ocorre nos biomas Amazônia, Caatinga, Cerrado e Mata Atlântica, sendo muito frequentes na flora do Nordeste brasileiro. Em Sergipe, sua ocorrência se estende por regiões da restinga litorânea. Os frutos são pequenos, suculentos e podem ser de coloração laranja ou roxa. Além da diversidade fenotípica, os frutos apresentam diferenças em relação aos atributos de qualidade, como sólidos solúveis e teor de vitamina C. São importantes fontes de vitaminas e compostos bioativos, como flavonoides e ácidos fenólicos, além de apresentar alta atividade antioxidante. É uma espécie ainda não domesticada e pouco difundida. O presente trabalho foi desenvolvido como o objetivo de estimar a diversidade genética de duas populações naturais de Sergipe, utilizando marcadores moleculares ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats). As áreas de estudo estão situadas em Estância, na praia do Abaís, localizada no litoral sul, em Neópolis, especificamente no povoado Betume, no litoral norte do estado de Sergipe. Para a extração de DNA, foram utilizadas folhas jovens de 41 indivíduos. A concentração e a qualidade do DNA de cada amostra foram inicialmente avaliadas por meio de espectrofotometria e eletroforese em gel de agarose, respectivamente. O uso de nove *primers* ISSR previamente selecionados resultou em 59 fragmentos, com variação de 4 a 8 fragmentos. Desse total, 92% foram polimórficos. O índice de Shannon (I) médio (0,363) e a heterozigosidade esperada (He) (0,227), indicaram baixa diversidade genética. A análise de variância molecular (AMOVA) revelou que a maior diversidade (84%) foi observada dentro das populações do que entre elas (16%). As análises de agrupamento (UPGMA e Bayesiana, utilizando Structure) e coordenadas principais (PCA) evidenciaram três grupos genéticos distintos. O indivíduo C25, oriundo de Estância, permaneceu isolado em todas as análises, e se apresenta como um material a ser incluído em estudos futuros. Os resultados evidenciaram a baixa diversidade genética nas populações estudadas e reforçam a importância de estratégias de conservação e manejo nas áreas de ocorrência natural da espécie, na tentativa de mitigar a erosão genética, prevenir a extinção de indivíduos superiores e os impactos da exploração sobre os ecossistemas.

Palavras-chave: *Myrciaria floribunda*; ISSR; frutas nativas.

Agradecimentos: CNPq (313273/2021-9) e Embrapa (10.20.02.012.00.00).



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

RESÍDUOS VEGETAIS DE FAVEIRA (*Parkia platycephala*) COMO SUBSTRATO ALTERNATIVO PARA PRODUÇÃO DE HORTALIÇAS

Bruna da Silva da Conceição¹; Matheus Lima Martins¹; Francisca Vitoria da Silva¹;
Darlene Maria Silva¹; Paulo Mateus Sousa Pinheiro, Marilha Vieira de Brito¹

¹Escola Estadual de Educação Profissional Professor Sebastião Vasconcelos Sobrinho.
*darleneag@gmail.com

A utilização sustentável de recursos genéticos vegetais representa uma estratégia essencial para diversificar e valorizar espécies nativas subutilizadas no contexto agrícola. A faveira (*Parkia platycephala*), espécie nativa da flora nordestina, possui grande potencial de aproveitamento agroecológico, especialmente no que se refere aos resíduos foliares. Este estudo teve como objetivo a caracterização e avaliação do potencial agrônomo de resíduos vegetais da faveira como substrato alternativo para a produção de mudas de hortaliças. O experimento foi realizado em casa de vegetação, sob condições controladas, na área de campo do curso técnico em Agronegócio da EEEP Professor Sebastião Vasconcelos Sobrinho, no município de Tianguá-CE, entre os meses de março e maio de 2025. Os resíduos foliares secos foram coletados, triturados, umedecidos e utilizados puros como substrato em 60 células de bandejas de semeadura, com sementes de pimentão amarelo (*Capsicum annuum*). A avaliação foi conduzida aos 15, 30 e 45 dias após a semeadura, considerando taxa de germinação e altura das plântulas. Observou-se germinação de 100% das sementes aos 15 dias, com médias de 8,5 cm e 13 cm de altura aos 30 e 45 dias, respectivamente. Os resultados indicam viabilidade agrônoma do uso do material, destacando sua funcionalidade como recurso genético vegetal de valor para sistemas sustentáveis, com potencial para reduzir o uso de substratos comerciais e fortalecer práticas agroecológicas na agricultura familiar e escolar. A pesquisa contribui para a valorização de espécies nativas e reforça a importância da caracterização e avaliação de materiais vegetais alternativos como estratégia de sustentabilidade produtiva.

Palavras-chave: recursos genéticos; produção de mudas; agricultura sustentável.

Agradecimentos: MCTI, CNPq, CAPES, SNCT 2025 e a CREDE 5.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

REVITALIZAÇÃO DOS ACESSOS DE PIMENTEIRA-DO-REINO

Oriel Filgueira de Lemos^{1*}; Wanessa Magalhães Alves²; Milene Menezes dos Santos³ Winícios de Souza Miranda⁴; João Pedro Abrahim Chaves⁵; Marli Costa Poltronieri⁶

^{1,6}Embrapa. ^{2,4}UFRA. ^{3,5}UFPA. *oriel.lemos@embrapa.br.

A propagação vegetativa é fonte de disseminação dos vírus em pimenteira-do-reino e atualmente, a maioria dos acessos do BAG e cultivares disponíveis estão infectados. A identificação de plantas livres de vírus é a alternativa para revitalização dos acessos e da pipericultura paraense. A carga viral a cada geração de propagação aumenta e tem reflexo na produção. Os vírus são o *Cucumber Mosaic Virus* (CMV), *Pipper Yellow Mottle Virus* (PYMoV) e o *Black Pepper Virus F* (BPVF), que causam a redução do limbo foliar e a capacidade fotossintética; abortamento de frutos; e o enfezamento das plantas. Com o objetivo de revitalizar os acessos de pimenteira-do-reino do BAG da Embrapa Amazônia Oriental, Belém, Pará, que estão infectados por vírus, sementes foram coletadas, submetidas à assepsia e germinadas *in vitro*, e as plantas vigorosas, selecionadas para indexação. As sementes maduras dos acessos Alencar, Cleo, Itó 9, Clonada, laçaré e Apra foram germinadas *in vitro* de acordo com Lemos (2004) e a extração de DNA seguindo o protocolo de Gibbs e Mackenzie (1997). Na germinação, a cultivar Apra iniciou a emissão da radícula de 22 a 29 dias após o semeio, seguida pela laçaré a 35 dias. Consequentemente, Apra apresentou menores intervalos para o desdobramento da alça do hipocótilo (44 dias) e para emissão das folhas cotiledonares (53 dias). A cultivar laçaré destacou-se nas fases posteriores, culminando com a emissão do primeiro par de folhas definitivas aos 69 dias, sendo o menor tempo dentre todos os acessos. Ressalte-se que a queda do tegumento seminal ocorreu primeiro no acesso Apra, aos 54 dias, enquanto nos demais, foi mais tardio, variando entre 90 e 102 dias. Quanto às análises moleculares, foi possível realizar a extração de DNA total tanto das plântulas quanto das plantas matrizes, com qualidade satisfatória para a indexação dos vírus para a detecção de vírus via PCR e RT-PCR utilizando os “primers” específicos. Trabalhos anteriores permitiram verificar que plantas vigorosas selecionadas *in vitro* estavam livres de vírus. As etapas de amplificação e diagnóstico molecular das plantas selecionadas, ainda serão realizadas. Os resultados da germinação demonstram a existência de diferenças no potencial fisiológico, o que pode estar relacionado ao genótipo. A avaliação dos estádios de desenvolvimento das plântulas permitiu selecionar plantas com maior vigor, uniformidade no crescimento e emissão mais rápida das folhas definitivas para identificação de plantas livres de vírus. A obtenção do DNA genômico constitui um avanço importante, uma vez que representa a base para os testes futuros que permitirão confirmar a sanidade dos materiais selecionados.

Palavras-chave: *Piper nigrum*; indexação de vírus, germinação *in vitro*.

Agradecimentos: Ao CNPq; TROPOC; Viveiro Promudas.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

TERMOESTABILIDADE DA MEMBRANA CELULAR COMO CRITÉRIO DE SELEÇÃO PRECOCE PARA TOLERÂNCIA AO CALOR EM FEIJÃO-FAVA

Valdemiza da Silva Campelo^{1*}; Joara Milena da Silva Alves¹; Manoel Jose Pereira Neto¹; Larissa Gabriele Leal Vieira¹, Yasmin Dias Nunes¹, Raimundo Nonato Oliveira Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. *m.izacampelo@hotmail.com

As mudanças climáticas representam uma ameaça crescente à segurança alimentar global, particularmente em regiões semiáridas onde o feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) constitui importante fonte proteica e de renda para agricultores familiares. Nesse cenário, a caracterização, conservação e a valorização da diversidade genética tornam-se estratégias cruciais para o desenvolvimento de cultivares adaptadas. O aumento da frequência de ondas de calor compromete a produtividade desta leguminosa, exigindo estratégias urgentes de seleção de materiais genéticos tolerantes. Diante deste cenário, o presente trabalho objetivou avaliar a diversidade genética para termoestabilidade da membrana celular em feijão-fava, identificando genótipos promissores para programas de melhoramento visando resiliência climática. A pesquisa foi desenvolvida no *Campus* Amílcar Ferreira Sobral (UFPI/CAFS), utilizando 12 genótipos da Coleção de Germoplasma da UFPI/CAFS. As análises laboratoriais seguiram delineamento inteiramente casualizado com três repetições, avaliando a termoestabilidade na fase de floração, através de condutivímetro de bancada. A análise de variância revelou diferenças altamente significativas entre genótipos ($p < 0,001$), confirmando diversidade genética para a tolerância ao estresse térmico. Essa variabilidade genética constitui base para programas de melhoramento visando resiliência climática do feijão-fava. Os genótipos PHCAFS-44, PHCAFS-38 e PHCAFS-45 destacaram-se como os mais tolerantes ao estresse térmico, exibindo os menores danos à membrana. Esta resiliência fisiológica é crucial para manter a produtividade do feijão-fava sob condições climáticas extremas, que podem reduzir em até 50% a produção de leguminosas. A identificação desses materiais genéticos representa avanço estratégico para programas de melhoramento, visando cultivares adaptadas que assegurem segurança alimentar e sustentabilidade produtiva para agricultura familiar em cenários de mudanças climáticas. Este estudo contribui para os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da ONU, alinhando-se diretamente com o ODS 2 (Fome Zero e Agricultura Sustentável), ao promover segurança alimentar através de genótipos de feijão-fava tolerantes ao calor; com o ODS 13 (Ação Contra a Mudança Global do Clima), ao desenvolver estratégias de adaptação agrícola; e com o ODS 15 (Vida Terrestre), ao conservar recursos genéticos vegetais.

Palavras-chave: mudanças climáticas; *Phaseolus lunatus*; segurança alimentar.

Agradecimentos: FAPEPI; UFPI/CAFS.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

TIPO DE TUTOR E NITROGÊNIO NO DESENVOLVIMENTO DE CLONES DE PIMENTEIRA-DO-REINO

Oriel Filgueira de Lemos^{1*}; Simone de Miranda Rodrigues¹; João Paulo Castanheira
Both¹; Marli Costa Poltronieri¹

¹Embrapa. *oriel.lemos@embrapa.br.

A pimenteira-do-reino por ser uma planta trepadeira precisa de um tutor para pleno desenvolvimento. A caracterização dos acessos no sistema de produção é fundamental para uso dos recursos genéticos de pimenteira-do-reino disponíveis. As pesquisas têm demonstrado que a gliricídia é viável como tutor vivo para o cultivo dessa espécie. Há escassez de informações sobre a adaptabilidade dos clones disponíveis, tanto que a caracterização morfológica neste sistema de produção, em gliricídia, subsidiará na escolha do material genético a ser plantado. Com o objetivo de caracterizar morfolologicamente clones de pimenteira-do-reino no sistema de produção, este trabalho avaliou oito caracteres de seis clones cultivados em gliricídia e estacão de madeira nativa e duas concentrações de nitrogênio (12,5 e 255,0 g N₂). O experimento foi realizado em DBC com três repetições. Os dados métricos de largura, comprimento, espessura, peso fresco e seco das folhas; tamanho do pecíolo; comprimento do pedúnculo e da inflorescência foram submetidos à ANOVA e teste de Tukey de 0,05. De modo geral, o desenvolvimento dos caracteres em Guajarina foram maiores em gliricídia, e Bragantina apresentou medidas morfolologicamente superiores aos demais materiais genéticos. Observou-se que os níveis de adubação nitrogenada pouco influenciaram no desenvolvimento dos caracteres morfológicos, mas o tipo de tutor teve papel relevante em vários caracteres da pimenteira-do-reino. Ressalte-se que os clones Equador, laçará e Uthirankotta apresentaram folhas mais espessas em estacão. Por outro lado, a aplicação de N₂ a 12,5 g no solo influenciou na maior espessura, tamanho e largura da folha, e comprimento da inflorescência em Guajarina, que desenvolveu folhas mais pesadas em gliricídia e em estacão. Os clones Embrapa e Uthirankotta desenvolveram mais as folhas em comprimento em gliricídia, e Bragantina apresentou maiores pecíolos e pedúnculo em gliricídia e a 255,0 g de N₂. A concentração de N₂ não influenciou no peso fresco e seco das folhas, enquanto peso seco foi influenciado pelo tipo de tutor. Por fim, destaca-se que o tipo de tutor tem papel relevante quanto ao desenvolvimento dos caracteres morfológicos e de produção na pimenteira-do-reino e que a concentração de nitrogênio não é determinante para diferenciar o desenvolvimento dos clones entre si.

Palavras-chave: *Piper nigrum*; caracterização morfológica; cultivo pimenteira-do-reino.

Agradecimentos: Empresa de Produtos Tropicais de Castanhal LTDA; Banco da Amazônia; Viveiro Promudas.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

VARIABILIDADE DE METABÓLITOS SECUNDÁRIOS EM ACESSOS DE MANDACARU (*Cereus* spp.)

Efigênia do Rego Barros^{1*}; Herbert Gonzaga Sousa²; Gleice Ribeiro Orasmo³

¹Universidade Federal do Piauí, Graduanda em Eng.^a Agrônômica. ²Doutorando no Programa de Pós-graduação em Química/DQ/UFPI; ³Universidade Federal do Piauí, Depto. Biologia/CCN. *efigenia.producoes@gmail.com

Com o objetivo de conhecer a variabilidade de metabólitos secundários existente em espécies de mandacaru, foi realizada uma triagem fitoquímica em quatro acessos: BGM 10 e BGM 30 (*Cereus jamacaru* DC.) e BGM 22 e BGM 42 (*C. hildmannianus* K.Shum.), pertencentes ao Banco de Germoplasma de Mandacaru da UFPI. Caules com cerca de 20 a 50 cm foram macerados e imersos em etanol absoluto, etiquetados e acondicionados em frascos de vidro à temperatura ambiente. Foram realizadas extrações sucessivas em intervalos de 3-4 dias, adicionando 75 mL de etanol a cada amostra. O material foi filtrado e concentrado em evaporador rotatório sob pressão reduzida a 40 °C, e os extratos foram mantidos em temperatura ambiente para a evaporação dos solventes. A triagem fitoquímica para detecção de metabólitos secundários foi conduzida por Cromatografia em Camada Delgada (CCD). Aplicaram-se os extratos etanólicos dos cladódios em placas de sílica gel, utilizando três sistemas de eluição para separação dos constituintes: Hexano/ Acetato de Etila (Hex/ AcOEt, 8:2; sistema apolar), Clorofórmio/ Metanol (CHCl₃/ MeOH, 9:1; sistema de polaridade intermediária) e Clorofórmio/ Metanol/Água (CHCl₃/ MeOH/ H₂O, 65:30:5; sistema polar). As placas foram reveladas com sulfato cérico, sob aquecimento, até o aparecimento das manchas. A análise revelou diferentes classes de metabólitos secundários conforme a coloração das manchas e o sistema de eluição utilizado. No sistema Hexano/ Acetato de Etila observaram-se manchas roxas, indicativas da presença de triterpenos ou esteroides, e halos esverdeados compatíveis com compostos contendo grupos tiol. No sistema Clorofórmio / Metanol detectaram-se halos amarelos sob luz UV, característicos de flavonoides, resultado semelhantes ao obtido com o sistema de polaridade similar Clorofórmio/ Metanol/ Água. A variação nos perfis químicos reforça a premissa de diversidade genética entre as espécies de mandacaru cultivadas em diferentes regiões do Brasil. Estudos futuros com o uso de marcadores moleculares poderão estimar essa diversidade e relacioná-la à produção diferencial de biocompostos nas espécies de *Cereus*. A CCD revelou, portanto, a presença de triterpenos ou esteroides, grupos tiol e flavonoides nas espécies avaliadas.

Palavras-chave: biocompostos; Cactaceae; variabilidade genética.

Agradecimentos: UFPI.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

VARIABILIDADE GENÉTICA DO GÊNERO *Spondias* L. (ANACARDIACEAE): UMA ABORDAGEM *IN SILICO*

Amaro Antonio Silva Neto^{1*}; Gutiele do Nascimento do É²; Isabelly Dálete Ferreira
Ribeiro³;

¹Universidade Estadual de Santa Cruz - UESC. ²Universidade Federal do Vale do São Francisco - UNIVASF. ³Universidade de Pernambuco – UPE. *amaroasneto@gmail.com

O gênero *Spondias* L. é composto por 18 espécies de árvores frutíferas, das quais 11 ocorrem no Brasil. Este gênero possui importância tanto no ramo alimentício quanto na medicina popular. Apesar disso, há poucos estudos relacionados ao melhoramento das espécies. Tendo em vista que a diversidade genética é fundamental para os programas de melhoramento, torna-se necessário conhecer a variabilidade genética presente nas espécies do gênero. Essas informações podem contribuir para a identificação de espécies com maior potencial de resistência às alterações ambientais e às mudanças climáticas. Regiões não codificantes do DNA Cloroplastidial são bastante úteis para a identificação da variabilidade genética em plantas. Portanto, este estudo visou analisar a variabilidade genética do gênero *Spondias* por meio de ferramentas *in silico*. Sequências do espaçador intergênico *trnL-trnF* foram obtidas no *National Center for Biotechnology Information* (NCBI). O software BioEdit v7.2.6 foi utilizado para alinhamento das sequências, enquanto o MEGA 12.0 foi usado para verificar sua composição nucleotídica. O DnaSP v6 foi empregado para converter o arquivo contendo as sequências para o formato *arp*, e o programa ARLEQUIN v3.5 foi utilizado para estimar os parâmetros de variabilidade genética. Das 18 espécies do gênero, apenas 13 apresentavam sequências do espaçador *trnL-trnF* depositadas. Foram utilizadas 141 sequências neste estudo e o tamanho médio delas foi de 920,7 bases. Foi observada uma composição nucleotídica média de 30,1% T, 18,7% C, 34,2% A e 16,9% G. Foram identificados 29 haplótipos, os quais apresentaram uma Diversidade Haplotípica (Hd) de 0,8810. *S. purpurea* apresentou a maior Heterozigosidade Esperada (He), enquanto algumas espécies tiveram He igual a 0. *S. purpurea* expôs o maior Número de Alelos por loco (Na), seguida por *S. venulosa*. Embora *S. bahiensis*, *S. mombin* e *S. venulosa* sejam as espécies com mais sequências depositadas, elas não apresentaram os melhores índices de variabilidade genética. Os valores do Índice de Fixação (Fst) encontrados reforçam a ideia de que o espaçador *trnL-trnF* pode ser utilizado para diferenciação molecular de indivíduos. Os resultados indicam que poucas espécies de *Spondias* apresentam elevada variabilidade genética. Isso reforça a necessidade de ampliar os estudos genético-moleculares no gênero, visando fornecer uma base mais ampla de material genético para programas de melhoramento.

Palavras-chave: bioinformática; espaçador intergênico *trnL-trnF*; frutíferas.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE CLONES DE ROSA DO DESERTO (*Adenium* spp. Roem & Schult) A PARTIR DA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA FLORAL

Maria Luiza Gomes Carvalho¹, Luenne da Silva Costa¹, Mariana Gomes Adriano¹,
Jordana Resende de Melo¹, Udislan Sousa Bezerra², Jardel Oliveira Santos¹.

¹Departamento de Biologia, Centro de Ciências da Natureza, Universidade Federal do Piauí.

²Biólogo produtor de rosas do deserto. *malugomescvlh@gmail.com.

As rosas do deserto (*Adenium* spp. Roem & Schult) são RGV's com potencial de uso no paisagismo e vem se destacando devido a capacidade de florescer abundantemente durante todo o ano e serem resistentes às altas temperaturas, além de possuírem variabilidade fenotípica (cor, forma e aroma das flores) e relativa facilidades no cultivo e manejo. Com isso objetivou-se avaliar a variabilidade entre clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.) a partir da capacidade discriminante dos caracteres morfológicos de flores. Os clones avaliados pertencem ao acervo pessoal de colecionadores de Teresina e Valença, PI. Para a obtenção dos dados morfométricos foi realizada uma amostragem do material vegetal que consistiu na escolha aleatória de três flores em cada clones de *Adenium* spp. estabelecendo uma considerada subamostra de população de *Adenium* spp. de 25 clones diferentes, fenotipicamente pela coloração das flores. Foram analisados 8 caracteres morfométricos: a distância da pétala até o cálice (DPC), distância do ovário até a base (DOB), comprimento do pedúnculo (CPD), diâmetro do pedúnculo (DPD), comprimento do tubo da corola (CTC), diâmetro do tubo da corola (DTC), comprimento da pétala (CP) e largura da pétala (LP). Os 25 clones de rosa do deserto (*Adenium* spp.) possuem variabilidade genética para todos os oito caracteres avaliados da flor ($p < 0,5$) exceto para distância do ovário até a base (DOB). As médias de DPC (10,39 mm), CTC (9,00 mm) e LP (14,73 mm), separaram os 25 clones de rosas do deserto (*Adenium* spp.) em três grupos. CPD (15,66 mm), DPD (22,49 mm), DTC (12,83 mm) e CP (16,21 mm) dividiu os clones em dois grupos e apenas DOB (17,52 mm) não separou os clones utilizados. Os clones de *Adenium* spp. analisados nas cidades do Piauí possuem variabilidade genética para diferentes estruturas da biologia floral e os caracteres têm potencialidade de uso como descritores para o gênero *Adenium*.

Palavras-chave: paisagismo; descritores morfológicos; variação.



VII SIMPÓSIO

DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Caracterização e Avaliação

VIABILIDADE POLÍNICA EM ACESSOS DE *Capsicum* SOB CONDIÇÕES DE ESTRESSE TÉRMICO

Júlio Alves de Oliveira Filho¹, Gabriel Viana Ferraz; Márcia Vieira de Sousa; Lívia do Vale Martins¹; Marcones Ferreira Costa¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹

¹Universidade Federal do Piauí (UFPI). *julioalvesof@gmail.com

As pimentas do gênero *Capsicum* compreendem mais de 40 espécies, das quais cinco são consideradas totalmente domesticadas: *C. annuum*, *C. frutescens*, *C. baccatum*, *C. pubescens* e *C. chinense*. Esse grupo possui grande relevância econômica e social, com ampla diversidade de usos culinários, industriais e ornamentais, além de frutos ricos em vitaminas, antioxidantes e compostos bioativos. Além disso, essas espécies constituem importantes recursos genéticos vegetais, fundamentais para programas de melhoramento, conservação e exploração sustentável. Em regiões de clima quente, como Teresina (PI), o cultivo de pimentas sofre impactos negativos das altas temperaturas, que podem ultrapassar 40 °C e compromete a frutificação. Nesse contexto, compreender a viabilidade polínica é essencial para subsidiar estratégias de manejo e programas de melhoramento genético. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito do horário de coleta e do ambiente sobre a viabilidade polínica de acessos de *Capsicum* do Banco de Germoplasma da UFPI. O experimento foi conduzido em dois ambientes com temperaturas médias de 39,1 °C e 40,8 °C, respectivamente. A viabilidade polínica foi avaliada por meio da coloração com carmim acético a 2%. Foram examinados 150 grãos de pólen por lâmina, em seis lâminas por acesso, totalizando 900 grãos por repetição. A viabilidade foi expressa como a proporção de grãos viáveis em relação ao total analisado. Os dados foram submetidos à ANOVA, e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5%. Os resultados evidenciaram diferenças significativas entre acessos, ambientes e horários de coleta, demonstrando a influência combinada de fatores genéticos e ambientais. O ambiente 1 apresentou os maiores índices de viabilidade, especialmente nas coletas efetuadas às 8h, enquanto no ambiente 2, às 10h, observou-se redução acentuada, associada ao estresse térmico. Entre os acessos, destacou-se BGC-UFPI 224, com maior estabilidade sob altas temperaturas, enquanto BGC-UFPI 100 e BGC-UFPI 257 apresentaram maior sensibilidade, com reduções na taxa de viabilidade de até 68,57%. Esses achados reforçam a necessidade de selecionar genótipos tolerantes ao calor para garantir estabilidade produtiva em regiões de clima quente.

Palavras-chave: altas temperaturas; pólen; pimentas.

Agradecimentos: Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI).