

REVISTA RG NEWS

V.11, N. 2, 2025

Edição especial
Anais VII Simpósio da Rede de Recursos
Genéticos Vegetais do Nordeste

ISSN 2526-8074
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



Revista RG News

Publicação eletrônica oficial da
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos

COMISSÃO EDITORIAL DA REVISTA

Editora Chefe

Fernanda Vidigal Duarte Souza

Editores dos Anais

Raimundo Nonato Oliveira Silva (Editor Chefe)

Área de Caracterização e Avaliação

Hendrie Ferreira Nunes

Área de Coleta e Intercâmbio

Vanessa Gomes de Moura

Área de Conservação

Michelli Ferreira dos Santos

Área de Documentação

Lívia do Vale Martins

Área de Etnobotânica

Marcones Ferreira Costa

Área de Pré-Melhoramento e Melhoramento

Verônica Brito da Silva

DIRETORIA DA SBRG

Presidente

Everton Hilo de Souza (Fundação Getúlio Vargas)

Vice-Presidente

Mariana Pires de Campos Telles (Universidade Federal de Goiás)

Diretor Financeiro

Marcos Aparecido Gimenes (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia)

Vice-Diretor Financeiro

Alexandre Floriani Ramos (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia)

Diretora Técnica e de Divulgação

Fernanda Vidigal Duarte Souza (Embrapa Mandioca e Fruticultura)

Vice-Diretora Técnica e de Divulgação

Maria Teresa Gomes Lopes (Universidade Federal do Amazonas)

Diretora de Curadorias e Redes Regionais

Maria Clorinda Soares Fioravanti (Universidade Federal de Goiás)

Vice-Diretora de Curadorias e Redes Regionais

Ananda Virgínia de Aguiar (Embrapa Florestas)

Diretora de Eventos

Ana Cecília Ribeiro de Castro (Embrapa Agroindústria Tropical)

Vice-Diretora de Eventos

Rita Maria Devos Ganga (Universidade Federal de Goiás)

Secretaria Executiva

Thannya Nascimento Soares (Universidade Federal de Goiás)

Revista de Recursos Genéticos - **RG News**

Brasília, DF

V.11 (22), 137p. 2025

ISSN 2526-8074

Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos

Edição especial - Anais do VII Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste

(Edição Digital)

Capa: Bruna dos Santos Torres e Josué Francisco da Silva Júnior, a partir de artesanato de palha de carnaúba e buriti confeccionado pelos artesãos da Comunidade Buritis, em Buriti dos Montes e da Ilha Grande de Santa Isabel, PI.

Composição: Aurinete Daienn Borges do Val

Foto: João Victor Silva Fernandes

É permitida a reprodução parcial, desde que citada a fonte.

Editada por



Revista RG News

v. 11, n. 2., 2025

APRESENTAÇÃO

Esta edição especial da RG News é dedicada à publicação dos Anais do **VII Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste** (RGVNE), realizado no período de 28 a 31 de outubro de 2025, na Universidade Federal do Piauí (UFPI), em Teresina, PI. O evento é promovido pela Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos (SBRG) e RGVNE e é organizado pela UFPI, em parceria com a Universidade Federal do Delta do Parnaíba (UFDPar), a Universidade Estadual do Piauí (UESPI) e a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), por meio de seis das suas unidades no Nordeste: Embrapa Meio-Norte (Teresina, PI), Embrapa Alimentos e Territórios (Maceió, AL), Embrapa Tabuleiros Costeiros (Aracaju, SE), Embrapa Algodão (Campina Grande, PB), Embrapa Agroindústria Tropical (Fortaleza, CE) e Embrapa Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas, BA).

O VII Simpósio da RGVNE tem como tema *Mudanças climáticas e combate à fome: desafios para os bancos genéticos e comunidades rurais*. O evento possui o objetivo, entre outros, de promover a troca de experiência e informações por meio da discussão técnica e científica entre pesquisadores, professores, especialistas, sociedade civil, estudantes e grupos com interesse pelo tema; fortalecer e integrar as instituições públicas federais, estaduais e privadas, assim como organizações não governamentais, agricultores, comunidades tradicionais, povos primitivos e movimentos sociais; e treinar estudantes de graduação e pós-graduação, por meio da realização de minicursos, conforme programação do evento. Os desdobramentos e discussões promovidas durante o Simpósio visam a criar um vínculo direto com a prospecção, a identificação e o conhecimento/reconhecimento do uso da sociobiodiversidade na alimentação e no respeito à territorialidade e aos hábitos alimentares de agricultores, povos indígenas e comunidades tradicionais.

Estes Anais são constituídos pelos 110 resumos dos trabalhos apresentados durante o evento nas seguintes áreas dos recursos genéticos: Coleta e Intercâmbio; Etnobotânica; Caracterização e Avaliação; Conservação; Documentação; Pré-melhoramento e Melhoramento. Os trabalhos representam a riqueza dos recursos genéticos vegetais do Nordeste sumarizada pelos resultados de importantes pesquisas conduzidas por diferentes instituições da Região.

Tenham todos uma excelente leitura!

Os Editores

Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste (RGVNE) – Gestão 2024-2025

Presidente

Jardel Oliveira Santos (Universidade Federal do Piauí - UFPI)

Vice-Presidente

Marleide Magalhães de Andrade Lima (Embrapa Algodão)

Secretário

José Geraldo de Aquino Assis (Universidade Federal da Bahia - UFBA)

Conselho Consultivo

Fernanda Vidigal Duarte Souza (Embrapa Mandioca e Fruticultura)

Josué Francisco da Silva Júnior (Embrapa Tabuleiros Costeiros)

Manoel Abílio de Queiróz (Universidade do Estado da Bahia – UNEB)

Semíramis Rabelo Ramalho Ramos (Embrapa Alimentos e Territórios)

VII Simpósio da Rede de Recursos Genéticos Vegetais do Nordeste - 2025

Comissão Organizadora

Presidente

Jardel Oliveira Santos (Universidade Federal do Piauí - UFPI)

Vice-Presidente

Francilene Leonel Campos (Universidade Federal do Delta do Parnaíba - UFDPar)

Secretaria

Aurinete Daienn Borges do Val (Universidade Estadual do Piauí - UESPI) – 1^a Secretária

Elisângela Maria de Siqueira (Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos - SBRG) – 2^a Secretária

Tesouraria

Marleide Magalhães Andrade Lima (Embrapa Algodão)

Comissão Técnico-Científica

Coordenação: Raimundo Nonato Oliveira Silva (UFPI)

Ana Cecília Ribeiro de Castro (Embrapa Agroindústria Tropical)

Ângela Celis de Almeida Lopes (UFPI)

Fernanda Vidigal Duarte Souza (Embrapa Mandioca e Fruticultura)

Hendrie Ferreira Nunes (UFPI)

Jardel Oliveira Santos (UFPI)

Josué Francisco da Silva Júnior (Embrapa Tabuleiros Costeiros)

Lívia do Vale Martins (UFPI)

Marcones Ferreira Costa (UFPI)

Marleide Magalhães Andrade Lima (Embrapa Algodão)

Michelli Ferreira dos Santos (UFPI)

Regina Lúcia Ferreira Gomes (UFPI)

Semíramis Rabelo Ramalho Ramos (Embrapa Alimentos e Territórios)

Silvokleio da Costa Silva (UFPI)

Vanessa Gomes de Moura (Instituto Federal do Piauí - IFPI)

Verônica Brito da Silva (UFPI) – Coordenação dos Minicursos

Revisores Ad hoc

Ana Cecília Ribeiro de Castro (Embrapa Agroindústria Tropical)

Ana da Silva Lédo (Embrapa Tabuleiros Costeiros)

Ana Veruska Cruz da Silva (Embrapa Tabuleiros Costeiros)

Ângela Celis de Almeida Lopes (UFPI)

Angélica Virgínia Valois Montarroyos (Universidade Federal Rural de Pernambuco - UFRPE)

Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini (Universidade Federal do Ceará - UFC)

Carlos Humberto Aires Matos Filho (UFPI)

Christiane Mendes Cassimiro Ramirez (Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização

Fundiária – Empaer-PB)

Dalva Maria da Mota (Embrapa Amazônia Oriental)

Diego Fernando Marmolejo Cortês (Universidade Federal do Recôncavo da Bahia – UFRB)

Emanuelle Araújo (Instituto Agronômico de Pernambuco - IPA)

Everton Hilo de Souza (Fundação Getúlio Vargas - FGV)

Eurico Eduardo Pinto de Lemos (Universidade Federal de Alagoas - UFAL)

Fernanda Vidigal Duarte Souza (Embrapa Mandioca e Fruticultura)

Hellen Cristina da Paixão Moura (UFRB)

João Gomes da Costa (Embrapa Alimentos e Territórios)

José Geraldo de Aquino Assis (UFBA)

José Ribamar de Assunção Filho (Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Maranhão - IFMA)

Josué Francisco da Silva Júnior (Embrapa Tabuleiros Costeiros)

Laís dos Santos Neri da Silva (Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Piauí – IFPI)

Leane Fialho de Melo (Secretaria de Desenvolvimento Rural e Recursos Hídricos do Crato, CE)

Lindomar Maria da Silveira (Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA)

Lívia do Vale Martins (UFPI)

Luciana Gomes Oliveira (IPA)

Marleide Magalhães de Andrade Lima (Embrapa Algodão)

Marcones Ferreira Costa (UFPI)

Márcia Vieira de Sousa (UFPI)

Maurisrael de Moura Rocha (Embrapa Meio-Norte)

Michelli Ferreira dos Santos (UFPI)

Patrícia do Nascimento Bordallo (Embrapa Agroindústria Tropical)

Priscila Alves Barroso (UFPI)
Raimundo Nonato Oliveira Silva (UFPI)
Regina Lúcia Ferreira Gomes (UFPI)
Semíramis Rabelo Ramalho Ramos (Embrapa Alimentos e Territórios)
Solranny Carla Cavalcante Costa e Silva (UESPI)
Verônica Brito da Silva (UFPI)
Vivian Loges (UFRPE)

Comissão de Captação de Recursos

Coordenação: Semíramis Rabelo Ramalho Ramos (Embrapa Alimentos e Territórios)
Ana Cecília Ribeiro de Castro (Embrapa Agroindústria Tropical)
Aurinete Daienn Borges do Val (UESPI)
Jardel Oliveira Santos (UFPI)
Josué Francisco da Silva Júnior (Embrapa Tabuleiros Costeiros)
Marleide Magalhães de Andrade Lima (Embrapa Algodão)
Regina Lúcia Ferreira Gomes (UFPI)
Ricardo Elesbão Alves (Embrapa Alimentos e Territórios)

Comissão de Comunicação e Divulgação

Coordenação: Josué Francisco da Silva Júnior (Embrapa Tabuleiros Costeiros)
Aurinete Daienn Borges do Val (UESPI)
Bruna dos Santos Torres (UFPI)
Fernanda Vidigal Duarte Souza (Embrapa Mandioca e Fruticultura)
Franciel Araújo Silva (UESPI)
Jardel Oliveira Santos (UFPI)
José Geraldo de Aquino Assis (UFBA)
Júnia Mariza Alves Araújo (UFPI)
Kathully Karolaine Brito Torres (UFPI)
Luenne da Silva Costa (UFPI)
Márcia Vieira de Sousa (UFPI)
Marleide Magalhães de Andrade Lima (Embrapa Algodão)
Semíramis Rabelo Ramalho Ramos (Embrapa Alimentos e Territórios)
Vanessa Gomes de Moura (IFPI/UFPI)

Comissão de Estrutura, Logística e Organização

Coordenação: Verônica Brito da Silva (UFPI)

Anna Beatriz do Santos Silva (UFPI)

Aurinete Daienn Borges do Val (UESPI)

Artur Mendes Medeiros (UFPI)

Deivison Borges da Silva Almeida (UFPI)

Elais do Nascimento Santos (UFPI)

Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos (UFPI)

Franciel Araújo Silva (UESPI)

Giovana Bezerra França (UFPI)

Grazielly Santos da Silva (UFPI)

Heyd Yohana Angela Portela (UFPI)

João Gilberto Soares Xavier (UFPI)

Josieli Lima da Silva (UFPI)

Karla Annielle da Silva Bernardo Brito (UFPI)

Laureana Luiza Oliveira da Silva (UFPI)

Luana Ribeiro da Silva (UFPI)

Marcones Ferreira Costa (UFPI)

Marcos Vinícius Carvalho de Castro (UFPI)

Marlon Manoel Pereira Rocha (UFPI)

Michelli Ferreira dos Santos (UFPI)

Raissa Matos Monção (UFPI)

Comissão de Visitas Técnicas

Coordenação: Francilene Leonel Campos (UFDPar) e Marcones Ferreira Costa (UFPI)

Ângela Celis de Almeida Lopes (UFPI)

Eugênio Celso Emérito de Araújo (Embrapa Meio-Norte)

Lúcio Flavo Lopes Vasconcelos (Embrapa Meio-Norte)

Paulo Sarmanho da Costa Lima (Embrapa Meio-Norte)

Regina Lúcia Ferreira Gomes (UFPI)

Teresa Cristina (Centro de Educação Ambiental)

I Feira da Biodiversidade e Encontro de Saberes da Fartura: Sementes, Territórios e Resistência

Coordenação: Valdinar Bezerra dos Santos (UESPI)

Ângela Célis de Almeida Lopes (UFPI)

Aurinete Daienn Borges do Val (UESPI)

Edmilson Gomes de Oliveira (IFPI)

Carlota Joaquina de Sousa Rosal Soares (SDR-Teresina)

Cristiane Lopes Carneiro d'Albuquerque (CCT-UFPI)

Deivison Borge da Silva Almeida (UFPI)

Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos (UFPI)

Francilene Leonel Campos (UFDPar)

Edmilson Gomes de Oliveira (IFPI)

Jardel Oliveira Santos (UFPI)

José Maria Saraiva (Centro Regional de Assessoria e Capacitação - CERAC-PI)

Regina Lúcia Ferreira Gomes (UFPI)

Monitoria

Anna Beatriz dos Santos Silva (UFPI)

Bruna dos Santos Torres (UFPI)

Deivison Borge da Silva Almeida (UFPI)

Elais do Nascimento Santos (UFPI)

Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos (UFPI)

Franciel Araújo Silva (UESPI)

Giovana Bezerra França (UFPI)

Grazielly Santos da Silva (UFPI)

Heyd Yohana Angelo Portela (UFPI)

João Gilberto Soares Xavier (UFPI)

João Vitor Moraes Sousa (UFPI)

Jordana Resende de Melo (UFPI)

Josieli Lima da Silva (UFPI)

Karla Annielle da Silva Bernardo Brito (UFPI)

Kathully Karolaine Brito Torres (UFPI)

Laureana Luiza Oliveira da Silva (UFPI)

Loane Costa Sampaio (UFPI)

Luana Ribeiro da Silva (UFPI)

Luenne da Silva Costa (UFPI)

Márcia Vieira de Sousa (UFPI)

Marcos Vinícius Carvalho de Castro (UFPI)

Maria Luiza Gomes Carvalho (UFPI)

Mariana Gomes Adriano (UFPI)

Marlon Manoel Pereira Rocha (UFPI)

Raissa Matos Monção (UFPI)

Valdenilson Soares da Silva (UFPI)

SUMÁRIO

Página

COLETA E INTERCÂMBIO

Enriquecimento do Banco Ativo de Germoplasma de Mamona da Embrapa	21
---	----

ETNOBOTÂNICA

Divulgação da ciência em escolas e comunidades rurais	23
Etnobiologia do feijão-fava no sertão do Piauí: perfil socioeconômico, práticas de manejo e destino da produção	24
Etnobotânica escolar e recursos genéticos vegetais: experiências educativas com plantas medicinais no Ceará	25
Levantamento de recursos genéticos vegetais comercializados no município de Caxias, MA	26
Ocorrência de frutíferas nativas comercializadas em feiras-livres da cidade de Maceió, Alagoas	27
Perfil socioeconômico dos feirantes de hortaliças na cidade de Caxias, MA.....	28

CONSERVAÇÃO

A importância do banco de germoplasma e das casas de sementes na conservação da biodiversidade agrícola: uma abordagem educativa na EJA	30
Abordagens biotecnológicas para a eliminação do complexo viral <i>Pineapple mealybug wilt-associated virus</i> (PMWaV) em acessos do BAG Abacaxi da Embrapa	31

Avaliação fenológica de <i>Pachira aquatica</i> como subsídio à conservação da espécie	32
Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i> L.) da Embrapa	33
Biologia reprodutiva de <i>Pseudaraeococcus chlorocarpus</i> R.A.Pontes & Versieux Bromeliaceae endêmica da Mata Atlântica da Bahia e conservada no BAG de Bromélias da Embrapa.....	34
Conservação de recursos genéticos vegetais: experiências comunitárias e saberes tradicionais na cultura do feijão-fava em Pedro II, Piauí.....	35
Conservação e uso de regulador vegetal para quebra de dormência em sementes de <i>P. alata</i> e <i>P. edulis</i>	36
Conservação em longo prazo de meristemas apicais de jenipapeiro	37
Conservação <i>in situ</i> dos recursos genéticos da mangabeira no Território Indígena Potiguara, Paraíba.....	38
Conservação <i>in vitro</i> de espécies de Bromeliaceae endêmicas e ameaçadas da Bahia	39
Influência do período de armazenamento na qualidade fisiológica de sementes de pimentão	40
Uso de bactérias endofíticas do gênero <i>Ananas</i> para redução do crescimento em acessos de abacaxi conservados <i>in vitro</i>	41
Valorização das casas de sementes no estado do Ceará, com feijão-fava: experiências e saberes tradicionais.....	42
Variedades crioulas de abóbora em comunidades rurais de Alagoas: uso e diagnóstico do estado de conservação <i>on farm</i>	43

CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO

Análise da morfologia e fenologia do melão Neve.....	45
Análise de susceptibilidade e prevalência viral em genótipos de abacaxizeiro via técnica RT-qPCR.....	46
Análise multivariada da variabilidade genética em genótipos de pimenteiras	47
Anotação funcional de sequências de <i>Hancornia speciosa</i> visando conservação e melhoramento genético.	48
Associação entre caracteres morfométricos e colorimétricos em sementes de <i>Mimosa</i> spp.....	49
Avaliação da produção de matéria seca de trevo-persa submetido à inoculação com diferentes estirpes de rizóbio	50
Avaliação da qualidade físico-química em acessos de batata-doce cultivadas no Semiárido potiguar.....	51
Avaliação de características morfológicas da biomassa de acessos do BAG de Sisal da Embrapa	52
Avaliação de compostos fenólicos totais em acessos do Banco de Germoplasma Ativo do Cajueiro.....	53
Avaliação de frutos de variedades crioulas de abóbora conservadas por agricultores familiares do Agreste Alagoano.....	54
Avaliação físico-química de frutos do Banco Ativo de Germoplasma de Abacaxi da Embrapa Mandioca e Fruticultura.....	55
Avaliação química de variedades locais de <i>Dioscorea</i> spp. conservadas por agricultores familiares em Alagoas	56
Avaliação do potencial farmacológico da espécie <i>Mimosa pteridifolia</i> (Benth.) em ensaios <i>in vitro</i> e <i>in vivo</i>	57
Avaliação toxicológica e estudo químico do extrato etanólico de sementes <i>Senegalia bahiensis</i> (Benth.) Seigler & Ebinger.....	58
Caracterização citogenética de leguminosas nativas da Caatinga	59
Caracterização e avaliação da germinação <i>in vitro</i> de seis acessos de pimenteira-do-reino (<i>Piper nigrum</i> L.) visando a seleção de genótipos vigorosos	60
Caracterização em acessos de batata-doce por descritores agronômicos	61

Caracterização fenotípica e molecular de genótipos de gergelim resistentes à murcha-de-fusarium.....	62
Caracterização física de sementes do gênero <i>Mimosa</i> spp.	63
Caracterização físico-química de frutos de vinte acessos de cambuí (<i>Myrciaria floribunda</i>)	64
Caracterização morfoagronômica de acessos de gergelim (<i>Sesamum indicum</i> L.)	65
Caracterização morfoagronômica de pimenteiras ornamentais	66
Caracterização morfológica da bananinha-do-mato (<i>Bromelia karatas</i> L.)	67
Caracterização morfológica do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de <i>Passiflora</i> da Embrapa Mandioca e Fruticultura.....	68
Caracterização morfológica dos grãos de pólen e do estigma em <i>Aechmea distichantha</i> Lem. (Bromelioideae, Bromeliaceae)	69
Caracterização morfológica em acessos de mandacaru (<i>Cereus</i> spp.)	70
Colorimetria de clones de rosas do deserto (<i>Adenium</i> spp. Roem. & Schult)	71
Conservação de blocos heterocromáticos no cariótipo de diferentes acessos de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i> L.).....	72
Controle da contaminação de sementes na germinação in vitro de pimenteira-do-reino (<i>Piper nigrum</i> L.)	73
Correlação entre conteúdo de DNA e níveis de ploidia em espécies do gênero <i>Mimosa</i> L. (Leguminosae Juss.)	74
Desempenho de roseiras (<i>Rosa</i> spp) termotolerantes e propagação por estaquia no Piauí	75
Distribuição global de feijões subutilizados: padrões atuais e desafios diante das mudanças climáticas	76
Diversidade genética de acessos do maior e mais antigo banco ativo de germoplasma de <i>Elaeis guineensis</i> Jacq. do Nordeste.....	77
Diversidade genética de matrizes de <i>Anacardium</i> no município de Floriano, Piauí	78
Diversidade genética em genótipos de feijão-fava no Sul Piauiense.....	79
Diversidade morfológica de pedúnculos dos acessos nucleares do Banco Ativo de Germoplasma de Caju da Embrapa Agroindústria Tropical	80

Diversidade de mudas produzidas em viveiro da Zona Norte da cidade de Teresina.....	81
Diversidade fisiológica de sementes crioulas de milho: abordagem estratégica para conservação em coleção de germoplasma	82
Diversidade genética de dez acessos introduzidos no Banco de Germoplasma de Moringa da Embrapa Tabuleiros Costeiros.....	83
Diversidade genética de matrizes de Moringa da região metropolitana de Aracaju-SE.....	84
Estabelecimento de coleção temática em um banco de germoplasma do complexo <i>Saccharum</i>	85
Estimativa da variabilidade genética em genótipos de feijão-fava por meio da análise foliar com o pacote EBImage.....	86
Estudo da divergência fenotípica em bananinha-do-mato (<i>Bromelia karatas</i> L.) com base no agrupamento de Tocher	87
Mapeamento de blocos heterocromáticos e de DNA Ribossomal 5S em leguminosas da Planície Litorânea Piauiense	88
Microbiolização in vitro de mudas de um acesso do BAG Abacaxi e de variedades comerciais	89
Morfometria das flores de clones de rosa-do-deserto (<i>Adenium</i> spp. Roem. & Schult).....	90
Obtenção de progêneres interespécificas para resistência ao <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>Passiflorae</i>	91
Perfil químico e toxicológico de <i>Senegalia tenuifolia</i> (L.) Britton & Rose (Leguminosae Juss.).....	92
Potencial da casca de fruto de <i>Pachira aquatica</i> em substratos ecológicos	93
Rascunho do genoma nuclear de <i>Simarouba versicolor</i> (Simaroubaceae, Sapindales)	94
Recurso genético de <i>Capsicum</i> com potencial ornamental.....	95
Recursos genéticos do cambuizeiro: diversidade genética em populações naturais de Sergipe.....	96
Resíduos vegetais de faveira (<i>Parkia platycephala</i>) como substrato alternativo para produção de hortaliças	97
Revitalização dos acessos de pimenteira-do-reino	98
Termoestabilidade da membrana celular como critério de seleção precoce para tolerância ao calor em feijão-fava	99
Tipo de tutor e nitrogênio no desenvolvimento de clones de pimenteira-do-reino	100
Variabilidade de metabólitos secundários em acessos de mandacaru (<i>Cereus</i> spp.)	101

Variabilidade genética do gênero <i>Spondias</i> L. (Anacardiaceae): uma abordagem <i>in silico</i>	102
Variabilidade genética entre clones de rosa do deserto (<i>Adenium</i> spp. Roem & Schult) a partir da caracterização morfológica floral	103
Viabilidade polínica em acessos de <i>Capsicum</i> sob condições de estresse térmico	104

DOCUMENTAÇÃO

Feijão-fava: inventário da biodiversidade no Banco de Germoplasma de <i>Phaseolus</i> (UFPI)	105
Migração de dados do herbário CNPO da Embrapa Pecuária Sul para o ALELO <i>Herbarium</i>	106

PRÉ-MELHORAMENTO E MELHORAMENTO

Acurácia seletiva e diversidade genética na seleção de genótipos elite de feijão-fava	108
Avaliação do tempo de cozimento em linhagens de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i> L.) cultivados em diferentes condições ambientais.....	109
Caracterização do efeito do estresse térmico na biometria e pigmentos foliares de genótipos de feijão-fava	110
Caracterização físico-química de linhagens de feijão fava cultivadas em diferentes ambientes.....	111
Controle biológico de fitonematoídes por diferentes espécies de <i>Bacillus</i> spp. no acesso de feijão fava Boca de moça (1235-UFPI)	112
Desempenho agroindustrial de clones de cana-de-açúcar provenientes de acessos de banco de germoplasma.....	113
Desempenho agronômico de linhagens de feijão-fava com hábito de crescimento indeterminado estimado por modelos mistos.....	114
Desempenho agronômico de linhagens de feijão-fava do Banco de Germoplasma da UFPI	115
Divergência genética entre acessos de feijão-caupi com base em descritores da semente.....	116
Efeito das variáveis climáticas sobre hibridações entre acessos de <i>Capsicum annuum</i> L.	117
Efeito da enxertia em porta-enxertos resistentes a <i>Meloidogyne incognita</i> na morfologia de plantas de melão amarelo	118
Família gênica ACO em <i>Solanum lycopersicum</i> : identificação e caracterização genômica estrutural	119

Família gênica NBS-LRR em <i>Solanum lycopersicoides</i> : identificação e caracterização genômica estrutural	120
Germinação de sementes de híbridos intergenéricos de mamoeiro entre dois acessos do BAG Mamão da Embrapa Mandioca e Fruticultura.....	121
Identificação genômica e caracterização <i>in silico</i> de genes da família ACS em <i>Solanum lycopersicum</i> e seu parente selvagem tolerante à seca, <i>S. pennellii</i>	122
Influência das condições climáticas no sucesso de autofecundação em <i>Capsicum annuum</i> L.	123
Levantamento das espécies de Passifloraceae na região Sul do Maranhão	124
O que falta para a fava? Estudo prospectivo sobre demandas técnicas e desafios para o cultivo de <i>Phaseolus lunatus</i> L. no Brasil	125
Potencial genético de feijão-fava para tolerância às altas temperaturas	126
Qualidade pós-colheita de híbridos de melão amarelo enxertados em porta-enxertos resistentes a <i>Meloidogyne incognita</i>	127
Qualidade pós-colheita de linhagens de melão amarelo em condições semiáridas.....	128
Respostas fisiológicas e morfoagronômicas de genótipos de feijão-fava sob estresse térmico	129
Resposta de linhagens de feijão-fava à inoculação com bactérias promotoras de crescimento de plantas ..	130
Seleção de linhas puras de feijão-fava para caracteres nutricionais	131
Seleção para caracteres agronômicos em populações F ₉ de feijão-fava.....	132
Uso de germoplasma de <i>Vasconcellea quercifolia</i> para ampliação da variabilidade genética de <i>Carica papaya</i> L. visando introgessão de genes de resistência ao PRSV-P	133
Variação no teor de ácido cianídrico de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i> L.) em diferentes ambientes	134

Coleta e Intercâmbio





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: Coleta e Intercâmbio

ENRIQUECIMENTO DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MAMONA DA EMBRAPA

Gisele Maria Alves Eugênio^{1,2}; Adeilton Silva Brito^{1,2}; Regina Wanessa Geraldo Cavalcanti Lima³; Márcia Barreto de Medeiros Nóbrega^{4*}

¹Universidade Estadual da Paraíba - Aluno de graduação. ²Bolsista do convênio Embrapa/CNPq. ³Doutoranda em Engenharia Ambiental - PPGCTA/UEPB Programa de Pós-Graduação em Ciências e Tecnologia Ambiental. ⁴Pesquisadora Embrapa Algodão *marcia.nobrega@embrapa.br

O enriquecimento de bancos ativos de germoplasma (BAG) é essencial para ampliar a variabilidade genética, agregar características de interesse e conservar recursos genéticos ainda não representados em coleções. No Banco Ativo de Germoplasma de Mamona (*Ricinus communis* L.) – BAG-M, vinculado ao projeto REGEN da Embrapa, o processo ocorreu entre 2023 e 2025 por meio da introdução de acessos coletados em populações espontâneas e em áreas de cultivo comercial. Foram priorizadas características associadas à resistência a pragas e doenças, como coloração roxa de folhas, relacionada à tolerância à murcha de *Fusarium oxysporum* f. sp. *ricini*, e ao bicho-minador (*Liriomyza trifolii* Burgess), cerosidade em toda a planta, que atua como barreira a insetos fitófagos, como a cigarrinha (*Empoasca flavesrens* Fabricius) e ácaros, e a ginodioicia, característica importante para exploração de heterose. Os acessos foram introduzidos por sementes, estacas e plântulas transplantadas, apresentando variações em cor de folhas e frutos, formato de racemos, cerosidade e deiscência. Em um dos acessos observou-se segregação para ginodioicia, mantida em campo para multiplicação vegetativa e autofecundação. Também foram introduzidas linhagens com cerosidade, descendentes da BRS Energia, obtidas por estacas e sementes de polinização livre em campo irrigado de 300 ha. Foram coletadas sementes de polinização livre de nove plantas, e a linhagem CNPAM 2024-8 foi multiplicada por estacas, com obtenção de sementes autofecundadas destinadas ao plantio na safra 2025/2026. As introduções ginodioicas somaram 23 acessos, sendo 20 descendentes da BRS Energia (CNPAM 2024-15 a 2024-33 e CNPAM 2024-38), das quais algumas já foram clonadas e autofecundadas. Adicionalmente, a linhagem feminina CNPAM 2025-4 derivou do acesso roxo BAG 2024-1, e duas linhagens femininas derivadas da cultivar BRS Paraguaçu foram introduzidas em 2025 por estaquia. Todos os acessos encontram-se em campo para caracterização morfológica e agronômica, multiplicação de sementes e incorporação definitiva ao BAG de mamona da Embrapa Algodão, ampliando o potencial de uso em programas de melhoramento.

Palavras-chave: Germoplasma; *Ricinus Communis*; Melhoramento genético.

Agradecimentos: À Embrapa, ao CNPq e à Universidade Estadual da Paraíba pelo apoio institucional, concessão de bolsas e fomento a pesquisa.



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO



UNIVERSIDADE
FEDERAL
DO DELTA DO Parnaíba

UNIVERSIDADE
FEDERAL DO PIAUÍ

Etnobotânica





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: Etnobotânica

DIVULGAÇÃO DA CIÊNCIA EM ESCOLAS E COMUNIDADES RURAIS

Anna Beatriz dos Santos Silva^{1*}; Matheus Rufino Fernandes Gama¹; João Gilberto Soares Xavier¹; Verônica Brito da Silva¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹

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

A ciência é essencial para o desenvolvimento de diversas áreas e sua divulgação contribui para estimular visão crítica, reflexiva e autônoma das pessoas, questionando fontes, identificando vieses e buscando entendimento aprofundado, em vez de aceitar tudo passivamente. No que lhe concerne, os recursos genéticos vegetais representam a diversidade de plantas com valor inestimável, atual ou potencial, sendo um componente importante da biodiversidade, cuja conservação contribui para a segurança alimentar e a sustentabilidade ambiental. Contudo, temas que abordam recursos genéticos são frequentemente negligenciados nas várias disciplinas. Nesse contexto, no projeto de extensão “Divulgação Científica nas Escolas e Comunidades Rurais”, objetivou-se aproximar o conhecimento acadêmico da educação básica e assim, contribuir com a formação de estudantes, além de disseminar práticas exitosas em comunidades rurais. O projeto foi realizado em quatro escolas públicas de Teresina (PI), por acadêmicos dos cursos de graduação e pós-graduação da Universidade Federal do Piauí, por meio de palestras e atividades interativas, com estudantes da educação básica e escolas agrotécnicas. As ações tiveram participação ativa dos estudantes e duraram cerca de 40 minutos, sendo os resultados avaliados por questionários aplicados antes e depois das atividades realizadas. Dentre os temas abordados, na conservação *ex situ*, 74,1% já tinham ouvido falar sobre o tema, e após as palestras, 96,67% compreenderam a importância dos Bancos Ativos de Germoplasma. Na palestra sobre sementes crioulas, 75% conheciam o assunto e 83,3% sabiam algum conceito, aumentando para 96,77% a proporção de alunos que conseguiram descrever corretamente sua relevância após a atividade. Em relação aos recursos genéticos de plantas forrageiras, 65,2% não souberam responder inicialmente, mas 78,3% acertaram as questões sobre a conservação dessas espécies. No tema recursos genéticos como adubos verdes, houve a implementação de um módulo didático, na Escola Família Agrícola do Soinho, que contribuiu para o melhor entendimento do assunto e promoveu maior interação entre os participantes. No tema microrganismos do solo são recursos genéticos, 35,7% dos estudantes possuíam conhecimento prévio e 42,9% reconheceram sua importância. Quanto à compostagem, 63,3% consideraram o processo moderadamente fácil e 86,6% identificaram corretamente os principais microrganismos envolvidos. Os resultados evidenciam a importância de divulgar temas sobre recursos genéticos, contribuindo para conscientização e melhor formação da comunidade externa e acadêmica da UFPI.

Palavras-chave: difusão do conhecimento; extensão e recursos genéticos.



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 2023 | UFPI-TERESINA

Subárea: Etnobotânica

ETNOBIOLOGIA DO FEIJÃO-FAVA NO SERTÃO DO PIAUÍ: PERFIL SOCIOECONÔMICO, PRÁTICAS DE MANEJO E DESTINO DA PRODUÇÃO

Bruna dos Santos Torres¹; Rôzy Maria Almeida Nunes Carvalho^{1*}; José Ribamar de Sousa Júnior¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹
Raimundo Nonato Oliveira Silva¹

¹Universidade Federal do Piauí. *rozymaria24@gmail.com

A articulação entre Etnobiologia e Recursos Genéticos Vegetais é estratégica para orientar ações de conservação e uso sustentável de *Phaseolus lunatus* no Nordeste brasileiro. Este estudo descreve, a partir de dados primários de campo, o perfil dos produtores, práticas de manejo e destinos da produção em comunidades do Piauí, visando gerar subsídios para a conservação *on-farm* e para políticas de valorização de variedades locais. A pesquisa foi apreciada e aprovada pelo Comitê de Ética em Pesquisa (CAAE: 62003922.4.0000.5660). O banco de dados reúne 74 participantes (idade mediana = 54 anos; IQR: 45–62), com predominância masculina, concentrados sobretudo no município de Tanque (e ocorrências em Barra d'Alcântara, Várzea Grande, Landri Sales e Picos). No eixo produtivo, a área cultivada mediana foi de 2,1 ha (IQR: 1,0–17,5) e a produção mediana por safra atingiu 360 kg (IQR: 180–495), com tempo de experiência acumulado expressivo (anos de cultivo mediana = 29). Quanto ao destino da produção, observou-se vocação simultânea para mercado e segurança alimentar: comercialização (41,7%), subsistência (38,3%) e consumo próprio (20,0%). As práticas de preparo/implantação do roçado incluem majoritariamente “queima” (33,0%), “roçado” (27,8%) e “broca” (21,7%), ao lado de manejos menos frequentes como “capina”, “aração” e “adubação”. Esses resultados evidenciam um agrossistema tradicional de médio porte, com forte memória técnica associada à fava e inserção relevante em circuitos curtos de comercialização. Discutimos que o conjunto de métricas descritivas (hectares, produção, destino) permite priorizar ações de conservação participativa e de melhoria de práticas: (i) fomentar alternativas ao uso do fogo por meio de capacitação em preparo de área e adubação orgânica; (ii) fortalecer circuitos de venda com indicação de procedência e calendário de feiras; e (iii) apoiar bancos comunitários de sementes, valorizando variedades locais de maior aceitação de mercado. Concluímos que a organização dos dados socioeconômicos e produtivos em nível comunitário oferece uma base objetiva para integrar saberes locais a programas de recursos genéticos, orientando tanto a seleção participativa quanto estratégias de políticas públicas (compras institucionais, assistência técnica) voltadas ao feijão-fava no semiárido piauiense.

Palavras-chave: conservação *on-farm*; *Phaseolus lunatus*; saberes tradicionais.

Agradecimentos: CAPES, UFPI, CAFS, CTF



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DO PIAUÍ
- UEPPI
UNIVERSIDADE
FEDERAL DO DELTA DO PARNAIBA

UNIVERSIDADE
FEDERAL DO 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 | UFPPI-TERESINA

Subárea: Etnobotânica

ETNOBOTÂNICA ESCOLAR E RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS: EXPERIÊNCIAS EDUCATIVAS COM PLANTAS MEDICINAIS NO CEARÁ

Maria Juliana Conceição Silva¹; Marley Costa da Silva¹; Gérson Nascimento Costa Ferreira²; Leandro de Menezes Ramos¹; Darlene Maria da Silva^{1*}; Marilha Vieira de Brito^{1*}

¹Escola Estadual de Educação Profissional Professor Sebastião Vasconcelos Sobrinho

²Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo.

*darleneagro@gmail.com.

A etnobotânica é fundamental para os estudos em Recursos Genéticos Vegetais, pois permite compreender como as comunidades utilizam e transmitem o conhecimento tradicional sobre plantas. Nessa perspectiva, foi desenvolvida uma proposta interdisciplinar na Escola Estadual de Educação Profissional Professor Sebastião Vasconcelos Sobrinho, integrando as disciplinas de Geografia, Biologia e Agronegócio, com foco na valorização das plantas medicinais como recurso estratégico para a sustentabilidade e a conservação da diversidade biocultural. A ação contou com 131 estudantes dos cursos de Administração (1º ano), Sistemas de Energia Renovável (1º ano) e Agronegócio (2º ano). A pesquisa seguiu abordagem quantitativa, com aplicação de questionários em bairros urbanos e sítios da zona rural de Tianguá-CE, além de comunidades em Viçosa-CE e Ubajara-CE. Os resultados indicaram que 98% dos participantes utilizam plantas medicinais, sendo que 78% recorrem a elas antes do atendimento médico. As espécies mais citadas foram boldo (25%), erva-cidreira e capim-santo (15% cada), hortelã (9%), aroeira e babosa (8% cada), cravo e alecrim (5% cada), além de jucá, eucalipto, gengibre, goiabeira e alho (2% cada). A folha foi a parte mais utilizada (40%). O saber é transmitido principalmente pelos avós (72%) e pelas mães (20%), reforçando a tradição oral. Quanto ao uso, 95% consomem em forma de chá, 88% cultivam em quintais, 5% compram em feiras e 7% coletam na mata. As principais finalidades do uso das plantas foram: alívio de dores abdominais (30%), dores de cabeça (30%), sintomas gripais (23%), efeito calmante (10%), inchaço (2%) e cólica (2%). Os dados foram organizados em gráficos e apresentados em evento escolar com dinâmicas educativas. Como resultado, implantou-se uma horta medicinal orgânica com boldo, mastruz e malva, adubada com resíduos da merenda escolar compostados pelos alunos de Agronegócio. Foi elaborada uma cartilha que valorizou o saber popular e a integração entre conhecimento científico e tradicional. Assim, a experiência contribui para a formação crítica dos estudantes e para a conservação e o manejo sustentável dos Recursos Genéticos Vegetais, ao promover a documentação, a prática e transmissão do conhecimento etnobotânico nas comunidades locais.

Palavras-chave: Plantas; Saberes; Recursos.

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



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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 2023 | UFPI-TERESINA

Subárea: Etnobotânica

LEVANTAMENTO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS COMERCIALIZADOS NO MUNICÍPIO DE CAXIAS, MA

Maysa Carla da Conceição Sousa¹; Gislanne Brito de Araújo Barros¹; Jardel Oliveira Santos²

¹IFMA, Campus Caxias. ²UFPI, Campus Petrônio Portella. *carlas@acad.ifma.edu.br.

Os recursos genéticos constituem um patrimônio importante que podem trazer funcionalidade em diversos setores, como agricultura e a pecuária. E o setor comercial se beneficia diretamente com os avanços dos Recursos Genéticos Vegetais - RGV. Desta forma, o objetivo desta pesquisa foi descrever os Recursos Genéticos Vegetais – RGV comercializados em feiras e mercados da cidade de Caxias/MA. A metodologia adotada para a pesquisa foi de caráter exploratório e quanti-qualitativo. Os ambientes em que ocorreram a pesquisa foram 7 locais, com uma feira em cada bairro, e uma média de 2 bancas por local. Estimou-se o índice de diversidade, onde foi realizado o agrupamento pela Ligação Média Entre Grupo (UPGMA). Evidenciou-se uma forte comercialização de hortaliças como cebola, tomate, cebolinha e salsa, totalizando pelo menos 30 espécies. De acordo com o dendrograma, constatou-se que feirantes de um mesmo local tendem a comercializar as mesmas hortaliças, o que pode estar relacionado a fatores como oferta de produtos, preços praticados, dinâmica de vendas e o perfil socioeconômico. O fato da grande maioria das hortaliças serem advindas de outros estados, reforça a necessidade de melhorias na agricultura familiar e local, para trazer a produção destes alimentos para a cidade, facilitando a comercialização local. A investigação realizada permitiu delinear um panorama da diversidade de hortaliças disponíveis à população caxiense. Ademais, a presente pesquisa serve de base para futuros estudos que se aprofundem na análise das necessidades estruturais para comercialização de hortaliças nas feiras e no mercado municipal, bem como na avaliação do impacto das práticas agrícolas utilizadas pelos produtores locais sobre a conservação dos RGV's.

Palavras-chave: Recursos Genéticos Vegetais, Melhoramento, Hortaliças.

Agradecimentos: agradeço ao Instituto Federal do Maranhão, IFMA Campus Caxias.



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos

Embrapa

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO





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 | UFRPE-TERESINA

Subárea: Etnobotânica

OCORRÊNCIA DE FRUTÍFERAS NATIVAS COMERCIALIZADAS EM FEIRAS-LIVRES DA CIDADE DE MACEIÓ, ALAGOAS

Alan Douglas Fernandes de Lima^{1*}; João Gomes da Costa²; Isabela Maria da Silva Santos³; Sophia Braz Rodrigues⁴; Semíramis Rabelo Ramalho Ramos⁵.

¹UFAL. ^{2,5}Embrapa Alimentos e Territórios. ^{3,4}IFAL-Maceió. *alandflima@gmail.com

No Brasil, existe grande diversidade de frutíferas nativas que são manejadas por comunidades tradicionais, cujas práticas e saberes no uso deste germoplasma repercutem na conservação das espécies. A comercialização destas frutíferas fortalece o desenvolvimento territorial, a agricultura familiar e ainda promove a segurança alimentar e nutricional das comunidades rurais. Comumente, a comercialização é feita de forma direta pelos agroextrativistas em canais distintos de distribuição. As feiras-livres funcionam como um destes canais e representam oportunidade para os agricultores comercializarem os seus frutos, promoverem a valorização e promoção destas frutas e o fortalecimento e conservação da agrobiodiversidade. O objetivo deste trabalho foi mapear a ocorrência das fruteiras nativas comercializadas na cidade de Maceió, em diferentes safras/meses do ano. Para tanto, considerou-se que a comercialização das frutas na cidade é realizada em diferentes locais, incluindo ruas, feiras e mercados, os quais foram previamente identificados e estratificados, considerando a divisão geográfica e social, que considera os aspectos topografia, história e desenvolvimento urbano, dividindo a cidade em "parte alta" e "parte baixa". Os dados de frequência e ocorrência foram coletados no período de dezembro de 2024 a julho de 2025, em dez pontos de comercialização de frutas em bairros da "parte alta" e "baixa" de Maceió: CEASA, Feira do Benedito Bentes, Feira do Cleto, Feira do Jacintinho, Feira da Jatiúca, Feira do Tabuleiro dos Martins, Feira Livre da Praça Zumbi dos Palmares, Feira Livre da Rua das Árvores, Hortifruti do Centro e Mercado da Produção. Por meio da metodologia denominada "Observação Direta ou não participante", foram identificadas 139 visitas. As seguintes frutas nativas comercializadas nas dez feiras, com respectivas ocorrências no período, foram: caju (*Anacardium occidentale* L.) (11,18%), umbu-cajá (*Spondias spp.*) (1,76%), umbu (*Spondias tuberosa* Arruda) (4,12%), maracujá (*Passiflora edulis* Sims) (21,18%), abacaxi (*Ananas comosus* L.) (14,71%), jabuticaba (*Plinia cauliflora*) (2,94%), pitanga (*Eugenia uniflora* L.) (1,18%), jenipapo (*Genipa americana* L.) (14,71%), cajá (*Spondias mombin* L.) (3,53%), cupuaçu (*Theobroma grandiflorum*) (2,94%) e pitomba (*Talisia esculenta*) (21,76%). Os resultados evidenciam a diversidade de espécies nativas presentes no comércio da capital e reforçam a importância dessas frutas para a valorização da biodiversidade e fortalecimento da economia regional.

Palavras-chave: Agrobiodiversidade; Agricultura familiar; Recursos genéticos

Agradecimentos: Ao Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC)/Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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: Etnobotânica

PERFIL SOCIOECONÔMICO DOS FEIRANTES DE HORTALIÇAS NA CIDADE DE CAXIAS, MA

Maysa Carla da Conceição Sousa¹; Gislanne Brito de Araújo Barros¹; Jardel Oliveira Santos²

¹IFMA, Campus Caxias. ²UFPI, Campus Petrônio Portella.*carlas@acad.ifma.edu.br.

As feiras livres são formas solidificadas para comercialização de produtos agrícolas, e continuam a desempenhar um papel econômico, social e cultural significativo. O objetivo desta pesquisa foi investigar o perfil socioeconômico dos feirantes que realizam a comercialização de hortaliças, no município de Caxias-MA. A metodologia utilizada foi de caráter exploratório e quanti-qualitativo, utilizando a entrevista como instrumento de coleta de dados, em 6 feiras no município. O perfil socioeconômico dos feirantes analisados revelou a predominância de homens com idades entre 26 e 45 anos, majoritariamente naturais do município de Caxias/MA e residentes locais. A necessidade em melhorias e assistência aos comerciantes, demanda a necessidade de mais informações sobre os atores do processo das feiras livres para Caxias, MA. A maioria possui baixa escolaridade, concentrando-se no Ensino Fundamental incompleto, o que reflete limitações na formação educacional e dificuldades na adoção de inovações em suas atividades comerciais. Observou-se que a grande parte se encontra em união estável ou casada, possuindo responsabilidades familiares. Em relação à ocupação, a maior parte atua como feirante intermediário e não como produtor direto. A motivação principal para o trabalho nas feiras está relacionada à necessidade financeira, sendo a atividade uma importante fonte de renda e subsistência. Assim, o perfil evidencia um grupo com baixa escolaridade, atuação autônoma, dependência de fornecedores externos e forte vínculo com o comércio informal na cidade de Caxias, MA.

Palavras-chave: Feiras livres, Comerciantes, Economia.

Agradecimentos: agradeço ao Instituto Federal do Maranhão, Campus Caxias.

Conservação



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: Conservação

A IMPORTÂNCIA DO BANCO DE GERMOPLASMA E DAS CASAS DE SEMENTES NA CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE AGRÍCOLA: UMA ABORDAGEM EDUCATIVA NA EJA

Thyccela Pollyane Campos de Souza^{1*}; Cleiciane Sousa Martins¹; Lana Savia de Carvalho Sousa¹; Bernardo José Silva do Nascimento¹; Francilene Leonel Campos¹

¹Universidade Federal do Delta do Parnaíba. *pthyccela@gmail.com

Os bancos de germoplasmas e as casas de sementes têm um papel fundamental na conservação e no uso sustentável da biodiversidade agrícola. O banco de germoplasma atua como um espaço de preservação e armazenamento de sementes que potencialmente podem ser utilizados em programas de melhoramento genético. Em contrapartida, as casas de sementes realizam a troca, a multiplicação e a preservação das sementes crioulas e tradicionais valorizando o conhecimento dos agricultores e fortalecendo a segurança alimentar. Diante disso, o presente trabalho tem como objetivo mostrar para alunos da Educação de Jovens e Adultos (EJA), de uma escola pública, a importância desses bancos e casas de semente. A atividade foi desenvolvida a partir do projeto “Vamos às Favas!”, utilizando o feijão-fava *Phaseolus lunatus* L. como fonte de demonstração. Diante disso, os alunos participaram de uma discussão introdutória sobre os bancos de germoplasma e casas de sementes compreendendo a importância de cada um na preservação dos recursos genéticos vegetais e das práticas agrícolas tradicionais. Em seguida, os alunos conheceram as variedades de feijão-fava que são conservadas na Universidade Federal do Delta do Parnaíba, observando as diferenças morfológicas entre elas. Essa iniciativa possibilitou aos discentes a oportunidade de relacionarem conhecimento científico ao saber popular, além de contribuir para os recursos genéticos vegetais ao valorizar a conservação e o uso sustentável das espécies cultivadas.

Palavras-chave: Agricultura tradicional; Conhecimento popular; Feijão-fava

Agradecimentos: À UFPar, pela concessão de bolsa de iniciação à extensão.



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: Conservação

ABORDAGENS BIOTECNOLÓGICAS PARA A ELIMINAÇÃO DO COMPLEXO VIRAL PINEAPPLE MEALYBUG WILT-ASSOCIATED VIRUS (PMWAV) EM ACESSOS DO BAG ABACAXI DA EMBRAPA

Andressa Henrique Sousa¹; Adriel Sousa Matos Silva¹; Paulo Henrique da Silva²;
Fernanda Vidigal Duarte Souza^{2*}

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*andressa.henrique.s@gmail.com

O Banco de Abacaxi da Embrapa Mandioca e Fruticultura conta, atualmente, com mais de 750 acessos das variedades botânicas do gênero *Ananas*. Dentre os problemas que acometem os acessos está o complexo viral (PMWaV - Pineapple Mealybug Wilt-Associated Virus) transmitido pelas cochonilhas *Dysmicoccus brevipes* e *D. Neobrevipes*. Essa virose vem causando perdas significativas no BAG Abacaxi e esforços conjugados estão sendo feitos para eliminar este vírus em plantas infectadas e renovar os acessos em campo e manter uma cópia de segurança *in vitro*. Duas técnicas dentro da cultura de tecidos estão sendo usadas com esse objetivo: i) o cultivo de ápices caulinares em dimensões reduzidas (0,5 a 1,0 mm) e ii) a crioterapia, a partir de ápices caulinares expostos à temperatura ultrabaixa (-196°C). Foram analisadas 88 plantas de 19 acessos para o cultivo de ápices e 71 plantas de 4 acessos para técnica de crioterapia. Para a primeira técnica, os ápices foram excisados com tamanhos aproximados de 0,5 mm e inoculados em meio MS suplementado com reguladores de crescimento, sacarose e Phytigel®, e mantidos em sala de crescimento a 25 ± 1 °C, fotoperíodo de 16h e densidade de fluxo de fôtons de 30 µmol/m²/s até atingirem tamanho adequado para indexação. Na crioterapia, os ápices foram pré-cultivados em meio com alta concentração de sacarose, por 48h, seguido da imersão em solução de osmoproteção por 20 min, e na sequência submetidos ao tratamento de vitrificação por 45 min e então inseridos em nitrogênio líquido por 24h. O descongelamento foi feito pela imersão dos ápices em solução de lavagem por 20 min e posterior cultivo em meio MS suplementado com sacarose e Phytigel®, sob as mesmas condições de incubação descritas inicialmente. Foi realizado um estudo comparativo considerando o total de plantas de cada técnica. Para o cultivo de ápices, 80% das plantas foram limpas, já na crioterapia esse índice foi de 89%. Após o cultivo de ápices, foram observadas 11 plantas (12%) com infecção simples, sendo 5 infectadas por PMWaV-1, 1 por PMWaV-2 e 5 por PMWaV-3. Além disso, 7 plantas (8%) apresentaram infecção mista, das quais 6 estavam simultaneamente infectadas por (PMWaV-1 e 3), e 1 por (PMWaV-2 e 3). A crioterapia eliminou totalmente o PMWaV-1 e PMWaV-2, restando apenas 8 plantas (11%) infectadas com o PMWaV-3. Constatou-se então que ambas as técnicas são viáveis para limpeza viral no abacaxizeiro, sendo a crioterapia a mais eficiente e consistente entre os acessos avaliados.

Palavras-chave: Cultivo de ápices; Crioterapia; Abacaxizeiro.

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



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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: Conservação

AVALIAÇÃO FENOLÓGICA DE *Pachira aquatica* COMO SUBSÍDIO À CONSERVAÇÃO DA ESPÉCIE

Ana Livia Moraes de Sousa¹; Mirian Araújo de Oliveira¹; Maicon de Sousa de Paulo;
Vitor Manoel da Costa Felix¹; Darlene Maria Silva¹; Marilha Vieira de Brito¹

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

A *Pachira aquatica*, espécie frutífera nativa de regiões tropicais amplamente distribuída no Brasil reconhecida por sua adaptabilidade, rusticidade e múltiplos usos; como recuperadora de áreas degradadas, além de aplicações alimentares e ecológicas. Por seu potencial como recurso genético vegetal, os estudos fenológicos são essenciais para compreender o comportamento reprodutivo, orientar o manejo sustentável e apoiar ações de conservação e melhoramento genético. Objetivou-se com o presente estudo, avaliar as fases fenológicas de plantas de *Pachira aquatica*, permitindo compreender o ciclo anual da espécie e orientar práticas de manejo e conservação. O estudo foi realizado em plantas já estabelecidas na área de campo do Curso Técnico em Agronegócio da Escola Estadual de Educação Profissional Professor Sebastião Vasconcelos Sobrinho, localizada em Tianguá-CE, no período de agosto de 2024 a julho de 2025. Foram avaliados os seguintes parâmetros fenológicos: renovação foliar, floração, frutificação, maturação e queda de folhas. As observações mensais permitiram caracterizar as principais fases do desenvolvimento fenológico e sua relação com as condições climáticas locais. Os resultados mostraram que o início da renovação foliar ocorreu nos meses de agosto e setembro, marcando o reinício do ciclo vegetativo. A floração foi registrada entre outubro e novembro, seguida pelo surgimento dos primeiros frutos em dezembro. O período de frutificação e maturação ocorreu predominantemente entre janeiro e abril, meses de maior umidade, coincidindo com o regime pluviométrico regional. Entre maio e junho observou-se redução gradual dos processos reprodutivos, culminando no encerramento do ciclo ao final de junho. A *Pachira aquática* apresentou comportamento fenológico bem definido e adaptado ao clima tropical úmido do noroeste cearense, evidenciando plasticidade e potencial para uso em programas de conservação e restauração. O conhecimento de suas fases fenológicas permite definir períodos ideais de coleta de sementes e propagação, fundamentais para estratégias de conservação. Além disso, os dados obtidos reforçam o valor ecológico e genético da espécie, destacando-a como recurso vegetal promissor para sistemas agroecológicos e ações de recuperação ambiental.

Palavras-chave: Fenologia; conservação; Biodiversidade.

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



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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: Conservação

BANCO ATIVO DE GEMOPLASMA (BAG) DE FEIJÃO-FAVA (*Phaseolus lunatus* L.) DA EMBRAPA

Rosa de Belem das Neves Alves¹; Rogério Costa Vieira¹; Marília Lobo Burle¹.

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *rosa.belem@embrapa.br

Phaseolus lunatus L. (Feijão-Fava) provavelmente começou a ser cultivada no Brasil no período colonial, onde se adaptou muito bem, especialmente na região Nordeste. É uma espécie produzida principalmente por agricultores familiares, porém, a conservação *on farm* e o uso local encontram-se sob pressão antrópica, mudanças climáticas e outros fatores de risco. Portanto, o BAG de Feijão-Fava localizado na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, tem como finalidade conservar a variabilidade genética do germoplasma proveniente de todas as regiões geográficas do Brasil para uso na pesquisa científica e para intercâmbio com agricultores, povos e comunidades tradicionais e indígenas. O BAG foi estabelecido em 2009 e atualmente conserva 655 acessos introduzidos de outros países e acessos coletados no Brasil, desde a década de 1960, inclusive com depósitos de coleções antigas, como a da Universidade Federal de Viçosa. Os materiais coletados e os introduzidos são multiplicados e conservados em câmara fria a 10°C e umidade relativa de 30% para posterior caracterização e conservação no Banco Genético. Além disso, o BAG tem realizado intercâmbio com outras instituições de pesquisa e universidades, especialmente com a Universidade Federal do Piauí que possui um importante e único programa de melhoramento de *Phaseolus lunatus* no Brasil. Atualmente, o acervo do BAG possui materiais de 18 unidades da federação (AL, BA, CE, DF, ES, GO, MT, MA, MG, PB, PA, PR, PE, PI, RS, SP, SE e TO) de todas as regiões geográficas brasileiras. Minas Gerais é o estado com o maior número de acessos, 255 no total, seguido da Paraíba com 135 amostras, Tocantins com 86 materiais e o Ceará com 43 acessos. Da região Nordeste, por falta de amostragem, apenas o Rio Grande do Norte não possui materiais no BAG, desta forma, é importante incluir este estado brasileiro nas próximas expedições de coleta. As informações sobre os dados de passaporte, caracterização e número de sementes dos acessos foram inseridas no Sistema Alelo e estão disponíveis para consulta pública. Recentemente, após 16 anos de existência, todo o acervo do BAG foi inventariado para: a identificação de redundâncias; a verificação de acessos sem sementes e a organização e ordenamento dos materiais em prateleiras e caixas, identificáveis por código de barras. Desta forma, o manejo das amostras torna-se mais eficiente, com otimização de tempo e segurança da informação de forma rastreável. Assim, o BAG de Feijão-Fava tem realizado as atividades de enriquecimento, caracterização, multiplicação, conservação, documentação e intercâmbio para garantir a preservação deste relevante e promissor recurso genético.

Palavras-chave: conservação; recursos genéticos; variabilidade genética.



SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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: Conservação

BIOLOGIA REPRODUTIVA DE *Pseudaraeococcus chlorocarpus* R.A.Pontes & Versieux BROMELIACEAE ENDÊMICA DA MATA ATLÂNTICA DA BAHIA E CONSERVADA NO BAG DE BROMÉLIAS DA EMBRAPA

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 biologia floral e reprodutiva desempenha papel central na compreensão das estratégias de conservação das espécies. Em Bromeliaceae, o gênero *Pseudaraeococcus* R.A. Pontes & Versieux, recém-descrito e restrito à Mata Atlântica, para o qual há poucos estudos, demanda a ampliação deste conhecimento sobre sua reprodução para orientar medidas de conservação *in situ* e *ex situ*. Diante do exposto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a viabilidade polínica por meio da germinação *in vitro*, teste histoquímico, receptividade do estigma e sistemas reprodutivos em *Pseudaraeococcus chlorocarpus*. Para as análises de viabilidade, utilizou-se o teste histoquímico com a solução de Alexander e a germinação foi realizada nos dois meios de cultura BM e BK. Tanto o teste histoquímico como a viabilidade e germinação ocorreram em diferentes estádios de desenvolvimento floral. Para a análise da receptividade do estigma, utilizou-se o peróxido de hidrogênio (3%) e a solução de α-naftil-acetato + salt Fast Blue B + acetona; para este, também se utilizaram estigmas nos três estádios florais. O sistema reprodutivo foi investigado por meio de polinizações controladas com cinco flores em cada tratamento (autopolinização natural, autopolinização artificial e agamospermia). A viabilidade dos grãos de pólen variou conforme o estádio de desenvolvimento, mostrando grãos de pólen com alta taxa nos dois meios de cultura durante o estádio de antese (92,0%), seguido da pré-antese (62,3%) e, por fim, de pós-antese (41,0%). Nos testes de viabilidade com a solução de Alexander, o estádio de antese também demonstrou a taxa mais elevada de grãos viáveis. Os resultados alcançados em resposta à receptividade estigmática foram uma resposta positiva muito forte (+++) e forte (++) respectivamente nos estádios de antese e pós-antese, coincidindo com o pico de viabilidade polínica. Os testes de polinização indicaram que a espécie é auto compatível, com formação de sementes tanto em autopolinização natural quanto em polinização artificial, enquanto o tratamento de agamospermia resultou na formação de frutos sem sementes, confirmando a necessidade de polinização para o sucesso reprodutivo da espécie.

Palavras-chave: Bromélia; Biologia reprodutiva; Conservação; Recursos Genéticos Vegetais.

Agradecimentos: Capes, CNPq, FAPESB.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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: Conservação

CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS: EXPERIÊNCIAS COMUNITÁRIAS E SABERES TRADICIONAIS NA CULTURA DO FEIJÃO-FAVA EM PEDRO II, PIAUÍ

Cleiciane Sousa Martins^{1*}; Thyccela Pollyane Campos de Souza¹; Bernardo José Silva do Nascimento¹; Lana Savia de Carvalho Sousa¹; Francilene Leonel Campos¹

¹Universidade Federal do Delta do Parnaíba. *cleicysmartins@gmail.com

A conservação dos recursos genéticos vegetais é essencial para o avanço da pesquisa científica e para o fortalecimento da agricultura familiar, sobretudo em regiões semiáridas. Para a ciência, constitui a base para o desenvolvimento de cultivares mais produtivos, resistentes e adaptados às adversidades climáticas, como altas temperaturas e escassez hídrica. Para os agricultores familiares, garante a preservação de sementes crioulas e locais, assegurando autonomia produtiva, segurança alimentar e a continuidade de práticas agrícolas tradicionais no semiárido. O presente trabalho integra as ações do projeto de extensão “Vamos às Favas?!”, voltado à valorização e conservação do feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), espécie de grande relevância sociocultural e alimentar para o Nordeste brasileiro. O estudo tem como objetivo relatar e analisar as experiências vivenciadas durante visitas técnicas realizadas em março de 2024 à comunidade rural Cabral e à Escola Família Agrícola Santa Ângela (EFASA), ambas situadas no município de Pedro II, Piauí. As atividades buscaram registrar os saberes tradicionais associados ao cultivo e manejo das sementes crioulas, promovendo a integração entre o conhecimento popular e a extensão universitária. A metodologia envolveu visitas técnicas, observação participativa e entrevistas com agricultores e lideranças locais, possibilitando o registro detalhado das práticas de seleção, armazenamento e trocas de sementes. Os resultados indicaram que as casas de sementes funcionam como bancos vivos de germoplasma, fundamentais para a conservação da diversidade genética e para o fortalecimento da autonomia das famílias agricultoras. Observou-se que a seleção das melhores vagens ocorre logo após a colheita, priorizando características como tamanho, cor e sanidade dos grãos, demonstrando um processo empírico de melhoramento contínuo e adaptado às condições do semiárido. Dessa forma, a conservação participativa das sementes crioulas no Piauí representa não apenas uma prática de resistência frente às limitações climáticas, mas também um instrumento estratégico para a manutenção dos recursos genéticos vegetais, garantindo a continuidade da diversidade biológica e cultural, o fortalecimento dos sistemas agrícolas locais e a sustentabilidade da agricultura familiar no semiárido piauiense.

Palavras-chave: Agricultura familiar; Sementes crioulas; Semiárido piauiense.

Agradecimentos: À UFDPar, LAGEVEN e ao Projeto de extensão “Vamos às Favas?!”, pelo apoio institucional, logístico e científico durante a realização das atividades extensionistas.



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: Conservação

CONSERVAÇÃO E USO DE REGULADOR VEGETAL PARA QUEBRA DE DORMÊNCIA EM SEMENTES DE *P. alata* E *P. edulis*

Michele dos Santos Ferreira¹; Tatiana Góes Junghans ²; Andressa Henrique Sousa³;
Fernanda Vidigal Duarte Souza^{2*}

¹Bolsista de DTI do CNPq na Embrapa Mandioca e Fruticultura. ²Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura. ³Mestranda em Recursos Genéticos Vegetais pela Universidade Federal do Recôncavo da Bahia *fernanda.souza@embrapa.br

O gênero *Passiflora* L. reúne espécies de destaque agronômico, como *Passiflora alata* Curtis e *Passiflora edulis* Sims, que possuem valor comercial e potencial para programas de melhoramento genético. A propagação por sementes é predominante no gênero, porém a dormência e a sensibilidade ao armazenamento dificultam a germinação uniforme e a conservação das sementes, especialmente em *P. alata*. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar a conservação e a germinação de sementes dessas duas espécies submetidas a duas condições de desidratação (secagem em ambiente de laboratório e em dessecador com sílica gel) e a duas temperaturas de armazenamento (Nitrogênio Líquido a -196 °C e refrigerador a 5 °C), por um ano, além do uso dos reguladores vegetais GA4+7 + BA na quebra de dormência. As sementes de *P. alata* (BGP 024) e *P. edulis* (BGP 418), foram obtidas de frutos coletados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Mandioca e Fruticultura e submetidas a teste de germinação em caixas do tipo gerbox, mantidas em câmara climatizada no escuro, com temperatura alternada de 20 °C/30 °C (16-8 horas, respectivamente). A análise dos dados indicou que *P. alata* apresenta forte dormência, enquanto *P. edulis* não apresenta resistência à germinação, pois obteve germinação alta e uniforme com ou sem o uso de reguladores, com germinação entre 96% à 99%. Os reguladores vegetais foram eficientes na superação da dormência de *P. alata*, com germinação média de 11% sem regulador, e 72% a 83% com uso do regulador. As sementes das duas espécies toleraram a dessecação, mantendo a viabilidade com conteúdo de água reduzido. As sementes de *P. edulis* podem ser conservadas por um ano tanto em nitrogênio líquido quanto em refrigerador, com conteúdo de água entre 5,6% e 10%. As sementes de *P. alata* podem ser armazenadas por um ano em refrigerador ou em nitrogênio líquido com teor de água de 4,0%, ou mantidas em refrigerador com conteúdo de água de 13,7%. Esses resultados demonstram a viabilidade do uso de reguladores vegetais e de estratégias combinadas de dessecação e armazenamento para a conservação de sementes dessas espécies comerciais.

Palavras-chave: maracujazeiro; melhoramento; criopreservação de sementes.

Agradecimentos: Embrapa Mandioca e Fruticultura; CNPq.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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: Conservação

CONSERVAÇÃO EM LONGO PRAZO DE MERISTEMAS APICAIS DE JENIPAPEIRO

Ana da Silva Lédo^{1*}; Lorena Hellen Santana Carvalho ²; Victor França dos Santos²;
Josué Francisco da Silva Júnior¹; Ana Veruska Cruz da Silva¹

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

O jenipapeiro (*Genipa americana* L.) é uma espécie nativa, não endêmica do Brasil, o e possui significativa importância econômica principalmente na região Nordeste do Brasil. Apresenta múltiplos usos desde o consumo na forma de doces, geleias, como medicinal, na indústria de corante até na recomposição florestal e bioremediação. Sua conservação tem sido realizada ex situ em bancos ativos de germoplasma (BAG) de campo. A aplicação de estratégicas complementares as formas de conservação em campo ou banco de sementes tem sido alvo de diversos programas de recursos genéticos vegetais. A criopreservação de eixos embrionários de acessos de jenipapeiro já foi validada pela Embrapa. Entretanto, protocolos com ápices caulinares e gemas laterais ainda não foram definidos. O presente trabalho teve como objetivo estudar as respostas de ápices caulinares de jenipapeiro à conservação por longo prazo pela técnica de encapsulamento. Como explantes foram utilizados ápices caulinares oriundos de plântulas in vitro do acesso Lagarto do BAG Jenipapo da Embrapa Tabuleiros Costeiros. Após a excisão, os ápices foram imersos em duas soluções matriz de encapsulamento: Matriz de encapsulamento 1: 100 mL de solução de alginato de sódio a 3% em 100 mL de meio MS pleno (100%) e Matriz de encapsulamento 2: 100 mL de solução de alginato de sódio a 3% em 100 mL de meio ½ MS. Em seguida os ápices foram aspirados com auxílio de pipeta e imersos em solução de polimerização contendo 100 mM de cloreto de cálcio, sob agitação por 20 min. As cápsulas foram submetidas à crioproteção com imersão por 24 h em meio líquido MS contendo 0,625 M de sacarose sob agitação de 100 rpm. As cápsulas foram desidratadas em câmara de fluxo laminar por 2 h à temperatura ambiente (25 ± 2 °C). Para o armazenamento em nitrogênio líquido (NL+), foram acondicionadas 5 cápsulas/criotubo. Após sete dias em NL+, as cápsulas foram transferidas para meio de reaquecimento (meio MS com 1,2 M de sacarose) por 10 min em temperatura ambiente. Em seguida, foram inoculadas no meio de regeneração MS gelificado com 3% de sacarose e mantidas no escuro por sete dias. Posteriormente, foram transferidas para sala de crescimento com temperatura de 25 ± 2 °C, sob luz indireta e com umidade relativa média de 70%. Foram estabelecidos controles (NL-) em todas as etapas do processo. Não houve diferença significativa entre as matrizes de encapsulamento quanto à oxidação e viabilidade tanto em NL- e NL+. As matrizes de encapsulamento e o protocolo aplicado foram eficientes com 100% de viabilidade dos ápices caulinares após a criopreservação.

Palavras-chave: *Genipa americana*; criopreservação; frutas nativas.

Agradecimentos: Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq, proc. Cód. 311708/2022-6) e à Embrapa pelo apoio financeiro e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) (Código Financeiro 001).



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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: Conservação

CONSERVAÇÃO *IN SITU* DOS RECURSOS GENÉTICOS DA MANGABEIRA NO TERRITÓRIO INDÍGENA POTIGUARA, PARAÍBA

Josué Francisco da Silva Júnior^{1*}; Dalva Maria da Mota²; Raquel Fernandes de Araújo Rodrigues¹; Heribert Schmitz³; Victor Júnior Lima Félix⁴; Francisco Sanae Antunes Moreira⁵

¹Embrapa Tabuleiros Costeiros. ²Embrapa Amazônia Oriental. ³Universidade Federal do Pará.

⁴Associação ParaíbaMel. ⁵Fundação Nacional dos Povos Indígenas (Funai). * josue.francisco@embrapa.br.

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma espécie com grande importância social, ambiental e econômica para os Tabuleiros Costeiros da Paraíba e, principalmente, para a agroindústria regional, seja pelo extrativismo praticado por inúmeras famílias, as quais são responsáveis pela maior parte do abastecimento da fruta; seja pelas áreas remanescentes que têm diminuído sobremaneira por diferentes fatores. O objetivo desta pesquisa foi realizar o mapeamento dos remanescentes de mangabeira e de comunidades extrativistas de mangaba no Território Indígena Potiguara, localizado no Litoral Norte paraibano, a fim de fornecer subsídios para o aprimoramento e elaboração de políticas públicas que visem à conservação da espécie, das áreas e dos modos de vidas pertinentes a esse povo indígena. O trabalho foi executado com abordagem qualitativa e quantitativa e foram lócus da pesquisa 33 aldeias nos municípios de Baía da Traição, Marcação e Rio Tinto. Os territórios tradicionais das comunidades extrativistas de mangaba foram georreferenciados e mapeados a partir de imagens de satélites, para levantamento de área. Expedições de campo e entrevistas semiestruturadas com atores-chaves foram realizadas para definição do status de conservação das mangabeiras nativas, caracterização da atividade extrativista, identificação das ameaças, oportunidades, demandas e perspectivas quanto às práticas extrativistas e ao acesso aos recursos naturais no território. Os resultados mostraram que os três municípios são responsáveis pela produção de 84% da mangaba do estado da Paraíba e que o povo Potiguara é responsável pela conservação de 205 remanescentes de mangabeira localizados sobre a Grande Unidade de Paisagem dos Tabuleiros Costeiros, o que corresponde a uma área de 5.877,44 ha, em sua maioria com acesso livre aos extrativistas. A essas áreas identificadas neste mapeamento estão vinculadas comunidades de extrativistas que dependem da mangaba como fonte de renda, alimento e sustento. O maior remanescente contíguo está localizado entre as aldeias Grupiúna e Silva de Belém, com 607,13 ha de vegetação nativa de tabuleiro (savana), com expressiva quantidade de mangabeiras e de outras espécies de interesse. As principais ameaças identificadas foram o avanço do cultivo de cana-de-açúcar e a expansão urbana.

Palavras-chave: Biodiversidade; *Hancornia speciosa* Gomes; comunidades tradicionais.

Agradecimentos: Embrapa, Funai, Empaer-PB, 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: Conservação

CONSERVAÇÃO IN VITRO DE ESPÉCIES DE BROMELIACEAE ENDÊMICAS E AMEAÇADAS DA BAHIA

Iasmin Lima dos Santos¹; Thifani Isabela Alves¹; Everton Hilo de Souza¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza².

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Empraba Mandioca e Fruticultura.
*iasmin.lbio@gmail.com.

A conservação de recursos genéticos vegetais é essencial para manter a variabilidade e reduzir a erosão genética em espécies ameaçadas. Nesse contexto, a família Bromeliaceae, caracterizada por alta diversidade e endemismo na Bahia, além de relevância ecológica e econômica, demanda estratégias complementares de preservação. A Embrapa Mandioca e Fruticultura mantém um banco de germoplasma de broméliaceae com mais de 2000 acessos e uma cópia de segurança com 15% dos acessos *in vitro*. A conservação *in vitro* destaca-se nesse processo por assegurar a viabilidade dos explantes e fortalecer programas de conservação *ex situ*. O objetivo deste estudo foi avaliar a eficiência da conservação *in vitro* de oito espécies endêmicas e ameaçadas da Bahia, considerando parâmetros de germinação e desenvolvimento em Banco de Germoplasma *in vitro*. As sementes coletadas em ambiente natural foram germinadas *in vitro* em meio de cultura MS, a 25 ± 1 °C. As plântulas em desenvolvimento foram transferidas para o meio MS/2 e mantidas em sala de conservação (22 ± 1 °C, $22 \mu\text{mol m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ e fotoperíodo de 12 horas). A manutenção só foi realizada apenas na ausência de meio de cultura ou quando mais de 50% das folhas apresentavam senescência. Foram conservadas oito espécies endêmicas da Bahia em diferentes níveis de ameaça: *Lymania brachycaulis*, *Lymania corallina*, *Lymania azurea*, *Lymania globosa* e *Aechmea echinata* (Em Perigo); *Alcantarea nahoumii* e *Tillandsia heubergeri*, (Vulneráveis); e *Hohenbergia edmundoi* (Criticamente em perigo). A taxa de germinação foi acima de 80% para todas as espécies, indicando boa qualidade fisiológica das sementes, com tempo médio de germinação variando de 2 a 15 dias. Durante 5 anos de conservação *in vitro*, observou-se alta taxa de sobrevivência, com mortalidade inferior a duas plantas por acesso. Foram realizados, em média dois subcultivos por ano. A altura média das plantas variou de 2, 6 cm (*A. echinata*) a 10 cm (*H. edmundoi*); o número de folhas verdes, de 7 (*A. echinata*) a 37 (*T. heubergeri*); enquanto o número de folhas senescentes permaneceu reduzido (inferior a 4 por planta). Os resultados confirmam a eficiência do protocolo e o potencial da conservação *in vitro* como estratégia viável de preservação *ex situ* a médio prazo, garantindo viabilidade do material vegetal com baixo número de subcultivos, menor custo e risco de variação, além de subsidiar futuras ações de multiplicação e reintrodução de espécies ameaçadas.

Palavras-chave: Bromeliaceae; Cultivo *in vitro*; Preservação.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPESB, UFRB, 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: Conservação

INFLUÊNCIA DO PERÍODO DE ARMAZENAMENTO NA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE PIMENTÃO

Francisca Aparecida de Sousa Alves^{1*}; Joara Milena da Silva Alves²; Yasmim Dias Nunes Rocha²; Larissa Gabriele Leal Vieira²; Jardel Oliveira Santos²; Raimundo Nonato Oliveira Silva²

¹Escola Municipal Raimundo de Moura Fé.²Universidade Federal Do Piauí.
*francisca.alves.fa@ufpi.edu.br

A cultura do pimentão possui ampla importância alimentar, ornamental e socioeconômica, destacando-se pelo uso no Brasil e no mundo. A eficiência produtiva está diretamente relacionada ao uso de sementes de alta qualidade fisiológica, capazes de assegurar germinação, vigor e elevada produtividade. Nesse contexto, a conservação *ex situ*, aliada a medidas adequadas de armazenamento, é crucial para a manutenção da qualidade fisiológica das sementes e para o uso sustentável desses recursos genéticos. Este estudo teve como objetivo avaliar o desempenho fisiológico de sementes de pimentão (*Capsicum annuum*) conservadas em diferentes períodos, por meio de testes de germinação e vigor. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 3 repetições de 20 sementes cada, utilizando-se lotes de sementes dos anos de 2018, 2021 e 2023. Foram analisados parâmetros como percentagem de germinação, índice de velocidade de germinação, bem como as percentagens de plântulas normais, anormais e sementes não germinadas. Aplicou-se análise de variância, e as médias foram comparadas pelo teste de SNK, a 5% de probabilidade. Os resultados mostraram que o lote de 2023 apresentou maior índice de velocidade de germinação (IVG de 1,57) em comparação ao lote de 2021, que registrou o menor valor (IVG de 0,88). Embora mais recente, as sementes de 2021 apresentaram baixo desenvolvimento, possivelmente em razão de fatores externos, como condições inadequadas de colheita, limpeza e secagem, evidenciando que não apenas o tempo de armazenamento influencia no vigor das sementes. Quanto à percentagem de plântulas normais, o lote de 2023 obteve o maior valor (60%), seguido pelo lote de 2018 (45%) e pelo menor valor no lote de 2021 (36%). Neste último, também foram observados 14% de plântulas anormais e 10% de sementes não germinadas, sugerindo falhas no processo de conservação e resultando em baixa qualidade fisiológica, mesmo sendo mais recente que o lote de 2018. Assim, conclui-se que a qualidade fisiológica das sementes de pimentão apresentou variações significativas entre os períodos de conservação, ressaltando que a manutenção do vigor não depende exclusivamente do tempo de armazenamento, mas também de práticas adequadas de manejo pós-colheita, essenciais para garantir a eficiência da coleção de germoplasma e o uso sustentável desse recurso genético.

Palavras-chave: *Capsicum annuum*; conservação *ex situ*; germoplasma.

Agradecimentos: CAPES e a 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: Conservação

USO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS DO GÊNERO ANANAS PARA REDUÇÃO DO CRESCIMENTO EM ACESSOS DE ABACAXI CONSERVADOS IN VITRO

Andressa Henrique Sousa¹; Cintia Paula Feitosa Souza Araujo²; Adalberto Francisco da Silva Júnior¹; Caroline dos Santos¹; Mirelli dos Santos Souza¹; Fernanda Vidigal Duarte Souza^{2*}

¹Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. ²Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*andressa.henriique.s@gmail.com

A conservação *in vitro* de germoplasma vegetal é uma ferramenta estratégica, como duplicata de segurança, para a preservação de material genético, especialmente em espécies de propagação vegetativa, como o abacaxizeiro. Um dos desafios para este tipo de conservação é reduzir o número de intervenções (subcultivos) a fim de evitar desordens genéticas nas plantas conservadas. Vários fatores são considerados para reduzir o metabolismo das plantas e reduzir seu crescimento. A utilização de bactérias endofíticas associadas ao gênero *Ananas* surge como abordagem inovadora para induzir essa redução metabólica em plantas micropropagadas. Ensaios preliminares com variedades comerciais mostraram este efeito. Neste sentido, este trabalho teve como objetivo, avaliar o potencial de isolados bacterianos, oriundos do microbioma associado ao gênero *Ananas*, na redução do crescimento de acessos de abacaxizeiro *in vitro*. Foram utilizados 3 acessos: BGA 29, BGA 174 e BGA 635, submetidos a dois tratamentos com isolados bacterianos (BAC 25 e BAC 222) e a um controle sem inoculação. As plantas foram transferidas para tubos de ensaio contendo 15 gramas de substrato aos quais foram adicionados 5 mL de meio MS e 1mL do respectivo inóculo bacteriano, ajustado a concentração de 10^8 UFC mL⁻¹. Os tubos foram mantidos em condições controladas de incubação, temperatura de 20 ± 1 °C, fotoperíodo de 12 horas e densidade de fluxo de fôtons de $20 \mu\text{mol}/\text{m}^2/\text{s}^{-1}$. As avaliações foram realizadas a cada 30 dias até completar um período de 120 dias. As variáveis avaliadas foram: número de folhas; altura da planta (cm); vigor e sobrevivência. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$). O acesso BGA 29 apresentou 88% de sobrevivência aos 120 dias, diferindo dos acessos BGA 174 e BGA 635, que apresentaram 76% e 52%, respectivamente, ao final das avaliações. A interação acesso x bactéria não resultou em diferenças significativas para altura, número de folhas e vigor, quando comparado ao controle. Desta forma, não foi observado à redução do crescimento nas plantas com uso dos isolados no tempo da avaliação. Esses mesmos isolados estão sendo testados em outros acessos já que a genótipo dependência parece ser um dos fatores responsáveis por este resultado, assim como outros isolados serão igualmente avaliados.

Palavras-chave: Microbiolização; Abacaxizeiro; Conservação.

Agradecimentos: FAPESB, CNPq, UFRB e a 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: Conservação

VALORIZAÇÃO DAS CASAS DE SEMENTES NO ESTADO DO CEARÁ, COM FEIJÃO-FAVA: EXPERIÊNCIAS E SABERES TRADICIONAIS

Bernardo José Silva do Nascimento¹; Cleiciane Sousa Martins¹; Thyccela
Pollyane Campos de Souza¹; Lana Savia de Carvalho Sousa¹; Francilene Leonel
Campos¹

¹ Universidade Federal do Delta do Parnaíba; bernardosn2020@gmail.com ^{1*}

O trabalho realizado agrega a sustentabilidade, manejo tradicional, agricultura familiar e segurança alimentar para diferentes variedades de cultivos tradicionais e está vinculado ao projeto de extensão “Vamos às Favas?” desenvolvido na UFDPar, a iniciativa contribui para a criação do banco germoplasma da universidade, ampliando a conservação científica do (*Phaseolus lunatus L.*). A pesquisa foi realizada no município de Tianguá-CE, localizado na Serra da Ibiapaba, no ano de 2023. O objetivo foi mapear casas de sementes comunitárias em cidades circunvizinhas à área de preservação ambiental (APA) do Delta do Parnaíba, que possuíssem variedades crioulas de feijão-fava (*Phaseolus lunatus L.*). O inventário contemplou quatro unidades familiares de produção, nos assentamentos de Nova Esperança, Sítio Areia Branca, Val-Paraíso e Santa Madalena, distritos guardiões na conservação e no cultivo tradicional da fava. Constatou-se que nestas comunidades as sementes de feijão-fava são geralmente armazenadas em garrafas PET, mantidas em casas de farinha ou casas comunitárias por até dois anos. O ciclo de renovação ocorre nas primeiras chuvas em consórcio com outras culturas, como milho e mandioca, diversificando a produtividade agrícola e a sustentabilidade. Verificou-se que a colheita destinava-se, prioritariamente, ao autoconsumo e que a comercialização estava restrita, devido à baixa produtividade, resumida na expressão local “plantar para não perder a semente”. Constatou-se significativa participação feminina, sobretudo no processo de seleção das sementes e renovação, evidenciando a relevância social e cultural do trabalho das agricultoras familiares na preservação da agrobiodiversidade regional. Obteve-se a doação de amostras destas sementes, ampliando o banco de germoplasma em construção da espécie na Universidade Federal do Delta do Parnaíba (UFDPar). O inventário realizado reforça a importância das casas de sementes como espaços coletivos de conservação e de fortalecimento da agricultura familiar, demonstrando o papel essencial do saber tradicional no manejo e na continuidade do cultivo do feijão-fava na região da Ibiapaba, além de representar um avanço significativo para a área de recursos genéticos, uma vez que possibilita a coleta, a caracterização e a conservação de variedades crioulas.

Palavras-chave: Agricultura familiar; Agrobiodiversidade; Sementes tradicionais; .

Agradecimentos: À UFDPar e ao Projeto “Vamos às Favas?!” pela concessão de bolsa de iniciação à extensão.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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: Conservação

VARIEDADES CRIOULAS DE ABÓBORA EM COMUNIDADES RURAIS DE ALAGOAS: USO E DIAGNÓSTICO DO ESTADO DE CONSERVAÇÃO *ON FARM*

Semíramis Rabelo Ramalho Ramos^{1*}; João Gomes da Costa²; Bárbara França Dantas³; Francislene Angelotti⁴; Isabela Maria da Silva Santos⁵

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

O cultivo de abóbora na região Nordeste gera renda e emprego para agricultores familiares sendo realizado, majoritariamente, com sementes das variedades crioulas. Este trabalho teve por objetivo realizar o diagnóstico do uso e conservação *on farm* das variedades crioulas de abóbora manejadas por agricultores familiares da região agreste de Alagoas. Foram selecionadas, mediante critérios, 35 famílias de duas comunidades localizadas no município de Estrela de Alagoas, sendo 15 famílias identificadas na comunidade 1 e 20 famílias na comunidade 2. Por meio de Diagnóstico Participativo (DRP) foram identificadas forma de cultivo e uso do germoplasma, inclusive na alimentação, fragilidades do sistema de cultivo e desafios da conservação das sementes. Além disso, foram também coletadas amostras de sementes para avaliar a qualidade física, fisiológica e sanitária. Constatou-se que o plantio era realizado nas primeiras chuvas do ano (abril/maio), com poucas plantas, em sistema de consorcio com milho, feijão-de-arranca, fava, macaxeira, entre outras, sem utilização de fertilizantes químicos ou inseticidas. Frutos eram colhidos sem completa maturação e as sementes processadas sem lavagem previa e cuja secagem declarada ser 100% sob sol direto. Não foi identificada ameaça à substituição das variedades crioulas por híbridos e variedades comerciais, apesar de ter sido identificada em uma das comunidades a mistura de sementes comerciais com variedades crioulas para plantio. Não foi identificado risco de contaminação das sementes crioulas com material transgênico. Identificou-se como limitação a falta de apoio técnico para os agricultores guardiões. Constatou-se uso limitado do consumo na alimentação, reduzido a poucas preparações culinárias. Verificou-se grande variação da qualidade física e fisiológica das sementes amostradas, as quais expressaram diferenças tanto entre os agricultores quanto entre as duas comunidades em relação às práticas adotadas na produção e manejo das sementes de abóbora. Constatou-se que todas as sementes avaliadas apresentaram a presença de fungos a elas associados sendo que os gêneros *Aspergillus* e *Rhizopus* estavam presentes em 100% das amostras de sementes de abóbora avaliadas. O diagnóstico realizado dará base para a elaboração de estratégias para melhoria e/ou fortalecimento da conservação *on farm*.

Palavras-chave: *Cucurbita moschata* D.; agrobiodiversidade; sementes tradicionais

Agradecimentos: ao Ministério do Desenvolvimento Agrário e Agricultura Familiar pelo apoio e contribuição para o desenvolvimento deste trabalho e a Associação dos Agricultores Alternativos (AAGRA)



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA



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 | UFPPI-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 semeadura 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 semeadura 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 semeadura. O surgimento do primeiro par de folhas verdadeiras ocorreu no nono dia 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 semeadura e frutificação ocorrendo dez dias após antese. A primeira colheita de frutos aconteceu 70 dias após a semeadura. 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 ≤ 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



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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 Lédo¹, 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 genética, 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 genética 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- transcripcional. 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 genética.

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 simbiontes associadas às raízes de leguminosas. Por meio desse processo, esses procariôntes são capazes de converter o nitrogênio atmosférico (N_2) em formas absorvíveis pelas plantas, como a amônia (NH_4). 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 Gonçalves¹; Paola G. Feijó, Tainá S. Gularde, 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 ofertem 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 Agronômicas 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-Ciocalteau, 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. ⁵UFAL. *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 agronômicos, 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 (COMPFR-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 (AlCl_3), teor de antocianinas e atividade antioxidante pelo ensaio DPPH (CE_{50}). Os dados, analisados por ANOVA e Scott-Knott ($p<0,05$), revelaram variação significativa, com a CE_{50} entre 365,75 e 735,91 $\mu\text{g/mL}$. 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*

Kuan Ferreira da Rocha¹; Ezequias dos Reis Sousa^{1*}; Marcones Ferreira Costa¹; Maria do Carmo Gomes Lustosa¹; Elisângela Cláudia Alves de Oliveira²; Lívia 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 naúplios. 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).



SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO





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 (CL_{50}), 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 $\mu\text{g/mL}$) do extrato, inibiram a taxa de sobrevivência dos náuplios em relação ao CN (solução salina), evidenciando um potencial tóxico. Já as menores concentrações (125, 62,5 e 31,25 $\mu\text{g/mL}$) apresentaram efeitos semelhantes ao controle, não havendo diferença significativa sendo, portanto, não tóxicas. O valor de CL_{50} foi de 166,2 $\mu\text{g/mL}$, 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 $\mu\text{g/mL}$). 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 | UFPPI-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 Ferrreira 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 isso, 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.



SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO



UNIVERSIDADE FEDERAL
DO DELTA DO Parnaíba



UNIVERSIDADE
FEDERAL DO 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

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; Winicios 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, Iaçá, 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 Iaçá 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 Iaçá, 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 sadias 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.



SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO



UNIVERSIDADE FEDERAL
DO DELTA DO Parnaíba



UNIVERSIDADE
FEDERAL DO 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

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 Agronômicas 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 agronômicas 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 agronômicas 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 (CRMF). 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. caesalpiniifolia* 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. caesalpiniifolia* 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 agrioce 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; Lívia 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. *jeeovani.almeida@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 agronômica 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, oblato-simétricos e apresentam abertura biporada, variando quanto à vista equatorial: $53,10 \pm 2,75$ / $41,51 \pm 2,29$ μm ; e à vista polar: $37,41 \pm 0,63$ μm / $25,84 \pm 1,4$ μm . Com exina microrreticulada, com espessura variando de $1,01 \pm 2,20$ μm . 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 Barros¹; 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 HETEROCHROMÁTICOS 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; Lívia 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 núcleo) 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 laçára 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; Lívia 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. invisa* 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 $1C = 0.64 \pm 0.04$ 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. ophtalmocentra* Mart. ex Benth. e *M. caesalpiniifolia* 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 significante, 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 agronômico e a eficiência da propagação por estquia 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 aclimatação externa. Conclui-se que a propagação por estquia 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; Herberty 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 Akaike (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 | UFPPI-TERESINA

Subárea: Caracterização e Avaliação

DIVERSIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DO MAIOR E MAIS ANTIGO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE *Elaeis guineensis* 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 GenAIEx 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 progénie, 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 agronômica 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 PIAUENSE

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, confirmado 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.



SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO



UFDP
UNIVERSIDADE FEDERAL
DO DELTA DO PARNAÍBA



UNIVERSIDADE
FEDERAL DO 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

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 relevantes que podem subsidiar estratégias de conservação e melhoramento.

Palavras-chave: caracterização; dissimilaridade; descritores.

Agradecimentos: CNPq, Embrapa.



SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos

Embrapa

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO





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*.

¹Departamento de 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 Mocambinho, 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.



SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO





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 ($He = 0,26$), 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).



SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos

Embrapa

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO





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 | UFPPI-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 ($He = 0,28$), 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).



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos

Embrapa

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO



UNIVERSIDADE FEDERAL
DO DELTA DO Parnaíba

UNIVERSIDADE
FEDERAL DO 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

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

Tassiano Maxwell Marinho Câmara¹; 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 valorização 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 tratos 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.



SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos

Embrapa

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO





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 EBImage, 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 EBImage, 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.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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 | UFPPI-TERESINA

Subárea: Caracterização e Avaliação

MAPEAMENTO DE BLOCOS HETEROCHROMÁTICOS E DE DNA RIBOSSOMAL 5S EM LEGUMINOSAS DA PLANÍCIE LITORÂNEA PIAUENSE

Loane Costa Sampaio^{1*}, Márcia Vieira de Sousa², Mariana Ellen Costa de Freitas
Barbosa¹, Grazielly Santos da Silva², Marcones Ferreira Costa², Lívia 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. unguiflora* L., *Centrosema brasiliense* (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 Nucleólos (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 *Vachellia farnesiana* (L.) Wight & Arn., que exibiram dois pares de sítios de DNAr 5S em seus cariotípitos. 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.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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 ($p \leq 0,05$). 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-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

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 em 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 | UFPPI-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,
*jeeovaniaalmeida@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 introgessão 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.)

Islâine Gomes de Sousa^{1*}; Kuan 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 elaídico) 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. Ensaios *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



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO



UNIVERSIDADE
FEDERAL
DO DELTA DO Parnaíba

UNIVERSIDADE
FEDERAL DO 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

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 | UFPPI-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.



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO



UNIVERSIDADE FEDERAL
DO DELTA DO Parnaíba

UNIVERSIDADE
FEDERAL DO 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

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* (IPGR, 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.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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 | UFPPI-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 | UFPPI-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.
*darleneagro@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 agronômico 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 agronômica 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 Winícius 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, Iaçará 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 Iaçará 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 Iaçará 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.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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 | UFPPI-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 morfologicamente clones de pimenteira-do-reino no sistema de produção, este trabalho avaliou oito caracteres de seis clones cultivados em gliricídia e estação 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 morfologicamente 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, Iaçárá e Uthirankotta apresentaram folhas mais espessas em estação. 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 estação. 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 Agronômica. 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 semelhante 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 nucleotílica. 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 nucleotílica média de 30,1% T, 18,7% C, 34,2% A e 16,9% G. Foram identificados 29 haplótipos, os quais apresentaram uma Diversidade Haplótipica (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).

Documentação



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: Documentação

FEIJÃO-FAVA: INVENTÁRIO DA BIODIVERSIDADE NO BANCO DE GERMOPLASMA DE *PHASEOLUS* (UFPI)

Kathully Karolaine Brito Torres^{1*}; Verônica Brito da Silva¹; Carlos Humberto Aires Matos Filho¹; Ângela Celis de Almeida Lopes¹; Regina Lucia Ferreira Gomes¹

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

A conservação de genótipos de culturas de interesse é uma ferramenta indispensável frente ao estreitamento da base genética, combatendo a erosão da variabilidade genética e garantindo a segurança alimentar. Nesse contexto, o feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) assume grande importância socioeconômica, sendo amplamente cultivado pela agricultura familiar no Nordeste brasileiro. A manutenção *ex situ* desta variabilidade é realizada por coleções como o Banco de Germoplasma de *Phaseolus*. Para que o potencial genético dos acessos seja efetivamente disponibilizado e utilizado, a documentação e o gerenciamento sistemático de acessos mostram-se cruciais, garantindo a rastreabilidade e a tomada de decisão no melhoramento genético. Com esse trabalho, objetiva-se quantificar os acessos do banco de Germoplasma de *Phaseolus* quanto à origem e cor de fundo do tegumento. A base de dados utilizada foi o registro de entrada de acessos cujo primeiro acesso data de 2002 até abril de 2025. As informações foram agrupadas no Excel e os gráficos plotadas no software R. A coleção contempla, hoje, 1240 acessos do gênero *Phaseolus*, dos quais 71,6% são originários do Brasil, 7,3% são internacionais e 21,0% são de fonte desconhecida. O estado do Piauí é o que mais se destaca dentre os estados brasileiros no quantitativo de acessos, seguido do Ceará, Distrito Federal e Paraíba. Além da grande parcela dos acessos serem de espécies cultivadas, 15 acessos presentes são de espécies silvestres, sendo estas *P. filiformis*, *P. microcarpus* e *P. acutifolius* provenientes do CIAT. Maior proporção do material conservado apresenta cor de fundo branca, seguida de castanho e cinzento, com 43,1%, 9,84% e 8,31% da participação respectivamente. Esses percentuais evidenciam a preferência majoritária por sementes de coloração branca em relação às mais escuras. Resultados promissores obtidos com as pesquisas incluem a caracterização do germoplasma quanto à resistência a fatores bióticos, termotolerância, plasticidade fenotípica, estimativa da erosão genética, potencial de nodulação por rizóbios, identificação de isolados e a caracterização do germoplasma associado ao microbioma e avaliação de variedades crioulas, além de caracterizações citogenéticas, moleculares e estudos etnobotânicos. As atividades realizadas impulsionam a capacitação de estudantes de graduação e pós-graduação, atuando na formação de recursos humanos por meio de ações de ensino, pesquisa e extensão facilitando a troca de experiências com o público externo.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*; Conservação *ex situ*; Variabilidade genética.

Agradecimentos: À UFPI, CNPq, CAPES e FAPEPI, por subsidiar as pesquisas desenvolvidas.



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





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: Documentação

MIGRAÇÃO DE DADOS DO HERBÁRIO CNPO DA EMBRAPA PECUÁRIA SUL PARA O ALELO *HERBARIUM*

Ana Cristina Mazzocato^{1*}; Luís Felipe Ritta Gonçalves²; Tainá Silva Gularte²;
Daniane Muniz Veiga³; Marcos Vinícius Silva Meleiro⁴; Henry Gomes de Carvalho¹

¹Embrapa Pecuária Sul. ²Instituto Federal Farroupilha-IFSul. ³Universidade Federal do Pampa-UNIPAMPA. ⁴Centro Universitário da Região da Campanha-URCAMP.
*ana.mazzocato@embrapa.br

O Herbário CNPO da Embrapa Pecuária Sul, localizado em Bagé-RS, tem grande importância na conservação, caracterização, organização e inserção no banco de dados das informações da biodiversidade de plantas nativas do Bioma Pampa. Essas informações, tanto morfológicas, quanto características de ambiente, de substrato, de tipo de solo e de dados de passaporte para registro em caderneta de campo, são importantes para a construção de uma base de dados robusta e eficiente. Nesse sentido, o Herbário da Embrapa Pecuária Sul (CPPSUL) possui ênfase na conservação da flora da região da campanha, embora tenha materiais de outros biomas brasileiros, além do Bioma Pampa. Exemplo disso é o Bioma Mata Atlântica que ocorre no estado. Dessa forma, o objetivo do presente trabalho foi corrigir, validar e posteriormente importar os dados de taxonomia do Herbário CNPO para inseri-los no Alelo *Herbarium*, sistema desenvolvido pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - CENARGEN. A metodologia foi dividida em duas etapas principais, utilizando como base a planilha do projeto REFLORA em uso no Herbário CNPO. Primeiro realizou-se uma correção dos dados da planilha devido a um conflito de informações, onde foram padronizados nomes, datas, entre outros. Para isso, cada dado de taxonomia das plantas do CNPO foi revisado e ajustado, conforme o padrão seguido pelo Alelo. Com isso foram alcançados os requisitos necessários para incluir boa parte da planilha no sistema Alelo *Herbarium*. Na segunda etapa foram então verificados (por meio de reuniões on-line, discussões e suporte da equipe ALELO) e migrados os dados validados para a planilha havendo ainda necessidade de correção e validação do restante dos dados não migrados. Até o momento, 2500 dados foram migrados, dos 3091 dados do Herbário CNPO. Destes, 1326 foram revisados novamente e ajustados para se enquadrar no Alelo *Herbarium*. A implementação deste fluxo de trabalho resultou em uma base de dados mais robusta e confiável, eliminando inconsistências e estabelecendo um padrão para futuras inserções. Além da facilidade, poder utilizar um sistema desenvolvido pela Embrapa, nos fortalece como empresa e como mantenedora de dados de biodiversidade.

Palavras-chave: Alelo vegetal; banco de dados; recursos genéticos

Agradecimentos: CNPq, FAPERGS e Embrapa. À bolsista Eduarda Acosta Soares pelo auxílio no trabalho.

Pré-melhoramento e Melhoramento





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS

28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

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

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

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

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

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

Agradecimentos: CAPES, UFPI, CAFS, CTF



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRAZIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

Agradecimentos: Embrapa, FAPEPI e UFPI.



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos

Embrapa

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRAZIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa de grande importância socioeconômica e nutricional, especialmente em regiões do Nordeste brasileiro, onde constitui parte essencial da dieta e da renda de agricultores familiares. A composição físico-química dos grãos é influenciada tanto pelas características genéticas das linhagens quanto pelas condições ambientais de cultivo, o que pode impactar diretamente sua qualidade nutricional. Assim, este trabalho teve como objetivo selecionar linhagens de feijão-fava com características superiores em qualidade nutricional. Foram utilizadas linhagens F6 (H53, H56 e H72), de feijão-fava, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma da UFPI e cultivadas em três ambientes diferentes: Teresina-PI, Várzea Grande-PI e Tianguá-CE. As análises foram realizadas na Embrapa Meio Norte, Teresina, onde se avaliou a composição centesimal, umidade, cinzas, proteínas, lipídios, fibra alimentar, carboidratos totais e valor energético. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5%. Observou-se diferenças significativas ($p<005$ e $P <0,01$) para efeito de genótipos para umidade, lipídios, proteínas, carboidratos e VET, enquanto houve ausência de diferenças entre os genótipos apenas para os caracteres cinzas e fibra alimentar total, evidenciando a existência de variabilidade genotípica para maiorias dos caracteres analisados. O efeito de ambientes foi variável para a maioria dos caracteres, sendo similares apenas para os caracteres cinzas e carboidratos. A interação genótipo x ambiente foi significativa para a maiorias dos caracteres, não ocorrendo apenas para os caracteres umidade e cinzas, mostrando um comportamento diferencial dos genótipos frente às variações dos ambientes e a necessidade de estudos de adaptabilidade e estabilidade para a identificação dos genótipos mais estáveis frente às condições ambientais de cultivo. Com relação ao comportamento dos genótipos por ambiente, observa-se que os genótipos apresentaram variabilidade para todos os caracteres. Observou-se variação mais alta entre médias dos ambientes para os teores de lipídios, com Várzea Grande apresentando as maiores médias. Os resultados sugerem que as linhagens H53 e H56 apresentaram as maiores médias para os nutrientes avaliados na maioria dos ambientes de teste, o que evidencia que estas linhagens possuem características promissoras e potencial para o melhoramento de feijão-fava voltado à qualidade nutricional.

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

Tassiano Maxwell Marinho Câmara^{1*}; Adriane Leite do Amaral¹; Lizz Kezzy de Moraes².

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

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

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



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

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

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

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

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

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

Agradecimentos: UFPI, CNPq.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte e UFPI.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

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



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS

28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

Dalzearia da Silva Oliveira¹; Izamara da Silva de Oliveira¹; Cleylton Conceição dos Santos¹; Jesuino da Silva Costa Martins¹; Artemisa Nazaré Costa Borges Martins¹

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

O etileno (ET) é um fitormônio gasoso que desempenha papel crucial nas respostas vegetais a estresses abióticos. Sua biossíntese ocorre por uma via enzimática de três etapas, na qual a enzima *ACC oxidase* (ACO) catalisa a reação final e atua como reguladora chave do processo. Apesar da importância do ET na resposta vegetal a estresses, a compreensão detalhada dos genes envolvidos em sua biossíntese em espécies do gênero *Solanum* ainda é limitada. Esse estudo propôs realizar uma análise abrangente dos genes da família ACO em todo o genoma de *Solanum lycopersicum* (tomate). Para tanto, foi realizada a identificação a nível de todo o genoma, caracterização estrutural, classificação e identificação de motivos conservados de genes ACO nessa espécie, por meio de análises *in silico* com base em uma variedade de ferramentas de bioinformática. Foram identificados seis genes da família ACO em tomate (*SlACO1* - *SlACO6*), classificados em três subfamílias (Tipos I, II e III), de acordo com a similaridade de sequências com *Oryza sativa* (OsACO) e *Musa acuminata* (MaACO). Essa classificação foi sustentada pelo padrão estrutural de exons/ítrons e pela conservação de motivos, sendo que as subfamílias Tipo I e Tipo III apresentam três ítrons, enquanto a Tipo II possui dois. O alinhamento múltiplo revelou 19 resíduos-chave potencialmente críticos para a atividade enzimática. Entre eles, destacam-se os sítios de ligação ACO/bicarbonato/ascorbato, incluindo Arg-247 e Ser-249, que compõem o motivo conservado RXS em todos os membros SIACO. As proteínas SIACO Tipo I apresentaram o motivo conservado RMS; as SIACO do Tipo II, RL/IS; e as SIACO do Tipo III, RRS. Além disso, os sítios de ligação ao cofator Fe (II) mostraram-se conservados, consistindo em dois resíduos histidina (His-179 e His-237) e um grupo carboxilato (Asp-181), presentes em todos os membros SIACO e fundamentais para a ligação de ACC às enzimas ACO. Assim, este estudo, apresenta a primeira identificação e caracterização dos genes SIACO em todo o genoma de *S. lycopersicum*, e fornece candidatos para futuras investigações de expressão gênica sob diferentes condições de estresse abiótico, como déficit hídrico. Esses genes poderão contribuir para o melhoramento genético visando tolerância à seca em *Solanum* por meio da aplicação de ferramentas biotecnológicas.

Palavras-chave: Estresse; Genômica vegetal; Etileno

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



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS

28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

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

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

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

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

Palavras-chave: Mamoeiro; Porcentagem de germinação; Hormônio

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



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos

Embrapa

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
UNIÃO E RECONSTRUÇÃO



UFPI
UNIVERSIDADE FEDERAL
DO DELTA DO Parnaíba

UNIVERSITY
FEDERAL DO 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: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

Palavras-chave: etileno; bioinformática; estresse hídrico

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

MUDANÇAS CLIMÁTICAS E COMBATE À FOME: DESAFIOS PARA
OS BANCOS GENÉTICOS E COMUNIDADES RURAIS

28 A 31 DE OUTUBRO DE 2025 | UFPPI-TERESINA

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento.

LEVANTAMENTO DAS ESPÉCIES DE PASSIFLORACEAE NA REGIÃO SUL DO MARANHÃO

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

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

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

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



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

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

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

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

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

POTENCIAL GENÉTICO DE FEIJÃO-FAVA PARA TOLERÂNCIA ÀS ALTAS TEMPERATURAS

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

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

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

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

Agradecimentos: FAPEPI, UFPI.



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento

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

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

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

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

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

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

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

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

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

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

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

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



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

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

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

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

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

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

Agradecimentos: CAPES, CNPq e FAPEPI



SBRG
Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

SELEÇÃO DE LINHAS PURAS DE FEIJÃO-FAVA PARA CARACTERES NUTRICIONAIS

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

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

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

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

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



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

SELEÇÃO PARA CARACTERES AGRONÔMICOS EM POPULAÇÕES F9 DE FEIJÃO-FAVA

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

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

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

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

Agradecimentos: FAPEPI, UFPI.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA





VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e melhoramento

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

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

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

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

Palavras-chave: Mamoeiro; Polinização; Melhoramento Genético.

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



VII SIMPÓSIO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO NORDESTE

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

Subárea: Pré-melhoramento e Melhoramento

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

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

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

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

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

Agradecimentos: Embrapa, FAPEPI e UFPI.

Promoção



Organização e Realização



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA



Execução



Patrocínio



Apoio



SECRETARIA
DA AGRICULTURA
FAMILIAR - SAF



Fale conosco

Revista RG News

E-mail: revistargnews@recursosgeneticos.org

Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos – SBRG

E-mail: sbrg@recursosgeneticos.org

Acesse nosso site: www.recursosgeneticos.org



Sociedade Brasileira
de Recursos Genéticos

