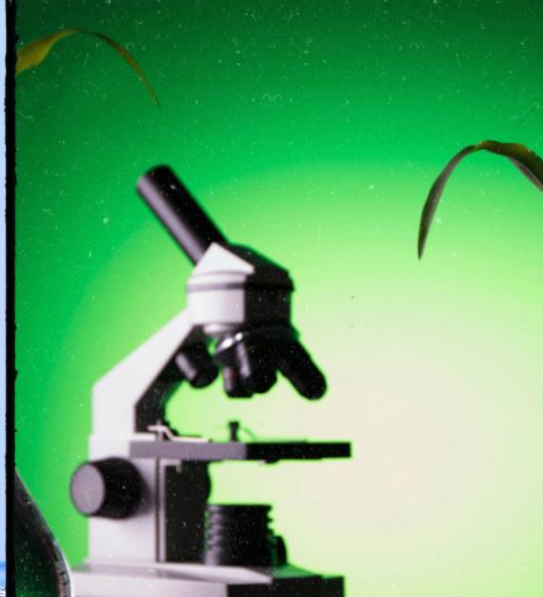




CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

BIOTECNOLOGIA DE PLANTAS

ORGANIZADORES
IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS
FERNANDA MIGUEL DE ANDRADE
CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA



1ª

Edição

Acesso livre ao E-Book em
WWW.EDITORASCIENCE.COM.BR

 EDITORA
SCIENCE
ANO 2022



CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

BIOTECNOLOGIA DE PLANTAS

ORGANIZADORES
IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS
FERNANDA MIGUEL DE ANDRADE
CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA



1ª

Edição

Acesso livre ao E-Book em
WWW.EDITORASCIENCE.COM.BR

CAMPINA GRANDE-PB

 EDITORA
SCIENCE
ANO 2022

Todos os Direitos Desta Edição Reservados à

© 2022 EDITORA SCIENCE

Av. Marechal Floriano Peixoto. 5000.

Campina Grande, PB, 58434-500.

CNPJ: 42.754.503/0001-00

REGISTRO CBL (Câmara Brasileira do Livro)

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(Câmara Brasileira do Livro, SP, Brasil)

Biotecnologia de plantas [livro eletrônico] /
organização Igor Luiz Vieira de Lima Santos ,
Fernanda Miguel de Andrade, Carliane Rebeca
Coelho da Silva. -- Campina Grande, PB :
Ed. dos Autores, 2022.
PDF.

Vários colaboradores.
Bibliografia.
ISBN 978-65-00-49566-9

1. Biotecnologia vegetal 2. Plantas -
Biotecnologia 3. Pesquisa científica I. Santos,
Igor Luiz Vieira de Lima. II. Andrade, Fernanda
Miguel de. III. Silva, Carliane Rebeca Coelho da.

22-120257

CDD-660.06

Índices para catálogo sistemático:

1. Biotecnologia vegetal 660.06

Aline Grazielle Benitez - Bibliotecária - CRB-1/3129



<https://doi.org/10.56001/22.9786500495669>

Para consulta na CBL acesse: <https://www.cblservicos.org.br/isbn/pesquisa/>



Editora–Chefe

Pós-Dra. Carliane Rebeca Coelho da Silva

Editores Organizadores

Prof. Dr. Igor Luiz Vieira de Lima Santos

Profa. Dra. Fernanda Miguel de Andrade

Pós-Dra. Carliane Rebeca Coelho da Silva

Editoração e Diagramação

Corpo Técnico da Editora Science

Revisão Principal/Por Pares

Os Autores / Revisores *Ad Hoc* / Corpo
Editorial / Organizadores

Revisão Final

Pós-Dra. Carliane Rebeca Coelho da Silva

Programas Registrados de Design

©Canva Pro Registered Design



Copyright © 2022 Editora Science

Copyright Textual © 2022 Os
autores

Copyright da Edição © 2022
Editora Science

Todos os Direitos e os Termos de
Cessão de Direitos Autorais para
esta edição foram cedidos à Editora
Science pelos próprios autores.

Declaração de Direitos

Todos os direitos reservados.

Qualquer parte deste livro pode ser reproduzida, transmitida de qualquer forma ou por qualquer meio, eletrônico, mecânico, fotocópia, microfilmagem, gravação ou de outra forma, desde que citada a fonte. Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY-NC-ND 4.0). <https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>

Todos os artigos de autoria inédita, revisão, comentários, opiniões, resultados, conclusões ou recomendações são de inteira responsabilidade do(s) autor(es), e não refletem necessariamente as opiniões dos editores e/ou da empresa.

Para cópias impressas, para compras em massa e/ou informações sobre este e outros títulos da © Editora Science, entre em contato com a editora pelo telefone: Tel.: +55-83-991647953; E-mail: contato@editorascience.com ou editorascience@gmail.com

Siga nossas redes sociais fique por dentro das novidades e amplie o alcance dos nossos livros:

Facebook: <http://www.facebook.com/editorascience>

Instagram: <https://www.instagram.com/editorascience>

© 2022 EDITORA SCIENCE

Editora-Chefe:

PÓS-DRA. CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA (EDITORA-CHEFE)

Gerente Editorial:

PROF. DR. IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS (UFCG)

Conselho Editorial:

PÓS-DRA. CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA (EDITORA-CHEFE)

PROF. DR. IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS (UFCG)

DRA. LUCIANA AMARAL DE MASCENA COSTA (UFRPE)

PÓS-DRA. AYRLES FERNANDA BRANDÃO DA SILVA (UFCE)

Corpo Editorial:

PÓS-DRA. CARLIANE REBECA COELHO DA SILVA (EDITORA-CHEFE)

PÓS-DRA. AYRLES FERNANDA BRANDÃO DA SILVA (UFCE)

DR. IGOR LUIZ VIEIRA DE LIMA SANTOS (UFCG)

DRA. LUCIANA AMARAL DE MASCENA COSTA (UFRPE)

DRA. FERNANDA MIGUEL DE ANDRADE (FIS)

DRA. WELMA EMÍDIO DA SILVA (FIS)

MSc. LÚCIA MAGNÓLIA A. SOARES DE CAMARGO (UNIFACISA)

DR. JOSÉ OLÍVIO LOPES VIEIRA JÚNIOR (UENF)

DRA. FRANCIELI DE FATIMA MISSIO (UFSM)

PÓS-DR. CRISTIANO CUNHA COSTA (UFS)

DR. MILTON GONÇALVES DA SILVA JUNIOR (UNIARAGUAIA)

MSc. MARCELO SALVADOR CELESTINO (UNESP)

MSc. GABRIEL PARISOTTO (UNISUAM)

DR. MARCUS VINICIUS PERALVA SANTOS (IFTO)

DR. LUIZ ALEXANDRE VALADÃO DE SOUZA (SME-RJ)

PÓS-DRA. MICHELE APARECIDA CERQUEIRA RODRIGUES (UFLO)

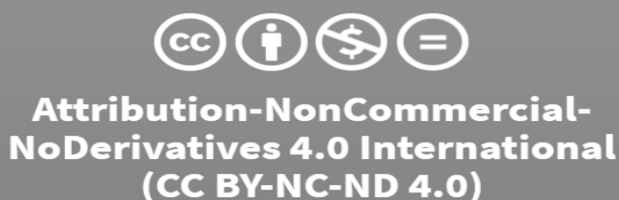
LICENSE PUBLICATION DETAILS

Copyright © 2022
Editora Science

Copyright Notice

All content in this work, except where otherwise noted, is licensed under a Creative Commons Attribution 4.0 International (CC BY-NC-ND 4.0) license which permits copying, distribution, and adaptation of the work, provided the original work is properly cited and any changes from the original work are properly indicated. Any altered, transformed, or adapted form of the work may only be distributed under the same or similar license to this one.

© 2022 by Carliane Rebeca Coelho da Silva is licensed under Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 International 



HOW CITE THIS BOOK:

NLM Citation

Santos ILVL, Andrade FM, Silva CRC, editor. *Biotecnologia de Plantas*. 1st ed. Campina Grande (PB): Editora Science; 2022.

APA Citation

Santos, I. L. V. L.; Andrade, F. M. & Silva, C. R. C. (Eds.). (2022). *Biotecnologia de Plantas* (1st ed.). Editora Science.

ABNT Brazilian Citation NBR 6023:2018

SANTOS, I. L. V. L.; ANDRADE, F. M.; SILVA, C. R. C. **Biotecnologia de Plantas**. 1. ed. Campina Grande: Editora Science, 2022.

WHERE ACCESS THIS BOOK:

www.editorascience.com.br/livros/

<https://sites.google.com/view/editorascience/E-Books>

Sumário

CAPÍTULO 1 1

PHYSIOLOGICAL RESPONSES INDUCED BY ENDOPLASMIC RETICULUM STRESS IN PLANTS EXPOSED TUNICAMYCIN AND DITHIOTHREITOL	1
RESPOSTAS FISIOLÓGICAS INDUZIDAS PELO ESTRESSE DO RETÍCULO ENDOPLASMÁTICO EM PLANTAS EXPOSTAS À TUNICAMICINA E DITOTREITOL	1
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.01	1
Francisco Lucas Pacheco Cavalcante	1
Karollyny Roger Pereira Lima	1
Igor Rafael Sousa Costa	1
Francisco Dalton Barreto de Oliveira	1
Sávio Justino da Silva	1
Isabelle Mary Costa Pereira	2
Enéas Gomes Filho	2
Humberto Henrique de Carvalho	2

CAPÍTULO 2 24

ATIVIDADE ANTI-INFLAMATÓRIA E INDICAÇÃO TERAPÊUTICA DO ÓLEO DE BABAÇU (<i>ATTALEA SP.</i>) E ÓLEOS DE PALMEIRAS DO GÊNERO <i>SYAGRUS SP.</i>: UMA REVISÃO DO POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO E CIENTÍFICO	24
ANTI-INFLAMMATORY ACTIVITY AND THERAPEUTIC INDICATION OF BABASSU (<i>ATTALEA SPECIOSA</i>) AND OILS OF PALM TREES OF THE GENUS <i>SYAGRUS</i> : A REVIEW OF THE BIOTECHNOLOGICAL AND SCIENTIFIC POTENTIAL	24
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.02	24
Fabiana Frazão Frazão	24
Ricardo Henrique Nascimento Frazão	24
Olga Oliveira dos Anjos	24
Cristina Gomes Soares da Silva	25
Cáritas de Jesus Silva Mendonça	25
Adeilton Pereira Maciel	25

CAPÍTULO 3 40

RESGATE E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ACESSOS DE MILHO CRIOULO PROSPECTADOS NO SEMIÁRIDO MINEIRO	40
RESCUE AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF CREOULE CORN ACCESSORIES PROSPECTED IN THE SEMI-ARID MINEIRO	40
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.03	40
Ana Carolina Ataíde Silveira	40
Matheus Henrique Teixeira	40
Demerson Arruda Sanglard	40

Luan Souza de Paula Gomes	40
Jefferson Joe Moreira Alves	40
Phelipe Souza Amorim	41
Flávia Échila Ribeiro Batista	41

CAPÍTULO 4 **59**

FIBRAS VEGETAIS UTILIZADAS COMO PLÁSTICOS DE BASE BIOLÓGICA PARA VEÍCULOS AUTOMOTIVOS: UMA REVISÃO	59
VEGETABLE FIVERS USED AS BIOLOGICALLY-BASED PLASTICS FOR AUTOMOTIVE VEHICLES: A REVIEW	59
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.04	59
Jomar Berton Junior	59
Milena do Prado Ferreira	59
Felipe Augusto Gorla	59
Sharise Beatriz Roberto Berton	59

CAPÍTULO 5 **68**

CARACTERIZAÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL EXTRAÍDO DE CASCAS DE <i>SCHINUS TEREBINTHIFOLIUS</i> RADDI NO MUNICÍPIO DE PETROLINA-PE	68
ESSENCIAL OIL CHEMICAL CHARACTERIZATION EXTRACTED FROM THE BARK OF <i>SCHINUS TEREBINTHIFOLIUS</i> RADDI IN THE PETROLINA-PE COUNTY	68
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.05	68
Michele Sousa Travassos Torres	68
Rita de Cássia Rodrigues Gonçalves Gervásio	68
Yury Jansen Soares Siqueira Torres	68

CAPÍTULO 6 **80**

DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE BEBIDA LIOFILIZADA A BASE DE SEMENTES DE GIRASSOL	80
DEVELOPMENT AND CHARACTERIZATION OF FREEZE-DRIED BEVERAGE BASED SUNFLOWER SEEDS	80
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.06	80
Veridiana de Almeida Flores de Oliveira	80
Caroline Wolf Trentini Schipfer	80
Elinae da Silva Gomes	80
Fernanda Francielle de Castro	80
Tayane Siqueira Garcia Alves	81
Natallya Marques da Silva	81
Carmen Torres Guedes	81
Amanda Tatiane Correa Pereira dos Santos	81
Naeli Cristina Lavareno	81
Ketlyn Duarte Costa	81

CAPÍTULO 7	94
OMISSÃO DE MACRONUTRIENTES SECUNDÁRIOS EM PLANTAS DE SORGO	94
OMISSION OF SECONDARY MACRONUTRIENTS IN SORGHUM PLANTS	94
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.07	94
Sandra Morais dos Reis	94
Stella Cristiani Gonçalves Matoso	94
Evellyn Danyla Guilherme Barbosa	94
Rafael Horbuch Neto	94
CAPÍTULO 8	104
SEMENTES SINTÉTICAS: CULTIVANDO O FUTURO COM BIOTECNOLOGIA	104
SYNTHETIC SEEDS: CULTIVATING THE FUTURE WITH BIOTECHNOLOGY	104
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.08	104
Jordana Caroline Nagel	104
CAPÍTULO 9	119
TRAJETÓRIA DOS MARCADORES MOLECULARES APLICADOS AO MELHORAMENTO VEGETAL: MODALIDADES E PERSPECTIVAS	119
TRAJECTORY OF MOLECULAR MARKERS APPLIED TO PLANT IMPROVEMENT: TYPES AND PERSPECTIVES	119
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.09	119
Demerson Arruda Sanglard	119
Ana Carolina Ataíde Silveira	119
Leandro Silva de Oliveira	119
Claudinéia Ferreira Nunes	119
Flávia Echila Ribeiro Batista	119
Maria Betânia Fonseca	120
Leonardo Máximo da Silva	120
Ariane da Silva Nogueira	120
Andressa Layane Ferreira Linhares	120
Carlos Juliano Brant Albuquerque	120
CAPÍTULO 10	140
PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS DE LINHAGENS DE ARROZ IRRIGADO EM CAMPOS DOS GOYTACAZES	140
GENETIC PARAMETERS AND PREDICTION OF GENOTYPIC VALUES OF IRRIGATED RICE INBRED LINES IN CAMPOS DOS GOYTACAZES	140
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.10	140
Maxwel Rodrigues Nascimento	140
Rogério Figueiredo Daher	140

Ana Kesia Faria Vidal	140
Josefa Grasiela Silva Santana	140
Moisés Ambrósio	141
Rafael Souza Freitas	141
André Filipe Diniz de Souza	141
Genival Ferreira dos Santos Junior	141
Josilene Vargas Xavier	141
Silvino Amorim Neto	141

CAPÍTULO 11 **156**

PERFORMANCE GENOTÍPICA DE LINHAGENS DE ARROZ IRRIGADO EM CAMPOS DOS GOYTACAZES VIA MODELOS MISTOS	156
GENOTYPIC PERFORMANCE OF IRRIGATED RICE IMBRED LINES IN CAMPOS DOS GOYTACAZES VIA MIXED MODELS	156
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.11	156
Maxwel Rodrigues Nascimento	156
Rogério Figueiredo Daher	156
Josefa Grasiela Silva Santana	156
Moisés Ambrósio	156
Ana Kesia Faria Vidal	157
Rafael Souza Freitas	157
Genival Ferreira dos Santos Junior	157
André Filipe Diniz de Souza	157
Josilene Vargas Xavier	157
Silvino Amorim Neto	157

CAPÍTULO 12 **172**

APLICAÇÃO DE MICROALGAS E LEVEDURAS COMO BIOSSORVENTES DE CROMO HEXAVALENTE E CORANTES DE SOLUÇÕES MONOCOMPONENTES	172
APPLICATION OF MICROALGAE AND YEAST AS BIOSORBENTS OF HEXAVALENT CHROMIUM AND DYES OF MONOCOMPONENT SOLUTIONS	172
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.12	172
Luiza de Oliveira Figueiredo	172
Victor Mateus Juchem Salerno	172
Allan Valcareggi Morcelli	172

CAPÍTULO 13 **189**

USO DO EXTRATO DA <i>PSIDIUM GUAJAVA</i> L. (LINEU) COMO ALTERNATIVA AOS ANTIBIÓTICOS TRADICIONAIS	189
USE OF <i>PSIDIUM GUAJAVA</i> L. (LINEU) EXTRACT AS AN ALTERNATIVE TO TRADITIONAL ANTIBIOTICS	189
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.13	189

Fábio Dantas Oliveira	189
Silvânia Narielly Araújo Lima	189
Carliane Rebeca Coelho da Silva	189
Igor Luiz Vieira de Lima Santos	189

CAPÍTULO 14	215
--------------------	------------

PUBLIQUE COM A SCIENCE EM FLUXO CONTÍNUO	215
<i>PUBLISH WITH SCIENCE IN CONTINUOUS FLOW</i>	215
DOI: https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.14	215
AUTORES	215
AUTORES	215
AUTORES	215

SOBRE OS ORGANIZADORES DO LIVRO DADOS CNPQ:	217
--	------------

PREFÁCIO À 1ª EDIÇÃO

A biotecnologia vegetal tem se consolidado como uma das ferramentas mais promissoras para enfrentar os desafios da agricultura moderna, contribuindo significativamente para a segurança alimentar, a sustentabilidade ambiental e o desenvolvimento de cultivos mais resistentes e produtivos. Em um cenário marcado por mudanças climáticas, degradação dos solos e aumento da demanda por alimentos, a ciência aplicada às plantas torna-se cada vez mais essencial.

O livro *Biotecnologia de Plantas* apresenta uma coletânea de estudos e reflexões que abordam as múltiplas dimensões dessa área do conhecimento. Por meio de uma abordagem teórico-prática, a obra contempla desde os fundamentos moleculares da biotecnologia vegetal até aplicações em melhoramento genético, cultura de tecidos, transgênicos, biofertilizantes e controle biológico.

A formação de profissionais e pesquisadores capacitados na área de biotecnologia é vital para promover a inovação no campo e garantir soluções cientificamente embasadas para a produção de alimentos, fibras e energia. Esta obra contribui para esse objetivo ao reunir contribuições de autores experientes, que compartilham conhecimentos atualizados e perspectivas críticas sobre os rumos da biotecnologia aplicada às plantas.

Destinado a estudantes, professores, pesquisadores e profissionais da ciência agrária e biotecnológica, este livro oferece uma visão abrangente e interdisciplinar, estimulando a reflexão sobre os impactos, limites e possibilidades das inovações biotecnológicas no contexto agrícola.

Desejamos que esta obra seja fonte de inspiração e conhecimento, incentivando a formação crítica e o desenvolvimento de soluções sustentáveis, capazes de transformar positivamente o futuro da agricultura e da relação entre ciência, natureza e sociedade.

Boa Leitura.

Os Organizadores.

CAPÍTULO 1

PHYSIOLOGICAL RESPONSES INDUCED BY ENDOPLASMIC RETICULUM STRESS IN PLANTS EXPOSED TUNICAMYCIN AND DITHIOTHREITOL

RESPOSTAS FISIOLÓGICAS INDUZIDAS PELO ESTRESSE DO RETÍCULO ENDOPLASMÁTICO EM PLANTAS EXPOSTAS À TUNICAMICINA E DITIOTREITOL

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.01>

Submetido em: 21/07/2022

Revisado em: 12/08/2022

Publicado em: 23/08/2022

Francisco Lucas Pacheco Cavalcante

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular
Fortaleza-CE

<http://lattes.cnpq.br/2451083922584036>

Karollyny Roger Pereira Lima

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular
Fortaleza-CE

<http://lattes.cnpq.br/9941973574791470>

Igor Rafael Sousa Costa

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular
Fortaleza-CE

<http://lattes.cnpq.br/8318254403467249>

Francisco Dalton Barreto de Oliveira

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular
Fortaleza-CE

<http://lattes.cnpq.br/9202185779475453>

Sávio Justino da Silva

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular

Fortaleza-CE

<http://lattes.cnpq.br/5167039290853323>

Isabelle Mary Costa Pereira

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular

Fortaleza-CE

<http://lattes.cnpq.br/4165227605454388>

Enéas Gomes Filho

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular

Fortaleza-CE

<http://lattes.cnpq.br/3716378739140249>

Humberto Henrique de Carvalho

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular

Fortaleza-CE

<http://lattes.cnpq.br/4403320449355006>

Abstract

Endoplasmic reticulum (ER) stress is characterized by an accumulation of unfolded proteins induced by several adverse conditions, such as drought, salinity, and pathogens. Both tunicamycin (TM) and dithiothreitol (DTT) are applied to study the ER stress in plants. Although there is not a consensus of the concentration and chemicals used as well as physiological markers, it triggers the unfolded protein response (UPR) composed by sensors into the ER membrane, which start a signaling process to restore homeostasis or induce cell death. In this way, this review includes the advances in the knowledge of ER response induced by TM and DTT treatments, especially their downstream physiological effects. From low TM ($\leq 0.5 \mu\text{g ml}^{-1}$) and DTT (0.5 to 1.0 mM) concentrations, the chlorophyll loss is linked to reactive oxygen species (ROS), and SA and JA signaling that result in growth impairment associated with UPR genes unbalance. Above $0.5 \mu\text{g.ml}^{-1}$ of TM or 1.0 mM DTT, a ROS cytoprotective role is crucial to stress acclimation or cell death. From 1.0 to $10 \mu\text{g.ml}^{-1}$ TM or 2.0 to 10 mM DTT, necrotic lesions are linked to electrolyte leakage, and fatty acid oxidation, which was more aggravated/intense at high concentration (50 and $200 \mu\text{g.ml}^{-1}$). Overall, this work associates crescent concentrations of two ER stressors and its downstream physiological responses, which helps to elucidate possible mechanisms to adjust to environmental stresses starting the mechanisms of adaptation to survival or death.

Keywords: homeostasis, molecular chaperones, plant ER-stress, plant unfolding protein response.

Resumo

O estresse do retículo endoplasmático (RE) é caracterizado pelo acúmulo de proteínas mal dobradas induzidas por fatores abióticos e bióticos. Tanto a tunicamicina (TM) quanto o ditiotreitol (DTT) são aplicados para estudar o estresse do RE em plantas. Embora não haja um consenso sobre a concentração e as substâncias químicas utilizadas, bem como os marcadores fisiológicos, ela desencadeia a *Unfolded Protein Response* (UPR) que inicia um processo de sinalização para restaurar a homeostase ou induzir a morte celular. Esta revisão inclui os avanços no conhecimento da resposta do RE induzida pelos tratamentos de TM e DTT, especialmente seus efeitos fisiológicos a jusante. Em baixas concentrações de TM ($\leq 0,5 \mu\text{g ml}^{-1}$) e DTT (0,5 a 1,0 mM), a perda de clorofila está ligada a espécies reativas de oxigênio (ROS) e sinalização de AS e AJ que resultam em déficit de crescimento associado ao desequilíbrio dos genes UPR. Acima de $0,5 \mu\text{g.ml}^{-1}$ de TM ou 1,0 mM de DTT, um papel citoprotetor de ROS é crucial para a aclimação ao estresse ou morte celular. De 1,0 a $10 \mu\text{g.ml}^{-1}$ TM ou 2,0 a 10 mM DTT, as lesões necróticas estão

ligadas ao extravasamento de eletrólitos e peroxidação lipídica, sendo mais intensa em alta concentração (50 e 200 $\mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$). No geral, este trabalho associa concentrações crescentes de dois estressores do RE e suas respostas fisiológicas a jusante, o que ajuda a elucidar possíveis mecanismos de ajuste aos estresses ambientais iniciando os mecanismos de adaptação à sobrevivência ou morte.

Palavras-chave: homeostase, chaperonas moleculares, estresse do ER em plantas, *Unfolded Protein Response* de plantas.

Introduction

The endoplasmic reticulum (ER) is composed of a dynamic phospholipid bilayer membrane through a cytoplasm journey. It connects two morphologically distinct domains, the nuclear envelope and peripheral ER, to the plasma membrane, which amplifies the endomembrane system (VOELTZ; PRINZ, 2007; WESTRATE *et al.*, 2015). Inside the plant cell, ER resembles a highly polygonal three-dimensional network, organized by interconnected sheets and tubules that regulate alterations in its dynamics (PAIN; KRIECHBAUMER, 2020). ER is well-known as the most extensive cellular organelle that forms the first compartment in the secretory pathway, and its biological significance has been updated over the last decades, from the advances of electron microscopy to multi-dimension fluorescence microscopy images and quantitative measurements of dynamics by computational software (PAIN; KRIECHBAUMER, 2020; SCHULDINER; SCHWAPPACH, 2013; WESTRATE *et al.*, 2015).

The ER has been showing to play multiple roles in eukaryotic cells growth and differentiation, including calcium storage regulation, synthesis of steroid and lipid, control of folding, processing, assembly, and transport of nascent peptides to their target locations (BANERJEE *et al.*, 2007; KWIATEK; HAN; CARMAN, 2020; SCHÄFFER *et al.*, 2020). Remarkably, it mediates organellar architecture, retrograde and anterograde communication by the assembling and trafficking of molecules through the Golgi apparatus, lytic vacuole, and plasma membrane (RAOTE; MALHOTRA, 2021; STEFANO; HAWES; BRANDIZZI, 2014). If the effects caused by the stresses are not solved, plants will have reduced growth and development (BURKE *et al.*, 2020; TUTEJA *et al.*, 2011). ER also works in stress responses integrating those signals generated by both extracellular biotic and abiotic stimuli in plants. It requires a complex crosstalk among secondary metabolites, reactive oxygen species, soluble sugars, and phytohormones, including auxin, ethylene, abscisic acid, jasmonic, and salicylic acid (DEPAEPE *et al.*, 2021; PARK; PARK, 2019; ZHANG *et al.*, 2017).

Moreover, several external factors can disturb the ER homeostasis favoring the accumulation of misfolded or unfolded proteins, a natural state known as ER stress (PARK; PARK, 2019). Then, it triggers a cytoprotective pathway called unfolded protein response (UPR) composed of sensors into the ER membrane, which starts an intracellular signaling process to restore homeostasis (VERCHOT; PAJEROWSKA-MUKHTAR, 2021; ZHANG *et al.*, 2017). UPR helps to repair the protein folding capacity. It acts enhancing the levels of a large number of molecular chaperones and reducing the protein load by intensifying ER-associated protein degradation (ERAD) by a ubiquitination complex in a proteasome-dependent manner to keep the ER quality control (ZANG *et al.*, 2020). Conversely, if the stresses are prolonged or severe, the accumulation and aggregation of unfolded proteins might lead to oxidative stress, autophagy, and programmed death of the plant cell in a dependent UPR mechanism (HU *et al.*, 2020; WILLIAMS; VERCHOT; DICKMAN, 2014), although the other physiological responses of ER stress and UPR leading to survival or death are barely described and remain to be explored.

Under experimental conditions, some chemical agents have been applied to the growth media or sprayed in shoots and leaves in different dosages to study the molecular effects of ER stress (ANGELOS; BRANDIZZI, 2018). These agents interfere with post-translational protein modifications and promote the disturbance of ER homeostasis, resulting in the activation of the UPR pathway and physiological responses in *Arabidopsis* (NAWKAR *et al.*, 2018; RUBERTI; LAI; BRANDIZZI, 2018) and other species such as corn, tobacco, tomato, and soybean (REIS *et al.*, 2011; SRIVASTAVA *et al.*, 2018). For instance, dithiothreitol (DTT) blocks the formation of disulfide bonds, tunicamycin (TM) inhibits the N-glycosylation, and azetidine-2-carboxylic acid (AZC) interferes in the formation of native protein structure. Conversely, tauroursodeoxycholic acid (TUDCA) prevents protein aggregation promoting the inactivation of UPR (YU *et al.*, 2019).

Thus, the broad extension and gene diversity related to ER stresses are mostly revealed by the transcriptome profiling of plants under abiotic, biotic, and TM and DTT chemical agents. Although plant cells integrate their responses to ER functioning as adaptative and survival mechanisms, there is not a consensus of the concentration and chemicals used as well as physiological markers to evaluate. Further, it is common to evaluate the use of chemical agents in plants but not common to describe it. In this way, this current review includes the recent advances concerning the knowledge of ER response induced by crescent concentrations of TM and DTT treatments, and especially

metabolic and physiologic responses and their molecular mechanisms involving in the increasing of the ER stress in plants. We believe that the gathered data may help raise new insights into the plant UPR adjustments between survival and death in front of ER stress.

Endoplasmic reticulum stress response in *Arabidopsis*.

UPR is well established multiple signaling process in mammalian cells. The universal response is a highly conserved mechanism in eukaryotes, which protects against the harmful cytotoxic effects of misfolded and unfolded proteins accumulation in ER. First, the cell initiates an adaptative state to survive, then a cell death process starts, although this transition is not thoroughly explored (SRIVASTAVA *et al.*, 2018). The key components of UPR are composed of three conserved sensors embedded within the ER membrane: IRE1 (inositol requiring enzyme 1), ATF6 (activating transcription factor 6), and PERK (protein kinase RNA-like endoplasmic reticulum kinase), which regulate hundreds of genes expression (FUN; THIBAUT, 2020).

Even though in a conserved UPR, there are some variations across species. In plants, there is not analogous PERK activity reported but similar branches have been described in *Arabidopsis*: the first one is similar to ATF6, and it involves the proteolytic cleavage and release of the transcription factors bZIP17/28 (basic leucine zipper 17/28) located in the ER membrane. Likely IRE1 pathway of yeast and mammals, the second arm works via IRE1 sensors, which catalyze the alternative splicing of the transcription factor bZIP60 to positively regulate UPR related genes, especially ER-resident chaperones to increase protein folding, and promotes selective degradation of cytosolic mRNAs in a regulated IRE1-dependent decay (RIDD) to reduce the translation of new proteins (ANGELOS; BRANDIZZI, 2018; HOWELL, 2013; WANG *et al.*, 2019). Additionally, biotic stresses induce the GCN2 kinase (General Control Non-repressible 2) pathway. It promotes the phosphorylation of the orthologue eukaryotic translation initiation factor 2a (eIF2a) that acts in ABA response and activation of ER genes, similarly to yeast and mammalian models indicating a functional arm of the UPR pathway (LI *et al.*, 2018; LIU *et al.*, 2015; VERCHOT; PAJEROWSKA-MUKHTAR, 2021). Moreover, there are diverse influences of UPR in *Arabidopsis* during vegetative and root development, maturing, germinating pollen, fertility, and thermotolerance (BAO; BASSHAM; HOWELL, 2019; FRAGKOSTEFANAKIS *et al.*, 2016; KIM; YAMAGUCHI-SHINOZAKI; SHINOZAKI, 2018; WIESE *et al.*, 2021).

Under unstressed conditions, transmembrane IRE1 and bZIP28 are linked to the luminal binding protein (BiP) by their N-terminal domains into ER to remain in their inactive forms, while the interacting proteins that retain bZIP17 inactive in the membrane are unknown (PASTOR-CANTIZANO *et al.*, 2020). Once the accumulation of misfolded proteins in the ER lumen occurs due to stresses, the interaction between transmembrane each sensor bZIP28 and BiP is broken. Then, the UPR pathway is activated, the bZIP28 is transported by coat protein complex II (COPII) from ER to the Golgi apparatus (MARTI *et al.*, 2010), and subsequently cleaved by regulated intramembrane proteolysis (RIP), which acts mediated by proteases not yet identified in the C-terminal region inside Golgi, and the site-2-protease (S2P) at its cytosolic end (IWATA *et al.*, 2017; SUN *et al.*, 2013). Although three isoforms, IRE1a, IRE1b, and IRE1c, have been described in *Arabidopsis*, after the release of BiP, only IRE1a and IRE1b proteins can form oligomers that autophosphorylate each other and catalyze the unconventional cutting of the bZIP60 mRNA in the cytosol (NAWKAR *et al.*, 2018; OZGUR *et al.*, 2015; PU *et al.*, 2019). Both bZIP28 and spliced bZIP60 mRNA's translate into a functional transcription factor that is transferred to the nucleus (ALCÂNTARA *et al.*, 2020; BEAUGELIN *et al.*, 2020; HAYASHI *et al.*, 2012). These transcription factors bind to specific ER stress elements I (ERSE-I) and unfolded protein response element I (UPRE-I) in the promoter regions of several genes to induce the positive regulation of responsive genes (HOWELL, 2013; LIU; HOWELL, 2010). For instance, those ER-responsive genes are specially chaperones, such as *BiPs*, *calnexin*, *calreticulin*, *disulfide protein isomerase (PDI)*, and other *Arabidopsis* genes that have *cis*-regulatory elements which bind bZIP28 and bZIP60 with the assistance of nuclear factors Y (NF-Y) subunits to assemble and initiate the transcription complex (LIU; HOWELL, 2010; SUN *et al.*, 2013). Overall, it will work as a support for the correct folding of these proteins in order to restore temporary and chronic ER stress (BEAUGELIN *et al.*, 2020). *ERdj3B* is another UPR biomarker gene influenced by bZIP28 and bZIP60 (just like BiP) that can act as a chaperone for the protein folding processor. Moreover, the diversification of downstream pathways overlapped by UPR signaling amplifies the spectrum of other physiological responses that plants can use it as a strategy to survive (RUBERTI; LAI; BRANDIZZI, 2018). Indeed, a functional UPR is required to support a regular vegetative development including bZIP17 (BAO; BASSHAM; HOWELL, 2019; DENG; SRIVASTAVA; HOWELL, 2013). Although the downstream mechanism of bZIP17 was not detailed, it was cleaved similarly bZIP28 by the S1P under salt stress, inducing salt-stressed responsive genes (LIU *et al.*, 2007), as

well as it was related to root elongation (KIM; YAMAGUCHI-SHINOZAKI; SHINOZAKI, 2018).

Thus, the UPR can be considered as a bifunctional route, since in situations of temporary stress, it is able to regulate these adaptive responses, as described before, to restore ER homeostasis. However, in conditions of chronic or severe stress, the UPR is not capable of dealing with the unfavorable situations. Due to the loss of IRE1 function or the simultaneous exclusion of bZIP28 and bZIP60 transcription factors, programmed cell death (PCD) is induced (BEAUGELIN *et al.*, 2020; RUBERTI; LAI; BRANDIZZI, 2018). Indeed, bZIP28 and bZIP60 generate pro-survival signals, but pro-death signals are also generated. For instance, the membrane transcription factor ANAC089 is control by these sensors and activated by severe ER stress inducing programmed cell death (YANG *et al.*, 2014). In plants, to understand the performance of UPR promoting survival or cell death under either temporary or chronic ER stress both TM and DTT are employed, even though go beyond transcriptional modulation is a challenge. *Arabidopsis thaliana* was widely the most used study model, but a few reports involving other species as *Zea mays* and *Glycine max* have also cleared up exciting aspects and it brings up new insights into crop breeding by improving ER folding capacity.

Physiological responses induced by tunicamycin in plants

Tunicamycin (TM) is a well-known antibiotic synthesized from *Streptomyces lysosuperificus* (SCHÖNTHAL, 2012). It has been widely used in several biotic and abiotic studies, including animals and plants, to trigger ER stress by inhibiting N-acetylglucosamine phosphotransferases, thus avoiding the N-glycosylation of the newly synthesized proteins in the ER lumen (HIRATA *et al.*, 2019; REN *et al.*, 2018; RUBERTI; BRANDIZZI, 2018). In this section, we gather some of the main downstream physiological effects described in previous reports using different concentrations of tunicamycin as an ER stress inducer in plants (**Table 1**).

Table 1: Main physiological responses induced by crescent concentrations of Tunicamycin as an endoplasmic reticulum stressor in plants.

Main physiological responses	Dose ($\mu\text{g.ml}^{-1}$)	Specie	Reference
Decreasing of seedling and shoot growth	0.025	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(HIRATA <i>et al.</i> , 2019)
	0.04		(LAI <i>et al.</i> , 2018)
Impairment leaves development	0.02, 0.04 and 0.06	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(SUN <i>et al.</i> , 2013)
	0.02, 0.04, 0.06, and 0.08		(YANG <i>et al.</i> , 2014)
Chlorophyll loss	0.02, 0.04, 0.06, and 0.08	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(YANG <i>et al.</i> , 2014)
	0.05, 0.1, and 0.25		(ANGELOS; BRANDIZZI, 2018)
	0.3		(UZILDAY <i>et al.</i> , 2018)
	2.5	<i>Glycine max</i>	(REIS <i>et al.</i> , 2011)
	3.0, 5.0 and 10	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(CHAKRABORTY <i>et al.</i> , 2017)
Inhibition of root growth	0.01, 0.02 and 0.03	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(NAWKAR <i>et al.</i> , 2017)
	0.02 and 0.04		(LAI <i>et al.</i> , 2018)
	0.3		(HONG <i>et al.</i> , 2019)
	0.02, 0.04 and 0.06		(SUN <i>et al.</i> , 2013)
	0.5		(RUBERTI; LAI; BRANDIZZI, 2018)
Decrease seedlings fresh weight	0.01, 0.02 and 0.03	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(NAWKAR <i>et al.</i> , 2017)
	0.05		(NGUYEN; NAKAMURA; KANEHARA, 2019)
Decrease shoot fresh weight	0.5		(RUBERTI; LAI; BRANDIZZI, 2018)
Cell death	0.2	<i>Nicotiana tabacum</i>	(XU <i>et al.</i> , 2013)
	0.5	<i>Zea mays</i>	(SRIVASTAVA <i>et al.</i> , 2018)
	2.0	<i>Nicotiana tabacum</i>	(IWATA; KOIZUMI, 2005)
	2.5	<i>Glycine max</i>	(REIS <i>et al.</i> , 2011)
	5.0	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(YANG <i>et al.</i> , 2014)
	50 and 200	<i>Acer pseudoplatanus</i>	(MALERBA; CERANA; CROSTI, 2004)
Accumulation of PR1	1.0	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(CHAKRABORTY <i>et al.</i> , 2017)

ROS induction: H ₂ O ₂ and O ₂ ⁻	0.5	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(OZGUR <i>et al.</i> , 2015)
	1.0		(ANGELOS; BRANDIZZI, 2018)
Fatty acid oxidation	10	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(BEAUGELIN <i>et al.</i> , 2020)
Increase ion leakage	0.01, 0.02 and 0.03	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(NAWKAR <i>et al.</i> , 2017)
	0.15		(UZILDAY <i>et al.</i> , 2018)
Increasing of electrolyte releasing from dead cells	10		(CHAKRABORTY <i>et al.</i> , 2017)
Callose deposition	20	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(CHAKRABORTY <i>et al.</i> , 2017)
Antioxidante system induction	0.15, 0.3 and 0.45	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(UZILDAY <i>et al.</i> , 2018)
Senescence induction	2.5	<i>Glycine max</i>	(REIS <i>et al.</i> , 2011)
Necrotic lesions	2.5	<i>Glycine max</i>	(REIS <i>et al.</i> , 2011)
	10	<i>Lycopersicon esculentum</i>	(ZHAO <i>et al.</i> , 2007)
Cleavage of nuclear DNA	2.5	<i>Glycine max</i>	(REIS <i>et al.</i> , 2011)
	50 and 200	<i>Acer pseudoplatanus</i>	(MALERBA; CERANA; CROSTI, 2004)
Membrane lipid polyunsaturation	5.0	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(NGUYEN; NAKAMURA; KANEHARA, 2019)
Phototolerance	1.0	<i>Arabidopsis thaliana</i>	(BEAUGELIN <i>et al.</i> , 2020)

Font: Authors, 2022.

Low TM concentrations in the growth medium (0.02, 0.04, and 0.06 µg.ml⁻¹), already induce ER stress in plant tissues by promoting the movement of bZIP28 to Golgi and its proteolysis. It displayed some physiological responses such as a progressive reduction of germination rate, aerial parts, root growth accompanied by an increase of concentration or after ten days of treatment, or became worse in the *bzip28bzip60* loss of function (SUN *et al.*, 2013). Certainly, seedling size decreasing occurred after ten or twelve days of growth in the MS medium (HIRATA *et al.*, 2019). After 12 days, these TM concentrations decreased the emergence rate of leaves and total chlorophyll content. However, Knock-down *NAC089* RNAi plants promoted ER stress tolerance reversing these phenotypes (YANG *et al.*, 2014). Even mediums supplemented with lower concentrations of TM (0.01, 0.02, and 0.03 µg.ml⁻¹) or more exposure (14 days) promoted

a decrease in seedlings' weight that became more intensified by light treatment. It suggests significant crosstalk between ER and light signal, mediated by ELONGATED HYPOCOTYL 5 (HY5) proteins, which negatively regulates UPR genes, impairing protein folding capacity. Thus, the low light intensity may regulate the abundance of HY5 and alleviate ER stress keeping seedling growth (NAWKAR *et al.*, 2017). Then, slight increases of TM (0.05, 0.1, and 0.25 $\mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$) in the medium promoted significant reductions of chlorophyll content and increases in electrolyte leakage. However, H_2O_2 increases linked the reactive oxygen species (ROS) signaling during UPR as a dual mechanism to survive or leading to cell death under short- and long-term ER stress, respectively (ANGELOS; BRANDIZZI, 2018). Further, 0.5 $\mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ of TM applied in growth medium for eight hours highlighted these physiological responses previously described, including shoot degreening, shoot fresh weight decreasing, and root growth inhibition. Interestingly, the common adaptive ER stress pathways into the regulation of target genes *BiP3* and *ERdj3B* expression were induced by bZIP28, and bZIP60 in a tissue-specific independence associated with the upregulation of Bax Inhibitor 1 (BI-1) by IRE1/bZIP60 to promote the recovering from these conditions (RUBERTI; LAI; BRANDIZZI, 2018). Under the same TM concentration in a time course evaluation running to adaptation, ER marker genes *CRT2*, *BiP2*, *CNX*, *PDI*, *BI-1*, and the UPR sensors *bZIP60* and sliced *bZIP60* were progressively induced in *Zea mays* seedlings immersed in the solution. Conversely, several peroxidases genes had their expression decreased from the very first TM contact by a RIDD activity of *ZmIRE1*. Over time, it results in root epidermal cell death evaluated by vital dye Evans blue staining and autophagy assessed by ATG8 lipidation (SRIVASTAVA *et al.*, 2018).

The relationship among ER and other organelles is another subject barely explored. As discussed earlier, it may start by the oxidative stress involving the ER luminal oxidoreductase 1 (ERO1) enzymes in the ROS generation, and low concentrations of ROS originated from chloroplast and mitochondria to induce UPR (ANGELOS; BRANDIZZI, 2018; OZGUR *et al.*, 2015). It may be regulated by salicylic acid (SA) via BI-1 proteins in the ER membrane. Once the role of SA in adaptation or cell death may depend on its high or low levels (KOVÁCS *et al.*, 2016; POÓR *et al.*, 2019), it still needs to be explored. Indeed, ROS production induced by ER stress is also related to the activity of NADPH Oxidase, an enzyme complex that plays a role in the SA signaling and survival of plants under stress (SUMIMOTO, 2008). On this hand, seedlings transferred to medium supplemented with 1.0 $\mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ of TM induced two

Arabidopsis respiratory burst oxidase homologs (RBOHD and RBOHF). It supports a fundamental cytoprotective role for ROS in the defense against proteotoxic effects of temporary or chronic stress (ANGELOS; BRANDIZZI, 2018). Another example of crosstalk involves the singlet oxygen ($^1\text{O}_2$) generated in the chloroplast by an excess of light energy, as a product of photosynthesis. It triggers at least two signaling pathways leading to stress acclimation or cell death at low and high concentrations, respectively (MIGNOLET-SPRUYT *et al.*, 2016). Recently it has been shown that $^1\text{O}_2$ signaling pathway involves ER-mediated UPR, since moderate UPR induction by $1.0 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ of TM sprayed in the leaves promoted $^1\text{O}_2$ acclimation in *Arabidopsis*, which exhibited phototolerance and selective induction of *BiP3* gene upregulating the bZIP28-dependent branch compared with the bZIP60/IRE1 branch. By contrast, the intense UPR activation (induced by $10 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$) was associated with high light-induced cell death (BEAUGELIN *et al.*, 2020). In fact, ER stress is accentuated in high light conditions mediated by HY5 proteins (NAWKAR *et al.*, 2017) as described above.

The most pronounced physiological injuries are perceived in essays that used higher concentrations of TM, including 2.0, 2.5, 5.0, and $10 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ in the hydroponic or solid medium. As TM increases, the cleavage of nuclear DNA starts, consequently the induction of necrotic lesions, cell death, and senescence processes became visible in leaves and cotyledons of *Glycine max*, *Arabidopsis thaliana*, and *Lycopersicon esculentum* (REIS *et al.*, 2011; YANG *et al.*, 2014; ZHAO *et al.*, 2007). As well as cultured *Nicotiana tabacum* cells (IWATA; KOIZUMI, 2005), even ER stress–cell death signaling pathway in BY-2 tobacco cells is detected yet at $0.2 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ (XU *et al.*, 2013). Furthermore, in seedlings of *Zea mays* under persistent ER, UPR acts from $0.5 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ in the transition from activities that confer adaptation inducing the expression of survival genes, such as *ZmIRE1*, *BI-1* and *Bcl-2 associated anthanogene7 (BAG7)* to those that promote cell death by a cysteine protease (SRIVASTAVA *et al.*, 2018). Additionally, $5.0 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ of TM in the liquid medium severely interferes with the lipid unsaturation rate of endoplasmic reticulum and plastid membranes. Interestingly, the conversion of monounsaturated fatty acids to polyunsaturated fatty acids by FATTY ACID DESATURASE 2 (FAD2) -mediated lipid unsaturation, leading to the inference that this may be an important factor that is involved in the stress tolerance of ER in *Arabidopsis* overexpressing FAD2 (NGUYEN; NAKAMURA; KANEHARA, 2019). Indeed, the increasing electrolyte leaking from damaged cells of leaves infiltrated with TM (CHAKRABORTY *et al.*, 2017) and fatty acid oxidation processes in leaves sprayed with

10 µg.ml⁻¹ (BEAUGELIN *et al.*, 2020) may be associated with the appearance of PCD in plants. It brings up new insights into lipid polyunsaturation as an alternative strategy for molecular breeding following stress tolerance. Conversely, extremely high concentrations (50 and 200 µg.ml⁻¹) also induced such harmful effects. It linked mitochondria by H₂O₂ overproduction and the leakage of cytochrome c to changes at the ER level, such as accumulation of BiP and modifications in the organelle architecture, in which the collective metabolic and physiological responses resulted in programmed cell death (MALERBA; CERANA; CROSTI, 2004).

Crescent concentrations of tunicamycin (1.0, 3.0, 5.0, and 10 µg.ml⁻¹) also assessed a relationship between ER stress and plant immunity showing that a functional UPR machinery is necessary for host defenses. For instance, IRE1 induced plant immunity against virulent, and avirulent bacterial and fungal pathogens (CHAKRABORTY *et al.*, 2020; SAMPERNA *et al.*, 2021). Plants infiltrated with TM solution lead to the accumulation of PR1 (PATHOGENESIS-RELATED PROTEIN 1) followed by callose in leaves, which are markers for PAMP-triggered immunity (PTI) activation, independent of FLS2-mediated PTI. However, under 3.0, 5.0 and 10 µg.ml⁻¹ TM, plant leaves displayed a yellow color and a variation in texture at days 3 and 4 resulting in cell death (CHAKRABORTY *et al.*, 2017). The suppressive effect of ER stress was also responsible to increase bacterial growth in *Arabidopsis* (5.0 µg.ml⁻¹). Thus, ER quality control (ERQC) is an essential component of plant immune system, thus, a chronic disturbance in this process is one of the causes for pathogens to achieve host cell infection (KOENIG; PLOEGH, 2014). Indeed, it has been suggested that exogenous salicylic acid (SA) promotes changes in the composition of ER membrane phospholipids and induces UPR in plants, including its bZIP28 and bZIP60 and pathogens gene markers (NAGASHIMA *et al.*, 2014) acting in signaling and oxidative stress, as discussed before (POÓR *et al.*, 2019). Moreover, jasmonic acid (JA), which also plays a crucial role in the plant-pathogen interactions was recently involved in ER stress (5.0 µg.ml⁻¹) and UPR signaling in tomato plants inducing *SlBiP*, *SlbZIP60*, and *SlBI1*. Whereas nitric oxide failed to induce UPR. Moreover, there are evidences indicating the potential of JA to regulate H₂O₂ content, proteasomal activity, and lipid peroxidation during TM treatments (CZÉKUS *et al.*, 2020). Although the molecular mechanism of JA and other hormones in response to ER stress still need to be detailed, it is decisive for plants a regular operation of ER functions and ERQC.

Downstream physiological responses of dithiothreitol in plants

Dithiothreitol (DTT) is an alternative chemical agent commonly used under laboratory conditions to induce ER stress supporting TM, abiotic and biotic experiments. DTT provokes ER stress by reducing protein disulfide bond formation, impairing the protein folding capacity (BRAAKMAN; HELENIUS; HELENIUS, 1992; HOWELL, 2013). Although fewer papers describe physiological responses for DTT, in this section, we bring together some of the main downstream effects noted by studies that used DTT different concentrations to induce ER stress in plants (**Table 2**), as we did for TM.

Table 2: Main physiological effects induced by crescent concentrations of Dithiothreitol as an endoplasmic reticulum stressor in plants.

Main physiological responses	Dose (mM)	Specie	Reference
Impairment of true leaves	2.0, 2.5, and 3.0	<i>A. thaliana</i>	(SUN <i>et al.</i> , 2013)
Decreasing of root growth	0.5 and 1.0	<i>A. thaliana</i>	(NAWKAR <i>et al.</i> , 2017)
	1.5	<i>A. thaliana</i>	(DENG; SRIVASTAVA; HOWELL, 2013)
	2.5	<i>A. thaliana</i>	(HUMBERT <i>et al.</i> , 2012)
	2.5	<i>Sorghum bicolor</i>	(QUEIROZ <i>et al.</i> , 2020)
	2.0, 2.5 and 3.0	<i>A. thaliana</i>	(SUN <i>et al.</i> , 2013)
	4.0	<i>Eleusine coracana</i>	(BABITHA <i>et al.</i> , 2015)
	7.5	<i>Triticum aestivum</i>	(YU <i>et al.</i> , 2019)
Decreasing of shoot growth	2.0, 2.5 and 3.0	<i>A. thaliana</i>	(SUN <i>et al.</i> , 2013)
	2.5	<i>Sorghum bicolor</i>	(QUEIROZ <i>et al.</i> , 2020)
	4.0	<i>Eleusine coracana</i>	(BABITHA <i>et al.</i> , 2015)
	7.5	<i>Triticum aestivum</i>	(YU <i>et al.</i> , 2019)
Cell death	2.0	<i>A. thaliana</i>	(LIU <i>et al.</i> , 2012; YANG <i>et al.</i> , 2016, 2014)
	7.5	<i>Triticum aestivum</i>	(YU <i>et al.</i> , 2019)
Termotolerance	5.0	<i>A. thaliana</i>	(MA <i>et al.</i> , 2015)
Decrease of chlorophyll content	7.5	<i>Triticum aestivum</i>	(YU <i>et al.</i> , 2019)

Reduction plant biomass	2.5	<i>Sorghum bicolor</i>	(QUEIROZ <i>et al.</i> , 2020)
	7.5	<i>Triticum aestivum</i>	(YU <i>et al.</i> , 2019)
Increase of electrolyte leakage	7.5	<i>Triticum aestivum</i>	(YU <i>et al.</i> , 2019)
Increase of K ⁺ /Na ⁺ ions	5.0	<i>Sorghum bicolor</i>	(QUEIROZ <i>et al.</i> , 2020)
Increase of lipid peroxidation	2.5 and 5.0	<i>Sorghum bicolor</i>	(QUEIROZ <i>et al.</i> , 2020)
Antioxidant system induction	5.0 and 10	<i>Sorghum bicolor</i>	(QUEIROZ <i>et al.</i> , 2020)
	7.5	<i>Triticum aestivum</i>	(YU <i>et al.</i> , 2019)

Font: Authors, 2022.

The concentration and time of exposure of this chemical also diverge a lot among the works, as we see in TM treatments. In general, the DTT concentration utilized ranged from 0.5 to 10 mM (Table 2). Although physiological parameters need to be more detailed, the essays described ER response since DTT induced UPR sensors and upregulated ER-resident chaperones being more severe and pro-apoptotic than TM in mammalian cells (LABUNSKYY *et al.*, 2009). Even lower concentrations of DTT triggered physiological modulation via ER stress. The plant model *Arabidopsis* grown under 0.5 and 1.0 mM of DTT presented severe primary root growth inhibition by this agent. Interestingly, it was more accentuated as long as light was intensified. It corroborates the UPR and light signal crosstalk described by low concentrations of TM treatment mediated by HY5 proteins, which negatively regulates UPR genes in competitive mechanism between HY5 and bZIP28 to bind *BiP3* promoter (NAWKAR *et al.*, 2017). Furthermore, genes encoding UPR components play fundamental roles in plant development under both stressed and unstressed conditions, and the different accumulation of BiP and other ER-resident chaperones depend on the level of activation of the pathway (CHE *et al.*, 2010; KIM; YAMAGUCHI-SHINOZAKI; SHINOZAKI, 2018; NAWKAR *et al.*, 2017). Indeed, impacts on root growth are also sensed in crescent concentrations of DTT as reported by plants exposed to 1.5 mM (DENG; SRIVASTAVA; HOWELL, 2013), 2.0 to 3.0 mM (HUMBERT *et al.*, 2012; QUEIROZ *et al.*, 2020; SUN *et al.*, 2013), 4.0 mM (BABITHA *et al.*, 2015) and 7.5 mM (YU *et al.*, 2019). Moreover,

mutant approaches help to provide the link among the functional RNase and protein kinase domains of IRE1 to endoplasmic reticulum stress tolerance, vegetative growth, and development of *Arabidopsis*, which were impaired by the loss of function in the *ire1a ire1b* double mutant and became lethal in the *ire1a ire1b bzip28* triple mutant (DENG; SRIVASTAVA; HOWELL, 2013).

When imposing 2.0 mM DTT in *Arabidopsis* plants, besides the primary root growth impairment, other symptoms as shoot decrease (SUN *et al.*, 2013), and cell death were reported increasing caspase-like activity (LIU *et al.*, 2012; YANG *et al.*, 2016, 2014). *Sorghum bicolor* exposed to 2.5 mM DTT was related to a reduction in the biomass of both shoots and roots, also fresh and dry mass, and an impact on the degradation of membrane lipids, demonstrated by the increase of thiobarbituric acid reactive substances (TBARS) content, a by-product of lipid peroxidation (QUEIROZ *et al.*, 2020). This concentration is further responsible to cause an impairment in the emergence of the first leaves pair in *Arabidopsis* (SUN *et al.*, 2013). On the other hand, the induction of antioxidant system is an effect sensed under 5.0 mM evidenced by the diminishment of H₂O₂ content, in both shoots and roots (also observed in 10 mM of DTT); yet, increased K⁺/Na⁺ ions rate in roots was observed as well (QUEIROZ *et al.*, 2020). Furthermore, thermotolerance is an effect also detected under 5.0 mM DTT treatment, occasioned by the *THERMOSENSITIVE MALE STERILE 1 (TMS1)*, which may be functionally different from ERdj3B, but it interacts with BiP1 and BiP3, promoting such thermotolerance in a bZIP28 and bZIP60 upstream activities dependent manner (MA *et al.*, 2015).

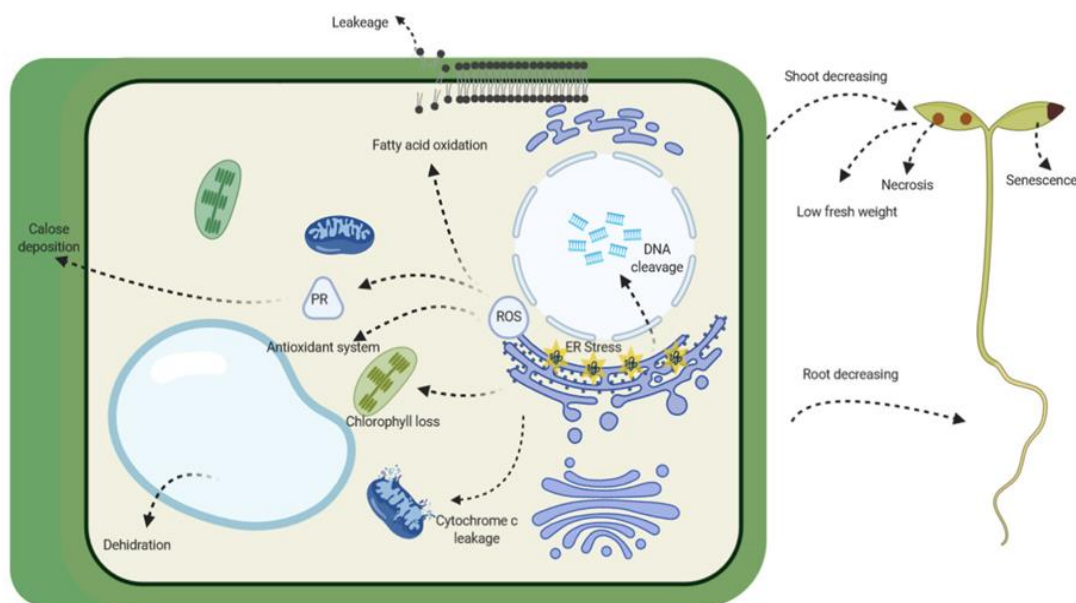
Under higher concentrations, such as 7.5 mM DTT in wheat (*Triticum aestivum*), several biochemical changes also were induced; for example, catalase and superoxide dismutase activities significantly increased related to control treatment (YU *et al.*, 2019), which are a result of higher ROS induction. Furthermore, it promoted a huge impact, decreasing chlorophyll content (one of the main pigments in plant photosynthesis for absorption and transmission of light energy) and an increase in the leakage of electrolytes by augmenting permeability of the cytomembrane. As a response mechanism, several photosynthesis-related genes, antioxidant enzyme genes, plant hormone-related genes, and transcription factors (TFs) were positively modulated. Collectively, they play essential role in the integration of plant metabolism and upregulation of ER stress, including ER resident proteins like BiP, CNX/CRT and, PDIs. Additionally, *Sorghum* seedlings treated with 10 mM of DTT also showed impairments on morphophysiological

traits described for lower concentrations already, although under such concentration the decrease of toxic Na^+ ion occurred via increasing the expression of transporters *SbNHX1* and *SbSOS1* genes associated with an increased expression of ER related genes *SbPDI* and *SbbZIP60*, which might trigger the unfolded protein response pathway (QUEIROZ *et al.*, 2020). Although low or high concentrations of DTT can induce ER stress, the mechanisms that trigger the survival or death are not clear. Nevertheless, they both use the UPR to generate signals that are spread from the ER to cell, much probably by ROS and uncountable downstream physiological responses.

Concluding Remarks

In this current review, we gathered previous reports regarding the use of crescent concentrations of tunicamycin and dithiothreitol, two chemical agents of ER stress in plants. We addressed some downstream effects of UPR signaling following some physiological responses employed as a marker for weak or strong ER stress and its relationship with plant development. In general, all studies reported the upregulation of UPR and ER-resident genes under both TM and DTT associated with several injuries, similar to biotic and abiotic stresses that use ER to deal with stress (**Fig. 1**). From low TM concentrations ($\leq 0.5 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$) and DTT (0.5 to 1.0 mM) the reduced chlorophyll content was linked to diminished reactive oxygen species (ROS) signaling, PTI to SA and JA activation, while the growth impairment was associated with an unbalance of UPR genes. Interestingly, there is an inverse relationship between light and UPR resulting in an alleviation of stress effects by low light or the overexpression of HY5 which may be controlled by SA. Conversely, there is a positive relationship among BI-1 and bZIP28, and bZIP60 to induce BiP3 and ERdj3B to deal with injuries. Above $0.5 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ TM and $1.0 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ DTT, a ROS cytoprotective role stress seems to be crucial to promote stress acclimation or cell death. From 2.0 to $10 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ TM and 2.0 to 10 mM DTT, necrotic lesions, cell death, and senescence processes are linked to the increase of electrolyte leakage, and fatty acid oxidation, which were more aggravated at extremely high concentrations (50 and $200 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$), H_2O_2 overproduction and leakage of cytochrome c leading to mitochondria cross talking. Moreover, there is evidence indicating the potential of JA and SA to regulate H_2O_2 content, proteasomal activity, and lipid peroxidation, although the molecular mechanism of hormones in response to ER stress still needs to be detailed. Overall, this work should provide a foundation for extended research on crop plants to elucidate possible mechanisms to adjust to environmental stresses, particularly

in the mechanisms that use the ER and may help raise new insights into the plant UPR adjustments between survival and death in front of ER stress.



Created in BioRender.com

Figure 1: Endoplasmic reticulum stress (ER) is induced by an accumulation of misfolded or unfolded proteins, particularly under abiotic stress and biotic stress. Previous papers reported that the exposition to the crescent concentration of both chemical agents tunicamycin (TM) and dithiothreitol (DTT) also induced the accumulation of those proteins in the ER resulting in harmful effects in the plant cell (Table 1 and 2). ER stress promoted by TM induces the antioxidant system activity from $0.01 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$, as well as ion leakage and the decrease of fresh weight and root growth. Plastids start to lose chlorophyll content, and aerial parts decrease their growth from $0.02 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$. From $0.5 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ on, high levels of reactive oxygen species (ROS) are detected, such as H_2O_2 or $\text{O}_2^{\cdot-}$. Fatty acid oxidation and PATHOGENESIS-RELATED PROTEIN 1 (PR1) accumulation are reported from $1 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$ and callose deposition from $20 \mu\text{g} \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$. Then DNA cleavage, necrotic lesions, and senescence are induced from $2.5 \mu\text{g}.\text{ml}^{-1}$. Under DTT, root length decrease is induced from 0.5 mM , while impairment of leaves emergence and shoot length decrease are induced from 2 mM DTT, as well as programmed cell death. Antioxidant system induction, and lipid peroxidation are reported to increase under $2.5\text{-}5.0 \text{ mM}$ DTT. Then, decrease of chlorophyll content, ion leakage and cytochrome c leakage are induced from 7.5 mM DTT. Created in BioRender.com

Font: Authors, 2022.

Acknowledgments

We would like to thank the National Council for Scientific and Technological Development (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior

(CAPES), and Fundação Cearense de Apoio ao Desenvolvimento Científico e Tecnológico to support us with fellowships. (FUNCAP)-DEP-0164-00152.01.00/19.

References

- ALCÂNTARA, A. et al. A high-throughput screening method to identify proteins involved in unfolded protein response of the endoplasmic reticulum in plants. **Plant Methods**, v. 16, n. 1, p. 1–15, 2020.
- ANGELOS, E.; BRANDIZZI, F. NADPH oxidase activity is required for ER stress survival in plants. **Plant Journal**, v. 96, n. 6, p. 1106–1120, 2018.
- BABITHA, K. C. et al. EcbZIP60, a basic leucine zipper transcription factor from *Eleusine coracana* L. improves abiotic stress tolerance in tobacco by activating unfolded protein response pathway. **Molecular Breeding**, v. 35, n. 9, 2015.
- BANERJEE, S. et al. The evolution of N-glycan-dependent endoplasmic reticulum quality control factors for glycoprotein folding and degradation. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 104, n. 28, p. 11676–11681, 2007.
- BAO, Y.; BASSHAM, D. C.; HOWELL, S. H. A functional unfolded protein response is required for normal vegetative development. **Plant Physiology**, v. 179, n. 4, p. 1834–1843, 2019.
- BEAUGELIN, I. et al. Endoplasmic reticulum-mediated unfolded protein response is an integral part of singlet oxygen signalling in plants. **The Plant Journal**, p. 1–15, 2020.
- BRAAKMAN, I.; HELENIUS, J.; HELENIUS, A. Manipulating disulfide bond formation and protein folding in the endoplasmic reticulum. **EMBO Journal**, v. 11, n. 5, p. 1717–1722, 1992.
- BURKE, R. et al. Stressed to Death: The Role of Transcription Factors in Plant Programmed Cell Death Induced by Abiotic and Biotic Stimuli. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, n. August, p. 1–12, 2020.
- CHAKRABORTY, R. et al. Tunicamycin-induced endoplasmic reticulum stress suppresses plant immunity. **Applied Biological Chemistry**, v. 60, n. 6, p. 623–630, 2017.
- CHAKRABORTY, R. et al. Inositol-requiring enzyme 1 (IRE1) plays for AvrRpt2-triggered immunity and RIN4 cleavage in Arabidopsis under endoplasmic reticulum (ER) stress. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 156, n. August, p. 105–114, 2020.
- CHE, P. et al. Signaling from the Endoplasmic Reticulum Activates Brassinosteroid Signaling and Promotes Acclimation to Stress in Arabidopsis. **Science Signaling**, v. 3, n. 141, p. ra69–ra69, set. 2010.
- CZÉKUS, Z. et al. Effects of Jasmonic Acid in ER Stress and Unfolded Protein Response in Tomato Plants. **Biomolecules**, v. 10, n. 7, 2020.
- DENG, Y.; SRIVASTAVA, R.; HOWELL, S. H. Protein kinase and ribonuclease

domains of IRE1 confer stress tolerance, vegetative growth, and reproductive development in Arabidopsis. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 110, n. 48, p. 19633–19638, 2013.

DEPAEPE, T. et al. At the Crossroads of Survival and Death: The Reactive Oxygen Species–Ethylene–Sugar Triad and the Unfolded Protein Response. **Trends in Plant Science**, v. 26, n. 4, p. 338–351, 2021.

FRAGKOSTEFANAKIS, S. et al. Unfolded protein response in pollen development and heat stress tolerance. **Plant Reproduction**, v. 29, n. 1–2, p. 81–91, 2016.

FUN, X. H.; THIBAUT, G. Lipid bilayer stress and proteotoxic stress-induced unfolded protein response deploy divergent transcriptional and non-transcriptional programmes. **Biochimica et Biophysica Acta - Molecular and Cell Biology of Lipids**, v. 1865, n. 1, p. 158449, 2020.

HAYASHI, S. et al. Signal transduction by IRE1-mediated splicing of bZIP50 and other stress sensors in the endoplasmic reticulum stress response of rice. **Plant Journal**, v. 69, n. 6, p. 946–956, 2012.

HIRATA, R. et al. Deficiency in the double-stranded RNA binding protein HYPONASTIC LEAVES1 increases sensitivity to the endoplasmic reticulum stress inducer tunicamycin in Arabidopsis. **BMC Research Notes**, v. 12, n. 1, p. 1–6, 2019.

HONG, Z. H. et al. BLISTER-regulated vegetative growth is dependent on the protein kinase domain of ER stress modulator IRE1A in Arabidopsis thaliana. **PLoS Genetics**, v. 15, n. 12, p. 1–19, 2019.

HOWELL, S. H. Endoplasmic Reticulum Stress Responses in Plants. **Annual Review of Plant Biology**, v. 64, n. 1, p. 477–499, abr. 2013.

HU, S. et al. AtSec62 is critical for plant development and is involved in ER-phagy in Arabidopsis thaliana. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 62, n. 2, p. 181–200, fev. 2020.

HUMBERT, S. et al. Alteration of the bZIP60/IRE1 pathway affects plant response to ER stress in Arabidopsis Thaliana. **PLoS ONE**, v. 7, n. 6, p. 1–8, 2012.

IWATA, Y. et al. Activation of the Arabidopsis membrane-bound transcription factor bZIP28 is mediated by site-2 protease, but not site-1 protease. **The Plant Journal**, v. 91, n. 3, p. 408–415, ago. 2017.

IWATA, Y.; KOIZUMI, N. Unfolded protein response followed by induction of cell death in cultured tobacco cells treated with tunicamycin. **Planta**, v. 220, n. 5, p. 804–807, mar. 2005.

KIM, J.-S.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. ER-Anchored Transcription Factors bZIP17 and bZIP28 Regulate Root Elongation. **Plant Physiology**, 2018.

KOENIG, P.-A.; PLOEGH, H. L. Protein quality control in the endoplasmic reticulum. **F1000Prime Reports**, v. 6, n. 69, p. 147–172, jul. 2014.

KOVÁCS, J. et al. Salicylic acid induced cysteine protease activity during programmed cell death in tomato plants. **Acta Biologica Hungarica**, v. 67, n. 2, p. 148–158, 2016.

KWIATEK, J. M.; HAN, G. S.; CARMAN, G. M. Phosphatidate-mediated regulation of lipid synthesis at the nuclear/endoplasmic reticulum membrane. **Biochimica et Biophysica Acta - Molecular and Cell Biology of Lipids**, v. 1865, n. 1, p. 1–11, 2020.

LABUNSKYY, V. M. et al. Sep15, a thioredoxin-like selenoprotein, is involved in the unfolded protein response and differentially regulated by adaptive and acute ER stresses. **Biochemistry**, v. 48, n. 35, p. 8458–8465, 2009.

LAI, Y. S. et al. Salicylic acid-independent role of NPR1 is required for protection from proteotoxic stress in the plant endoplasmic reticulum. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 115, n. 22, p. E5203–E5212, 2018.

LI, N. et al. Overexpression of tobacco GCN2 stimulates multiple physiological changes associated with stress tolerance. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, n. June, p. 1–12, 2018.

LIU, J.-X. et al. Salt stress responses in Arabidopsis utilize a signal transduction pathway related to endoplasmic reticulum stress signaling. **The Plant Journal**, v. 51, n. 5, p. 897–909, 2007.

LIU, J.-X.; HOWELL, S. H. bZIP28 and NF-Y Transcription Factors Are Activated by ER Stress and Assemble into a Transcriptional Complex to Regulate Stress Response Genes in Arabidopsis. **The Plant Cell**, v. 22, n. 3, p. 782–796, mar. 2010.

LIU, X. et al. Arabidopsis thaliana AtGCN2 Kinase is Involved in Disease Resistance against Pathogens with Diverse Life Styles. **International Journal of Phytopathology**, v. 4, n. 2, p. 93–104, 2015.

LIU, Y. et al. Degradation of the endoplasmic reticulum by autophagy during endoplasmic reticulum stress in Arabidopsis. **Plant Cell**, v. 24, n. 11, p. 4635–4651, 2012.

MA, Z. X. et al. The thermosensitive male sterile 1 interacts with the BiPs via DnaJ domain and stimulates their ATPase enzyme activities in arabidopsis. **PLoS ONE**, v. 10, n. 7, p. 1–13, 2015.

MALERBA, M.; CERANA, R.; CROSTI, P. Comparison between the effects of fusicoccin, Tunicamycin, and Brefeldin A on programmed cell death of cultured sycamore (*Acer pseudoplatanus* L.) cells. **Protoplasma**, v. 224, n. 1–2, p. 61–70, out. 2004.

MARTI, L. et al. COPII-mediated traffic in plants. **Trends in Plant Science**, v. 15, n. 9, p. 522–528, set. 2010.

MIGNOLET-SPRUYT, L. et al. Spreading the news: subcellular and organellar reactive oxygen species production and signalling. **Journal of Experimental Botany**, v. 67, n. 13, p. 3831–3844, jun. 2016.

NAGASHIMA, Y. et al. Exogenous Salicylic Acid Activates Two Signaling Arms of the Unfolded Protein Response in Arabidopsis. **Plant and Cell Physiology**, v. 55, n. 10, p. 1772–1778, out. 2014.

NAWKAR, G. M. et al. HY5, a positive regulator of light signaling, negatively controls the unfolded protein response in Arabidopsis. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 114, n. 8, p. 2084–2089, fev. 2017.

NAWKAR, G. M. et al. Activation of the Transducers of Unfolded Protein Response in Plants. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, n. February, p. 1–10, fev. 2018.

NGUYEN, V. C.; NAKAMURA, Y.; KANEHARA, K. Membrane lipid polyunsaturation mediated by FATTY ACID DESATURASE 2 (FAD2) is involved in endoplasmic reticulum stress tolerance in Arabidopsis thaliana. **Plant Journal**, v. 99, n. 3, p. 478–493, 2019.

OZGUR, R. et al. The effects of induced production of reactive oxygen species in organelles on endoplasmic reticulum stress and on the unfolded protein response in arabidopsis. **Annals of Botany**, v. 116, n. 4, p. 541–553, set. 2015.

PAIN, C.; KRIECHBAUMER, V. Defining the dance: Quantification and classification of endoplasmic reticulum dynamics. **Journal of Experimental Botany**, v. 71, n. 6, p. 1757–1762, 2020.

PARK, C. J.; PARK, J. M. Endoplasmic reticulum plays a critical role in integrating signals generated by both biotic and abiotic stress in plants. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, n. April, 2019.

PASTOR-CANTIZANO, N. et al. Functional Diversification of ER Stress Responses in Arabidopsis. **Trends in Biochemical Sciences**, v. 45, n. 2, p. 123–136, fev. 2020.

POÓR, P. et al. The Multifaceted Roles of Plant Hormone Salicylic Acid in Endoplasmic Reticulum Stress and Unfolded Protein Response. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 23, p. 5842, nov. 2019.

PU, Y. et al. AtIRE1C, an unconventional isoform of the UPR master regulator AtIRE1, is functionally associated with AtIRE1B in Arabidopsis gametogenesis. **Plant Direct**, v. 3, n. 11, p. 1–13, 2019.

QUEIROZ, C. S. DE et al. Combined NaCl and DTT diminish harmful ER-stress effects in the sorghum seedlings CSF 20 variety. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 147, p. 223–234, 2020.

RAOTE, I.; MALHOTRA, V. Tunnels for Protein Export from the Endoplasmic Reticulum. **Annual Review of Biochemistry**, v. 90, n. 1, p. 1–26, 2021.

REIS, P. A. A. et al. The binding protein BiP attenuates stress-induced cell death in soybean via modulation of the N-RICH protein-mediated signaling pathway. **Plant Physiology**, v. 157, n. 4, p. 1853–1865, 2011.

REN, B. et al. Comparative proteomics reveals the neurotoxicity mechanism of ER stressors tunicamycin and dithiothreitol. **NeuroToxicology**, v. 68, p. 25–37, 2018.

RUBERTI, C.; BRANDIZZI, F. **The Plant Endoplasmic Reticulum**. New York, NY: Springer New York, 2018. v. 1691

RUBERTI, C.; LAI, Y. S.; BRANDIZZI, F. Recovery from temporary endoplasmic reticulum stress in plants relies on the tissue-specific and largely independent roles of bZIP28 and bZIP60, as well as an antagonizing function of BAX-Inhibitor 1 upon the pro-adaptive signaling mediated by bZIP28. **Plant Journal**, v. 93, n. 1, p. 155–165, 2018.

SAMPERNA, S. et al. Arabidopsis defense against the pathogenic fungus *drechslera gigantea* is dependent on the integrity of the unfolded protein response. **Biomolecules**, v. 11, n. 2, p. 1–23, 2021.

SCHÄFFER, D. E. et al. Functional Innovation in the Evolution of the Calcium-Dependent System of the Eukaryotic Endoplasmic Reticulum. **Frontiers in Genetics**, v. 11, n. February, p. 1–17, 2020.

SCHÖNTHAL, A. H. Endoplasmic Reticulum Stress: Its Role in Disease and Novel Prospects for Therapy. **Scientifica**, v. 2012, p. 1–26, 2012.

SCHULDINER, M.; SCHWAPPACH, B. From rags to riches - The history of the endoplasmic reticulum. **Biochimica et Biophysica Acta - Molecular Cell Research**, v. 1833, n. 11, p. 2389–2391, 2013.

SRIVASTAVA, R. et al. Response to persistent er stress in plants: A multiphasic process that transitions cells from prosurvival activities to cell death[OPEN]. **Plant Cell**, v. 30, n. 6, p. 1220–1242, 2018.

STEFANO, G.; HAWES, C.; BRANDIZZI, F. ER - the key to the highway. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 22, p. 30–38, 2014.

SUMIMOTO, H. Structure, regulation and evolution of Nox-family NADPH oxidases that produce reactive oxygen species. **FEBS Journal**, v. 275, n. 13, p. 3249–3277, jul. 2008.

SUN, L. et al. The lumen-facing domain is important for the biological function and organelle-to-organelle movement of BZIP28 during ER stress in arabidopsis. **Molecular Plant**, v. 6, n. 5, p. 1605–1615, 2013.

TUTEJA, N. et al. Special issue: Plant abiotic stress. **Plant Signaling and Behavior**, v. 6, n. 2, p. 173–174, 2011.

UZILDAY, B. et al. Endoplasmic reticulum stress regulates glutathione metabolism and activities of glutathione related enzymes in Arabidopsis. **Functional Plant Biology**, v. 45, n. 1–2, p. 284–296, 2018.

VERCHOT, J.; PAJEROWSKA-MUKHTAR, K. M. UPR signaling at the nexus of plant viral, bacterial, and fungal defenses. **Current Opinion in Virology**, v. 47, p. 9–17, 2021.

VOELTZ, G. K.; PRINZ, W. A. Sheets, ribbons and tubules — how organelles get their shape. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 8, n. 3, p. 258–264, mar. 2007.

WANG, W. et al. Arabidopsis GAAP1 to GAAP3 Play Redundant Role in Cell Death Inhibition by Suppressing the Upregulation of Salicylic Acid Pathway Under Endoplasmic Reticulum Stress. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, n. August, p. 1–13, 2019.

WESTRATE, L. M. et al. Form Follows Function: The Importance of Endoplasmic Reticulum Shape. **Annual Review of Biochemistry**, v. 84, n. 1, p. 791–811, 2015.

WIESE, A. J. et al. Arabidopsis bZIP18 and bZIP52 accumulate in nuclei following heat stress where they regulate the expression of a similar set of genes. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 22, n. 2, p. 1–24, 2021.

WILLIAMS, B.; VERCHOT, J.; DICKMAN, M. B. When supply does not meet demand-ER stress and plant programmed cell death. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, jun. 2014.

XU, H. et al. The ER luminal binding protein (BiP) alleviates Cd²⁺-induced programmed cell death through endoplasmic reticulum stress–cell death signaling pathway in tobacco cells. **Journal of Plant Physiology**, v. 170, n. 16, p. 1434–1441, nov. 2013.

YANG, X. et al. Activation of autophagy by unfolded proteins during endoplasmic reticulum stress. **Plant Journal**, v. 85, n. 1, p. 83–95, 2016.

YANG, Z. T. et al. The Membrane-Associated Transcription Factor NAC089 Controls ER-Stress-Induced Programmed Cell Death in Plants. **PLoS Genetics**, v. 10, n. 3, 2014.

YU, X. et al. Transcriptome and physiological analyses for revealing genes involved in wheat response to endoplasmic reticulum stress. **BMC Plant Biology**, v. 19, n. 1, p. 1–22, 2019.

ZANG, Y. et al. Arabidopsis OTU1, a linkage-specific deubiquitinase, is required for endoplasmic reticulum-associated protein degradation. **Plant Journal**, v. 101, n. 1, p. 141–155, 2020.

ZHANG, L. et al. Osmotic stress induced cell death in wheat is alleviated by tauroursodeoxycholic acid and involves endoplasmic reticulum stress–related gene expression. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, n. May, p. 1–14, 2017.

ZHAO, C. et al. Constitutive expression of an endoplasmic reticulum small heat shock protein alleviates endoplasmic reticulum stress in transgenic tomato. **Journal of Plant Physiology**, v. 164, n. 7, p. 835–841, jul. 2007.

CAPÍTULO 2

ATIVIDADE ANTI-INFLAMATÓRIA E INDICAÇÃO TERAPÊUTICA DO ÓLEO DE BABAÇU (*Attalea sp.*) E ÓLEOS DE PALMEIRAS DO GÊNERO *Syagrus sp.*: UMA REVISÃO DO POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO E CIENTÍFICO

ANTI-INFLAMMATORY ACTIVITY AND THERAPEUTIC INDICATION OF BABASSU (*Attalea speciosa*) AND OILS OF PALM TREES OF THE GENUS *Syagrus*: A REVIEW OF THE BIOTECHNOLOGICAL AND SCIENTIFIC POTENTIAL

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.02>

Submetido em: 21/11/2022

Revisado em: 05/12/2022

Publicado em: 14/12/2022

Fabiana Frazão Frazão

Programa de Pós-graduação em Biotecnologia-RENORBIO, Universidade Federal do
Maranhão, São Luís - MA, Brasil.

<http://lattes.cnpq.br/8620019173929647>

Ricardo Henrique Nascimento Frazão

Programa de Pós-graduação em Química, Universidade Federal do Maranhão, São
Luís - MA, Brasil.

<http://lattes.cnpq.br/5298980215553561>

Olga Oliveira dos Anjos

Programa de Pós-graduação em Biotecnologia-RENORBIO, Universidade Federal do
Maranhão, São Luís - MA, Brasil.

<http://lattes.cnpq.br/2567300107146323>

Cristina Gomes Soares da Silva

Programa de Pós-graduação em Biotecnologia-RENORBIO, Universidade Federal do
Maranhão, São Luís - MA, Brasil.

<http://lattes.cnpq.br/6432404093382932>

Cáritas de Jesus Silva Mendonça

Programa de Pós-Graduação em Energia e Ambiente- PPGEA, Universidade Federal
do Maranhão, São Luís - MA, Brasil.

<http://lattes.cnpq.br/6240735051211119>

Adeilton Pereira Maciel

Departamento de Química, Universidade Federal do Maranhão, São Luís - MA, Brasil.

<https://orcid.org/0000-0002-1787-6039>

Resumo

O objetivo deste trabalho é descrever uma revisão sistemática sobre a atividade anti-inflamatória e indicação terapêutica do óleo de babaçu e óleos extraídos de palmeiras do gênero *Syagrus*. A busca para a seleção dos estudos ocorreu entre os meses de julho a novembro de 2022, por meio de bases de periódicos e patentes, fazendo uso de termos como *babassu oil*, *Syagrus*, *oil*, e *anti-inflammatory activity* combinados entre si, utilizando-se os operadores booleanos AND/OR/* para agregar todos os descritores. O Brasil é o país que mais publica artigos científicos sobre estes óleos vegetais supracitados. Quanto ao tema proposto sobre atividade anti-inflamatória destes óleos, percebe-se ainda que há escassez nas pesquisas, com apenas dez artigos publicados e uma patente referente ao óleo *Syagrus cocoides*. No entanto, a presente revisão mostrou que o óleo de babaçu e o óleo extraído de palmeiras do gênero *Syagrus* são usados pela população como ação anti-inflamatória contra vários tipos de doenças e o uso destas espécies apresenta um elevado potencial biotecnológico.

Palavras-chave: Arecaceae, ação anti-inflamatória, doenças, *Orbignya phalerata*, coco ariri.

Abstract

The objective of this paper is to describe a systematic review on the anti-inflammatory activity and therapeutic indication of babassu oil and oils extracted from palm trees of the genus *Syagrus*. The search for the selection of studies occurred between July and November 2022, through databases of journals and patents, using terms such as *babassu oil*, *Syagrus*, *oil*, and *anti-inflammatory activity* combined, using the Boolean operators AND/OR/* to aggregate all descriptors. Brazil is the country that publishes the most scientific articles about these vegetable oils. As for the proposed theme on anti-inflammatory activity of these oils, one can see that there is still a scarcity of research, with only ten published articles and one patent relating to *Syagrus cocoides* oil. However, the present review showed that babassu oil and the oil extracted from palm trees of the genus *Syagrus* are used by the population as anti-inflammatory action against several types of diseases and the use of these species presents a high biotechnological potential.

Keywords: Arecaceae, anti-inflammatory action, diseases, *Orbignya phalerata*, coco ariri.

Introdução

As espécies da família Arecaceae, plantas conhecidas como palmeiras, apresentam grande importância econômica e são exploradas comercialmente na produção

de amido, óleo, palmito, cera, frutos e fibras. São também utilizadas como fonte de alimentos, bebidas e como matéria-prima para construção de barcos, pontes e casas. As plantas são utilizadas na ornamentação de praças, jardins e ambientes internos há vários séculos. No Brasil encontram-se extensamente distribuídas (SANTELLI *et al.*, 2006).

A família Arecaceae apresenta um enorme potencial biológico, tais como poder anti-inflamatório, antioxidante, antimicrobiano, antinocéptico, anticancerígeno, e antiaterogénico, entre outros (CORIOLANO *et al.*, 2021).

Entre 760 espécies de palmeiras encontradas nas Américas, o uso medicinal popular e tradicional de 106 espécies é conhecido, especialmente contra infecções/infestações e perturbações do sistema digestivo (COSTA, 2018; GRUCA *et al.*, 2015; MACIA *et al.*, 2011).

As palmeiras desempenham um papel importante na história da alimentação e da agricultura, desde os tempos antigos até ao presente. Muitas destas espécies são uma importante fonte de óleos (COSTA, 2018).

No Brasil, há importantes palmeiras que fazem parte desta família Arecaceae usadas para extração de óleo, entre eles estão os gêneros *Attalea sp.* e *Syagrus sp.* De acordo com Leitman *et al.* (2015), o gênero *Syagrus* apresenta 59 espécies descritas, das quais 51 são endêmicas do Brasil. Para este gênero não há uniformidade nos nomes das espécies, dependendo da região, sendo encontrado vários nomes comuns como Chapéu de Touro, Jerivá, coco-catolé, licurizeiro, catolé, coco ariri, piririma, entre outros.

A espécie *Syagrus cocoides* caracteriza-se pelo estipe solitário, pinas agrupadas, 3 a 20 ramos e frutos piriformes. A espécie possui sua distribuição somente na Guiana e Brasil para as regiões Norte (Amazonas, Pará, Tocantins), Nordeste (Maranhão, Piauí) e Centro-Oeste (Goiás, Mato Grosso) (RODRIGUES, 2018). *Syagrus coccoides* é comum nas savanas da Amazônia e do Planalto Central brasileiro, geralmente com alta densidade (FERREIRA, 2021).

Quanto ao gênero *Attalea sp.*, o maior representante é conhecido popularmente por babaçu. O babaçu (*Attalea speciosa*) está como uma das palmeiras mais abundantes no país. Com ampla distribuição na região sul, se estendendo do oceano Atlântico até o território boliviano, com destaque para as zonas de transição entre a bacia amazônica e a região semiárida do nordeste brasileiro (Piauí e Maranhão), e, em menor expressão, no Tocantins, Goiás, Mato Grosso e no estado do Pará. Tal palmeira se constitui em uma das espécies mais importantes na subsistência de muitas localidades tradicionais, já que todas

as partes da espécie são aproveitadas para os diversos fins (ARRUDA; DA SILVA; SANDER, 2012).

Os produtos oriundos do babaçu são utilizados, em geral, para o tratamento de gastrites, feridas cutâneas, inflamações. O babaçu também possui efeitos anticoncepcionais, anti-inflamatórios, antioxidantes, antimicrobianos e imunomoduladores. Já o óleo extraído de babaçu é rico em ácido láurico (~50%) e tocoferóis (REIS *et al.*, 2017). Dentre os ácidos que constituem o babaçu, o ácido láurico, um ácido graxo que se destaca para fins terapêuticos, incluindo atividades antibacteriana, anti-inflamatória e antitumoral. Microemulsões a partir do óleo de babaçu apresentam efeitos anti-inflamatórios e imunoestimuladores, e essas propriedades terapêuticas podem exercer contribuições diretas no controle da fadiga relacionada ao câncer (ARAUJO *et al.*, 2016; NASCIMENTO *et al.*, 2017).

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho é descrever uma revisão sistemática sobre a atividade anti-inflamatória e indicação terapêutica do óleo de babaçu e óleos extraídos de palmeiras do gênero *Syagrus*.

Metodologia

No presente estudo foi realizada uma revisão sistemática da literatura para identificar pesquisas sobre a atividade anti-inflamatória do óleo de babaçu e óleos extraídos de palmeiras do gênero *Syagrus sp.*

A busca para a seleção dos estudos ocorreu entre os meses de julho a novembro de 2022, por meio de buscas nas bases de artigos nos portais de periódicos *Web of Science* e *Science Direct*; e busca em bases de patentes como INPI, Espacenet, WIPO.

Para esta revisão sistemática, os termos pesquisados foram escolhidos com base em palavras-chave que aparecem com frequência em artigos relacionados à área. Os termos pesquisados foram *babassu oil*, *Syagrus*, *oil*, e *anti-inflammatory activity* combinados entre si, utilizando-se os operadores booleanos AND/OR/* para agregar todos os descritores. As publicações foram organizadas com base no número encontrado por termo de busca e no somatório total de trabalhos nos bancos utilizados.

Na busca inicial, foram encontrados vários artigos sem limitar o período de tempo (n=72096) (Tabela 1) sobre atividade anti-inflamatória. Portanto, foi estabelecido como critério de exclusão os artigos que não tratavam sobre babaçu e coco do gênero *Syagrus sp* e, artigos duplicados em outras bases.

Entretanto, foi definido como critério de inclusão: artigos publicados entre os anos de 2000 a 2022, busca por título de artigos utilizando operador booleano (“*Anti-inflammatory activity*” AND “*babassu oil*”) e (“*Anti-inflammatory activity*” AND “*Syagrus*”), com finalidade de expor os trabalhos científicos mais recentes que tratavam sobre a atividade anti-inflamatória dos óleos produzidos a partir destas palmeiras. Nessa etapa, de acordo com as variáveis de interesse, permaneceram 275 artigos potenciais para análise. Após a leitura dos textos na íntegra e aplicação dos critérios de inclusão e exclusão, obteve-se um total de 10 artigos usados na revisão e 3 patentes.

Resultados e Discussão

A prospecção tecnológica e científica foi realizada por meio de coleta, tratamento e análise das informações contidas nas publicações científicas. Os resultados das buscas por artigos científicos estão apresentados na Tabela 1.

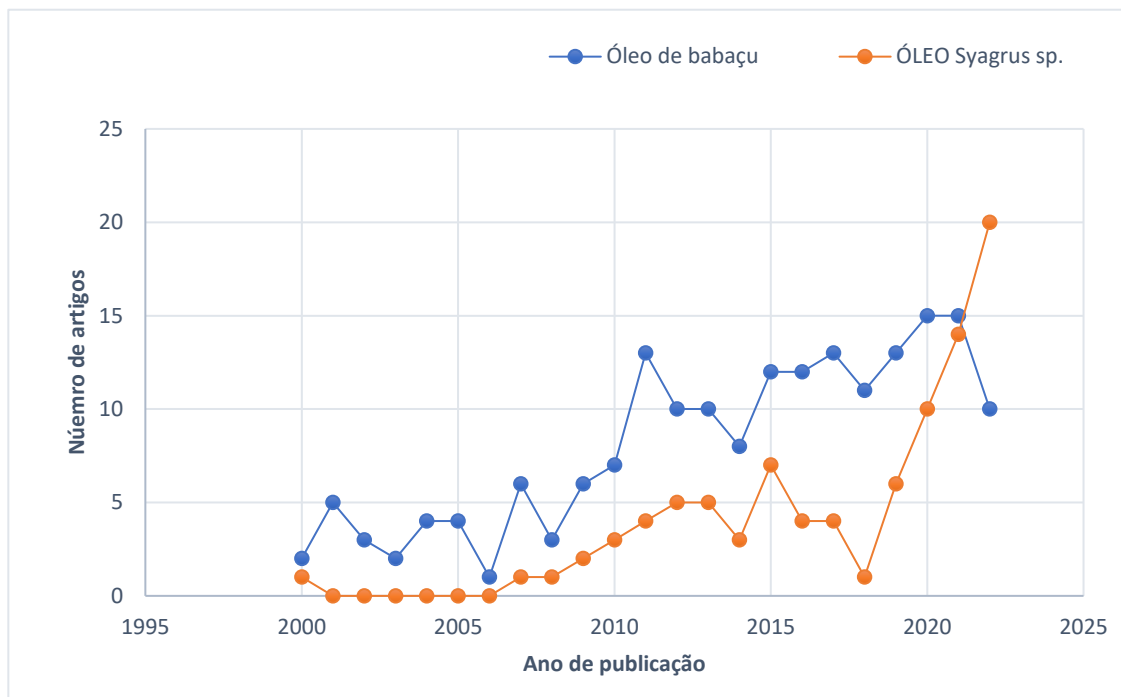
Tabela 1. Número de artigos científicos encontrados pela busca por títulos de diferentes termos nos bancos de periódicos citados.

TERMOS PESQUISADOS	BANCO DE PERIÓDICOS		TOTAL
	Web of Science	Science Direct	
“ <i>Anti-inflammatory activity</i> ”	20049	52047	72096
“ <i>babassu oil</i> ”	127	306	433
“ <i>Syagrus AND oil</i> ”	85	167	252
“ <i>Anti-inflammatory activity</i> ” AND (<i>Babassu</i> OR “ <i>Attalea speciosa</i> ”) AND oil	255	20	275
“ <i>Anti-inflammatory activity</i> ” AND “ <i>Syagrus</i> ”	2	18	20
<i>Syagrus cocoides</i>	4	6	10

Fonte: Própria autoria (2022).

Analisando os resultados, é possível observar a diferença do número de artigos científicos quando se comparam com os termos em geral da atividade anti-inflamatória com os termos mais específicos para relacionar a ação anti-inflamatória dos óleos extraídos das palmeiras da família Arecaceae, abrangendo as espécies do gênero *Syagrus sp.* e *Attalea sp.* nas bases de busca.

Figura 1. Ano de publicação de artigos científicos óleos extraídos das palmeiras do gênero *Syagrus sp.* e *Attalea sp.* (babaçu).



Fonte: Própria autoria (2022).

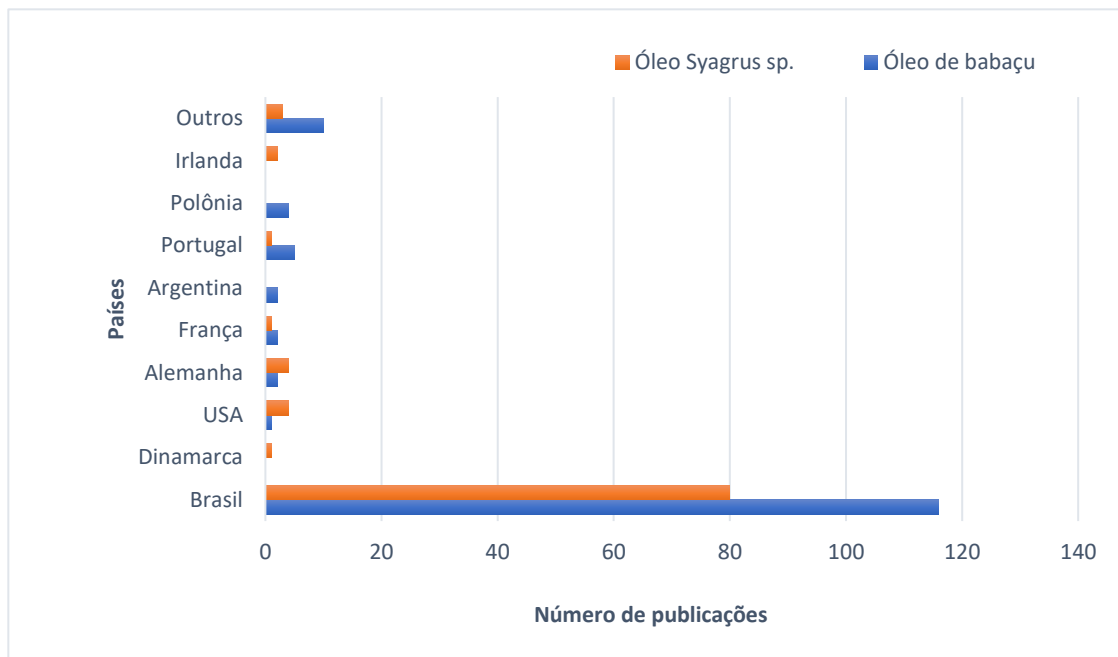
Conforme a base Science Direct, o estudo verificou que o volume de artigos publicados se mostra esporádico até 2010 para ambos os tipos de óleo. Pode-se notar que apesar da importância medicinal e econômica dos óleos de babaçu e oriundo da gênero *Syagrus sp.*, os trabalhos científicos publicados alcançaram maior volume de publicação a partir do ano de 2020, como pode ser observado na figura 1. No entanto, percebe-se que há muito mais artigos publicados sobre óleos extraídos de espécies de babaçu do que as espécies do gênero *Syagrus sp.* Isto mostra um reflexo no contexto cultural, econômico e social no Estado do Maranhão e em outros estados brasileiros da importância do uso/aplicação do babaçu em várias áreas (entre elas a culinária e na medicina fitoterápica).

Segundo Pereira *et al.* (2013), as palmeiras (família Arecaceae) têm sido utilizadas sob vários aspectos pelo homem suprimindo diversas necessidades, como fonte energética na alimentação; auxiliando na construção de casas, utensílios caseiros; como bebida, ou fazendo parte da arborização regional.

Segundo Agostini-Costa (2018), as partes mais utilizadas das palmeiras são os frutos, extraíndo principalmente óleos (33%), seguidos por raízes, sementes, folhas, flores palmito, e seiva da flor. Observa-se na figura 2 que o óleo de babaçu é bastante utilizado

em várias pesquisas entre os países ao ser comparado com o óleo extraído do gênero *Syagrus sp.*

Figura 2. Acompanhamento do número de publicações científicas entre os países sobre os óleos extraídos das palmeiras do gênero *Syagrus sp.* e *Attalea sp* (babaçu), no período de 2000 a 2022.

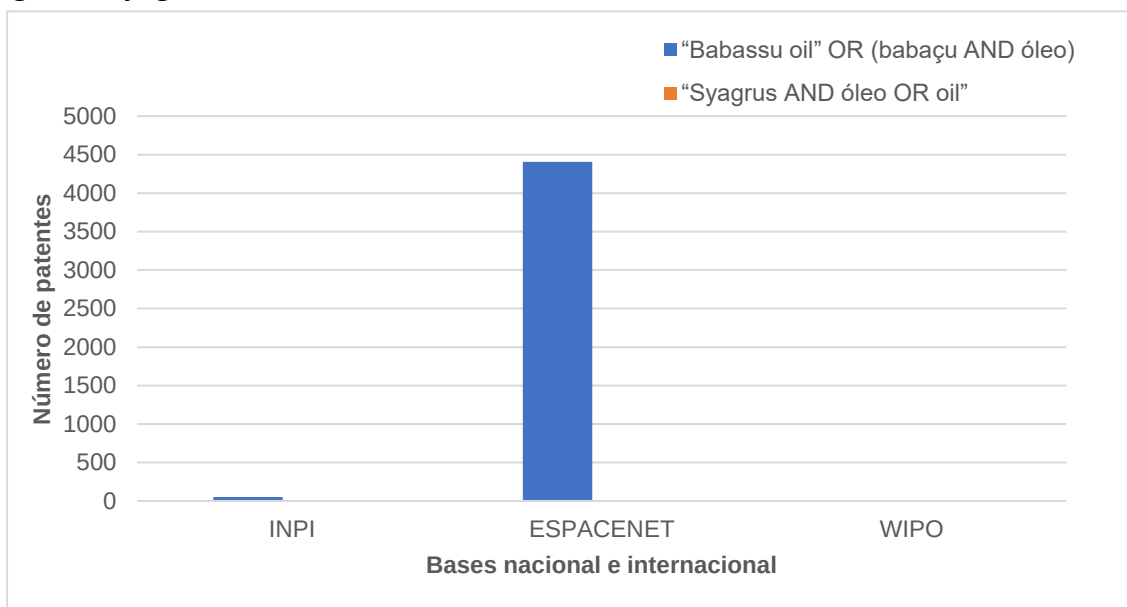


Fonte: Própria autoria (2022).

A figura 2 representa a análise de países com maiores números de registros de artigos publicados sobre a produção de óleo de babaçu (142 registros) e óleos extraídos de palmeiras do *Syagrus sp.* (96 registros). O Brasil ficou no primeiro lugar entre os países, obtendo um maior número de publicações, afirmando mais uma vez a importância e a grandiosidade de recursos naturais da flora no Brasil.

De acordo com a Figura 3, a base ESPACENET apresentou um dos maiores resultados da pesquisa (4407 patentes) referente a produção de óleo extraído de *Syagrus cocoides*, *Syagrus sp.* e óleo de babaçu.

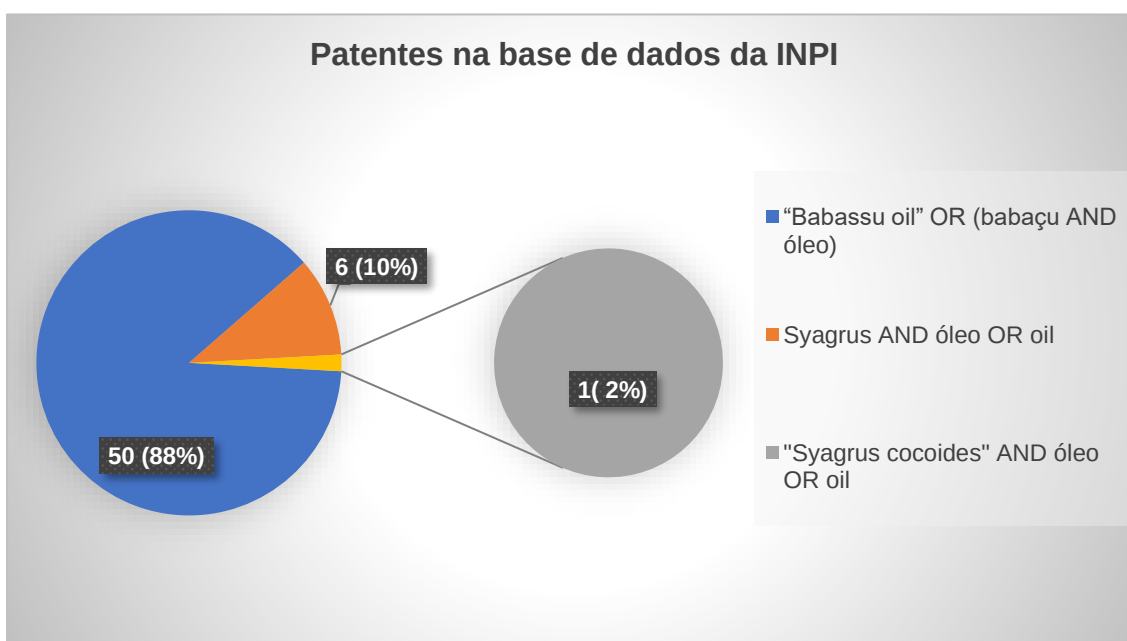
Figura 3: Número de patentes referente ao óleo babaçu e óleo extraído de palmeiras do gênero *Syagrus* em bases nacional e internacional.



Fonte: Própria autoria, 2022.

Contudo, os resultados da busca no INPI (Figura 4) foram considerados na citação a fim de avaliar a situação do Brasil no cenário mundial.

Figura 4: Número de documentos patentários referente ao óleo babaçu, óleo de *Syagrus cocoides* e óleo extraído de palmeiras do gênero *Syagrus* depositadas no Instituto Nacional de Propriedade Intelectual (INPI).



Fonte: Própria autoria, 2022.

Quanto ao tema proposto sobre atividade anti-inflamatória destes óleos, percebe-se ainda que há escassez nas pesquisas, tanto no aspecto tecnológico quanto científico, sendo observado na tabela 2, apenas onze artigos publicados e três patentes depositadas na base INPI. Apesar da importância dessas palmeiras no Brasil, pouco se sabe cientificamente quanto a atividade anti-inflamatória destes óleos e seu poder biotecnológico com relação ao tratamento de diversas doenças.

Tabela 2: Atividade anti-inflamatória dos óleos a base de babaçu e palmeiras do gênero *Syagrus* e sua relação com o tratamento de doenças.

Família botânica	Gênero	Espécie / sinônimos	Nome comum	Tipo de publicação	Tratamento de doenças/indicação terapêutica/ Ação anti-inflamatória	Referência
Arecaceae	<i>Attalea</i>	<i>Orbignya phalerata</i>	babaçu	Artigo	-	Serra <i>et al.</i> (2019)
		<i>Attalea speciosa</i>	babaçu	Artigo	Inflamação	Reis <i>et al.</i> (2017)
		<i>Attalea speciosa</i>	babaçu	Artigo	Fadiga e inflamação em pacientes com câncer de mama	Pereira <i>et al.</i> (2020)
		<i>Attalea speciosa</i>	babaçu	Artigo	Atividade anti-inflamatória, cicatrizante tecidual e hidratante de pele	Barbosa <i>et al.</i> (2021)
		<i>Orbignya phalerata</i>	babaçu	Patente	Uso como modulador do sistema imune	Silva <i>et al.</i> (2015)
		<i>Orbignya phalerata</i>	babaçu	Artigo	-	Oliveira <i>et al.</i> (2019)
		<i>Orbignya phalerata</i>	babaçu	Artigo	Vulvovaginite; Feridas de pele; Gastrite	(SOUZA <i>et al.</i> , 2011)
	<i>Syagrus</i>	<i>Syagrus romanzoffiana</i>	Chapéu de Touro ou Jerivá	Artigo	Diferentes tipos de inflamação	Oliveira <i>et al.</i> (2012)
		<i>Syagrus coronata</i>	Licurizeiro	Artigo	Disenteria, catarata	Albuquerque <i>et al.</i> (2007)
		<i>Syagrus coronata</i>	Licuri	Patente	Terapêutico, antifúngico, anti-inflamatório, e agente cicatrizante.	Souza <i>et al.</i> (2021)
		<i>Syagrus cocoides</i>	Coco ariri	Patente	Afeções dermatológicas	Pires <i>et al.</i> (2020)
		<i>Syagrus oleracea</i>	Catolé	Artigo	Inflamação da uretra e da bexiga	Saraiva <i>et al.</i> (2015)
		<i>Syagrus cearensis</i>	“Coco-catolé”	Artigo	Inflamações em geral ou inflamações em olhos	Ferreira Júnior <i>et al.</i> (2011)

Fonte: Própria autoria, 2022.

Ao analisar a tabela 2, se percebe desde então o aparecimento de duas espécies de babaçu (*Orbignya phalerata* e *Attalea speciosa*). Segundo Da Mata (2016), isto acontece em razão de que a identificação taxonômica do conjunto de espécies de babaçu tem uma grande complexidade, e por longos anos não há consenso entre os diversos autores, por isso, esse conjunto de espécies é denominado “complexo babaçu”. Na literatura, há artigos que mostram que o número de espécies do gênero, porém este número varia de 29 a 67 espécies entre os autores, ou seja, não demonstrando um número em consenso.

De acordo com Cavallari e Toledo (2016), na literatura científica atual são encontrados artigos que utilizam diferentes nomes científicos para o babaçu, principalmente *Orbignya phalerata* e *Attalea speciosa*, no entanto, há também *O. speciosa*, *O. martiana*, entre outros. Estes autores afirmam que estes diversos nomes geram uma grande confusão na comunidade científica permitindo uma propagação sucessiva de erros. Portanto, atualmente é recomendado a adoção do nome científico *Attalea speciosa* (Martius ex. Spreng) como o mais adequado para o babaçu.

Na tabela 2, existem dois trabalhos (Reis *et al.*, 2017 e Pereira *et al.*, 2020) mais atuais e que reportam a importância fitoterápica do uso do óleo de babaçu.

No trabalho de Pereira *et al.* (2020), investigaram os efeitos da suplementação de óleo de babaçu em pacientes com câncer de mama em ensaio randomizado. Estes autores comprovaram que a suplementação com óleo de babaçu é eficaz na redução da fadiga e a inflamação em pacientes com câncer de mama. Ações imunomodulatórias também foi verificado para o óleo de babaçu, uma vez que o tratamento foi capaz de diminuir simultaneamente a produção de citocinas inflamatórias e aumentar a produção de anticorpos IgA mesmo em pacientes submetidos à terapia imunossupressora.

No entanto, segundo Reis *et al.* (2017), a fim de se avaliar a atividade anti-inflamatória do óleo de babaçu foi utilizado o método de Edema de Orelha Induzida – EAR (cálculo de atividade anti-inflamatória). Estes autores afirmaram que, o óleo de babaçu (3 e 10 μ L/EAR) foi capaz de inibir o PMA- edema de orelha induzido em 19,1 ($p < 0,05$) e 54,1% ($p < 0,001$), respectivamente. Ácido láurico (4mg /EAR), o principal ácido graxo de óleo de babaçu, apresentou 90,3% de inibição ($p < 0,001$), enquanto dexametasona inibiu o edema de ouvido em 79,7% ($p < 0,001$). A atividade anti-inflamatória tópica do óleo de babaçu foi potencializado por microemulsificação, atingindo o mesmo que edema de orelha induzido como óleo de babaçu puro em um nível muito mais baixa concentração.

Em 2011, houve um interessante trabalho exposto por Souza *et al.* Em que os mesmos verificaram o principal uso etnobotânico de produtos e subprodutos derivados do babaçu (*Orbignya phalerata*) em uma das comunidades no Estado do Maranhão. Verificaram que o uso do óleo é aliado no tratamento de doenças como vulvovaginite, feridas na pele e gastrite.

A vulvovaginite, é uma das doenças ginecológicas mais frequentes causada por diferentes espécies de fungo do gênero *Candida* e a mais comum de vaginite aguda em países tropicais (HOLANDA *et al.*, 2007). Silva e Parente (2001) afiançaram que o uso frequente de produtos derivados do babaçu para o tratamento de processos inflamatórios do trato genital feminino (97%) pode ser explicado pela ação anti-inflamatória do babaçu.

Há registros na literatura de pesquisas que comprovam que não somente o óleo extraído do babaçu tem ação anti-inflamatória, mas também outros constituintes do referido coco. Silva e Parente (2001) afirmaram que o uso popular da farinha de mesocarpo pode auxiliar no tratamento de gastrite.

Vale ressaltar que, mesmo diante da importância fitoterápica/tratamento de doenças, o óleo de babaçu e os óleos extraídos das palmeiras do gênero *Syagrus*, até o presente momento, não estão citados no Formulário de Fitoterápicos da Farmacopeia Brasileira da Agência Nacional de Vigilância Sanitária - Anvisa (BRASIL, 2018).

Quanto a *Syagrus sp.*, também pertencente à família Arecaceae, pode-se afirmar que é um dos três gêneros mais frequentes em número de espécies de palmeiras no Brasil, e apresentando destaque na região do Cerrado (SANTELLI *et al.*, 2006).

O gênero *Syagrus*, é composto por aproximadamente 59 espécies descritas, sendo a maioria endêmica do território brasileiro (51 espécies) (LEITMAN *et al.*, 2015). Esta informação nos permite entender porque o Brasil tem posse de mais 95% das publicações sobre o óleo de *Syagrus sp.*, conforme descreve a figura 2. No entanto, há necessidade de mais estudos de prospecção tecnológica e científica, pois, ao verificar a tabela 3, percebe-se a presença de apenas quatro estudos científicos e duas patentes, com enfoque no poder biotecnológico, na atividade anti-inflamatória e tratamentos de doenças, sobre o uso do óleo de espécies de palmeiras de *S. cocoides*, *S. romanzoffiana*, *S. coronata*, *S. oleracea* e *S. cearenses*.

Ferreira Júnior *et al.* (2011) em seu trabalho listou as principais plantas medicinais usadas no nordeste brasileiro para o tratamento de inflamações, dentre a lista *Syagrus cearensis* estava presente.

Existe a patente BR102019002950 que trata das composições farmacêuticas no tratamento de afecções dermatológicas a partir do óleo vegetal de coco ariri (*Syagrus cocoides* mart.). A presente invenção está inserida no campo da indústria farmacêutica, química e veterinária. As formulações a partir do óleo de coco ariri apresentam boa emoliência, com potencial antioxidante e regenerativo, sendo úteis na prevenção e tratamento de afecções dermatológicas (PIRIS *et al.*, 2020).

No trabalho de Cercato *et al.* (2015), fez referência as plantas citadas por estudos etnobotânicos na região brasileira de agentes anti-obesidade. Zeni and Bosio (2011) relata o uso de *Syagrus romanzoffiana* (Cham.) com fins medicinais na comunidade Nova Rússia-SC, e tratamento de obesidade.

Serra *et al.* (2019) alegaram em seu trabalho sobre fontes alternativas de óleos e gorduras de plantas amazônicas que os ácidos graxos poliinsaturados, como ω -3 (ácido α -linolênico) e ω -6 (ácido linolêico) são essenciais para a saúde do ser humano, apresentando como benefícios ação antitrombótica, anti-inflamatório e antioxidante, bem como atuam na prevenção de doenças cardiovasculares. Portanto, esses óleos são boas fontes de compostos bioativos que podem ser responsáveis por benefícios à saúde.

Segundo Oliveira *et al.* (2012) foi relatado o uso de 65 plantas diferentes, usadas para tratar qualquer tipo de inflamação, sendo que *Syagrus romanzoffiana* foi descrita sendo usadas por pacientes do SUS devido sua capacidade anti-inflamatória.

Considerações Finais

A presente revisão mostra que o óleo de babaçu e o óleo extraído de palmeiras do gênero *Syagrus* são utilizados pela população como ação anti-inflamatória contra vários tipos de doenças.

Referências

- ALBUQUERQUE, U. P; MEDEIROS, P. M. ALMEIDA, A. L. S.; MONTEIRO, J. M.; NETO, E. M. F. L.; MELO, J. G. SANTOS, J. P. Medicinal plants of the *caatinga* (semi-arid) vegetation of NE Brazil: A quantitative approach. *Journal of Ethnopharmacology* 114 (2007) 325–354, doi:10.1016/j.jep.2007.08.017.
- ARAÚJO, F. R., GONZÁLEZ-PÉREZ, S. E., LOPES, M. A., & VIÉGAS, I. de J. M. (2016). Ethnobotany of babassu palm (*Attalea speciosa* Mart.) in the Tucuruí Lake Protected Areas Mosaic - eastern Amazon. *Acta Botanica Brasilica*, 30(2), 193–204. doi:10.1590/0102-33062015abb0290.

BARBOSA, J. R et al. BR 102015021346-8 B1- Formulação cosmecêutica tópica anti-inflamatória, cicatrizante e hidratante com ingredientes ativos de *attalea speciosa mart.* Ex spreng (babaçu). Depositante: UNIVERSIDADE FEDERAL DO MARANHÃO. Data de Concessão: 01/06/2021.

BRASIL (2018). Formulário de Fitoterápicos Farmacopeia Brasileira. 1ª edição Primeiro Suplemento. Agência Nacional de Vigilância Sanitária – Anvisa. 160 páginas. Disponível em:
<<http://portal.anvisa.gov.br/documents/33832/259456/Suplemento+FFFB.pdf/478d1f83-7a0d-48aa-9815-37dbc6b29f9a>> Acesso em: 28 de agosto de 2020.

CERCATO, L. M.; WHITE, P. A. S. NAMPO, F. K.; SANTOS, M. R. V. A systematic review of medicinal plants used for weight loss in Brazil: Is there potential for obesity treatment? *Journal of Ethnopharmacology* 176(2015)286–296.
<http://dx.doi.org/10.1016/j.jep.2015.10.038>

CORIOLOANO, D. L.; ALVES, M. H. M. E.; CAVALCANTI, I. M. F. Biological Potential of Products Obtained from Palm Trees of the Genus *Syagrus*. *Hindawi Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine* Volume 2021, 11 pages
<https://doi.org/10.1155/2021/5580126>

COSTA, T. S. A. Bioactive compounds and health benefits of some palm species traditionally used in Africa and the Americas – A review. *Journal of Ethnopharmacology* 224 (2018) 202–229. <https://doi.org/10.1016/j.jep.2018.05.035>

DA MATA, Lorena Ramos. Caracterização molecular e anatômica do complexo babaçu (*Attalea spp.*, *Arecaceae*) / Lorena Ramos da Mata. – Brasília, DF [s.n.], 2016 Número de páginas p. 149: il. Dissertação (Mestrado). Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília/ Departamento de Botânica.

DE ARRUDA, J. C.; DA SILVA, C. J.; SANDER, N, L. Conhecimento e Uso do Babaçu (*Attalea Speciosa Mart.*) por Quilombolas em Mato Grosso. *FRAGMENTOS DE CULTURA*, Goiânia, v. 24, n. 2, p. 239-252, abr./jun. 2014.

FERRAZZA, M.H.S.H., MALUF, M.L.F., CONSOLARO, M.E.L., SHINOBU, C.S., SVIDZINSKI, T.I.E., BATISTA, M.R., 2005. Caracterização de leveduras isoladas da vagina e sua associação com candidíase vulvovaginal em duas cidades do sul do Brasil. *Revista Brasileira de Ginecologia e Obstetria* 27, 58–63.

FERREIRA JÚNIOR, W. S.; LADIO, A. H.; ALBUQUERQUE, U. P. Resilience and adaptation in the use of medicinal plants with suspected anti-inflammatory activity in the Brazilian Northeast. *Journal of Ethnopharmacology* 138 (2011) 238– 252, doi:10.1016/j.jep.2011.09.018

FERREIRA, L. V.; MATOS, D. C. L.; JARDIM, M. A. G.. Florística e estrutura de uma savana de altitude no parque estadual da serra dos martírios-andorinhas, Pará, Brasil. *Nature and Conservation*, v.14, n.4, p.60-69, 2021. DOI:
<http://doi.org/10.6008/CBPC2318-2881.2021.004.0006>

FLAVIA RAQUEL F. NASCIMENTO, ROSANE N.M. Guerra. Ethnopharmacological use of babassu (*Orbignya phalerata Mart*) in communities of babassu nut breakers in

Maranhão, Brazil. Journal of Ethnopharmacology 133 (2011) 1–5, doi:10.1016/j.jep.2010.08.056.

GRUCA, M., BLACH-OVERGAARD, A., BALSLEV, H. African palm ethno-medicine. J. Ethnopharmacol. 165, 227–237, 2015.

HIURA, A. L.; ROCHA, A. E. S. da. Flora das cangas da Serra dos Carajás, Pará, Brasil: Arecaceae. Rodriguésia 69(1): 041-048. 2018 <http://rodriguesia.jbrj.gov.br> DOI: 10.1590/2175-7860201869104

HOLANDA, A.A.R., FERNANDES, A.C.S., BEZERRA, C.M., FERREIRA, M.A.F., HOLANDA, M.R.R., HOLANDA, J.C.P., MILAN, E.P., 2007. Candidíase vulvovaginal: sintomatologia fatores de risco e colonização anal concomitante. Revista Brasileira de Ginecologia e Obstetrícia 29, 3–9.

JOSILENE LIMA SERRA, ANTÔNIO MANOEL DA CRUZ RODRIGUES, RILTON ALVES DE FREITAS, ANTONIO JOSÉ DE ALMEIDA MEIRELLES, SILVAIN HENRI DARNET, LUIZA HELENA MELLER DA SILVA. Alternative sources of oils and fats from Amazonian plants: Fatty acids, methyl tocols, total carotenoids and chemical composition. Food Research International 116 (2019) 12–19, <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2018.12.028>.

LEITMAN, P. et al. Arecaceae in Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: Acesso em: 22 Abr 2015.

MACÍA, M.J., ARMESILLA, P.J., CAMARA-LERET, R., PANIAGUA-ZAMBRANA, N., VILLALBA, S., BALSLEV, H., PARDO-DE-SANTAYANA, M., Palm uses in northwestern South America: a quantitative review. Bot. Rev. 77 (4), 462–570. 2011.

MARCELO MATTOS CAVALLARI¹ & MARCOS MIRANDA TOLEDO. What is the name of the babassu? A note on the confusing use of scientific names for this important palm tree. Rodriguésia 67(2): 533-538. 2016 <http://rodriguesia.jbrj.gov.br> DOI: 10.1590/2175-7860201667218

MARTINS, R. C. A família Arecaceae (palmae) no estado de Goiás: florística e Etnobotânica. Tese apresentada ao Departamento de Pós-Graduação em Botânica do Instituto de Ciências Biológicas da Universidade de Brasília. Brasília, julho de 2012.

MAY, C.Y., Nesaretnam, K., 2014. Research advancements in palm oil nutrition. Eur. J. Lipid Sci. Technol. 116 (10), 1301–1315.

MÉRCIA H.S.L. SOUZA, CRISTINA. A. MONTEIRO, PATRICIA M.S. FIGUEREDO, NAILA ALBERTINA DE OLIVEIRA, MÔNICA ROBERTA MAZZALI, HEIDGE FUKUMASU, CINTIA BERNARDO GONÇALVES, ALESSANDRA LOPES DE OLIVEIRA. Composition and physical properties of babassu seed (*Orbignyaphalerata*) oil obtained by supercritical CO₂ extraction. J. of Supercritical Fluids 150 (2019) 21–29, <https://doi.org/10.1016/j.supflu.2019.04.009>

NASCIMENTO, M. M. F., VICENTE, V. A., BITTENCOURT, J. V. M., GELINSKI, J. M. L., PRENAFETA-BOLDÚ, F. X., ROMERO-GÜIZA, M., ... DE HOOG, G. S. (2017). Diversity of opportunistic black fungi on babassu coconut shells, a rich source

of esters and hydrocarbons. *Fungal Biology*, 121(5), 488–500.
doi:10.1016/j.funbio.2017.01.006.

OLIVEIRA, S. G. D.; MOURA, F. R. R.; DEMARCO, F. F.; NASCENTE, P. S.; PINO, F. A. B. D.; LUND, R. G. An ethnomedicinal survey on phytotherapy with professionals and patients from Basic Care Units in the Brazilian Unified Health System. *Journal of Ethnopharmacology* 140 (2012) 428– 437,
doi:10.1016/j.jep.2012.01.054.

PEREIRA, P. T. V. T.; REISC, A. D.; SILVA, S. C. S.; SERRA, L. L. P.; LEITED, R. D.; SILVA, M. C. P.; ARAGAO, M. V. V. L.; NASCIMENTO, F. R. F.; GARCIA, J. B. S.; GUERRA, R. N. M. Supplementation with babassu oil reduces fatigue and inflammation in breast cancer patients: A pilot randomized clinical trial. *Journal of Functional Foods* 73 (2020) 104105, <https://doi.org/10.1016/j.jff.2020.104105>.

PAULO SANTELLI, MARIA ELISA RIBEIRO CALBO E ADONAI GIMENEZ CALBO. Fisiologia pós-colheita de frutos da palmeira *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. (Arecaceae). *Acta bot. bras.* 20(3): 523-528. 2006.

PAULO SANTILLI, MARIA ELISA RIBEIRO CALBO E ADONAI GIMENEZ CALBO. Fisiologia pós-colheita de frutos da palmeira *Syagrus oleracea* (Mart.) Becc. (Arecaceae). *Acta bot. Bras.* 20(3):523-528, 2006.

PEREIRA, S. A.; ALVES, H. P.; SOUSA, C. M.; COSTA, G. L. S. Prospecção sobre o conhecimento de espécies amazônicas - inajá (*Maximiliana maripa* aubl.) e bacaba (*Oenocarpus bacaba* mart.) exploration on the knowledge amazonian species - inajá (*maximiliana maripa* aubl.) e bacaba (*Oenocarpus bacaba* mart.). *Revista GEINTEC*—ISSN: 2237-0722. São Cristóvão/SE – 2013. Vol. 3/n. 2/ p.110-122,
D.O.I.:10.7198/S2237-0722201300020009

PÉREZ, E. G.; FERREIRA, M. C.; ROBERT, P.; GARCES, C. L. L. Conhecimento e usos do babaçu (*Attalea speciosa* Mart. e *Attalea eichleri* (Drude) A. J. Hend.) entre os Mebêngôkre-Kayapó da Terra Indígena Las Casas, estado do Pará, Brasil. *Acta Botanica Brasilica*, 2012, 26(2): 295-308.

PIRES, T. P. R. S. et al. BR102019002950A2 - Composições farmacêuticas no tratamento de afecções dermatológicas apartir do óleo vegetal de coco ariri (*syagrus cocoides* mart.). UNIVERSIDADE FEDERAL DO MARANHÃO.

REIS, M. Y. F. A., SANTOS, S. M. DOS, SILVA, D. R., SILVA, M. V., CORREIA, M. T. S., NAVARRO, D. M. A. F., SARAIVA, K. L. A. (2017). Anti-Inflammatory Activity of Babassu Oil and Development of a Microemulsion System for Topical Delivery. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, 2017, 1–14.
doi:10.1155/2017/3647801.

SARAIVA, M. E.; ALENCAR, A. V. R.; RIBEIRO, D. A. R.; OLIVEIRA, L. G. S.; MACÊDO, D. G.; SOUSA, F. F. S.; MENEZES, I. R. A.; SAMPAIO, E. V. S. B.; SOUZA, M. M. A. Plant species as a therapeutic resource in areas of the savanna in the state of Pernambuco, Northeast Brazil. *Journal of Ethnopharmacology* 171 (2015) 141-153, <http://dx.doi.org/10.1016/j.jep.2015.05.034>.

SILVA et al. Composição farmacêutica a base de óleo vegetal extraído da espécie *Orbignya phalerata* (babaçu) e seu uso como modulador do sistema imune. Depositante: UNIVERSIDADE FEDERAL DO MARANHÃO. Data de Concessão: 29/12/2015.

SILVA, B.P., PARENTE, P., 2001. An anti-inflammatory and immunomodulatory polysaccharide from *Orbignya phalerata*. *Fitoterapia* 72, 887–893.

SILVA, B.P., PARENTE, P., 2001. An anti-inflammatory and immunomodulatory polysaccharide from *Orbignya phalerata*. *Fitoterapia* 72, 887–893.

SOUZA, T. G. S.; SILVA, M. M.; FEITOZA, G. S.; ALCANTARA, L. F. M.; SILVA, M. A.; OLEIVEIRA, A. M.; AGUIAR, J. C. R. O.; NAVARRO, D. M. A. F.; JUNIOR, F. C. A. A.; SILVA, M. V.; CHAGA, C. A. Biological safety of *Syagrus coronata* (Mart.) Becc. Fixed oil: Cytotoxicity, acute oral toxicity, and genotoxicity studies. *Journal of Ethnopharmacology* 272 (2021) 113941.
<https://doi.org/10.1016/j.jep.2021.113941>

ZENI, A.L.B., BOSIO, F. Use of medicinal plants in arural Community of t he Atlantic Forest–NovaRússia, SC. *Neotrop. Biol. Conserv.* 6, 55–63, 2011.

CAPÍTULO 3

RESGATE E CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE ACESSOS DE MILHO CRIOULO PROSPECTADOS NO SEMIÁRIDO MINEIRO

RESCUE AND MOLECULAR CHARACTERIZATION OF CREOULE CORN ACCESSORIES PROSPECTED IN THE SEMI-ARID MINEIRO

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.03>

Submetido em: 23/01/2023

Revisado em: 27/01/2023

Publicado em: 31/01/2023

Ana Carolina Ataíde Silveira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/2466104732305153>

Matheus Henrique Teixeira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/2443254354962216>

Demerson Arruda Sanglard

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/7417873079167401>

Luan Souza de Paula Gomes

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/5387425290856112>

Jefferson Joe Moreira Alves

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/4133593105061762>

Phelipe Souza Amorim

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/3729844181884351>

Flávia Échila Ribeiro Batista

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/9175849604614635>

Resumo

O semiárido mineiro inclui as mesorregiões Norte e Jequitinhonha, abrangendo uma população superior a dois milhões de habitantes em 140 municípios, o que equivale a 10,46% da área brasileira em que predomina este clima. Entre as diversas dificuldades para a otimização do sistema produtivo da agricultura familiar nestas mesorregiões, destaca-se a escassez de sementes crioulas adaptadas aos agroecossistemas específicos, que são bastante distintos das áreas experimentais utilizadas pelo melhoramento genético convencional. Com o declínio de pequenos produtores, perdem-se, também, variedades locais e o conhecimento tradicional associado – um dano incalculável pela perda de reservatórios gênicos. Diante disso executou-se no interstício dos anos de 2017 a 2021, um projeto intitulado "Melhoramento Participativo de Milho com Enfoque na Agrobiodiversidade do Semiárido Mineiro", com fomento aprovado pelo Banco do Nordeste. Foram realizadas visitas técnicas em diversas comunidades rurais nas áreas de abrangência, coletando-se relatos sobre variedades locais muitíssimo escassas. A despeito deste franco processo de erosão de genética, obteve-se, com muita procura, amostras de sementes fidedignas dessa categoria. Os depósitos ocorreram no Laboratório de Biotecnologia da Universidade Federal de Minas Gerais - UFMG (campus Montes Claros), totalizando 44 variedades resgatadas, às quais foram caracterizadas por meio de oligonucleotídeos do tipo ISSR (Inter Simple Sequences Repeats). Os diagnósticos locais comunitários, ainda que morosos e pouco céleres, permitiram recuperar preciosos genótipos de milhos crioulos, fontes de variabilidade para tolerância a estresses causados por pragas, doenças e limitações de clima, todos estes contextualizados ao semiárido.

Palavras-Chave: banco de sementes, marcadores moleculares, melhoramento participativo, variedades locais, *zea mays* L.

Abstract

The semi-arid region of Minas Gerais includes the North and Jequitinhonha mesoregions, covering a population of over two million inhabitants in 140 municipalities, which is equivalent to 10.46% of the Brazilian area where this climate predominates. Among the various difficulties for optimizing the productive system of family farming in these mesoregions, the scarcity of native seeds adapted to specific agroecosystems, which are quite different from the experimental areas used by conventional genetic improvement, stands out. With the decline of small producers, local varieties and associated traditional knowledge are also lost – an incalculable damage due to the loss of gene pools. In view of this, between 2017 and 2021, a project entitled "Participatory Maize Improvement with Focus on Agrobiodiversity in the Semiarid Mineiro" was carried out, with funding approved by Banco do Nordeste. Technical visits were carried out in several rural communities in the areas covered, collecting reports on extremely scarce local varieties. Despite this clear process of erosion of genetics, reliable seed samples of this category were obtained with great demand. The deposits took place at the Biotechnology Laboratory of the Federal University of Minas Gerais - UFMG (Montes Claros campus), totaling 44 rescued varieties, which were characterized by ISSR-type oligonucleotides (Inter Simple Sequences Repeats). The local community diagnoses, although time-consuming and slow, made it possible to recover precious genotypes of creole corn, sources of variability for tolerance to stress caused by pests, diseases and climate limitations, all of which are contextualized in the semi-arid region.

Keywords: seed bank, molecular markers, participatory breeding, local varieties, *zea mays* L.

Introdução

No Brasil, 90% dos produtores de milho são pequenos agricultores (DUTRA *et al.*, 2021), cujas lavouras, em geral, têm baixa produtividade de grãos e silagem. As razões da baixa produtividade dos pequenos agricultores são diversas, como o alto custo dos insumos, baixo preço dos produtos agrícolas, dificuldade de acesso ao crédito rural e à tecnologia, e alta frequência de estresses bióticos e abióticos (MACHADO; MACHADO, 2007). Soma-se a estes problemas a falta de variedades adaptadas aos diferentes tipos de estresse para ambientes locais e específicos.

Para a cultura do milho, no Brasil, constata-se que as lavouras com áreas abaixo de 10 ha podem ser conduzidas pela força de trabalho familiar. Elas estão predominantemente em regiões marginais e correspondem a 30% da produção nacional, abrangendo 94,3% dos produtores (IBGE, 2010). Para essa categoria de agricultores, os avanços científicos têm tido contribuição muito aquém do desejado. Nas propriedades rurais das áreas marginais, a cultura do milho é considerada de muita importância, pois tem o potencial de viabilizar o sistema produtivo pela agregação dos valores na propriedade e pela função do milho na alimentação humana e animal (MACHADO *et al.*, 2011).

A agrobiodiversidade relaciona os valores de uso dos cultivos em agricultura com os valores de conhecimento associados à diversidade desses cultivos. Especialmente em agricultura tradicional, o uso está intimamente ligado aos sistemas de conhecimento locais, relacionando diversidade cultural, costumes e práticas. A revalidação de tais conhecimentos mostra que a biodiversidade não é somente fundamental para a produção de alimentos, mas também desempenha um importante papel no estabelecimento da sustentabilidade dos sistemas de produção agrícola. O conhecimento dos agricultores sobre as variedades locais e espécies silvestres pode ser utilizado na busca por novas características e produtos de interesse para o melhoramento de plantas e biotecnologias. Consequentemente, a conservação de recursos genéticos envolve a atual diversidade existente e o conhecimento associado. Outro ponto importante, refere-se à interação da diversidade genética com os diferentes agroecossistemas (MACHADO, 2007).

Uma das estratégias definidas com base no Plano de Ação Global para Segurança Alimentar da FAO, refere-se ao uso e à preservação da diversidade genética de plantas, dentro de comunidades agrícolas (FAO, 2012). O trabalho conjunto entre o setor formal

e o setor informal (representado pelas comunidades rurais), no manejo da agrobiodiversidade, pode contribuir na conservação de germoplasmas adaptados aos agroecossistemas das comunidades agrícolas (DE BOEF; THIJSEN, 2007). Assim, as abordagens participativas tornam-se de cruciais importâncias para o desenvolvimento de trabalhos com pequenos agricultores, evitando-se a erosão genética.

A mesorregião Norte de Minas Gerais, predominantemente semiárida, abrange uma população superior a dois milhões de habitantes, distribuídos em 140 municípios, o que equivale a 10,46% da área brasileira com este clima (EMATER, 2021). A agricultura familiar nestas localizações também está vulnerável a todas as questões supracitadas, tendo ainda, como condição agravante, o uso de sementes inapropriadas aos seus agroecossistemas específicos. Isso significa que eles não possuem equivalência ambiental às estações experimentais de empresas, onde as semeaduras são efetuadas para os procedimentos de melhoramento genético. Neste sentido, uma estratégia para gerar a independência do pequeno agricultor com relação às sementes comerciais, é fazer com que ele mesmo ou suas comunidades as produzam de forma contextualizada e holística (abrangente), adaptadas para as realidades de suas próprias localidades (CGIAR, 1999). Este projeto teve como objetivo principal a recuperação das escassas variedades locais de milho, fidedignamente reconhecidas como "crioulas".

Metodologia

- **Resgate de variedades e diagnósticos**

Foram realizadas expedições em comunidades rurais de seis municípios do Norte de Minas Gerais: Almenara, Capitão Enéas, Janaúba, Montes Claros, Rio Pardo de Minas, São João do Paraíso. Adotou-se as estratégias propostas por MACHADO e MACHADO (2007), atentando-se para os seguintes critérios norteadores: (i) Entrevistas com enfoque participativo, onde serão privilegiadas dinâmicas e procedimentos que favoreçam a expressão do ponto de vista dos grupos envolvidos e que estimule uma reflexão coletiva para a priorização de demandas. (ii) Enfoque ecossistêmico, em que se tenha um olhar sobre o estado da arte da agrobiodiversidade local, e que não restrito ao cultivo das espécies objeto de estudo do programa, devendo-se englobar as diferentes dimensões dos agroecossistemas em questão. O resgate das variedades de milho ocorreu a partir de levantamentos realizados nas regiões de abrangência do projeto onde, gradativamente, obteve-se relatos sobre variedades locais e amostras de sementes.

- **Caracterizações da diversidade genética**

Amostras de sementes foram rejuvenescidas para posteriores semeaduras a campo no ICA/UFMG. Concomitantemente, tecidos de suas respectivas folhas foram coletados (tecidos tenros) e armazenados em ultrafreezer (-75°C). As análises moleculares envolveram extrações de DNA (DOYLE; DOYLE, 1990) de variedades de milhos crioulos e amplificações via PCR (Polymerase Chain Reaction) com oligonucleotídeos (primers) ISSR (Inter Simple Sequences Repeats), de escolhas randomizadas, oriundos da coleção UCB (University of British Columbia, Canada) (Termociclador Biocycler Gradient). As reações foram programadas em uma fase inicial de desnaturação a 94°C por 5 min; seguida por 35 ciclos de [desnaturação (94°C / 1 min), anelamento (46°C a 59°C / 1 min) e extensão (72°C/2 minutos)]; e uma fase de extensão final de 72°C por 7 min. Logo após essas ciclagens, o aparelho conservou as reações a 4°C, até a retirada das amostras. Os produtos resultantes das amplificações foram separados por eletroforese horizontal com géis de agarose 1,2% (m/v), imersos em tampão TBE (Tris-Borato 90 mM, EDTA 1 mM). No momento da aplicação, foram adicionados, à cada amostra, 3 µL do corante tipo IV [0,125% (m/v) de azul-de-bromofenol e 10% (m/v) de sacarose] e 5 µL de GelRed™ (SAMBROOK *et al.*, 1989). Os géis foram submetidos a uma carga de 120 V, por 3 h. Findadas as eletroforeses, os géis foram analisados por meio de um sistema de fotodocumentação (Loccus Biotecnologia, modelo L-PIX). Os dados serão analisados através de matrizes de dados binários, considerando-se a presença (1) e a ausência (0) de bandas aferidas nos géis supracitados. O coeficiente para o cálculo de similaridade genética foi com base no complemento aritmético do coeficiente de coincidências simples. As análises foram executadas com o auxílio do programa computacional GENES (CRUZ, 2006). Todos os procedimentos de manutenção de populações segregantes e análises moleculares foram realizados nas dependências do Laboratório de Biotecnologia, localizado no Centro de Pesquisas em Ciências Agrárias (CPCA) da UFMG. Os plantios para multiplicações de sementes e hibridações ocorreram em telados anexos ao CPCA e área a campo vinculada ao Laboratório de Biotecnologia, integrante da Fazenda Experimental Professor Hamilton de Abreu Navarro (FEHAN), *Campus Montes Claros da UFMG*.

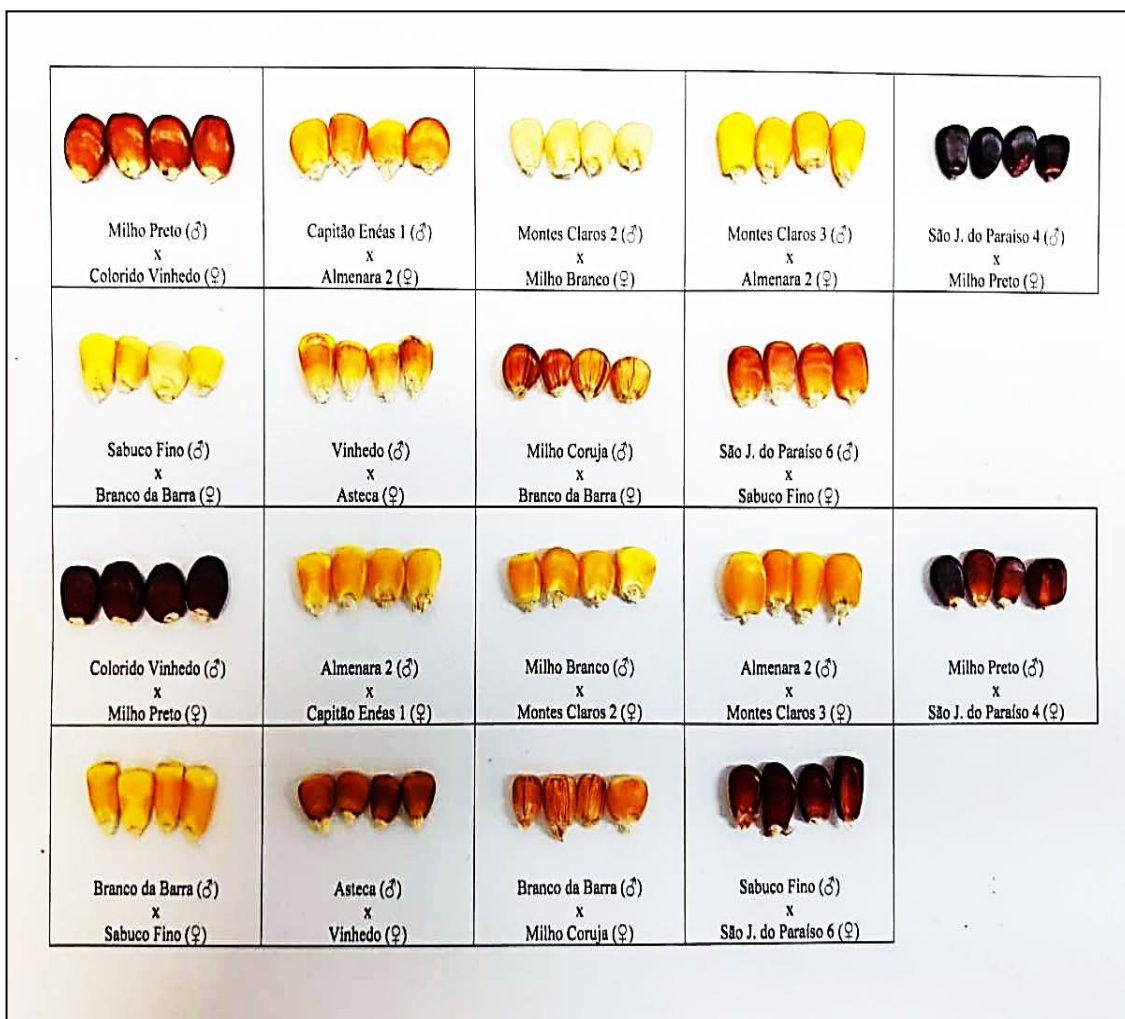
Resultados e Discussão

- **Resgate de variedades e diagnósticos**

No desencadear da execução do trabalho, houve a necessidade de extrapolar os limites comunitários do Córrego "Buriti Seco" (Zona Rural de Montes Claros-MG) quanto às ações de resgate das variedades crioulas de milho (ação central da execução), pois a ausência de plantios nesse sentido foi limitante. Esse quadro demonstrou o avanço do processo de erosão genética envolvendo as comunidade-alvo inicial. Neste contexto, a busca por variedades de milho locais e fidedignamente crioulas, utilizadas em regimes de áreas marginais, envolveu encontros com associações rurais de outros 05 (cinco) municípios, além de Montes Claros: Almenara ('Associação de Pequenos Produtores Rurais da Agricultura Familiar de Almenara'); Capitão Enéas ('Associação Comunitária Rural de Poção'); Janaúba ('Associação Comunitária Evangelho Unido em Cristo'); Rio Pardo de Minas ('Associação de Mulheres de Olhos D'água Unidas pela Amizade'); São João do Paraíso ('Associação das Trabalhadoras Rurais do Paraguai'); Taiobeiras ('Associação da Comunidade de Atanásio').

De modo geral, encontrou-se bastante dificuldades para as mobilizações, porém concretizaram-se algumas reuniões junto aos agricultores, por oportunidades das visitas técnicas pré-agendadas às associações (apresentações dos princípios norteadores do projeto: diagnósticos, resgates, procedimentos para agricultura sustentável, bancos de sementes, experimentação comunitária, etc.). A busca por sementes focou em materiais fidedignamente considerados como tradicionais (crioulos) (Figura 1), porém, muitas vezes, os relatos e colaborações resultavam em sementes comerciais que já haviam sido produzidas por técnicas de melhoramento convencional, ou seja, genótipos advindos de empresas públicas ou privadas. Os acessos em que não se tinha nomenclatura popular, foram identificados por nomes relacionados à região de origem por proposição da equipe deste projeto (Tabela 1).

Figura 1: Exemplos de aspectos de sementes de variedades de milhos crioulos resgatadas (recorte com nomenclatura definida) e caracterizadas quanto à diversidade genética.



Fonte: O próprio autor

Tabela 1. Variedades de milho crioulo, relatadas, resgatadas e caracterizadas quanto à diversidade genética.

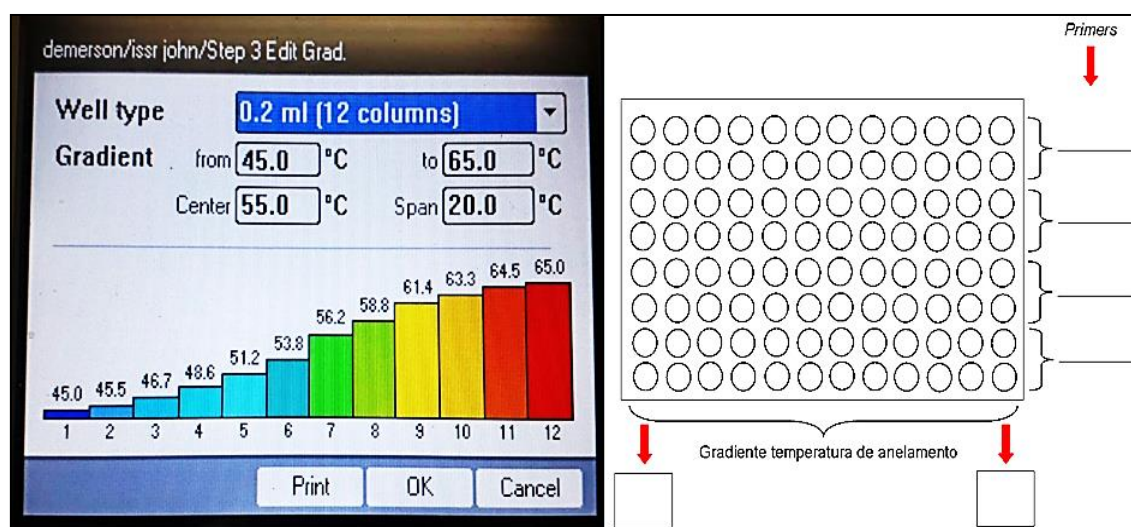
Referência laboratorial	Nome	Imediações rurais do município de referência	Separação de característica edafoclimática potencial	Cor da semente
1	Milho Branco	Janaúba	Nível de tolerância a veranicos	Branco / Creme claro
2	Colorido Vinhedo	São João do Paraíso	Nível de tolerância a veranicos	Roxo / Avermelhado
3	Cateto	Rio Pardo de Minas	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo
4	Milho Preto	São João do Paraíso	Nível de tolerância a veranicos	Roxo escuro
5	Almenara 1	Almenara	Nível de tolerância a veranicos	Alaranjado
6	Almenara 2	Almenara	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo / Alaranjado
7	Capitão Enéas 1	Capitão Enéas	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo
8	Capitão Enéas 2	Capitão Enéas	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo claro
9	Janaúba 1	Janaúba	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo
10	Janaúba 2	Janaúba	Nível de tolerância a veranicos	Avermelhado
11	Janaúba 3	Janaúba	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo / Alaranjado
12	Montes Claros 1	Montes Claros	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo
13	Montes Claros 2	Montes Claros	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo
14	Montes Claros 3	Montes Claros	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo
15	Montes Claros 4	Montes Claros	Nível de tolerância a veranicos	Creme claro
16	São João do Paraíso 1	São João do Paraíso	Nível de tolerância a veranicos	Roxo
17	São João do Paraíso 2	São João do Paraíso	Nível de tolerância a veranicos	Alaranjado
18	São João do Paraíso 3	São João do Paraíso	Nível de tolerância a veranicos	Alaranjado
19	São João do Paraíso 4	São João do Paraíso	Nível de tolerância a veranicos	Roxo
20	São João do Paraíso 5	São João do Paraíso	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo
21	Rio Pardo de Minas 1	Rio Pardo de Minas	Nível de tolerância a veranicos	Amarelo claro
22	Rio Pardo de Minas 2	Rio Pardo de Minas	Nível de tolerância a veranicos	Avermelhado
23	Taiobeiras 1	Taiobeiras	Produção na ausência de insumos	Amarelo
24	Taiobeiras 2	Taiobeiras	Produção na ausência de insumos	Amarelo
25	Asteca	Montes Claros	Produção na ausência de insumos	Amarelo
26	Branco da Barra	Janaúba	Produção na ausência de insumos	Branco / Creme claro

27	Sabuco Fino	Montes Claros	Produção na ausência de insumos	Alaranjado
28	Francês Colorido Branco	Janaúba	Produção na ausência de insumos	Creme / Roxo
29	Mexicano	Rio Pardo de Minas	Produção na ausência de insumos	Creme / Roxo
30	Vinhedo	São João do Paraíso	Produção na ausência de insumos	Roxo / Avermelhado
31	Pipoqueiro Espinhudo	São João do Paraíso	Produção na ausência de insumos	Creme Claro / Amarelo
32	Milho Coruja	São João do Paraíso	Produção na ausência de insumos	Alaranjado
33	Janaúba 6	Janaúba	Produção na ausência de insumos	Branco / Creme claro
34	Janaúba 7	Janaúba	Produção na ausência de insumos	Amarelo
35	Janaúba 8	Janaúba	Produção na ausência de insumos	Branco / Creme claro
36	Montes Claros 5	Montes Claros	Produção na ausência de insumos	Amarelo
37	Montes Claros 6	Montes Claros	Produção na ausência de insumos	Avermelhado / Amarelo
38	Montes Claros 7	Montes Claros	Produção na ausência de insumos	Amarelo
39	São João do Paraíso 6	São João do Paraíso	Produção na ausência de insumos	Roxo / Avermelhado
40	São João do Paraíso 7	São João do Paraíso	Produção na ausência de insumos	Amarelo
41	São João do Paraíso 8	São João do Paraíso	Produção na ausência de insumos	Alaranjado
42	Rio Pardo de Minas 3	Rio Pardo de Minas	Produção na ausência de insumos	Alaranjado
43	Rio Pardo de Minas 4	Rio Pardo de Minas	Produção na ausência de insumos	Alaranjado
44	Taiobeiras 3	Taiobeiras	Produção na ausência de insumos	Amarelo / Creme claro

• Caracterizações da diversidade genética

Foram conduzidos ensaios de gradientes de temperaturas de anelamento, como forma de averiguar as capacidades de ampliações com os diferentes oligonucleotídeos (*primers*) ISSR disponíveis. As temperaturas do gradiente foram intervaladas entre 45°C e 65°C, conforme recurso de randomização próprio aparelho termociclador. O arranjo para o preparo das placas de PCR possibilitou testar quatro oligonucleotídeos (*primers*) ISSR simultaneamente, conforme esquema apresentado na Figura 2.

Figura 2: Interface fornecida pelo aparelho termociclador, evidenciando a programação do intervalo em gradiente, quanto às temperaturas de anelamento nas placas de PCR (45°C a 65°C).



Fonte: O próprio autor.

Durante a execução das análises moleculares, foram testados 56 oligonucleotídeos ISSR, cujos resultados estão sintetizados na Tabela 2. Deste total, 34 caracterizam-se como sendo amplamente polimórficos, sob as temperaturas de anelamento específicas identificadas nesse procedimento. Na Figura 3 tem-se uma exemplificação de análise eletroforética dos testes de gradiente.

Tabela 2: Resultados dos testes de gradiente de temperaturas de anelamento, envolvendo DNA's de acessos de milhos crioulos resgatados no âmbito do trabalho.

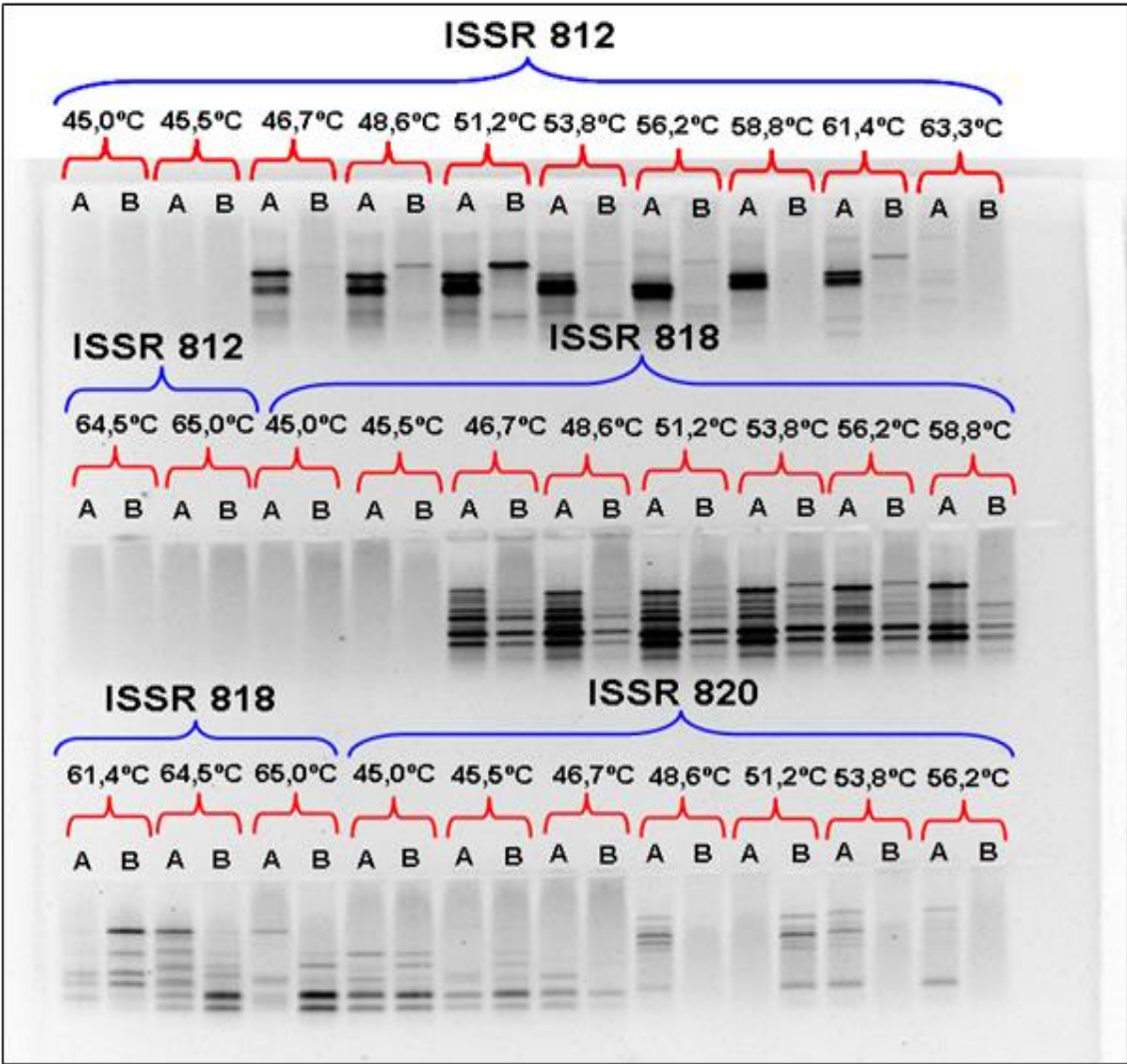
Reação	Oligonucleotídeos ISSR (5' → 3')	Temperatura de anelamento - Ta (°C)
Placa 1	ISSR 803 (ATA TAT ATA TAT ATA TC)	Não amplifica na espécie
	ISSR 804 (TAT ATA TAT ATA TAT AA)	Não amplifica na espécie
	ISSR 805 (TAT ATA TAT ATA TAT AC)	Não amplifica na espécie

	ISSR 807 (AGA GAG AGA GAG AGA GT)	54°C
Placa 2	ISSR 808 (AGA GAG AGA GAG AGA GC)	47°C
	ISSR 812 (GAG AGA GAG AGA GAG AA)	47°C
	ISSR 818 (CAC ACA CAC ACA CAC AG)	48°C
	ISSR 820 (GTG TGT GTG TGT GTG TC)	46°C
	ISSR 823 (TCT CTC TCT CTC TCT CC)	46°C
Placa 3	ISSR 827 (ACA CAC ACA CAC ACA CG)	47°C
	ISSR 830 (TGT GTG TGT GTG TGT GG)	54°C
	ISSR 833 (ATA TAT ATA TAT ATA TYG)	Não amplifica na espécie
	ISSR 838 (TAT ATA TAT ATA TAT ARC)	Não amplifica na espécie
Placa 4	ISSR 842 (GAG AGA GAG AGA GAG AYG)	56°C
	ISSR 848 (CAC ACA CAC ACA CAC ARG)	49°C
	ISSR 850 (GTG TGT GTG TGT GTG TYC)	46°C
	ISSR 856 (ACA CAC ACA CAC ACA CYA)	56°C
Placa 5	ISSR 858 (TGT GTG TGT GTG TGT GRT)	59°C
	ISSR 863 (AGT AGT AGT AGT AGT AGT)	Não amplifica na espécie
	ISSR 867 (GGC GGC GGC GGC GGC GGC)	59°C
	ISSR 870 (TGC TGC TGC TGC TGC TGC)	Não amplifica na espécie
Placa 6	ISSR 876 (GAT AGA TAG ACA GAC A)	48°C
	ISSR 883 (BVB TAT ATA TAT ATA TA)	Não amplifica na espécie
	ISSR 884 (HBH AGA GAG AGA GAG AG)	46°C
	ISSR 886 (VDV CTC TCT CTC TCT CT)	51°C
Placa 7	ISSR 888 (BDB CAC ACA CAC ACA CA)	54°C
	ISSR 892 (TAG ATC TGA TAT CTG AAT TCC C)	Não amplifica na espécie
	ISSR 894 (TGG TAG CTC TTG ATC ANN NNN)	Não amplifica na espécie
	ISSR 895 (AGA GTT GGT AGC TCT TGA TC)	Não amplifica na espécie
Placa 8	ISSR 897 (CCG ACT CGA GNN NNN NAT GTG G)	Não amplifica na espécie
	ISSR 898 (GAT CAA GCT TNN NNN NAT GTG G)	Não amplifica na espécie
	ISSR 900 (ACT TCC CCA CAG GTT AAC ACA)	Não amplifica na espécie
	ISSR 814 (CTC TCT CTC TCT CTC TA)	Monomórfico
Placa 9	ISSR 828 (TGT GTG TGT GTG TGT GA)	46°C
	ISSR 829 (TGT GTG TGT GTG TGT GC)	46°C
	ISSR 843 (CTC TCT CTC TCT CTC TRA)	Não amplifica na espécie
	ISSR 849 (GTG TGT GTG TGT GTG TYA)	47°C
Placa 10	ISSR 866 (CTC CTC CTC CTC CTC CTC)	56°C
	ISSR 877 (TGC ATG CAT GCA TGC A)	Monomórfico
	ISSR 879 (CTT CAC TTC ACT TCA)	Monomórfico
	ISSR 810 (GAG AGA GAG AGA GAG AT)	47°C
Placa 11	ISSR 816 (CAC ACA CAC ACA CAC AT)	46°C
	ISSR 825 (ACA CAC ACA CAC ACA CT)	47°C
	ISSR 836 (AGA GAG AGA GAG AGA GYA)	46°C

Placa 12	ISSR 844 (CTC TCT CTC TCT CTC TRC)	Não amplifica na espécie
	ISSR 847 (CAC ACA CAC ACA CAC ARC)	47°C
	ISSR 853 TCT CTC TCT CTC TCT CRT)	Inconclusivo
	ISSR 855 (ACA CAC ACA CAC ACA CYT)	47°C
Placa 13	ISSR 864 (ATG ATG ATG ATG ATG ATG)	51°C
	ISSR 865 (CCG CCG CCG CCG CCG CCG)	51°C
	ISSR 874 (CCC TCC CTC CCT CCC T)	Não amplifica na espécie
	ISSR 880 (GGA GAG GAG AGG AGA)	46°C
Placa 14	ISSR 882 (VBV ATA TAT ATA TAT AT)	Não amplifica na espécie
	ISSR 887 (DVD TCT CTC TCT CTC TC)	51°C
	ISSR 889 (DBD ACA CAC ACA CAC AC)	51°C
	ISSR 890 (VHV GTG TGT GTG TGT GT)	46°C

Fonte: O próprio autor.

Figura 3: Exemplificação de corrida eletroforética para testes de gradiente de temperatura de anelamento, envolvendo oligonucleotídeos (*primers*) ISSR (45°C a 65°C) e DNA de variedades de milho crioulo. A e B referem-se a genótipos aleatoriamente escolhidos da coleção resgatada.



Fonte: O próprio autor.

Foram caracterizadas todas as 44 variedades de milho crioulo resgatadas no âmbito deste projeto, envolvendo os 34 oligonucleotídeos (primers) ISSR identificados como polimórficos. Nesta perspectiva, foram executadas 1.344 reações referentes aos procedimentos de testes de gradientes de temperaturas de anelamento, além de outras 1.632 para amplificações da coleção resgatada, desconsiderando as falhas esporádicas (153 reações refeitas).

As análises de distâncias genéticas foram realizadas a partir das amplificações das 44 variedades de milhos crioulos resgatadas, divididas em dois grupos de 22 acessos por circunstância do potencial vantagem fenotípica ("nível de tolerância a veranicos" e "produção na ausência de insumos"). Os 34 *primers* ISSR utilizados produziram 32 bandas monomórficas e 213 bandas polimórficas, totalizando 245 bandas amplificadas de boa qualidade. A quantidade de bandas variou de 15 [(GA) 8C] a 3 [(GA) 8YT], com média de 7,2 por oligonucleotídeo (primer). Do total de bandas amplificadas, 86,94% revelaram polimorfismo, sugerindo uma elevada variabilidade genética entre as 44 variedades de milhos crioulos resgatadas, em relação aos dados geralmente encontrados no melhoramento convencional. Os oligonucleotídeos em que prevalecia a sequência de bases GA amplificaram o maior número de fragmentos polimórficos.

Nas Tabelas 3 e 4 encontram-se as matrizes de distâncias genéticas relativas (%). A partir dos dados, identificou-se as variedades mais divergentes entre si (menos similares), o que orientou os esquemas de hibridações recíprocas (prevendo efeitos maternos). Adotou-se como critério as combinações em que as variedades apresentaram divergência genética relativa superior a 20% (Tabela 5). A diferenciação genética observada neste trabalho é bastante superior à maioria dos estudos de diversidade, sejam eles envolvendo animais, plantas e microrganismos; executados com a mesma coleção de oligonucleotídeos da University of British Columbia (UBC primer set #9, Vancouver, Canada) (SOUZA *et al.*, 2008; GEORGE *et al.*, 2009; ANAND *et al.*, 2010; RIZKALLA, *et al.*, 2012; GHAZALLI *et al.*, 2015; VIEIRA *et al.*, 2015). Estes resultados são de especial interesse para fomentar programas de melhoramento.

O estudo da diversidade visa a elucidar relações genéticas, quantificar ou prever o nível de variabilidade total existente e a sua distribuição entre e/ou dentro de unidades taxonômicas, quer elas envolvam indivíduos; acessos de banco de germoplasma; linhagens; cultivares; populações de sistemas controlados de acasalamento ou naturais (exogâmicas); e espécies. Este conhecimento tem proporcionado importantes contribuições ao melhoramento genético, ao gerenciamento de bancos de germoplasma,

à conservação de recursos genéticos e ao entendimento dos processos evolutivos (CRUZ *et al.*, 2011).

Dentre as possibilidades de estudos da diversidade, destacam-se: determinação das inter-relações genéticas entre linhagens, cultivares e populações; identificação de combinações parentais adequadas à obtenção de híbridos altamente heteróticos e que possibilitem maior segregação em recombinações, com o aparecimento de transgressivos; introgressão de genes favoráveis provenientes dos acessos de bancos de germoplasma, componentes da base genética da espécie-alvo; identificação de variedades derivadas genealogias específicas. Além disso, nos bancos de germoplasma, a análise da diversidade pode ajudar a classificar corretamente um acesso, identificar duplicatas e subgrupos de coleções-núcleo, além de auxiliar na quantificação do nível de variabilidade presente em um *pool* gênico, bem como seu fluxo através do tempo (REIF *et al.*, 2005).

Tabela 3: Matriz de distâncias genéticas relativas (frequência) entre 22 variedades de milho crioulas (produção na tolerância a veranicos).

Nº	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22
1	1,00																					
2	0,93	1,00																				
3	0,91	0,89	1,00																			
4	0,92	0,79*	0,88	1,00																		
5	0,90	0,88	0,89	0,92	1,00																	
6	0,93	0,91	0,87	0,84	0,91	1,00																
7	0,92	0,87	0,90	0,93	0,92	0,76*	1,00															
8	0,82	0,91	0,94	0,89	0,82	0,95	0,87	1,00														
9	0,95	0,88	0,92	0,86	0,91	0,88	0,83	0,88	1,00													
10	0,91	0,89	0,88	0,89	0,89	0,93	0,95	0,89	0,93	1,00												
11	0,88	0,87	0,89	0,87	0,84	0,86	0,98	0,94	0,95	0,92	1,00											
12	0,89	0,90	0,87	0,90	0,89	0,88	0,93	0,90	0,90	0,94	0,94	1,00										
13	0,75*	0,94	0,90	0,94	0,87	0,89	0,92	0,94	0,94	0,91	0,93	0,92	1,00									
14	0,88	0,92	0,94	0,92	0,90	0,77*	0,83	0,92	0,90	0,89	0,92	0,94	0,90	1,00								
15	0,87	0,84	0,92	0,88	0,94	0,90	0,91	0,96	0,84	0,87	0,90	0,86	0,94	0,90	1,00							
16	0,89	0,90	0,91	0,85	0,92	0,94	0,88	0,89	0,96	0,84	0,94	0,93	0,91	0,94	0,91	1,00						
17	0,89	0,84	0,88	0,94	0,88	0,92	0,90	0,87	0,87	0,86	0,90	0,83	0,90	0,94	0,87	0,89	1,00					
18	0,83	0,92	0,89	0,90	0,94	0,87	0,89	0,90	0,94	0,87	0,89	0,90	0,94	0,87	0,89	0,94	0,86	1,00				
19	0,95	0,90	0,87	0,70*	0,97	0,90	0,88	0,92	0,85	0,88	0,94	0,86	0,90	0,94	0,87	0,89	0,82	0,87	1,00			
20	0,92	0,93	0,90	0,90	0,94	0,90	0,83	0,89	0,90	0,94	0,87	0,89	0,96	0,94	0,88	0,94	0,87	0,94	0,91	1,00		
21	0,92	0,83	0,89	0,90	0,94	0,87	0,89	0,90	0,94	0,87	0,89	0,93	0,89	0,92	0,94	0,90	0,93	0,92	0,86	0,92	1,00	
22	0,85	0,90	0,94	0,87	0,89	0,94	0,87	0,89	0,87	0,89	0,93	0,85	0,90	0,89	0,92	0,94	0,83	0,96	0,86	0,90	0,89	1,00

*Combinações de variedades mais divergentes entre si (menos similares). **Fonte:** O próprio autor.

Tabela 4: Matriz de distâncias genéticas relativas (frequência) entre 22 variedades de milho crioulas (produção na ausência de insumos).

Nº	23	24	25	26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44
23	1,00																					
24	0,92	1,00																				
25	0,91	0,85	1,00																			
26	0,90	0,94	0,86	1,00																		
27	0,94	0,92	0,90	0,77*	1,00																	
28	0,92	0,88	0,94	0,90	0,82	1,00																
29	0,91	0,85	0,92	0,94	0,92	0,86	1,00															
30	0,88	0,94	0,78*	0,92	0,82	0,95	0,87	1,00														
31	0,95	0,88	0,87	0,89	0,91	0,88	0,83	0,88	1,00													
32	0,91	0,89	0,90	0,77*	0,89	0,93	0,95	0,89	0,93	1,00												
33	0,88	0,87	0,89	0,87	0,84	0,86	0,98	0,94	0,95	0,87	1,00											
34	0,95	0,88	0,87	0,95	0,88	0,92	0,86	0,91	0,90	0,94	0,84	1,00										
35	0,91	0,89	0,90	0,91	0,89	0,88	0,89	0,89	0,86	0,98	0,94	0,85	1,00									
36	0,88	0,87	0,94	0,88	0,87	0,89	0,87	0,84	0,88	0,89	0,90	0,95	0,96	1,00								
37	0,87	0,84	0,92	0,95	0,88	0,92	0,86	0,91	0,89	0,87	0,94	0,91	0,89	0,90	1,00							
38	0,89	0,90	0,91	0,91	0,89	0,88	0,89	0,89	0,87	0,90	0,92	0,88	0,87	0,94	0,91	1,00						
39	0,89	0,84	0,88	0,94	0,72*	0,92	0,88	0,94	0,90	0,94	0,96	0,95	0,88	0,94	0,87	0,85	1,00					
40	0,83	0,92	0,89	0,90	0,94	0,87	0,85	0,92	0,94	0,92	0,89	0,96	0,94	0,87	0,89	0,94	0,86	1,00				
41	0,95	0,90	0,87	0,85	0,97	0,90	0,94	0,88	0,92	0,91	0,87	0,87	0,90	0,95	0,88	0,92	0,86	0,93	1,00			
42	0,92	0,93	0,90	0,90	0,94	0,90	0,87	0,84	0,86	0,88	0,94	0,95	0,96	0,91	0,89	0,88	0,89	0,89	0,91	1,00		
43	0,92	0,83	0,89	0,90	0,94	0,87	0,89	0,90	0,94	0,89	0,89	0,93	0,89	0,88	0,87	0,89	0,87	0,84	0,86	0,92	1,00	
44	0,85	0,90	0,94	0,87	0,95	0,88	0,92	0,86	0,91	0,95	0,88	0,92	0,86	0,89	0,92	0,94	0,83	0,96	0,86	0,90	0,90	1,00

*Combinações de variedades mais divergentes entre si (menos similares). **Fonte:** O próprio Autor.

Tabela 5. Esquema de hibridações realizadas entre combinações de variedades divergentes de milho crioulo, com base em primers ISSR.

Hibridações Recíprocas					
♂	♀	Combinações	♂	♀	Combinações
(4)	(2)	Milho Preto x Colorido Vinhedo	(2)	(4)	Colorido Vinhedo x Milho Preto
(7)	(6)	Capitão Enéas 1 x Almenara 2	(6)	(7)	Almenara 2 x Capitão Enéas 1
(13)	(1)	Montes Claros 2 x Milho Branco	(4)	(1)	Milho Branco x Montes Claros 2
(14)	(6)	Montes Claros 3 x Almenara 2	(6)	(14)	Almenara 2 x Montes Claros 3
(19)	(4)	São João do Paraíso 4 x Milho Preto	(4)	(19)	Milho Preto x São João do Paraíso 4
(27)	(26)	Sabuco Fino x Branco da Barra	(26)	(27)	Branco da Barra x Sabuco Fino
(30)	(25)	Vinhedo x Asteca	(25)	(30)	Asteca x Vinhedo
(32)	(26)	Milho Coruja x Branco da Barra	(26)	(32)	Branco da Barra x Milho Coruja
(39)	(27)	São João do Paraíso 6 x Sabuco Fino	(27)	(39)	Sabuco Fino x São João do Paraíso 6

O próprio Autor.

Considerações Finais

As coleções prospectadas e caracterizadas neste trabalho possuem enormes potenciais para compor populações-base de programas de melhoramento genético (múltiplas finalidades), sejam eles participativos ou convencionais, sendo que os últimos geralmente padecem por bases genéticas estreitas.

Agradecimentos

Esse trabalho foi fomentado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais - FAPEMIG, relativo ao projeto "Melhoramento Participativo de Milho com Enfoque na Agrobiodiversidade do Semiárido Mineiro". (FAPEMIG APQ-03554-14), Edital 07/2014 - Apoio a Projetos de Extensão em Interface com a Pesquisa.

Referências

- ANAND, Kumar Kamal et al. Delimitation of species of the *Astragalus rhizanthus* complex (Fabaceae) using molecular markers RAPD, ISSR and DAMD. *Taiwania*, v. 55, n. 3, p. 197-207, 2010.
- SAAD, Nadine. Relatório de síntese de 5 anos: Programa PRGA: Síntese da fase I (1997-2002). 2003.
- CRUZ, C. D. Programa Genes: estatística experimental. Viçosa-MG: Editora UFV, 2006.
- CRUZ, Cosme Damião; FERREIRA, Fábio Medeiros; PESSONI, Luiz Alberto. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Visconde do Rio Branco: Suprema, v. 620, 2011.
- DE BOEF, W. S.; THIJSSSEN, Marja H. Ferramentas participativas no trabalho com cultivos, variedades e sementes. Um guia para profissionais que trabalham com abordagens participativas no manejo da agrobiodiversidade, no melhoramento de cultivos e no desenvolvimento do setor de sementes. Wageningen UR Centre for Development Innovation, 2007.
- DOYLE, Jeff J. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, v. 12, p. 13-15, 1990.
- DUTRA, Italo João Bolqui; MARTINS, Moisés Cardoso; PARRÉ, José Luiz. A produção da agricultura familiar e os efeitos dos programas de incentivo. *Revista de Política Agrícola*, v. 30, n. 3, p. 94, 2021.
- EMATER. Empresa de Assistência Técnica e Extensão Rural do Estado de Minas Gerais. Acompanhamento da Agricultura no Semiárido Mineiro - 2021. Disponível em: <<http://www.emater.mg.gov.br/>>. Acessado em abril de 2022.
- FAO - Food and Agriculture Organization of the United Nations. International Technical Conference on Plant Genetic Resources, 2012.
- GHAZALI, M. N.; YUNUS, Muhamad Fahmi; MOHAMMAD, Abdul Latiff. Assessment of genetic relationships within *Bouea* (Anacardiaceae) accessions in Peninsular Malaysia using inter simple sequence repeats (ISSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, v. 14, n. 2, p. 76-85, 2015.
- GEORGE, Sheeja; SHARMA, Jyotsna; YADON, Vern L. Genetic diversity of the endangered and narrow endemic *Piperia yadonii* (Orchidaceae) assessed with ISSR polymorphisms. *American Journal of Botany*, v. 96, n. 11, p. 2022-2030, 2009.
- IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Senso Demográfico 2010. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br/estadosat/>>. Acessado em abril de 2022.
- MACHADO, Altair Toledo; MACHADO, Cynthia Torres de Toledo; NASS, Luciano Lourenço. Manejo da diversidade genética e melhoramento participativo de milho em sistemas agroecológicos. *Revista Brasileira de Agroecologia*, v. 6, n. 1, p. 127-136, 2011.
- REIF, J. C.; HALLAUER, A. R.; MELCHINGER, A. E. Heterosis and heterotic patterns in maize [*Zea mays* L.; USA; Europe; Japan; China]. *Maydica* (Italy), 2005.

RIZKALLA, Aida A. et al. Genetic diversity based on ISSR and protein markers associated with earliness trait in wheat. *World Applied Sciences Journal*, v. 20, n. 1, p. 23-33, 2012.

SAMBROOK, J.; FRITSCH, E. R.; MANIATIS, T. E. F. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbour Labs. New York. 1989, 815 p.

SOUZA, Giselle Anselmo de et al. Diversidade genética estimada com marcadores ISSR em populações brasileiras de *Zabrotes subfasciatus*. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 43, p. 843-849, 2008.

DE ALMEIDA VIEIRA, Fábio et al. Diversidade genética de *Copernicia prunifera* com o uso de marcadores moleculares ISSR. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 10, n. 4, p. 525-531, 2015.

CAPÍTULO 4

FIBRAS VEGETAIS UTILIZADAS COMO PLÁSTICOS DE BASE BIOLÓGICA PARA VEÍCULOS AUTOMOTIVOS: UMA REVISÃO

VEGETABLE FIBERS USED AS BIOLOGICALLY-BASED PLASTICS FOR AUTOMOTIVE VEHICLES: A REVIEW

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.04>

Submetido em: 23/02/2023

Revisado em: 13/03/2023

Publicado em: 27/03/2023

Jomar Berton Junior

Instituto Federal do Paraná, Telêmaco Borba-PR

<http://lattes.cnpq.br/4714967818055223>

Milena do Prado Ferreira

Universidade Estadual de Londrina, Departamento de Química, Londrina-PR

<http://lattes.cnpq.br/0390586020405082>

Felipe Augusto Gorla

Instituto Federal do Paraná, Assis Chateaubriand-PR

<http://lattes.cnpq.br/3755633478254800>

Sharise Beatriz Roberto Berton

Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Departamento de Química de Materiais,

Apucarana-PR

<http://lattes.cnpq.br/4838760783430304>

Resumo

A poluição causada devido ao acúmulo de resíduos poliméricos convencionais, ou seja, provenientes do petróleo, é de grande preocupação para o meio ambiente e para o ser humano. Na busca da diminuição deste impacto ambiental, diversos estudos foram desenvolvidos e aplicados, utilizando os chamados plásticos de base biológica. Veículos automotivos são produzidos a partir de um quinto de seu peso utilizando plástico convencional, devido a isso, o presente trabalho apresentou por meio de revisão da literatura, os diferentes tipos de plásticos que possuem características biodegradáveis, como alternativa para o uso em veículos

automotivos, a fim de aprofundar o assunto sobre o tema em questão. O interesse e a produção deste tipo de material, surge a partir de 1940. Anos mais tarde, aparecem os primeiros veículos automotivos que passaram a fazer uso de uma matriz de PLA (Ácido Polilático) de cana-de-açúcar e batata doce e uma matriz epóxi com a adição de juta para algumas peças dos veículos. Portanto, estes materiais já são uma realidade atualmente, e podem ser utilizados em veículos automotivos como substitutos dos polímeros convencionais.

Palavras-Chave: impacto ambiental, meio ambiente, biodegradável.

Abstract

The pollution caused due to the accumulation of conventional polymeric residues, that is, from petroleum, is of great concern for the environment and for the human being. In the search to reduce this environmental impact, several studies were developed and applied, using the so-called bio-based plastics. Automotive vehicles are produced from a fifth of their weight using conventional plastic, due to this, the present work presented, through a literature review, the different types of plastics that have biodegradable characteristics as an alternative for use in automotive vehicles, the in order to delve deeper into the topic in question. The interest and production of this type of material began in 1940. Years later, the first automotive vehicles appeared, which started to use a PLA (Polylactic Acid) matrix from sugarcane and sweet potato and a epoxy matrix with the addition of jute for some vehicle parts. Therefore, these materials are already a reality today, and can be used in automotive vehicles as substitutes for conventional polymers.

Keywords: environmental impact, environment friendly, biodegradable.

Introdução

A produção global de plásticos convencionais a base de petróleo, ou seja, os fabricados via polimerização que é a união de monômeros formando polímeros sintéticos, até 2019, somaram cerca de 359 milhões de toneladas por ano (LEOW *et al.*, 2022; MICHAUX, 2019). Esta tendência do uso de plásticos a nível mundial é responsável por aproximadamente 150-200 milhões de toneladas de lixo descartado anualmente (TOURNIER *et al.*, 2020).

Existem basicamente três rotas de descarte do plástico conhecido e aceito globalmente: a reciclagem mecânica, incineração e acumulados em aterro (GARCIA; ROBERTSON, 2017). Porém, muitos destes resíduos sólidos são descartados ilegalmente em rios e oceanos, causando assim, grande impacto ao meio ambiente, tornando-o altamente insustentável (LEOW *et al.*, 2022).

Por isso, sugere-se a biodegradação, que é a mineralização de materiais como resultado da ação de microrganismos de ocorrência natural, como os fungos e bactérias. Porém, biodegradação dos plásticos tradicionais é muito limitada, devido principalmente ao seu alto peso molecular, estrutura química e baixa solubilidade em água (GÓMEZ; MICHAEL JR, 2013). Por este motivo, o plástico convencional permanece no meio ambiente por muitos anos, gerando assim diversos problemas principalmente ambientais.

A fim de fornecer um ambiente sustentável para futuras gerações, além de reduzir nossa dependência de plásticos convencionais, torna-se essencial o esforço para utilização

e melhoria da tecnologia dos chamados plástico de base biológica biodegradáveis ou plástico biodegradável, que sofrem este processo de biodegradação (GÓMEZ; MICHAEL JR, 2013).

Os plásticos de base biológica, são produzidos a partir de matérias primas renováveis como sementes, grãos entre outras matrizes e são biodegradáveis com a ação natural de microrganismos. Já os plásticos biodegradáveis, possuem cadeias poliméricas que sob condições apropriadas possuem o mesmo efeito natural de ação de microrganismos, que decompõem em substâncias menores, porém, são plásticos feitos com o amido, celulose e outros polissacarídeos. Temos ainda os bioplásticos, que é uma designação geral para plásticos biodegradáveis, ou seja, plásticos que são produzidos a partir de compostos renováveis e ainda possuem as mesmas propriedades que os plásticos convencionais, porém são sustentáveis (GÓMEZ; MICHAEL JR, 2013).

Pesquisas estão sendo desenvolvidas com o objetivo aperfeiçoar e utilizar cada vez mais estes tipos de plásticos citados acima. Devido a isso, recentemente, inúmeras tendências no desenvolvimento de plásticos de base biológica a partir de fibras vegetais ou biomassa renovável proveniente de plantas têm surgido, tornando o mundo mais sustentável e verde (SHEN *et al.*, 2020).

Outro exemplo que surgiu são os bioplásticos formados a partir de butanodiol (BDO), este é um produto químico usado como solvente e em blocos de construção em bioplásticos. Estes bioplásticos formados a partir de BDO são completamente biodegradáveis, formando o Bio-BDO que pode ser utilizado para criar uma ampla gama de produtos, incluindo para-choques de carro, de uma forma mais eficiente em termos energéticos e sem petróleo ou gás natural (BECKER; WITTMAN, 2015).

Importante destacar que a degradação total destes materiais, ocorrem facilmente sob a influência de temperatura, umidade, luz, oxigênio disponível e a ação por microrganismos (KOITABASHI *et al.*, 2012).

Diante disso, este trabalho tem como objetivo apresentar os diferentes tipos de plásticos que possuem características biodegradáveis, principalmente os de base de fibras vegetais para uso em veículos automotivos, em comparação com os plásticos convencionas, a fim de aprofundar o assunto e difundir o conhecimento sobre o tema em questão, para que possamos tornar o mundo cada vez mais verde.

Metodologia

A presente pesquisa foi realizada primeiramente por um levantamento prévio de artigos que abordam o tema em questão. O critério de escolha deu-se principalmente pelos mais recentes e relacionados a pesquisa, estes foram selecionados e citados ao longo do artigo.

A pesquisa de revisão bibliográfica, foi realizada utilizando bases científicas, das quais é possível citar: Scielo, Portal da Capes, ISI – Web of Science, entre outras bases, utilizando as palavras-chave citadas no artigo e palavras/frases como: veículos sustentáveis, carros utilizando tecnologia verde, fibras vegetais, bioplásticos, fibra de coco, substituição de plásticos convencionais, produção de plásticos a base de fibras vegetais, entre outras. As expressões equivalentes a estas palavras-chave na língua inglesa, são: sustainable vehicles, cars using green technology, plant fibers, bioplastics, coconut fiber, replacement of conventional plastics, production of plant-based plastics.

Do ponto de vista científico, artigos de revisão bibliográfica são extremamente importantes devido a apresentação de um caráter exploratório, além disso, possibilita maior aprofundamento do tema em questão, pois o mesmo é desenvolvido baseado em artigos já publicados (FERREIRA *et al.*, 2019).

- **Levantamento bibliográfico para estudo do tema**

A seguir, são apresentados uma revisão de artigos científicos publicados principalmente sobre o desenvolvimento dos plásticos de base biológica, utilizando as mais variáveis fibras vegetais e outros constituintes para a produção destes.

Resultados e Discussão

- **Produção e desenvolvimento de plásticos de base biológica**

A contaminação do meio ambiente com detritos plásticos convencionais é um dos maiores problemas ambientais que enfrentamos atualmente, isto influencia a fauna e flora todo o ecossistema, incluindo os seres humanos (KOELMANS *et al.*, 2019). Estima-se que apenas cerca de 70% de todo o plástico produzido tenha sido destinado corretamente, e o restante (30%), foi ou é descartado de maneira inadequada (BIZOKOJC, 2021).

Devido a isso, a produção de bioplásticos, ou seja, tanto os plásticos de base biológica quanto plásticos biodegradáveis, podem ser classificados desta maneira, começou a surgir forte interesse logo nas décadas de 1940 e 1950 (TSUJI, 2000).

Em 1966 a Mercedes-Benz inovou nos painéis das portas de seus veículos com a utilização de uma matriz epóxi com a adição de juta (PHONG *et al.*, 2010). A Toyota, utilizou uma matriz de PLA (Ácido Polilático) de cana-de-açúcar e batata doce e foi reforçada com fibras de kenaf (AVEROUS *et al.*, 2000). Já em 2000, a Audi lançou o carro de médio porte, reforçado com material misto de linho/sisal (TSUJI, 2000).

Para motores de automóveis da Mitsubishi, alguns componentes internos que combinam fibras de bambu juntamente com uma resina à base de plantas e polibutileno succinato (PBS), além de tapetes feitos com PLA e fibras de nylon (VAN DE VELDE; KIEKENS, 2002).

Desde então vêm aumentando, chegando recentemente a quase 368 milhões de toneladas globalmente em 2019 (PLASTICSEUROPE, 2020). Aproximadamente 1% desta produção é composta por plásticos de base biológica (PLASTICSEUROPE, 2020).

Os plásticos produzidos a partir de base biológica, são polímeros sintetizados utilizando recursos renováveis como amido, açúcar, diferentes tipos de fibras naturais ou outros compostos orgânicos biológicos. (GÓMEZ; MICHAEL JR, 2013). Diversas proteínas vegetais como zeína de milho, glúten de soja, trigo, além de proteínas animais como proteínas do leite, colágeno, gelatina, queratina, entre outras podem também serem utilizadas para o desenvolvimento dos bioplásticos (CHONG *et al.*, 2021).

Porém, utilizando apenas água para a gelatinização, se produz produtos muito quebradiços, por isso, para ser lançados bioplásticos de sucesso, se faz necessário a adição de plastificantes como o glicerol ou sorbitol, que são muito utilizados e compatíveis com proteínas, esta adição melhora a flexibilidade e manuseabilidade dos filmes (BERTON *et al.*, 2020; GONZÁLEZ; ROMERO, 2022).

Os bioplásticos a base de amido pertence a classe dos mais produzidos atualmente, estes são realizados com misturas complexas de outros plásticos compostáveis, como o PLA (Ácido Polilático); PBLAT (Polibutirato); PBS (Polibutileno succinato) e PHAs (Polihidroxicanoatos) (RAVINDRA *et al.*, 2018; VENKATACHALAM; PALANISWAMY, 2020).

Estas misturas complexas são essenciais para melhorar as propriedades mecânicas dos filmes e também evitar o encolhimento dos mesmos. Alguns enchimentos são usados como reforço em materiais termoplásticos para melhorar o comportamento mecânico de filmes a base de amido. A bentonita (argila composta sobretudo pelo mineral

montmorilonita), provoca interação com redes compostas de amido, e pode ser utilizado para a produção de bioplásticos a base de amido (BEHERA *et al.*, 2022).

Está ganhando espaço, os chamados compósitos poliméricos, que é resultado da mistura de mais de um elemento, trabalhando juntos, com o objetivo de produzir um material, cuja propriedades sejam diferentes quando comparada com a deles em sua forma isolada, e estes são utilizados em vários setores, incluindo o automotivo, aeroespacial e construção (PATEL *et al.*, 2022).

Pesquisas utilizando resíduos vegetais como fibras de coco e juta são uma realidade, e foram utilizados como reforços em um compósito de resina epóxi feito pelo método de laminação manual. O resultado mostra que o compósito epóxi reforçado com fibra de juta oferece propriedades mecânicas aprimoradas quando comparadas com as amostras feitas de compósito de fibra de coco e fibra mista (PATEL *et al.*, 2022).

Alguns outros tipos de compósitos já foram produzidos, utilizando diversas fibras vegetais como eucalipto, juta, linho, kenaf para aplicação em peças internas de automóveis além das tecnologias para realizar tais peças (moldagem por injeção, moldagem por injeção de baixa pressão, entre outras) (MAGURNO, 2000).

Este é um avanço extremamente importante, pois sabe-se que os materiais poliméricos representam aproximadamente 20% do peso total de veículos automotivos. Sendo assim, os compósitos de fibra natural com matrizes termoplásticas e termofixas, estão sendo cada vez mais utilizados pelas indústrias de automóveis europeus. Estes compósitos são utilizados na fabricação de diversas peças, como painéis, portas, encostos de banco, entre outras peças internas (DENAULT, 2009).

Neste sentido, Rusu *et al.*, (2012), mostram três exemplos de bioplásticos e bioplásticos reforçados com fibras vegetais para demonstrar o quão potencial são estes materiais com o objetivo de utilizá-los em aplicações automotivas (RUSU *et al.*, 2012).

Os exemplos são: Bio-PA (Biopoliamidas), produzidas com biomassa renovável, que possui excelente propriedade mecânica, resistência a temperatura, resistência a produtos químicos como óleos e solventes. O segundo exemplo seria o Bio-PP (Polipropileno de base biológica), pode ser obtido a partir de recursos biológicos por desidratação de butileno de bio-isobutanol obtido a partir de glicose e subsequente polimerização (SIRACUSA; BLANCO, 2020; RUSU *et al.*, 2012). A mistura de compostos à base de PLA (Poli (ácido lático)), também é um polímero biodegradável,

com unidades repetidas de ácido láctico e pode ser derivado até mesmo de resíduos agrícolas (DEERAJ *et al.*, 2022).

Considerações Finais

Polímeros biodegradáveis são uma classe especial de materiais ecologicamente corretos, que apresentam benefícios para a humanidade e principalmente para o meio ambiente. Como foi possível observar ao longo do artigo, estes materiais já são uma realidade atualmente, e podem ser utilizados em veículos automotivos como substitutos dos polímeros convencionais, visto que aproximadamente 20% em peso de um veículo é constituído de polímeros. Estes chamados convencionais, são à base de petróleo, não são degradáveis e causam enorme poluição após o seu uso final.

Desde 1940, o interesse e a produção dos bioplásticos, tem sido impulsionado por problemas de gerenciamento de resíduos cada vez mais acentuados. Pesquisas recentes sobre o tema em questão, demonstram que estes plásticos biodegradáveis a base biológica está crescendo continuamente, e espera-se que estes ocupem uma posição própria no mercado de polímeros.

A aplicação destes compostos verdes precisam ser muito bem estudas em relação a sua aplicabilidade em um veículo automotivo, pois dependendo do local onde é aplicado, ou seja, lugares onde ocorra boa disponibilidade de luz, calor, umidade, pode apresentar problemas devido a sua natureza decomponível. Esta questão de biodegradabilidade pode ser um problema que precisa ser abordado quando se visa a aplicação de compósitos 100% de base biológica.

Referências

- AVEROUS, L.; MORO, L.; DOLE, P.; FRINGANT, C. Properties of thermoplastic blends: starch–polycaprolactone. **Polymer**, v. 41, p. 4157-4167, 2000.
- BECKER, J.; WITTMANN, C. **Advanced Biotechnology: Metabolically Engineered Cells for the Bio-Based Production of Chemicals and Fuels, Materials, and Health-Care Products**. **Angewandte Chemie**, v. 11, p. 3328-3350, 2015.
- BERTON, S. B. R.; CABRAL, M. R. P.; DE JESUS, G. A. M.; SARRAGIOTTO, M. H.; PILAU, E. J.; MARTINS, A. F.; BONAFÉ, E. G.; MATSUSHITA, M. Ultra-high-performance liquid chromatography supports a new reaction mechanism between free radicals and ferulic acid with antimicrobial and antioxidant activities. **Industrial Crops and Products**, v. 154, p. 1-10, 2020.

BIZUKOJC, E. L. Effect of (bio)plastics on soil environment: A review. **Science of The Total Environment**, v. 795, p. 1-18, 2021.

CHONG, J. W. R.; KHOO, K. S.; YEW, G. Y.; LEONG, W. H.; LIM, J. W.; LAM, M. K.; HO, Y. C.; NG, H. S.; MUNAWAROH, H. S. H.; SHOW, P. L. Advances in production of bioplastics by microalgae using food waste hydrolysate and wastewater: a review. **Bioresour. Technol.**, v. 342, p. 1-10, 2021.

DEERAJ, B. D. S.; JAYAN, J. S.; SARITHA, A.; JOSEPH, J. PLA-based blends and composites. Biodegradable Polymers. **Blends and Composites**, p. 237-281, 2022.

DENAULT, J. Natural fiber composites in the automotive industry. **SpringerBriefs in Materials**, v. 127, p. 22-27, 2009.

FERREIRA, M. P.; SUZUKI, R. M.; BONAFE, E. G.; MATSUSHITA, M.; ROBERTO, S. B. **Ferramentas Tecnológicas Disponíveis Gratuitamente para Uso no Ensino de Química: Uma Revisão Bibliográfica**. Revista Virtual de Química, v. 11, p. 1-13.

GÓMEZ, E. F.; MICHAEL JR, F. Biodegradability of conventional and bio-based plastics and natural fiber composites during composting, anaerobic digestion and long-term soil incubation. **Polymer Degradation and Stability**, v. 98, p. 2583-2591, 2013.

GONZÁLEZ, M. A.; FELIX, M.; ROMERO, A. Influence of the plasticizer on rice bran-based eco-friendly bioplastics obtained by injection moulding. **Industrial Crops and Products**, v. 180, p.1-9, 2022.

KOELMANS, A. A.; NOR, N. H. M.; HERMSEN, E.; KOOI, M.; MINTENIG, S. M.; DE FRANCE, J. Microplastics in freshwaters and drinking water: critical review and assessment of data quality. **Water Res**, v. 155, p. 410–422, 2019.

KOITABASHI, M.; NOGUCHI, M. T.; SAMESHIMA-YAMASHITA, Y.; SYUNTARO, H.; SUZUKI, K.; YOSHIDA, S.; WATANABE, T.; SHINOZAKI, Y.; TSUSHIMA, S.; KITAMOTO, H. K.; Degradation of biodegradable plastic mulch films in soil environment by phylloplane fungi isolated from gramineous plants. **AMB Express**, v. 2, p. 1-10, 2012.

LEOW, Y.; SEQUERAH, V.; TAN, Y. C.; YU, Y.; PETERSON, E. C.; JIANG, C.; ZHANG, Z.; YANG, L.; LOH, X. J. L.; KAI, D. A tough, biodegradable and water-resistant plastic alternative from coconut husk. **Composites Part B: Engineering**, v. 241, p. 1-5, 2022.

MAGURNO, A. Vegetable fibres in automotive interior components. **Macro-molecular Materials and Engineering**, 2000.

MICHAUX, S; **Oil from a critical raw material perspective. Geological Survey of Finland**, 2019, 510 f. (GTK Open File Work Report). Disponível em: <https://tupa.gtk.fi/raportti/arkisto/70_2019.pdf>. Acesso em: 25 julho 2022.

PATEL, N. K.; MISHRA, V.; CHOUDHAARY, T. Fabrication and characterization of epoxy composites reinforced with jute fibers and coconut fibers: A mechanical study. **Materials today: proceedings**, v. 6, 2022.

PHONG, L.; HAN, E. S. C.; XIONG, S.; PAN, J.; LOO, S. C. J. Properties and hydrolysis of PLGA and PLLA cross-linked with electron beam radiation. **Polymer Degradation and Stability**, v. 95, p. 771-777, 2010.

PLASTICS EUROPE. **Plastics – the facts**, 2020. 8 f. (Technical report). Disponível em: <<https://www.plasticseurope.org/en/resources/publications/4312-plastics-facts-2020>>. Acesso em: 10 de junho de 2021.

RAVINDRA, V.G.; ABHIJIT, D.; PRAKASH, A.M.; PRADEEP, T.G. Starch based bio-plastics: the future of sustainable packaging. **Open J. Polymer. Chem**, v. 8, p. 21–33, 2018.

RUSU, D.; BOYER, S. A. E.; LACRAMPE, M-F.; KRAWCZAK, P. Bioplastics in Automotive Applications. **Strikanth Pilla – Wiley-Scrivener**, p. 1-6, 2011.

SHEN, M. B.; SONG, G.; ZHANG, Y.; HUANG, W.; WEN, X.; TANG, W. Are biodegradable plastics a promising solution to solve the global plastic pollution?. **Environ. Pollut**, v. 263, p. 114469-11473, 2020.

SIRACUSA, V.; BLANCO, I. Bio-Polyethylene (Bio-PE), Bio-Polypropylene (Bio-PP) and Bio-Poly(ethylene terephthalate) (Bio-PET): Recent Developments in Bio-Based Polymers Analogous to Petroleum-Derived Ones for Packaging and Engineering Applications. **Polymers**, v. 12, p. 1-17, 2020.

TOURNIER, V.; TOPHAM, C.; GILLES, A.; DAVID, V.; FOLGOAS, C.; MOYALECLAIR, E.; KAMIONKA, E.; DESROUSSEARUX, M. L.; TEXIER, H.; GAVALDS, S. Na engineered PET depolymerase to break down and recycle plastic bottles. **Nature**, v. 580, p. 216-219, 2020.

TSUJI, H. In vitro hydrolysis of blends from enantiomeric poly(lactide)s Part 1. Well-stereo-complexed blend and non-blended films. **Polymer**, v. 41, p. 3621-3630, 2000.

VAN DE VELDE, K.; KIEKENS, P. Biopolymers: overview of several properties and consequences on their applications. **Polymer Testing**, v. 21, p. 433-442, 2002.

VENKATACHALAM, H.; PALANISWAMY, R. Bioplastic world: a review. **J. Adv. Sci. Res**, v. 11 p. 43–53, 2020.

CAPÍTULO 5

CARACTERIZAÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL
EXTRAÍDO DE CASCAS DE *Schinus terebinthifolius*
RADDI NO MUNICÍPIO DE PETROLINA-PE

ESSENCIAL OIL CHEMICAL CHARACTERIZATION
EXTRACTED FROM THE BARK OF *Schinus terebinthifolius*
RADDI IN THE PETROLINA-PE COUNTY

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.05>

Submetido em: 14/03/2023

Revisado em: 22/03/2023

Publicado em: 27/03/2023

Michele Sousa Travassos Torres

PhD Student from the Doctoral Graduate Program in Agroecology and Territorial
Development, Universidade Federal do Vale do Rio São Francisco (UNIVASF),
Petrolina-PE, Brazil

<http://lattes.cnpq.br/8285810788197107>

Rita de Cássia Rodrigues Gonçalves Gervásio

PhD Professora, Doctoral Graduate Program in Agroecology and Territorial
Development, Universidade Federal do Vale do Rio São Francisco (UNIVASF),
Petrolina-PE, Brazil

<http://lattes.cnpq.br/8008165182839362>

Yury Jansen Soares Siqueira Torres

Mestrado em Química Analítica, Universidade Federal do Maranhão (UFMA), São
Luís-MA, Brazil

<http://lattes.cnpq.br/7582349700423169>

Resumo

Schinus terebinthifolius Raddi é uma planta nativa do Brasil, porém não endêmica, pertencente à família Anacardiaceae, com ampla distribuição geográfica nas regiões Nordeste, Centro-Oeste, Sudeste e Sul do país. Suas folhas e cascas do caule são amplamente utilizadas na medicina popular como adstringente, antimicrobiano, cicatrizante, anti-inflamatório, antipirético e analgésico. A maioria dos estudos químicos realizados até o momento indicam que essa espécie possui uma quantidade significativa de terpenos nos óleos essenciais de suas folhas. No entanto, há uma escassez de estudos que explorem os compostos químicos presentes na casca de *Schinus terebinthifolius*. Nesse sentido, o objetivo deste estudo foi avaliar os constituintes químicos presentes no óleo essencial das cascas de *S. terebinthifolius* coletadas no município de Petrolina-PE. O material para extração do óleo essencial foi constituído de cascas frescas de *S. terebinthifolius*. A extração dos óleos essenciais foi realizada por hidrodestilação e sua análise química através de cromatografia gasosa. O rendimento de óleo essencial obtido foi 0,2%, sendo que os constituintes majoritários foram os sesquiterpenos Caryophyllene oxide (13.61%) e Caryophylla-4(12),8(13)-dien-5 α -ol (3.89%). A relação entre as propriedades terapêuticas do óleo essencial das cascas de *S. terebinthifolius* e sua composição química é um tema de grande importância. No entanto, é fundamental realizar estudos mais detalhados sobre os efeitos biológicos e sinérgicos dos componentes químicos presentes neste óleo essencial, a fim de explorar plenamente seu potencial terapêutico em aplicações medicinais.

Palavras-chave: plantas aromáticas; cromatografia gasosa; metabólitos secundários.

Abstract

Schinus terebinthifolius Raddi is a plant native to Brazil, but not endemic, belonging to the Anacardiaceae family, with wide geographic distribution in the Northeast, Midwest, Southeast and South regions of the country. Its leaves and stem bark are widely used in folk medicine as an astringent, antimicrobial, healing, anti-inflammatory, antipyretic and analgesic. Most chemical studies carried out so far indicate that this species has a significant amount of terpenes in the essential oils of its leaves. However, there is a scarcity of studies that explore the chemical compounds present in the bark of *Schinus terebinthifolius*. In this sense, the objective of this study was to evaluate the chemical constituents present in the essential oil of the bark of *S. terebinthifolius* collected in the municipality of Petrolina-PE. The material for extracting the essential oil consisted of fresh bark of *S. terebinthifolius*. The extraction of essential oils was performed by hydrodistillation and their chemical analysis through gas chromatography. The yield of essential oil obtained was 0.2%, and the major constituents were the sesquiterpenes Caryophyllene oxide (13.61%) and Caryophylla-4(12),8(13)-dien-5 α -ol (3.89%). The relationship between the therapeutic properties of the essential oil from the bark of *S. terebinthifolius* and its chemical composition is a topic of great importance. However, it is essential to carry out more detailed studies on the biological and synergistic effects of the chemical components present in this essential oil, in order to fully explore its therapeutic potential in medicinal applications.

Keywords: aromatic plants; gas chromatography; secondary metabolites.

Introdução

Schinus terebinthifolius Raddi é uma planta nativa do Brasil, porém não endêmica, pertencente à família Anacardiaceae, com ampla distribuição geográfica nas regiões Nordeste, Centro-Oeste, Sudeste e Sul do país (FLORA DO BRASIL, 2018). Suas folhas e cascas do caule são amplamente utilizadas na medicina popular como adstringente, antimicrobiano, cicatrizante, anti-inflamatório, antipirético e analgésico (MAIA *et al.*, 2021; CARVALHO *et al.*, 2013; SANTOS *et al.*, 2010; SANTOS *et al.*, 2012). Além disso, essa espécie vegetal é usada principalmente como condimento, conhecido como

pimenta-rosa e obtido através do processamento de seus frutos (ULIANA *et al.*, 2016; CORADIN *et al.*, 2018).

A aroeira-vermelha (*S. terebinthifolius*) se caracteriza como sendo uma árvore perenifólia, com altura que varia entre 5 e 10 m e uma copa ampla. Seu tronco é cilíndrico e pouco denso (MAIA *et al.*, 2021). Neves *et al.*, (2016) e Rorato *et al.*, (2018) descreveram a casca interna do tronco de *S. terebinthifolius* como fibrosa, com odor característico de terebintina e tonalidade avermelhada. As flores são pequenas, masculinas e femininas, reunidas em panículas piramidais na extremidade dos ramos. Os frutos, do tipo drupa, são muito aromáticos, medem de 4 a 5 mm de diâmetro, com coloração vermelho vivo, tornando-se brilhantes, à medida que amadurecem (LORENZI; MATOS, 2002). A maioria dos estudos químicos realizados até o momento indicam que essa espécie possui uma quantidade significativa de terpenos em seus óleos essenciais, incluindo monoterpenos como: limoneno, α -pineno, β -pineno, α -felandreno, δ -3-careno, o-cimeno, mirceno e, sesquiterpenos como: germacreno D presentes nas folhas e frutos (RAMOS *et al.*, 2022; GOIS *et al.*, 2016; SANTOS *et al.*, 2014; GILBERT; FAVORETO, 2011; BARBOSA *et al.*, 2007). No entanto, hoje há uma escassez de estudos que explorem os compostos químicos presentes na casca de *S. terebinthifolius*.

A rica composição química dos óleos essenciais está diretamente relacionada às atividades biológicas benéficas à saúde e ao meio ambiente. No entanto, a composição química pode variar para uma mesma espécie devido a fatores como estações do ano, horário de coleta, região, secagem da planta antes do processo de extração, método de extração e condições de armazenamento (SILVA *et al.*, 2005; BARBOSA *et al.*, 2006; LEMOS *et al.*, 2012; PIMENTEL *et al.*, 2013; FRANCO-VEGA *et al.*, 2016), interferindo na quantidade e qualidade dos seus constituintes químicos (BALDOUX, 2018; GOBBO-NETO; LOPES, 2007). Neste contexto, o objetivo deste estudo foi avaliar os constituintes químicos presentes no óleo essencial das cascas de *S. terebinthifolius* coletadas no município de Petrolina-PE.

Material e Métodos

• Material Vegetal

A espécie vegetal *S. terebinthifolius* utilizada neste estudo, foi identificada pela equipe de profissionais do Centro de Referência para Recuperação de Áreas Degradadas da Caatinga, da Universidade Federal do Vale do São Francisco (CRAD/UNIVASF).

Três amostras da planta foram depositadas no Herbário Vale do São Francisco (HVASF) com o seguinte número de registro: *S. terebinthifolius* (24.233). O material para extração do óleo essencial foi constituído de cascas frescas de *S. terebinthifolius* coletadas no período da manhã, entre os meses de março a maio de 2021. As coletas foram realizadas em um viveiro na região central do município de Petrolina-PE (latitude: 9° 22' 60" S e longitude: 40° 27' 26" W).

- **Extração e rendimento do óleo essencial**

Para a extração dos óleos essenciais, foram pesados em triplicata 100 g de cascas frescas de *S. terebinthifolius*. O material foi transferido, individualmente, para balões volumétricos de 2 litros, aos quais foi adicionado 1,5 L de água. Cada balão foi acoplado a um aparelho de Clevenger para proceder à hidrodestilação, seguindo as recomendações da Farmacopeia Europeia (1983). Ao final do processo, o óleo essencial foi medido diretamente em uma bureta de extração. A análise gravimétrica para se obter o rendimento de óleo (% p/p) foi realizada com base no peso fresco, conforme equação:

$$RO\% = (Mo \cdot 100) / Bm.$$

Onde: RO%, Mo e Bm, correspondem ao rendimento do óleo essencial, a massa do óleo essencial extraído e biomassa vegetal, respectivamente.

Após a extração, os óleos foram armazenados em frasco âmbar e conservados a 4°C até o uso.

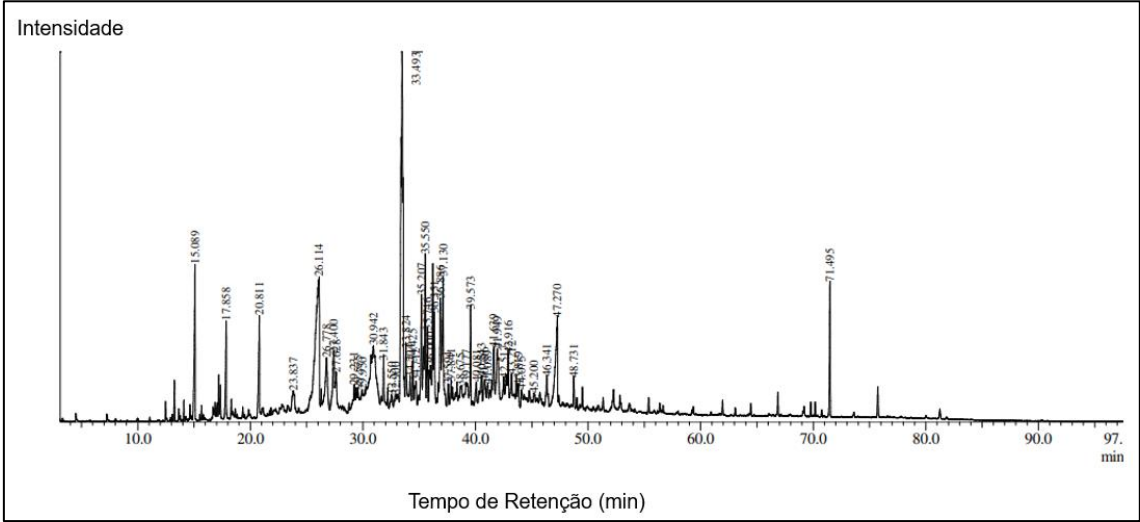
- **Análise GC-MS**

A análise química do óleo essencial foi realizada utilizando o equipamento SHimadzu QP 2020, que consiste num Cromatógrafo Gasoso GC-2010, acoplado a um analisador de espectrometria de massas quadrupolar. A coluna utilizada foi uma RTX 5MS (crosslinked 5% fenil metil siloxano) com 30 m × 0,25 mm de diâmetro interno (DI), espessura de película de 0,25 µm. O gás de arraste foi o hélio, com fluxo de coluna de 1,82 ml.min⁻¹. A quantidade de amostras injetadas foi de 1 µL com split de 5:1. A temperatura do forno era inicialmente de 50°C, aumentada a uma taxa de 3°C. min⁻¹ até 280° C. O espectrômetro de massa quadrupolo foi varrido ao longo do intervalo 37 a 660 u (unidade de massas atômica) com uma voltagem de Impacto Eletrônico de 70 eV. Os principais componentes dos óleos essenciais foram identificados com base nos espectros de massa comparados com dados do banco de dados da Biblioteca de Massas NIST14.

Resultados e Discussão

O rendimento de óleo essencial obtido foi 0,2%. A análise por CG-MS dos óleos essenciais de *S. terebinthifolius* gerou 48 picos (Figura 1), onde foi possível identificar pela comparação do espectro de massa com o banco de dados da Biblioteca de massas NIST14, sete componentes (Tabela 1), sendo em sua maioria sesquiterpenos, perfazendo 57,1% de sua composição total. Os constituintes majoritários foram os sesquiterpenos Caryophyllene oxide (13.61%) e Caryophylla- 4(12),8(13) -dien-5 α -ol (3.89%).

Figura 1: Perfil cromatográfico do óleo essencial das cascas e tronco de *S. terebinthifolius*.



Fonte: Torres, M.S.T. (2022)

Tabela 1. Constituintes do óleo essencial de cascas e tronco de *S. terebinthifolius*.

COMPOSTOS	SI*	TR (min.)**	%
Verbenol	94	15.089	2.41
Bicyclo[3.1.1]hept-3-en-2-one, 4,6,6-trime	92	17.858	1.42
Caryophyllene oxide	91	33.493	13.61
Globulol	90	33.824	1.60
Caryophylla- 4(12),8(13)-dien- 5 α -ol	90	35.550	3.89
n-Hexadecanoic acid	96	47.270	3.86
Tetratetracontane	97	71.495	1.96
Monoterpenos (%)			28,6
Sesquiterpenos (%)			57,1
Carotenoides (%)			14,3
Total de componentes identificados			7

(*) Índice de Similaridade com base nos espectros de massa da Biblioteca de Massas NIST14.

(**) Tempo de Retenção.

Fonte: Torres, M.S.T. (2022)

Os resultados encontrados no presente estudo diferem dos obtidos por ALVES *et al.*, (2015) que avaliaram o rendimento e o perfil fitoquímico dos óleos essenciais de oito espécies vegetais, dentre elas a aroeira-vermelha (*S. terebinthifolius*) que verificaram um teor de 0,3 % de OE obtido a partir de seus frutos coletados no município de Búzios – RJ. Os mesmos autores identificaram os monoterpenos α -pineno, δ -3-careno e limoneno como componentes majoritários para esta espécie. Enquanto Santos *et al.*, (2013), obtiveram óleo essencial das folhas de *Schinus terebinthifolius* extraídos por hidrodestilação com um rendimento de 0,8%. Já Pratti (2017), avaliou o rendimento e os compostos químicos dos OEs da espécie *S. terebinthifolius* obtidos a partir de frutos maduros, frutos imaturos e folhas frescas, coletados nos municípios de Guarapiri -ES e Aracruz-ES. O melhor rendimento obtido por Pratti foi para os frutos maduros que apresentaram um teor de óleo essencial de 2,73%. No que se refere a composição química, esta mesma autora identificou para os frutos maduros predominância de constituintes monoterpênicos, com traços de sesquiterpenos, enquanto no óleo essencial dos frutos imaturos e das folhas observou-se a presença de sesquiterpenos em maior quantidade. O componente majoritário do óleo essencial do fruto maduro e das folhas foi o δ -3-careno, já do fruto imaturo foi o limoneno. Comparando os estudos realizados por Alves *et al.*, (2015) e Pratti (2017) que trabalharam com extração de OE de *S. terebinthifolius*, a partir de frutos, verificou-se que apenas dois dos três componentes majoritários identificados no trabalho de Alves *et al.*, (2015) foram comuns aos constituintes identificados por Pratti (2017), sendo estes o δ -3-careno e limoneno, em diferentes concentrações. A variação da composição química dos OEs extraídos por Alves *et al.*, (2015) e Pratti (2017) foi totalmente diferente do perfil cromatográfico do OE extraído das cascas de *S. terebinthifolius* do presente trabalho. Neste sentido, acredita-se que a variabilidade química do OE de *S. terebinthifolius* extraído de diversas partes da planta seja, realmente, influenciada por fatores como clima, solo, estações do ano, forma de plantio, adubação, uso de agrotóxicos, irrigação, tempo e condições ambientais e variação geográfica (FRANCO *et al.*, 2005; OLIVEIRA *et al.*, 2005; APEL *et al.*, 2006; ASEKUN *et al.*, 2006; CARVALHO FILHO *et al.*, 2006; POTZERNHEIM *et al.*, 2006; TELCI *et al.*, 2006; SEFIDKON *et al.*, 2007).

A identificação do óxido de cariofileno como constituinte principal encontrado neste estudo é corroborada com os resultados obtidos por Alcântara (2015), que investigou a composição química e o potencial terapêutico dos óleos essenciais de 19 espécies amazônicas extraídas das folhas, galhos e frutos através da hidrodestilação. Alcântara (2015) identificou o óxido de cariofileno como o constituinte majoritário da maioria dos óleos essenciais, incluindo folhas de *Annona insignis* (35,4%), *Guatteria blepharophylla* (55,7%), *G. foliosa* (33,7%), *G. olivacea* (31,2% e 18,5%), *G. scytophylla* (21,4%) e nos galhos de *G. blepharophylla* (51,0%). Segundo Alcântara (2015), a maioria dos óleos essenciais que apresentam óxido de cariofileno como constituinte majoritário possui atividades citotóxicas e antimicrobianas comprovadas, indicando o potencial farmacológico desses óleos essenciais para essas funções terapêuticas.

No presente estudo, os monoterpenos Verbenol e Bicyclo[3.1.1]hept-3-en-2-one, 4,6,6-trime, apesar de representarem apenas 28,6% da composição química do óleo essencial das cascas de *S. terebinthifolius*, desempenham em outros trabalhos, um papel importante como componentes majoritários de vários óleos essenciais extraídos de diferentes espécies de plantas. Diversos óleos essenciais contêm monoterpenos com atividades farmacológicas, como ansiolíticas, antissépticas, anti-inflamatórias, analgésicas, calmantes e sedativas devido à presença desses compostos (WOLFFENBUTTEL, 2016).

Compostos monoterpênicos como linalol, limoneno e citrônolol possuem ação sobre o Sistema Nervoso Central (SNC), enquanto mentol e mircenol têm atividade analgésica (PASSOS *et al.*, 2019). O monoterpeno verbenol, por sua vez, apresenta forte ação anti-isquêmica (JU *et al.*, 2013). Já a verbenona pode ser gerada naturalmente através da biotransformação do verbenol, apresentando ações antibacterianas, antifúngicas e larvicidas (ANGIONI *et al.*, 2004; BERNARDES *et al.*, 2010; KYARIMPA *et al.*, 2014; MEEPAGALA *et al.*, 2003).

Mendes (2015) estudou as atividades antifúngicas e anti-ocratogênicas de dois óleos essenciais, incluindo o óleo essencial de *Rosmarinus officinalis*, identificando a verbenona como componente majoritário. Segundo esta mesma autora, o óleo essencial de *Rosmarinus officinalis* representa uma alternativa promissora tanto para o controle do crescimento do fungo *Aspergillus carbonarius* quanto para a produção de ocratoxina A. A verbenona também foi identificada em outras espécies vegetais, como *Tagetes minuta* e *Lallemantia royleana* (CAMILETTI *et al.*, 2014; KYARIMPA *et al.*, 2014).

Conclusão

A extração do óleo essencial de *S. terebinthifolius* por hidrodestilação apresenta rendimento inferior em comparação com os teores de óleos essenciais extraídos das folhas frescas e frutos da mesma espécie registrados na literatura.

Por meio da análise cromatográfica dos óleos de cascas de *S. terebinthifolius*, coletadas em Petrolina-PE, verifica-se a presença de sete componentes, com destaque para o sesquiterpeno óxido de cariofileno (13,61%).

Considerando que o perfil cromatográfico do óleo essencial das cascas de *S. terebinthifolius*, se caracteriza pela presença de compostos com comprovada importância terapêutica, reforça-se a necessidade de estudos mais detalhados que confirmem suas propriedades biológicas.

Referências Bibliográficas:

- ALCÂNTARA, J. M. **Composição Química e Potencial Biológico dos Óleos Essenciais de Annonaceae dos campi INPA E UFAM**. Tese (Doutorado em Química). Universidade Federal do Amazonas. 2015.
- ALVES, M. S.; SANTOS, D. P.; SILVA, L. C. P.; PONTES, E. G.; SOUZA, M. A. A. **Essential Oils Composition and Toxicity Tested by Fumigation Against *Callosobruchus maculatus* (Coleoptera: Bruchidae) Pest of Stored Cowpea**. Rev. Virtual Quim. 7 (6), 2387-2399. 2015.
- ANGIONI, A.; BARRA, A.; CERETI, E.; BARILLE, D.; COISSON, J.D.; ARLORIO, M.; DESSIS, S.; CORONEO, V.; CABRAS, P. **Chemical composition, plant genetic differences, antimicrobial and antifungal activity investigation of the essential oil of *Rosamarinus officinalis* L.** Journal of agricultural and food chemistry, v. 52, n. 11, p. 3530-3535, 2004.
- APEL, M.A.; SOBRAL, M.; HENRIQUES, A.T. **Composição química do óleo volátil de *Myrcianthes nativas da região sul do Brasil***. Revista Brasileira de Farmacognosia 16:402-407. 2006.
- ASEKUN, O.T.; GRIERSON, D.S.; AFOLAYAN, A.J. **Effects of drying methods on the quality and quantity of the essential oil of *Mentha longifolia* L. subsp. capensis**. Food Chemistry 101:995-998. 2006.
- BALDOUX, D. **O Grande manual da aromaterapia de Dominique Baldoux**. (1.ed.). Belo Horizonte, Minas Gerais: Laszlo. 2018.
- BARBOSA, F.F.; BARBOSA, L.C.A.; MELO, E.C.; BOTELHO, F.M.; SANTOS, R.H.S. **Influência da temperatura do ar de secagem sobre o teor e a composição química do óleo essencial de *Lippia alba* (Mill) N. E. Brown**. Quím. Nova 29, 1221-1225. 2006.

BARBOSA, L.C.A.; DEMUNER, A.J.; CLEMENTE, A.D.; PAULA, V.F.; ISMAIL, F.M.D. **Seasonal variation in the composition of volatile oils from *Schinus terebinthifolius* Raddi.** Química Nova, v. 30, p.1959-1965, 2007.

BERNARDES, W.A.; LUCARINI, R.; TOZZATI, M.G.; BOCALON FLAUZINO, L.G.; SOUZA, M.G.; TURATTI, I. C.; ANDRADE E SILVA, M. L.; MARTINS, C.H.G.; DA SILVA FILHO, A. A.; CUNHA, W.R. **Antibacterial activity of the essential oil from *Rosmarinus officinalis* and its major componentes Against oral pathogens.** Zeitschrift fur Naturforschung C., v. 65, n.9, p. 588-59, 2010.

CAMILETTI, B.X.; ASENSIO, C.M.; PECCI, M.D.L.P.G.; LUCINI, E.I. **Natural controlo f corn postharvest fungi *Aspergillus flavus* and *Penicillium* sp. Using essential oils from plants grown in Argentina.** Journal of Food Science., v.79, n. 12, 2014.

CARVALHO, M. G. et al. ***Schinus terebinthifolius* Raddi: chemical composition, biological properties and toxicity.** Revista Brasileira de Plantas Medicinais, 15(1): 158-169. 2013.

CARVALHO-FILHO, J.L.S.; BLANK, A.F.; ALVES, P.B.; EHLERT, P.A.D.; MELO, A.S.; CAVALCANTI, S.C.H.; ARRIGONI-BLANK, M.F.; SILVA-MANN, R. **Influence of the harvesting time, temperature and drying period on basil (*Ocimum basilicum* L.) essential oil.** Revista Brasileira de Farmacognosia 16:24-30. 2006.

CORADIN, L.; CAMILLO, J.; PAREYN, F. Germain Corneel (Ed.). **Espécies nativas da flora brasileira de valor econômico atual ou potencial: plantas para o futuro: região Nordeste.** Brasília, DF: MMA, 2018. (Série Biodiversidade; 51) Disponível em: <http://www.mma.gov.br/publicacoes/biodiversidade/category/142-serie-biodiversidade.html>. Acesso em: 13 de jan de 2020.

EUROPEAN PHARMACOPOEIA. Part 1. Maisonneuve SA, Sainte. Ruffine, p. V.4.5.8.1983.

FLORA DO BRASIL. Anacardiaceae in Flora do Brasil 2020 em construção. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/floradobrasil/FB15471>>. Acesso em: 10 Jan. 2020.

FRANCO, J.; NAKASHIMA, T.; FRANCO, L.; Boller, C. **Composição química e atividade antimicrobiana in vitro do óleo essencial de *Eucalyptus cinerea* F. Mull. ex Benth., Myrtaceae, extraído em diferentes intervalos de tempo.** Revista Brasileira de Farmacognosia 15:191-194. 2005.

FRANCO - VEGA, A.; RAMÍREZ - CORONA, N.; PALOU, E.; LÓPEZ - MALO, A. **Estimativa dos coeficientes de transferência de massa do processo de extração do óleo essencial da casca de laranja por extração assistida por microondas.** Journal of Food Engineering, 170, 136-143. 10.1016 / j. jfoodeng.2015.09.025. 2016.

GILBERT, B.; FAVORETO, R. ***Schinus terebinthifolius* Raddi.** Revista Fitos, 6(1), 43-56, 2011.

- GOBBO-NETO, L.; LOPES, N.P. **Plantas medicinais: fatores de influência no conteúdo de metabólitos secundários.** Quimica Nova 30(2):374-381. 2007.
- GOIS, F.D., et al. **Effect of Brazilian red pepper (*Schinus terebinthifolius* Raddi) essential oil on performance, diarrhea and gut health of weanling pigs.** Livestock Science. 183: 24-27.2016.
- JU, C.; SONG, S.; HWANG, S.; KIM, C.; KIM, M.; GU, J.; OH, Y.; LEE, K.; KWON, J.; LEE, K.; KIM, W.; CHOI, Y. **Discovery of novel (1S)- (-)-verbenone derivatives with anti-oxidant and anti-ischemic effects.** Bioorganic & Medicinal Chemistry Letters 23 (2013) 5421–5425. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.bmcl.2013.07.038>.
- KYARIMPA, C.M.; BOHMDORFER, S.; WASSWA, J.; KIREMIRE, B.T.; NDIEGE, I.O.; KABASA, J. D. **Essential oil and composition of *Tagetes minuta* from Uganda. Larvicidal activity on *Anopheles gambiae*.** Industrial Crops and Products, v. 62, p. 400-404, 2014.
- LEMO, D.R.H.; MELO, E.C.; ROCHA, R.P.; BARBOSA, L.C.A.; PINHEIRO, A.L. **Influence of drying air temperature on the chemical composition of the essential oil of melaleuca.** Eng. Agr. 20, 5-11. 2012.
- LORENZI, H.; MATOS, F.J.A. **Plantas Medicinais no Brasil: nativas e exóticas.** Nova Odessa, Plantarum. 2002.
- MAIA, M. do C. R.; LAURENTINO, C. da S.; CARNEIRO, G. A.; MUNIZ, I. C. da S.; MUNIZ, I. I. da S.; SILVA, I. A. da; REIS, J. de A.; SULTANUN, R. F. de S.; VASCONCELOS, T. R. L. C. de; CORDEIRO, R. P. **Propriedades terapêuticas da espécie *Schinus terebinthifolius* Raddi (aroeira-vermelha).** Revista Eletrônica Acervo Saúde, v. 13, n. 4, p. e6791, 30 abr. 2021.
- MEEPAGALA, K.M.; KUHAJEK, J.M.; STURTZ, G.D.; WEDGE, D.E. **Vulgarone B, the antifungal constituent in the steam-distilled fraction of *Artemisia douglasiana*.** Journal of Chemical Ecology., v. 29, n. 8, 2003
- NEVES, E.J.M.; et al. **Cultivo da aroeira-vermelha (*Schinus terebinthifolius* Raddi) para produção depimenta-rosa.** Embrapa Florestas-Documents (INFOTECA-E). 1(1): 114-117. 2016.
- OLIVEIRA, R.N.; DIAS, I.J.M.; CÂMARA, C.A.G. **Estudo comparativo do óleo essencial de *Eugenia punicifolia* (HBK) DC. de diferentes localidades de Pernambuco.** Revista Brasileira de Farmacognosia 15:39-43. 2005.
- PASSOS, C.S.; ARBO, M.D.; RATES, S.M.K; POSER, G.L.V. **Terpenóides com atividade sobre o Sistema Nervoso Central (SNC).** Revista Brasileira de Farmacognosia. v. 19(1A), p. 140-149, 2009.
- PIMENTEL, F.A.; CARDOSO, M.G.; GUIMARÃES, L.G.L.; QUEIROZ, F.; BARBOSA, L.C.A.; MORAIS, A.R.; NELSON, D.L.; ANDRADE, M.A.; ZACARONI, L.M.; PIMENTEL, S.M.N.P. **Extracts from the leaves of *Piper piscatorum* (Trel. Yunc.) obtained by supercritical extraction of with CO₂, employing ethanol and methanol as co-solvents.** Ind. Crops Prod. 43, 490-495. 2013.

POTZERNHEIM, M.C.L.; BIZZO, H.R.; Vieira, R.F. **Análise dos óleos essenciais de três espécies de Piper coletadas na região do Distrito Federal (Cerrado) e comparação com óleos de plantas procedentes da região de Paraty, RJ (Mata Atlântica).** Revista Brasileira de Farmacognosia 16:246-251. 2006.

PRATTI, D. L. de A. **O ÓLEO ESSENCIAL DE FRUTOS MADUROS E IMATUROS DE *Schinus terebinthifolia* RADDI – ATIVIDADE LARVICIDA E DANOS HISTOLÓGICOS INDUZIDOS EM LARVAS DE *Stegomyia aegypti* (LINNAEUS, 1762).** Tese (Doutorado em Ecologia) - Universidade Vila Velha. VILA VELHA. 2017.

RAMOS, H. de O.; FERREIRA, G. G.; BRANDÃO, D.L. do N.; Maria Fani DOLABELA, M. F. ***Schinus terebinthifolius* Raddi: uma revisão bibliográfica associada a um estudo in sílico.** Research, Society and Development, v. 11, n. 12, e421111234262, 2022. DOI: <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v11i12.34262>.

RORATO, D.G.; et al. **Tolerance and resilience of forest species to frost in restoration planting in southern Brazil.** Restoration Ecology. 26(3): 537-542.2018.

SANTOS, S.B.; SANTOS, A.C.A.; LIMA, A.R.; MELO, S.; FRAZÃO, C.D.S.; CHERPAK, G.L. **Comparação da eficácia da aroeira oral (*Schinus terebinthifolius* Raddi) com omeprazol em pacientes com gastrite e sintomas dispépticos: estudo randomizado e duplo-cego.** GED gastroenterol. endosc. dig, 29(4), 118-125, 2010.

SANTOS, S.L.D.X., et al. **Plantas utilizadas como medicinais em uma comunidade rural do semi-árido da Paraíba, Nordeste do Brasil.** Revista Brasileira de Farmácia. v. 93, p. 68-79, 2012.

SANTOS, M.R.A.; LIMA, R.A.; SILVA, A.G.; LIMA, D.K.S.; SALLET, L.A.P.; TEIXEIRA, C.A.D.; FACUNDO, V.A. **Composição química e atividade inseticida do óleo essencial de *Schinus terebinthifolius* Raddi (Anacardiaceae) sobre a broca-do-café (*Hypothenemus hampei*) Ferrari.** Rev. Bras. Pl. Med., Campinas, v.15, n.4, supl.I, p.757-762, 2013.

SANTOS, I.T.B.F.; SANTOS, T.S.; SILVA, F.L.S.; GAGLIARDI, P.R.; OLIVEIRA-JUNIOR, L.F.G.; BLANK, A.F. **Óleo essencial de *Schinus terebinthifolius* Raddi como controle alternativo de *Colletotrichum gloeosporioides* e *Lasiodiplodia theobromae*, fungos fitopatogênicos de pós- -colheita.** International Symposium on Technological Innovation. Anais. Aracajú-SE, set. 2014.

SEFIDKON, F.; ABBASI, K.; JAMZAD, Z.; AHMADI, S. **The effect of distillation methods an stage of plant growth on the essential oil content and composition of *Satureja rechingeri* Jamzad.** Food Chemistry 100:1054-1058. 2007.

SILVA, F.; SANTOS, R.H.S.; ANDRADE, N.J.; BARBOSA, L.C.A.; CASALI, V.W.D.; LIMA, R.R.; PASSARINHO, R.V.M. **Basil conservation affected by cropping season, harvest time and storage period.** Pesq. Agropec. Bras. 40, 323-328. 2005.

TELICI, I.; BAYRAM, E.; YILMAZ, G.; AVCI, B. **Variability in essential oil composition of Turkish basils (*Ocimum basilicum* L.).** Biochemical Systematics and Ecology 34:489-497. 2006.

ULIANA, M.P., et al. **Composition and biological activity of Brazilian rosepepper (*Schinus terebinthifolius* Raddi) leaves.** Industrial Crops and Products. 83: 235-240.2016.

WOLFFENBUTTEL, A.N. **Base da Química dos óleos essenciais e aromaterapia; abordagem técnica e científica.** Belo Horizonte: Editora Laszlo, 2016.

CAPÍTULO 6

DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE BEBIDA LIOFILIZADA A BASE DE SEMENTES DE GIRASSOL

DEVELOPMENT AND CHARACTERIZATION OF FREEZE- DRIED BEVERAGE BASED SUNFLOWER SEEDS

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.06>

Submetido em: 15/03/2024

Revisado em: 05/04/2024

Publicado em: 14/04/2024

Veridiana de Almeida Flores de Oliveira

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Ciências Básicas da Saúde,
Maringá-PR

<http://lattes.cnpq.br/3027227842747506>

Caroline Wolf Trentini Schipfer

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Ciências Agrárias, Maringá-PR

<http://lattes.cnpq.br/7930509783175055>

Elinae da Silva Gomes

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Química, Maringá-PR

<https://lattes.cnpq.br/6980093890614715>

Fernanda Francielle de Castro

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Ciências Agrárias, Maringá-PR

<http://lattes.cnpq.br/8575281855435673>

Tayane Siqueira Garcia Alves

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Engenharia de Alimentos,

Maringá-PR

<https://lattes.cnpq.br/4461127559030397>

Natallya Marques da Silva

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Ciências Agrárias, Maringá-PR

<http://lattes.cnpq.br/6906579006675088>

Carmen Torres Guedes

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de engenharia de alimentos,

Maringá-PR

<http://lattes.cnpq.br/4976109407162563>

Amanda Tatiane Correa Pereira dos Santos

Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Departamento de Tecnologia de

Alimentos, Londrina-PR

<http://lattes.cnpq.br/7961479018987770>

Naeli Cristina Lavareno

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Engenharia de Alimentos,

Maringá-PR

<http://lattes.cnpq.br/6486766564838159>

Ketlyn Duarte Costa

Universidade Estadual de Maringá, Departamento de Engenharia de Alimentos,

Maringá-PR

<https://lattes.cnpq.br/1279947420355400>

Resumo

A crescente demanda por alimentos práticos e nutritivos tem estimulado o interesse em bebidas vegetais, com destaque para o desenvolvimento de produtos em pó. Este estudo avaliou métodos de secagem para extratos aquosos de sementes de girassol, visando obter um pó adequado para bebidas, utilizando técnicas de liofilização. Inicialmente, foi determinada a composição proximal das sementes de girassol in natura e estabelecida a proporção ideal de semente: água para a produção do extrato líquido, que foi de 1:1,75. A secagem por atomização como teste inicial não se mostrou eficaz devido à aderência significativa do extrato seco nas paredes do spray drier, mesmo com encapsulação com farinha de banana. A técnica de liofilização aplicada ao extrato aquoso nas concentrações (1:1,75), resultando em um pó com rendimento de aproximadamente 0,33 g/ml. A composição proximal do pó liofilizado revelou 34,7% de lipídeos, 18% de

proteínas, 3,0% de cinzas, 6,9% de umidade e atividade de água (A_w) de 0,62. O produto demonstrou alta solubilidade (99%) e uma capacidade de formação de espuma de 16%. Os resultados indicam que a liofilização é uma técnica viável para a produção de bebidas vegetais em pó à base de sementes de girassol, proporcionando um produto com características desejáveis para o mercado de alimentos funcionais e práticos.

Palavras-Chave: bebida vegetal, extrato hidrossolúvel, planta, secagem

Abstract

The growing demand for practical and nutritious foods has heightened interest in plant-based beverages, particularly in the development of powdered products. This study evaluated drying methods for aqueous extracts of sunflower seeds with the aim of producing a suitable powder for beverages, utilizing freeze-drying techniques. Initially, the proximate composition of raw sunflower seeds was determined, and the optimal seed-to-water ratio for the production of the liquid extract was established at 1:1.75. Atomization drying, tested initially, proved ineffective due to significant adherence of the dried extract to the walls of the spray dryer, despite encapsulation with banana flour. The freeze-drying technique applied to the aqueous extract at a ratio of 1:1.75 yielded a powder with a yield of approximately 0.33 g/ml. The proximate composition of the freeze-dried powder revealed 34.7% lipids, 18% proteins, 3.0% ash, 6.9% moisture, and a water activity (A_w) of 0.62. The product exhibited high solubility (99%) and a foam formation capacity of 16%. These results indicate that freeze-drying is a viable technique for producing plant-based beverage powders from sunflower seeds, offering a product with desirable characteristics for the functional and practical food market.

Keywords: Plant-based beverage, water-soluble extract, plant, drying.

Introdução

O girassol (figura 1) é botanicamente classificado como *Helianthus annuus*, caracterizando-se por uma gramínea de grande porte, cultivada em todo o mundo que apresenta curto período de desenvolvimento. É uma planta com grande flor de inflorescência circular amarela, com aquênios que se desenvolvem em sementes maduras, voltadas para os raios do sol, apresenta raiz longa, hastes peludas, folhas largas, dentadas grosseiramente e ásperas (ADELEKE; BABALOLA, 2020).

Figura 1: Partes vegetativas e reprodutivas do girassol, planta, folhas, flor e sementes.



Fonte: Canva Pro Registered Design, 2024.

As sementes de girassol podem ser processadas de várias formas, como farinha, torradas, assadas e cozidas, e são uma rica fonte de nutrientes, com destaque para fibras alimentares e ácidos graxos poli-insaturados, que ajudam na prevenção de doenças (GRASSO *et al.*, 2019). Com o aumento da demanda por alimentos práticos e funcionais devido ao estilo de vida acelerado, o mercado tem se voltado para o desenvolvimento de produtos desidratados, incluindo bebidas vegetais. Esses produtos atendem à crescente procura por opções saudáveis e alternativas ao leite, especialmente para aqueles com intolerância à lactose ou dieta vegetariana e vegana (PEREIRA, 2020).

O uso de produtos em pó liofilizados tem se expandido devido à sua praticidade na preparação e manuseio (CONCEIÇÃO *et al.*, 2016). Além disso, o aumento do consumo de sementes de girassol, ricas em ácido oleico e linoleico, reflete seu valor como ingrediente funcional e matéria-prima (FORTUNE BUSINESS INSIGHTS, 2022). Portanto, este estudo visa investigar a secagem por liofilização para a produção de uma bebida de semente de girassol.

Metodologia

As sementes de girassol com pele usadas neste estudo foram adquiridas em comércio local da cidade de Londrina (PR) e eram provenientes de um único lote. Foram armazenadas em embalagens de polietileno transparente a temperatura ambiente, no laboratório de Panificação A001 do departamento de Tecnologia de Alimentos (PPGTAL) da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, até o momento das análises. A farinha de banana, também foi adquirida no comércio local. Todos os reagentes e soluções listados abaixo apresentados apresentavam padrão analítico. O experimento foi realizado no Laboratório A001 de Panificação, A003 de Tecnologia de Carnes, B302 Laboratório de Química e Laboratório Multiusuário, todos no câmpus Londrina da UTFPR.

- **Estudo inicial de secagem**

Neste estudo, foram empregados dois métodos de secagem para a obtenção do extrato de sementes de girassol. O primeiro método foi a atomização, que pulveriza o produto líquido em um fluxo de ar quente, promovendo a evaporação da água e a formação de um pó seco (SOUZA *et al.*, 2013). O segundo método foi a liofilização, que remove a água dos produtos congelados por sublimação (RIBEIRO, 2012).

Para determinar a melhor proporção de sementes para água na obtenção do extrato hidrossolúvel, foram realizados testes com as proporções 1:2,5, 1:2,0 e 1:1,75. Em cada caso, 100 gramas de sementes foram misturadas com água na proporção definida, trituradas em liquidificador, filtradas com tamiz mesh 150 (106 micrômetros), e homogeneizadas com Dispersor Ultra Turrax (10.000 rpm por 5 minutos). O extrato seco foi determinado seguindo a metodologia do Instituto Adolfo Lutz (IAL, 2008).

A partir da melhor proporção identificada, foi produzido o pó por atomização. Para o teste TS1, foram ajustados parâmetros como bico atomizador (1,3 mm), vazão de ar de secagem (0,67 m³/min e 1,95 m³/min), e temperatura de entrada (150°C e 160°C), com a temperatura de saída variando entre 100°C e 130°C. No teste TS2, foi incorporada farinha de banana verde (20% do extrato seco) para melhorar o processo. A mistura foi homogeneizada e a atomização conduzida com os parâmetros ajustados. O pó foi coletado em um recipiente hermético e armazenado a 20°C.

Para a liofilização, usou-se a proporção 1:1,75. As sementes foram trituradas, refinadas por filtração em peneira mesh 150 (106 micrômetros), e o extrato foi seco a 60°C por 24 horas para determinar o extrato seco. Após o congelamento do extrato em placas de Petri, as amostras foram liofilizadas a -62°C e vácuo de 0,60 por 7 dias. O produto liofilizado foi acondicionado em embalagem hermética e armazenado a 20°C. O rendimento do processo foi calculado com base na massa/volume do extrato.

- **Caracterização e reconstituição do extrato hidrossolúvel de semente de girassol liofilizado**

As análises de composição proximal do extrato hidrossolúvel liofilizado foram realizadas em triplicada com base na metodologia de Instituto Adolfo Lutz (IAL, 2008). Ainda para a reconstituição do produto liofilizado foi elaborado um extrato na concentração (1:1,75) e determinado o extrato seco. Para avaliação da atividade de água foi utilizado equipamento AquaLab 4TE marca (Meter Group). As análises foram realizadas em triplicada com aproximadamente 1 grama de amostra. Para a determinação da capacidade de formação de espuma, foi utilizada a metodologia de acordo com Murate (1995). Pesou-se 1,5 gramas da amostra liofilizada em triplicada, adicionando 50 ml de água estéril e em seguida foi homogeneizada com agitação Ultra Turrax, 10.000 rpm por 1 minuto. Após essa etapa, foi observada durante 1 minuto, a estabilidade da espuma. Com base nos valores de volume inicial e final, o valor de percentual de aumento de volume foi calculado.

Para a determinação de solubilidade foi utilizado a metodologia sugerida por Vissoto *et al.* (2006) com adaptações. Pesou-se 22 gramas do produto liofilizado em béquer de 600 ml e adicionado 100 ml de água destilada a 25°C. Em seguida para total homogeneização foi utilizado agitação com mixer durante 2 minutos. A solução homogeneizada foi filtrada em peneira com abertura de 30 mesh. Os sólidos retidos na peneira de cada amostra foram pesados em cadinhos e levados a estufa a 60° C durante 24 horas. A solubilidade foi determinada pelo índice de retenção (IR) que é a relação entre a massa solúvel e insolúvel.

Resultados e Discussão

• Estudos preliminares

Nos testes (TS1) e (TSB2) foram testados dois parâmetros e concentrações de secagem em spray drier. Das três concentrações avaliadas inicialmente conforme a tabela 3, duas foi testada para secagem de acordo com teor de sólidos e parâmetros de secagem do equipamento como mostra a quadro 1.

Quadro 1-Parâmetros de secagem aplicados para obtenção de extrato em pó de semente de girassol em spray

Teste	C	Sólidos	Solução (ml)	TE (°C)	TS (°C)	VS	BA	VA
TS1	1:2,5	18%	200	160	100	0,3 l/h	1,3 mm	0,67 m³
TSB2	1:1,75	25%	200	150	100	0,3 l/h	1,3 mm	1,95 m³

*TS1 (sem farinha de banana); *TSB2 (com e sem farinha de banana) *C- Concentração; *TE-Temperatura de entrada; *TS – Temperatura de saída; *VS-Vazão de saída; *BA-Bico Atomizador; *VA-Vazão de Ar.

O rendimento de secagem em spray drier depende primeiramente da concentração da solução original. Neste estudo para o teste (TS1) a solução original apresentava 18% de concentração. O extrato aquoso de semente de girassol foi atomizado, contudo o pó não obteve rendimento significativo e grande parte da amostra ficou retida no equipamento. Ao final do processo o rendimento foi de 2,93%. Em função do resultado do teste (TS1), foi proposto como solução o emprego de um material que encapsulasse as partículas do extrato, reduzindo sua adesão e proporcionando maior rendimento. Acredita-se que a adesão das partículas nas paredes do spray dryer se deu por causa do alto conteúdo de lipídios presente na semente de girassol. Dentro das possibilidades que poderiam ser empregadas, foi escolhida a farinha de banana, devido seu caráter funcional,

a fim de manter a proposta do produto dentro do nicho mais natural, pois amidos resistentes e alguns carboidratos podem contribuir para melhorar a retenção e a solubilidade do óleo durante a secagem (CARNEIRO *et al.*, 2013). Portanto a aplicação da farinha de banana para a proposta do produto é cabível. 47 No teste (TSB2) a solução original apresentava 25% de concentração, onde foi incorporada a farinha de banana. Em 200 ml de extrato hidrossolúvel de sementes de girassol foi adicionado 20 gramas de farinha de banana. Ao final da secagem, obtiveram-se respectivamente rendimentos de 0,5% e 1,45% para solução incorporada com farinha de banana e solução sem farinha de banana. Nota-se que a adição de farinha de banana não melhorou o rendimento do pó se comparado ao teste (TS1) e (TSB2) sem sua adição. Foi observado que houve a secagem, contudo em ambos os ensaios grande parte do material seco ficou aderida as paredes do equipamento, na câmara de secagem. Tal material apresentava aspecto bastante oleoso como mostra a figura 2.

Figura 2- Aderência da solução de extrato de girassol e farinha de banana.



Fonte: Própria autoria, 2022.

Esta ineficiência no processo pode estar relacionada a parâmetros de secagem aplicados. Segundo Muzaffar *et al.*, (2018) matérias primas de base vegetal podem apresentar algumas limitações tecnológicas que estão ligadas às propriedades higroscópicas e termoplásticas ou seja, a capacidade do produto aderir nas paredes do secador, reduzindo a eficiência de secagem, o rendimento e um pó estável. Os testes (TS1) e (TSB2) em secagem por spray drier não apresentaram resultados satisfatórios para secagem da solução hidrossolúvel de girassol dentro dos parâmetros e possibilidades

definidas. Ao invés disso, optou-se por mudar a tecnologia de secagem e realizar testes com a liofilização.

- **Secagem por liofilização**

Foi utilizado um extrato hidrossolúvel com concentração de 25%. Os parâmetros utilizados para obter o extrato seco utilizando a técnica de liofilização são descritos no quadro 2.

Quadro 2- Parâmetros de secagem aplicados para obtenção de extrato em pó de semente de girassol em liofilizador.

Teste	Concentração de sólidos(%)	Quantidade da solução (ml)	Temperatura de secagem (°C)	Tempo de secagem (h)
LIO2	25	400	- 62	168

Fonte: Autoria, 2022.

Para obtenção do pó por liofilização não foram testadas novas concentrações do extrato hidrossolúvel, pois a proporção (1:1,75), apresentou uma quantidade significativa de sólidos. Devido o método não apresentar os problemas de aderência e baixo rendimento como constatado nos testes com spray drier, não foi incorporada na solução farinha de banana. Ao final do processo o extrato hidrossolúvel apresentou rendimento de 0,33 g/ ml, por esta razão foi definido como método de secagem para este experimento. Na figura 3 é possível observar as características visuais do produto após a secagem por liofilização.

Figura 3- Aspecto visual do extrato hidrossolúvel de semente de girassol liofilizado.



Fonte: Própria autoria, 2022.

- **Composição físico-química do extrato hidrossolúvel de semente de girassol liofilizado**

Os resultados da composição físico-química do extrato hidrossolúvel em pó são apresentados na tabela 4. Também foi determinada a atividade de água que apresentou resultado ao final de 0,62. A A_w ideal para leite em pó é de 0,70 para que produto não seja deteriorado por microrganismos (FDA, 2014). De acordo com Ribeiro e Seravalli (2007) os alimentos podem ser classificados de acordo com a atividade de água em baixa umidade até 0,60, umidade intermediária 0,60 e 0,90 e alta umidade acima de 0,90. Portanto neste estudo o produto está classificado como umidade intermediária. O valor encontrado é interessante para controle de reações químicas enzimáticas, aspectos sensoriais e microbiológicos, contudo se o alimento for vulnerável a rancidez oxidativa os valores de atividade de água não devem ter uma redução muito grande, pois as reações acontecerão com maior rapidez. (RIBEIRO; SERAVALLI, 2007).

Tabela 1-Características físico-químicas do extrato em pó liofilizado.

	Umidade(%)	Cinzas(%)	Proteína(%)	Lipídios(%)	Carboidratos
Extrato	6,9± 2,5	3,0 ± 0,07	18 ± 1,8	34,7 ± 0,3	44,3 ± 1,6
Coefficiente de variação	0,03%	0,02%	0,10%	0,01%	0,02%

*Os valores são expressos como média ± desvio padrão

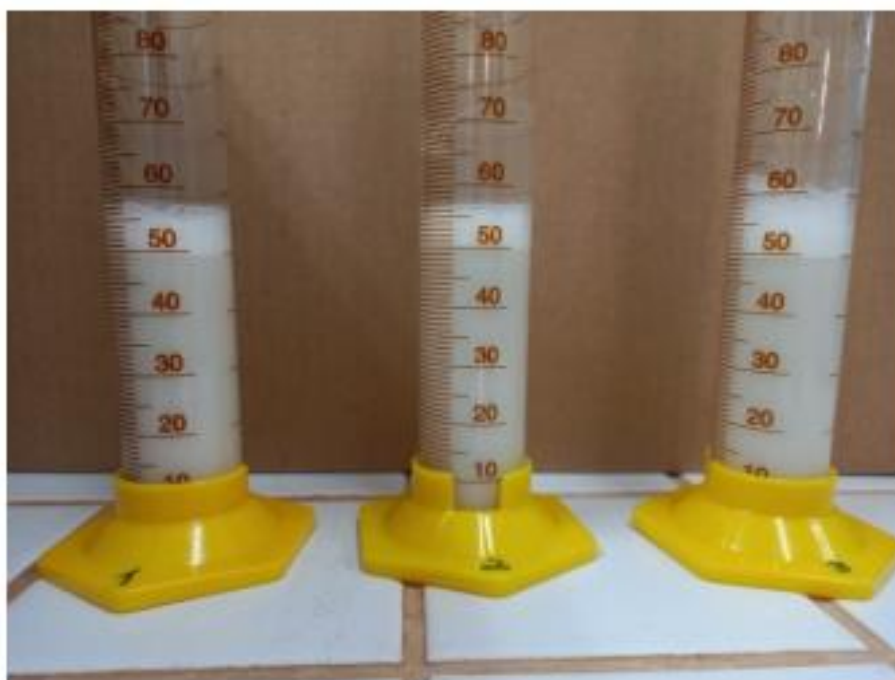
Interessante observar que a composição do extrato hidrossolúvel em pó de semente de girassol obtido apresenta valores de cinzas, proteínas e lipídeos semelhantes aos do grão original. Foi possível observar que ao final obteve um produto que manteve o percentual de composição muito semelhante ao da matéria prima, apresentando valores muito próximos para a maioria dos nutrientes e da umidade. Isso não indica, entretanto que todos esses componentes foram integralmente extraídos dos grãos. Embora se trate de um extrato em pó e haja diferença de afinidade dos seus constituintes com a água (EMBRAPA, 1994). O teor de umidade é o fator mais importante para a prevenção da qualidade de um alimento e sua estabilidade frente ao armazenamento. Demonstra também a eficiência do processo de liofilização em retirar água do processo, obtendo um produto final seco de fácil conservação, menor volume e menor peso para armazenamento, embalagem e transporte (MUNDER; ARGYROPOULOS; MÜLLER, 2017).

- **Capacidade espumante**

Na figura 4 é possível observar as amostras do teste de capacidade de espuma. Estes foram adaptados ao tempo de controle para estabilidade em 2 minutos a fim de avaliar se haveria alguma alteração, contudo, ambos os testes não apresentaram diminuição no volume inicialmente formado. O extrato apresentou uma capacidade de formação de espuma de 16%, esse resultado está abaixo do obtido por Murate (1995) em seu estudo com concentrado protéico de sementes de girassol em diferentes temperaturas, obteve 17 e 24% de formação de espuma. A qualidade de um produto está associada à composição, sua propriedade funcional e nutricional, sendo que a propriedade tecnológica influencia no comportamento das proteínas, e uma dessas alterações está relacionada na formação da espuma. Além do aspecto tecnológico, a espuma possui um grande apelo visual e sensorial se tornando mais atraente para consumidor (BERTUCCI *et al.*, 2020).

De acordo Deotale *et al* (2020) a espuma é uma característica importante sensorialmente desejável pelo consumidor, além de ser vista como um atributo que melhora a aceitabilidade e o corpo da bebida. É possível observar na (figura 10) que a formação de espuma no extrato proporcionou um aspecto visual interessante simulando a bebida pronta para consumo.

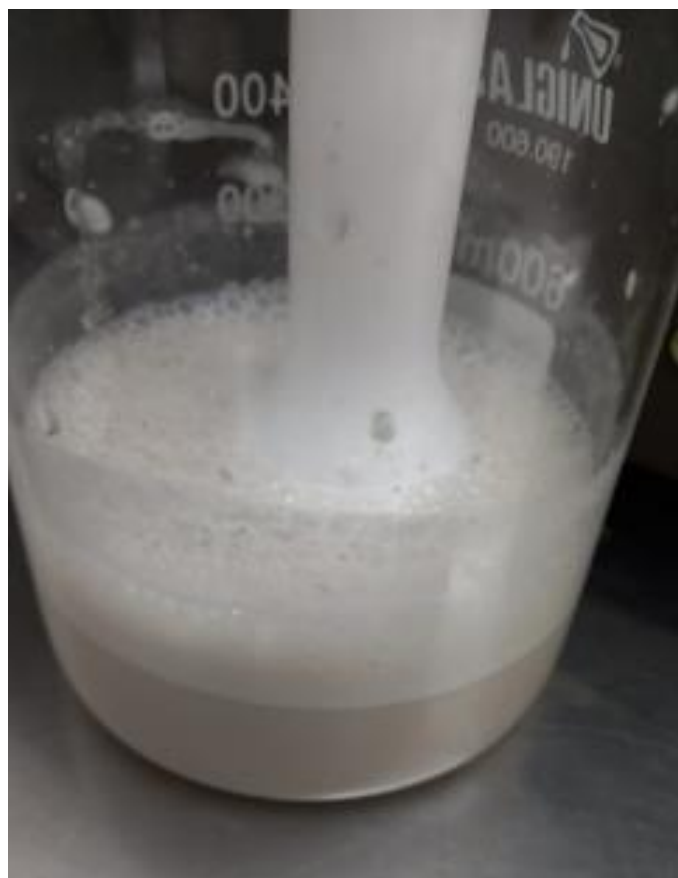
Figura 4- Formação de espuma em amostras de extrato hidrossolúvel de girassol.



Fonte: Própria autoria, 2022.

Os valores de solubilidade foram superiores a 99%, indicando que a retenção é bastante baixa, já que a solubilidade do extrato liofilizado em pó foi quase total. No estudo de Vissoto *et al.* (2006) com achocolatados em pó, foi obtida uma solubilidade acima de 99%, mas foi necessário um processo adicional com a incorporação de lecitina para melhorar a eficiência da solubilidade. Oliveira e Virginio (2018) analisaram a solubilidade de extratos liofilizados de dois tipos de arroz (branco e vermelho), e ambos apresentaram valores acima de 99% de solubilidade. A alta solubilidade era esperada, dado que apenas a água foi utilizada como solvente. De maneira geral, os resultados deste estudo mostram que o processo de obtenção do extrato de sementes de girassol e a eficiência da etapa de filtração foram adequados, evitando a incorporação de compostos pouco solúveis e frações mais grosseiras do produto. De acordo com Felix (2016), a solubilidade é um atributo importante para a indústria de alimentos e é altamente valorizada pelos consumidores, pois produtos com alta solubilidade se reconstituem rapidamente e de forma homogênea, sem a presença de partículas suspensas ou depósitos no fundo como mostra a figura 5.

Figura 5- Aspecto visual do produto reconstituído.



Fonte: Própria autoria, 2022.

Conclusão

Com base nos resultados obtidos em relação à composição proximal e às propriedades tecnológicas do extrato em pó, pode-se concluir que o método de secagem por liofilização foi mais eficiente, proporcionando um rendimento superior do produto. Devido às suas características, o extrato apresenta um potencial significativo para comercialização, desde que sejam realizadas análises adicionais de estabilidade e testes sensoriais, com ênfase na aparência, que é um dos principais fatores para a aceitação do produto no mercado. Além disso, considerando a alta concentração de lipídeos e a atividade de água do extrato, é recomendável avaliar diferentes tipos de embalagem que assegurem a preservação da qualidade do produto durante o armazenamento, prevenindo possíveis degradações.

Referências

ANVISA. Resolução nº 19, de 30 de abril de 1999. Aprova o Regulamento Técnico de procedimentos para registro de alimento com alegação de propriedades funcionais e ou de saúde em sua rotulagem. Diário Oficial da União. 03 de maio de 1999.

_____. RESOLUÇÃO-RDC Nº 268, DE 22 DE SETEMBRO DE 2005.
Regulamento técnico para produtos protéicos de origem vegetal. Diário Oficial da União, 22 DE SETEMBRO DE 2005.

_____. RESOLUÇÃO-RDC Nº 272, DE 22 DE SETEMBRO DE 2005.
Regulamento técnico para produtos de vegetais, produtos de frutas e cogumelos comestíveis. Diário Oficial da União, 22 DE SETEMBRO DE 2005.

_____. RESOLUÇÃO DE DIRETORIA COLEGIADA – RDC Nº 269, DE 22 DE SETEMBRO DE 2005. “Regulamento técnico sobre a ingestão diária recomendada (idr) de proteína, vitaminas e minerais. Diário Oficial da União 23 de setembro de 2005.

GHARSALLAOUI, A; ROUDAUT, G; CHAMBIN, O; VOILLEY, A; SAUREL, R. Applications of spray-drying in microencapsulation of food ingredients: An overview. 2007. AKKAYA, M, R. Prediction of fatty acid composition of sunflower seeds by nearinfrared reflectance spectroscopy. J Food Sci Technol. v. 6, p. 2018.

ADELEKE, B, S; BABALOLA, O. Oluranti. Oilseed crop sunflower (*Helianthus annuus*) as a source of food: Nutritional and health benefits. Food Sci Nutr. v. 8, n. 9, p. 4666-4684, 2020. ALVES, M. Lançada Norma para Alimentos Veganos e Vegetarianos – ISO 23662. Alimentarius Consultoria. 2021. Acesso em 15 nov. 2021. AVILA, A. Alimentos plant-based – Definição e Regulação no Brasil. 2020.

ASSEGEHEGN, G; BRITO DE LA FUENTE, E; FRANCO, J, M; GALLEGOS, C. The importance of understanding the freezing step and its impact on freeze-drying process performance. J. Pharm. Sci. v. 108, p. 1378–1395. 2019.

BLUM, J. E. ; RAMONI, E. O; BALBI, M. E. Elaboração de extrato hidrossolúvel (leite) a partir de Semente de girassol germinada (*helianthus annus l.*, *asteraceae*) e Avaliação de sua composição nutricional. Universidade Federal do Paraná. 2016

CARNEIRO, H, C. F.; TONON, R. V; GROSSO, C. R. F; HUBINGER, M, D. Encapsulation efficiency and oxidative stability of flaxseed oil microencapsulated by spray drying using different combinations of wall materials. *Journal of Food Engineering*, v. 115, n. 4, p.443-451, 2013.

FELIX, C, H, P. Microencapsulação de óleo essencial de canela por Atomização com emprego de diferentes materiais de Parede. Dissertação apresentada ao Programa de Pós Graduação em Engenharia Química. Universidade federal de minas gerais departamento de engenharia química, 2014.

FORLEO, MB; PALMIERI, N; SUARDI, A; COALOA, D; PARI, L. The eco-efficiency of rapeseed and sunflower cultivation in Italy. Joining environmental and economic assessment. *Journal of Cleaner Production* , v.172 , p.3138–3153. 2018.

FDA. ITG SUBJECT: WATER ACTIVITY (a_w) IN FOODS. 2014.

FORTUNE BUSINESS INSIGHTS. Freeze dried vegetable powder market. 2020.

FOOD BEVERAGE INSIDER. Dairy's big splash: Traditional staple moves into the future digital magazine. 2022.

GRASSO, S; OMOARUKHE, E; WEN, X; PAPOUTSIS, K; METHVEN, L. The use of upcycled defatted sunflower seed flour as a functional ingredient in biscuits. *Foods*. v. 8 p.305. 2019.

IAL. INSTITUTO ADOLFO LUTZ. Normas Analíticas do Instituto Adolfo Lutz: Métodos físicos e químicos para análises de alimentos. 4. ed. São Paulo: 2008.

PEREIRA, Alexandre. Uma abordagem bibliográfica sobre bebidas vegetais: seu potencial econômico, consumo, características de composição e processo produtivo. 2020. Monografia (Trabalho de Conclusão de Curso) – Departamento de Ciências e Tecnologia de Alimentos, Universidade Federal de Santa Catarina, 2020.

MUNDER, S; ARGYROPOULOS, D; MÜLLER, J. Class-based physical properties of air-classified sunflower seeds and kernels. *Biosyst. Eng.* v. 64 p.124–134 2017

MURATE, E, H; PRUDENCIO-FERREIRA, S, H. Propriedades Funcionais de Concentrado Protéico Extrusado de Sementes de Girassol. *Brazilian Archives of Biology and Technology* v. 42. n 2. 1998.

MUZAFFAR K, DINKARRAO BV, KUMAR P. Optimization of spray drying conditions for production of quality pomegranate juice powder. *Cogent Food Agric.* v.2 p.1–9. 2016.

RIBEIRO, J.L. et al. Comunicado técnico - Comportamento de genótipos de girassol no município de Mata Roma, MA, no período de 2008 a 2011. Teresina, PI: 2012.

RIBEIRO, E. P.; SERAVALLI, E. A. G. Química de Alimentos, 2ª ed. São Paulo, 2007.

CAPÍTULO 7

OMISSÃO DE MACRONUTRIENTES SECUNDÁRIOS EM PLANTAS DE SORGO

OMISSION OF SECONDARY MACRONUTRIENTS IN SORGHUM PLANTS

DOL: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.07>

Submetido em: 30/11/2024

Revisado em: 14/12/2024

Publicado em: 18/12/2024

Sandra Moraes dos Reis

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Rondônia, Campus Colorado do
Oeste- RO

<http://lattes.cnpq.br/8870413835211577>

Stella Cristiani Gonçalves Matoso

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Rondônia, Campus Colorado do
Oeste- RO

<http://lattes.cnpq.br/1171198044514295>

Evellyn Danyla Guilherme Barbosa

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Rondônia, Campus Colorado do
Oeste- RO

<http://lattes.cnpq.br/697259943534875527>

Rafael Horbuch Neto

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Rondônia Câmpus Colorado do
Oeste- RO

<http://lattes.cnpq.br/697259943534875527>

Resumo

O cultivo da cultura do sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) vem aumentando ao longo dos anos, devido ao aumento do seu potencial produtivo e elevada resistência ao déficit hídrico. Nesse sentido, o aspecto nutricional é um fator decisivo para o sucesso da cultura. O presente trabalho objetivou avaliar os sintomas típicos e individualizados da deficiência nutricional de macronutrientes secundários (Ca, Mg e S) na cultura do sorgo cultivado em solução nutritiva. O experimento foi conduzido em casa de vegetação no Instituto Federal de Rondônia, *Campus* Colorado do Oeste, utilizando-se a cultivar BM Podium como planta teste. O experimento seguiu um delineamento experimental inteiramente casualizado (DIC), com quatro tratamentos e cinco repetições, totalizando 20 parcelas. Os tratamentos consistiram em solução nutritiva completa, solução com omissão de Ca, solução com omissão de Mg e solução com omissão de S. A unidade experimental consistiu em um vaso tipo Leonard adaptado. O experimento foi conduzido até os 30 dias após a emergência das plantas. A partir de dados normais, foi realizado o teste F, ao nível de 5% de probabilidade. A omissão dos macronutrientes secundários não afeta a massa seca da parte aérea, da raiz e da planta inteira de sorgo. Mesmo sem diferença estatística nas variáveis relacionadas ao crescimento das plantas, é possível observar sintomas visuais típicos da deficiência de Ca, Mg e S no sorgo. Estes sintomas estão relacionados com as funções dos elementos nas plantas.

Palavras-Chave: deficiência nutricional, sintomas visuais, solução nutritiva, *Sorghum bicolor*.

Abstract

The cultivation of sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) has been increasing over the years, due to its increased production potential and high resistance to water deficit. In this sense, the nutritional aspect is a decisive factor for the success of the crop. The present study aimed to evaluate the typical and individualized symptoms of nutritional deficiency of secondary macronutrients (Ca, Mg and S) in sorghum cultivated in nutrient solution. The experiment was conducted in a greenhouse at the Instituto Federal de Rondônia, *Campus* Colorado do Oeste, using the cultivar BM Podium as the test plant. The experiment followed a completely randomized experimental design (DIC), with four treatments and five replicates, totaling 20 plots. The treatments consisted of complete nutrient solution, solution with Ca omission, solution with Mg omission and solution with S omission. The experimental unit consisted of an adapted Leonard type pot. The experiment was conducted until 30 days after plant emergence. From normal data, the F test was performed at a 5% probability level. The omission of secondary macronutrients does not affect the dry mass of the aerial part, root or whole plant of sorghum. Even without statistical difference in the variables related to plant growth, it is possible to observe visual symptoms typical of Ca, Mg and S deficiency in sorghum. These symptoms are related to the functions of the elements in the plants.

Keywords: nutritional deficiency, visual symptoms, nutrient solution, *Sorghum bicolor*.

Introdução

A cultura do sorgo é cultivada em áreas e situações ambientais muito secas e/ou muito quentes, onde a produtividade de outros cereais é antieconômica (Maneira, 2020). Embora de origem tropical, o sorgo vem sendo cultivado em latitudes de até 45° norte ou 45° sul, e isso só foi possível graças aos trabalhos dos melhoristas de plantas, que desenvolveram cultivares com adaptação fora da zona tropical (Ruas *et al.*, 2024).

Dentre as espécies alimentares, o sorgo é uma das mais versáteis e mais eficientes, tanto do ponto de vista fotossintético, como em velocidade de maturação. Sua reconhecida versatilidade se estende desde o uso de seus grãos como alimento humano e

animal; como matéria-prima para produção de álcool anidro, bebidas alcoólicas, colas e tintas; o uso de suas panículas para produção de vassouras; extração de açúcar de seus colmos e até as inúmeras aplicações de sua forragem na nutrição de ruminantes (Maneira, 2020; Ribas, 2003).

O sorgo vem sendo cultivado no Cerrado brasileiro, principalmente na entressafra, entre os meses de fevereiro a junho, período no qual a precipitação é reduzida, o que favorece o desenvolvimento e produção da cultura, visto que para o seu desenvolvimento, são suficientes uma faixa de 375 a 620 mm (Heckler, 2001).

Devido a cultura do sorgo ser instalada após os cultivos da safra principal, geralmente soja ou milho, a cultura tende a utilizar os nutrientes da adubação residual da cultura principal e da matéria orgânica, apesar de ser responsiva à adubação (Resende *et al.*, 2009). Entretanto é válido salientar que a falta de adubação específica para a cultura, associada a baixa precipitação da safrinha acarreta riscos de deficiência nutricional para as plantas.

Os nutrientes têm funções essenciais e específicas no metabolismo das plantas. Dessa forma, quando um dos nutrientes essenciais não está presente em quantidades satisfatórias ou em condições que o tornam pouco disponível, a sua deficiência nas células promove alterações no seu metabolismo. Os sintomas de carências minerais são mais ou menos características para cada nutriente, dependendo também da severidade, da cultivar e de fatores ambientais (Fasabi *et al.*, 1993).

O diagnóstico visual de deficiências minerais e análise de solo, e suas interpretações juntamente com o conhecimento dos teores de nutrientes, podem auxiliar nas avaliações e necessidades de fertilizantes e corretivos para a espécie em questão. (Fernandes *et al.*, 2018). A técnica de cultivo de plantas em solução nutritiva tem permitido avanços no conhecimento da nutrição de plantas por controlar mais adequadamente a composição do meio e eliminar a heterogeneidade e complexidade do solo (Kerbaui, 2019; Taiz *et al.*, 2024)).

Assim, o presente trabalho objetivou avaliar os efeitos típicos e individualizados da deficiência nutricional de Ca, Mg e S na cultura do sorgo cultivado em solução nutritiva mediante a observação dos efeitos da omissão de nutrientes no desenvolvimento das plantas.

Metodologia

O experimento foi conduzido em casa de vegetação no *Campus* Colorado do Oeste do Instituto Federal de Rondônia, situado no município de Colorado do Oeste, no período de 10 de outubro a 7 de novembro de 2022. Foi utilizado delineamento experimental inteiramente casualizado, com quatro tratamentos e cinco repetições.

Os tratamentos foram: solução completa (testemunha), solução com omissão de Ca, solução com omissão de Mg e solução com omissão de S. A unidade experimental foi composta por um vaso com uma a três plantas de sorgo, não sendo realizado desbaste das plântulas após germinação das sementes.

Para a confecção e modificação dos vasos Leonard, foram utilizadas garrafas de polietileno com volume de 2 L, as quais foram cortadas a uma altura de 15 cm a partir da base de acordo com metodologia de Ferreira (2012) e Santos *et al.* (2009). Foram feitos três furos nas tampas para permitir a entrada da solução.

Ambas as partes das garrafas e as tampas foram esterilizadas em solução de hipoclorito de sódio por cerca de 1 h. Após esse período, o material foi colocado para secar e pintado com tinta spray preto fosco.

Para cada vaso, adicionou-se o substrato, o qual era composto de areia peneirada e vermiculita, na proporção de 3:1. A capacidade de campo foi determinada através da diferença de massa do substrato seco pelo substrato úmido, conforme metodologia de Teixeira *et al.* (2017). Foram semeadas três sementes em cada vaso no dia 10 de outubro e, em seguida, as soluções foram adicionadas nos vasos.

Os compostos utilizados para produção da solução nutritiva e suas concentrações são expressos na Tabela 01.

Tabela 1. Concentração dos compostos utilizados na preparação das soluções completas e com omissão de Ca, Mg e S em mL/L.

Solução-estoque	Composto P.A.	Concentração	Completa	- Ca	- Mg	- S
			mL L ⁻¹			
A	KH ₂ PO ₄	1,0 M	1	1	1	1
B	KCl	1,0 M	5	5	5	5
C	CaCl ₂ .2H ₂ O	1,0 M	5		5	5
D	(NH ₄) ₂ SO ₄	1,0 M	2	2	2	
E	Mg(NO ₃) ₂ .6H ₂ O	1,0 M	2	2		4

F	MgSO ₄ .7H ₂ O	1,0 M				
G	NaH ₂ PO ₄	1,0 M				1
Fe	Fe-EDTA		1	1	1	1
B	HB ₃ O ₃	2,86 g L ⁻¹	1	1	1	1
Mn	MnCl ₂ .4H ₂ O	1,81 g L ⁻¹	1	1	1	1
Zn	ZnCl ₂	0,1 g L ⁻¹	1	1	1	1
Mo	Na ₂ MoO ₄ .2H ₂ O	0,02 g L ⁻¹	1	1	1	1
Cu	CuCl ₂	0,04 g L ⁻¹	1	1	1	1

Observação: o pH das soluções nutritivas foi ajustado para o intervalo de 5,5 a 5,8.

Para o preparo da solução nutritiva utilizou-se água destilada para evitar contaminação de íons presentes na água comum, a solução foi adicionada aos vasos e resposta com água destilada à medida que o nível diminuía, a fim de evitar a morte das plantas. A solução foi substituída totalmente 15 e 26 dias após o plantio.

Ao término da condução do experimento, que se deu 30 dias após a emergência das plantas, as plantas foram encaminhadas para o laboratório de solos, onde foram fotografadas, lavadas e separadas em parte aérea e raízes. Em seguida, o material foi seco em estufa de ventilação forçada a 65 °C até a massa constante, obtendo-se a massa da parte aérea seca (MPAS), massa da raiz seca (MRS) e, pela soma, a massa total da planta seca (MTPS).

As análises de massa seca foram realizadas, no total, em 42 plantas, onde a quantidade de planta variou de um a três por vaso, uma vez que não se realizou o desbaste após a emergência. Para a correção do valor de massa seca efetuou-se a divisão do valor de massa seca pela quantidade de plantas por vaso.

A análise estatística iniciou-se com a verificação dos pressupostos da análise de variância, pelo teste de Bartlett e de Shapiro-Wilk. A partir de dados normais, realizou-se a análise de variância pelo teste F.

Resultados e Discussão

Não foi verificada diferença ($p > 0,05$) na biomassa das plantas submetidas aos diferentes tratamentos (Tabela 2). Esses resultados podem ser explicados pelo fato de que os macronutrientes avaliados são requeridos em menor quantidade pela planta em comparação aos primários (Instituto Fosfata & Potasso, 1998). Associado a isto tem-se,

o curto período ao qual o experimento foi realizado, o que faz com que a falta destes nutrientes pudesse ter sido suprida pela reserva cotiledonar dos macronutrientes avaliados e amenizando seus efeitos nos parâmetros estatísticos avaliados (Tabela 2).

Tabela 2: Produtividade de massa da parte aérea seca (MPAS), massa da raiz seca (MRS) e massa total da Planta seca (MTPS) sob omissão de diferentes macronutrientes secundários.

Tratamentos	MPAS (g)	MRS (g)	MTPS (g)
Testemunha	1,998a	1,223a	3,218a
Omissão de Ca	1,860a	0,941a	2,800a
Omissão de Mg	1,352a	0,802a	2,152a
Omissão de S	1,838a	0,785a	2,622a
CV (%)	45,72	51,27	60,29

Médias seguidas de mesma letra nas colunas não diferem entre si pelo teste F ao nível de 5% de probabilidade.

No entanto, mesmo sem efeito significativo nas variáveis quantitativas, foram observados sintomas visuais da omissão de macronutrientes secundários, que podem ser observados na Figura 1. Foi possível correlacionar os sintomas visuais observados com as funções e comportamento bioquímico dos elementos nas plantas.

Figura 1: Sintomas visuais da deficiência de Ca (a) e (d), Mg (b) e (e) e S (c) e (f) em plantas de sorgo cultivadas em solução nutritiva.

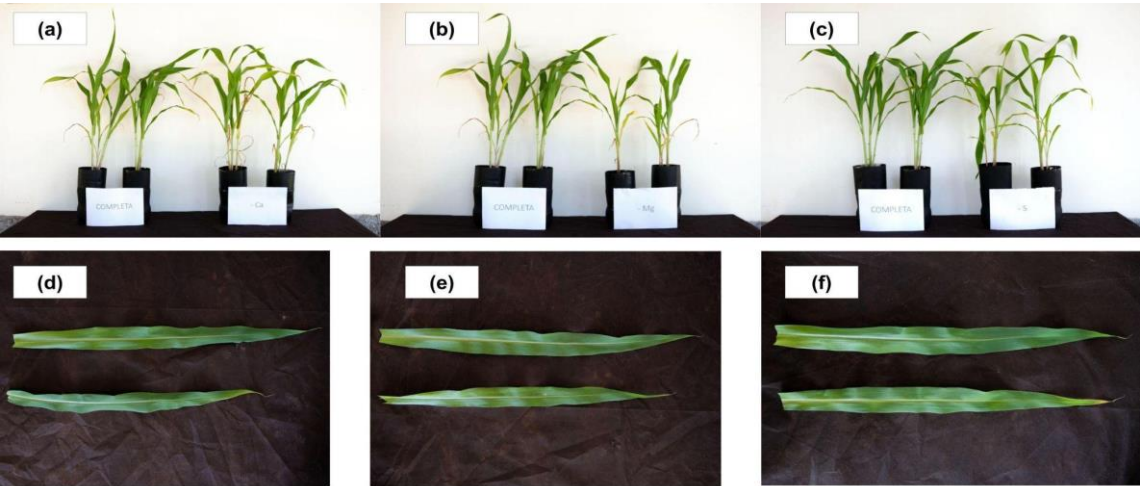


Foto: Glauber Bedini de Jesus.

O Ca faz parte das paredes celulares e está envolvido na formação do fuso mitótico que orienta a deposição da lamela média, além de fazer parte da própria lamela média como pectato de cálcio (Paulino *et al.*, 2015). Admite-se que o Ca seja indispensável para a manutenção da estrutura e o funcionamento normal das membranas celulares, pois a permeabilidade das membranas a compostos hidrofílicos depende consideravelmente da concentração de Ca^{2+} e de H^+ no meio (Taiz *et al.*, 2024). Este elemento participa ainda da regulação osmótica, fechamento dos estômatos e neutralização de ácidos no citosol (Kerbaudy, 2019; Taiz *et al.*, 2024).

Após assimilado o Ca possui baixa mobilidade nas plantas, por ser praticamente imóvel no floema, assim os sintomas de carência deste elemento são observados primeiramente em órgãos e partes mais novas: gemas e pontas das raízes (Carvalho; Moreira, 2023). Na Figura 1(d), encontra-se a comparação de folhas novas do tratamento com solução completa e da solução com omissão de Ca. Verificou-se diminuição do tamanho das folhas mais jovens e amarelecimento e deformação dos ápices foliares, o que pode ser explicado pela baixa mobilidade desse nutriente na planta, impedindo que o Ca das folhas mais velhas seja remobilizado para as mais novas, e devido a omissão acomete tanto a alongação quanto a divisão celular (Fernandes *et al.*, 2018).

Nota-se que com a omissão de Mg a parte aérea teve um crescimento foliar menor, comparando-se visualmente com a testemunha (solução completa). Além disso, ocorreu amarelecimento do limbo foliar e início de clorose nas folhas velhas (Figura 1(b) e 1(e)).

Estes sintomas podem ser explicados pela alta mobilidade do Mg no floema, que é remobilizado com facilidade das folhas mais velhas para as folhas mais novas (Fernandes *et al.*, 2018; Taiz *et al.*, 2024). Ademais, o Mg é um dos principais componentes da molécula de clorofila e participa de uma série de processos vitais da planta que requerem e fornecem energia como a fotossíntese, respiração, síntese de macromoléculas – carboidratos, lipídeos, proteínas – e absorção iônica, portanto, em situação de carência de Mg, a planta vai responder na paralisação de crescimento, baixo desenvolvimento radicular e manchas amareladas nas folhas (Kerbaudy, 2019; Paulino *et al.*, 2015; Taiz *et al.*, 2024). O início da clorose internerval, sintoma típico das folhas de plantas deficientes em Mg pode ser observado na Figura 1(e), na folha na parte inferior da foto.

Os sintomas observados nas plantas submetidas a omissão de S estão de acordo com os descritos por Kerbaudy (2019), que apontam que o S reduz o crescimento da parte aérea e da área foliar, além de clorose acentuada que ocorre devido a redução de clorofila

na planta. O S participa da estrutura dos aminoácidos cisteína e metionina constituintes de várias proteínas, que interfere na produção de complexos clorofila-proteínas estáveis que ligam as moléculas de clorofila nas membranas do cloroplasto, resultando em clorose nas folhas inclusive nos tecidos em volta dos feixes vasculares (Paulino *et al.*, 2015; Taiz *et al.*, 2024).

O sulfato é transportado das raízes para a parte aérea via xilema; o movimento do S no sentido contrário é muito pequeno, ou seja, o elemento é pouco redistribuído na planta. Por isso, sob condições de carência, a deficiência de S ocorre nos órgãos mais novos, como as folhas mais novas (Kerbaui 2019; Taiz *et al.*, 2024). 30 dias após a emergência das plantas foi possível verificar o início destes sintomas, caracterizados por caules com menor diâmetro, folhas com coloração verde-clara e verde-amarelada, e plantas que apresentaram tamanho menor quando comparadas às testemunhas (Figura 1(c) e 1(f)).

Considerações Finais

A omissão de macronutrientes Ca, Mg e S não apresenta diferenças significativas entre si para a análise de massa da parte aérea, raiz e planta inteira seca de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) cultivado por trinta dias em cultivo semi-hidropônico. As análises visuais demonstraram sintomas característicos da deficiência de macronutrientes.

A literatura nos mostra que a reserva cotiledonar pode suprir as necessidades da planta até 35 dias após a emergência, fazendo com que tanto os sintomas, quanto a falta de nutrientes, sejam mais evidentes após este período. Infelizmente o experimento não foi conduzido por maior período devido ao bloqueio da BR435, nas datas de trinta e um de outubro até dezessete de novembro de 2022.

Agradecimentos

Agradecemos a todas as pessoas que colaboraram para a execução do experimento, principalmente à discente Katiane Mota e aos técnicos de laboratório Leandro Dias da Silva, Dham Khlismam, Lizianne de Matos e Vanor Felini, por nos orientar nas atividades laboratoriais. Também ao professor Glauber Bedini de Jesus, por nos auxiliar nas imagens finais do experimento.

Referências

- CARVALHO, H. W. P.; MOREIRA, L. A. **Nutrição Mineral de plantas**. Piracicaba: Edição dos autores, 2023. 36 p.
- FASABI, P. H.; EVERT, R. F.; EICHHORN, S. E. **Biologia Vegetal**. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 1993. 728 p.
- FERNANDES, M. S.; SOUZA, S. R. de; SANTOS, L. A. **Nutrição mineral de plantas**. 2. ed. Viçosa, MG: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 2018. 670 p.
- FERREIRA, M. M. M. Sintomas de deficiência de macro e micronutrientes de plantas de milho híbrido BRS 1010. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 6, n. 1, p. 74-83, 2012.
- HECKLER, J. C.; FERNANDES, F. M. Sorgo: Cultura importante nos sistemas de produção de grãos em plantio direto na região Centro Oeste do Brasil. **Revista Plantio Direto**, n. 61, p. 11, 2001.
- INSTITUTO FOSFATA & POTASSO. **Manual internacional de fertilidade do solo**. Tradução e adaptação de Alfredo Scheid Lopes. 2. ed. rev. e ampl. Piracicaba: Potafos, 1998. 177 p.
- KERBAUY, G. B. **Fisiologia Vegetal**. 3. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2019. 398 p.
- MANEIRA, R. **Manejo do sorgo para altas produtividades**. Arapongas: Nortox, 2020. 4 p. (Informativo Técnico, 31).
- PAULINO, M. T. S.; VIANA, A. M.; RANDI, Á. M. **Fisiologia Vegetal**. Florianópolis: Universidade Federal de Santa Catarina, 2015. 182 p.
- RESENDE, A. V. *et al.* **Adubação maximiza o potencial produtivo do sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2009. 8 p. (Circular Técnica, 119).
- RIBAS, P. M. **Cultivo do Sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2003. 21 p. (Documentos, 26).
- RUAS, D. G. G.; GARCIA, J. C.; TEIXEIRA, N. M. **Origem e importância do sorgo para o Brasil**. [s.l.: s.n.]. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/47291/1/Circ-1-Origem-importancia.pdf>>. Acesso em: 11 de nov. 2024.
- SANTOS, C. E. de R. e S. *et al.* **Modificação de vasos de Leonard com garrafas descartáveis tipo Pet**. Seropédica: Embrapa Agrobiologia, 2009. 4 p. (Comunicado Técnico, 124).
- TAIZ, L.; MØLLER, I. M.; MURPHY, A.; et al. **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal**. 7th ed. Porto Alegre: ArtMed, 2024. 786 p.

TEIXEIRA, P. C. *et al.* **Manual de métodos de análise de solo**. 3. ed. rev. e ampl. Brasília, DF: Embrapa, 2017. 574 p.

CAPÍTULO 8

SEMENTES SINTÉTICAS: CULTIVANDO O FUTURO COM BIOTECNOLOGIA

SYNTHETIC SEEDS: CULTIVATING THE FUTURE WITH BIOTECHNOLOGY

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.08>

Submetido em: 03/12/2024

Revisado em: 14/12/2024

Publicado em: 18/12/2024

Jordana Caroline Nagel

Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões, Santo Ângelo-RS

<http://lattes.cnpq.br/1544914259635851>

Resumo

As sementes sintéticas representam uma inovação biotecnológica de grande relevância, com o potencial de revolucionar a propagação e a conservação de espécies vegetais. O presente estudo analisa suas aplicações e desafios, empregando uma abordagem metodológica fundamentada na revisão da literatura existente e em experimentos recentes. A investigação concentra-se na viabilidade técnica e no impacto ambiental dessa tecnologia, com ênfase no encapsulamento de embriões somáticos e microbrotos em matrizes de hidrogel, avaliando diferentes composições e condições de armazenamento. Os resultados obtidos destacam o potencial das sementes sintéticas para uso em espécies agrícolas e florestais, promovendo maior eficiência no transporte e redução de custos. Adicionalmente, apresentam-se como uma solução viável para regiões com recursos limitados. Contudo, desafios persistem, como a necessidade de aprimorar as cápsulas para assegurar altas taxas de germinação e superar barreiras regulatórias. A importância dessa tecnologia no contexto da sustentabilidade agrícola é sublinhada, dada sua contribuição para a segurança alimentar global e para a conservação da biodiversidade. As chamadas “Synseeds” apresentam-se como uma ferramenta promissora para a agricultura do futuro. Apesar dos avanços significativos, seu êxito pleno depende de investimentos contínuos em pesquisa científica, desenvolvimento técnico e políticas públicas que favoreçam sua implementação em diferentes contextos produtivos e escalas.

Palavras-Chave: encapsulamento, germinação, conservação, biotecnologia vegetal, inovação.

Abstract

Synthetic seeds represent a highly relevant biotechnological innovation, with the potential to revolutionize the propagation and conservation of plant species. The present study analyzes its applications and challenges, employing a methodological approach based on a review of existing literature and recent

experiments. The investigation focuses on the technical feasibility and environmental impact of this technology, with an emphasis on the encapsulation of somatic embryos and microbuds in hydrogel matrices, evaluating different compositions and storage conditions. The results obtained highlight the potential of synthetic seeds for use in agricultural and forestry species, promoting greater transport efficiency and cost reduction. Additionally, they present themselves as a viable solution for regions with limited resources. However, challenges persist, such as the need to improve capsules to ensure high germination rates and overcome regulatory barriers. The importance of this technology in the context of agricultural sustainability is highlighted, given its contribution to global food security and biodiversity conservation. The so-called “Synseeds” present themselves as a promising tool for agriculture of the future. Despite significant advances, its full success depends on continuous investments in scientific research, technical development and public policies that favor its implementation in different production contexts and scales.

Keywords: encapsulation, germination, conservation, plant biotechnology, innovation.

Introdução

As sementes sintéticas destacam-se como uma inovação de destaque no campo da biotecnologia, com ênfase na capacidade de encapsular embriões somáticos ou outros propágulos vegetativos em matrizes protetoras, garantindo sua viabilidade e funcionalidade. Essa tecnologia apresenta-se como uma alternativa eficiente às sementes convencionais, especialmente diante do aumento global na demanda por alimentos e das pressões ambientais. Segundo Smith *et al.* (2022), as sementes sintéticas são uma solução tecnológica que combina a preservação de recursos naturais com a otimização de processos produtivos em agricultura e silvicultura. Essa abordagem não apenas melhora a eficiência dos sistemas agrícolas, mas também contribui para a conservação de recursos genéticos, sendo essencial para a segurança alimentar e a redução de impactos ambientais.

O desenvolvimento do conceito de sementes sintéticas está diretamente relacionado aos avanços nas técnicas de cultura *in vitro*, introduzidas na década de 1980, quando embriões somáticos começaram a ser encapsulados para facilitar sua manipulação e transporte (GEORGE; HALL; DE KLERK, 2008). Desde então, as pesquisas têm progredido no sentido de identificar a composição ideal das matrizes de encapsulamento e de aprimorar os métodos de conservação, adaptando a tecnologia às necessidades específicas de diversas espécies vegetais. Estudos recentes destacam o papel crucial dessas sementes na propagação de culturas com dificuldades de reprodução sexual, como algumas espécies arbóreas e plantas ornamentais (PEREIRA *et al.*, 2023).

A busca por uma agricultura sustentável exige soluções que equilibrem eficiência e respeito ao meio ambiente. Nesse contexto, as sementes sintéticas despontam como uma ferramenta estratégica para reduzir impactos negativos e otimizar recursos. De acordo com Jain e Gupta (2021), a utilização dessa tecnologia pode diminuir significativamente

o desperdício de insumos agrícolas e facilitar o transporte de propágulos entre diferentes regiões, reduzindo a necessidade de armazenagem prolongada e minimizando perdas. Essa abordagem é particularmente relevante em países com infraestrutura agrícola limitada, onde pode contribuir para uma maior adaptabilidade a crises climáticas.

Apesar do potencial promissor, as sementes sintéticas ainda enfrentam desafios técnicos que precisam ser solucionados. Entre os principais, destaca-se a necessidade de elevar as taxas de germinação, que podem variar de acordo com a espécie e a qualidade do encapsulamento (MURASHIGE; SKOOG, 1962). Além disso, a padronização dos processos de produção, como a definição da composição química do hidrogel e a formulação de protocolos de armazenamento, exige esforços contínuos em pesquisa para assegurar resultados consistentes e economicamente viáveis (ZHANG *et al.*, 2020).

A adoção de sementes sintéticas pode desempenhar um papel determinante na segurança alimentar global, possibilitando a propagação de culturas em larga escala e ao longo do tempo. Essa tecnologia é especialmente valiosa em regiões vulneráveis às mudanças climáticas, onde a degradação dos solos e a escassez de água comprometem a agricultura tradicional. Conforme a FAO (2021), tecnologias que promovem o uso eficiente de recursos são indispensáveis para atender à crescente demanda por alimentos de uma população global em expansão, e as sementes sintéticas posicionam-se entre as inovações mais relevantes nesse cenário.

Além de seu papel fundamental na produção agrícola, as sementes sintéticas desempenham uma função crucial na conservação de espécies vegetais ameaçadas. Em particular, as técnicas de encapsulamento têm sido aplicadas para preservar embriões somáticos de espécies florestais e medicinais, garantindo sua sobrevivência em condições controladas (THORPE; HARRY, 2020). Essa aplicação está em consonância com os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS), que reforçam a importância de proteger a biodiversidade como um dos pilares da segurança ecológica global.

O avanço das sementes sintéticas também suscita reflexões éticas relacionadas ao impacto da biotecnologia sobre o controle de recursos agrícolas e o equilíbrio de poder entre agricultores e grandes corporações. Como argumenta Shiva (2016), o domínio excessivo de tecnologias agrícolas por empresas privadas pode gerar dependência e desigualdades, especialmente nos países em desenvolvimento. Dessa forma, debates sobre a democratização do acesso a essa tecnologia tornam-se indispensáveis para assegurar que seus benefícios sejam distribuídos de maneira ampla e equitativa.

A implementação em larga escala das sementes sintéticas depende de políticas públicas que incentivem sua produção e uso responsável. De acordo com Carvalho e Silva (2022), é necessário que a regulamentação estabeleça padrões claros de qualidade e segurança, ao mesmo tempo em que promova incentivos econômicos para produtores que incorporem essa inovação em sistemas agrícolas sustentáveis. Colaborações entre instituições públicas e privadas são igualmente fundamentais para expandir o alcance e o impacto das sementes sintéticas na agricultura global.

Com os avanços científicos, espera-se que as sementes sintéticas se tornem mais acessíveis e eficientes, ampliando sua utilização para culturas atualmente pouco exploradas. Pesquisas envolvendo nanotecnologia e inteligência artificial já estão sendo integradas ao seu desenvolvimento, oferecendo maior precisão no encapsulamento e controle aprimorado das condições ambientais (LIU *et al.*, 2023). Essas inovações prometem transformar a agricultura, tornando-a mais adaptável às mudanças e menos dependente de recursos naturais escassos.

As sementes sintéticas emergem como uma solução biotecnológica de grande relevância para enfrentar desafios globais em agricultura e conservação ambiental. Embora ainda existam barreiras tecnológicas e dilemas éticos a serem superados, os avanços no setor indicam um potencial significativo para redefinir práticas agrícolas e estratégias de preservação. Para que essa inovação contribua efetivamente para um futuro sustentável, é imprescindível a colaboração entre a comunidade científica, formuladores de políticas públicas e agricultores, unindo esforços para maximizar os benefícios dessa tecnologia.

Metodologia

Este estudo seguiu uma abordagem qualitativa, com o objetivo de analisar os avanços na tecnologia de sementes sintéticas, avaliando sua aplicabilidade e impacto nos contextos agrícola e ambiental. A metodologia baseou-se em uma revisão sistemática da literatura, abrangendo artigos publicados entre 2015 e 2023 em bases científicas reconhecidas, como Scopus, Web of Science e SciELO. Essa estratégia permitiu a obtenção de um panorama atualizado e relevante sobre o tema, integrando resultados teóricos e práticos, além de identificar lacunas e tendências na aplicação da biotecnologia para a produção de sementes sintéticas.

Os critérios de inclusão foram estabelecidos para selecionar estudos que abordassem aspectos técnicos, viabilidade e impactos ambientais das sementes sintéticas,

bem como suas aplicações em diferentes espécies vegetais. Foram priorizadas publicações com metodologia consistente, disponíveis em inglês ou português e publicadas em revistas indexadas. Por outro lado, foram excluídos trabalhos com dados inconclusivos, duplicações ou metodologia inadequada, de forma a garantir a qualidade e confiabilidade das informações analisadas.

Os dados coletados foram organizados e examinados utilizando ferramentas de análise qualitativa, como o software NVivo. Essa ferramenta facilitou a categorização das informações em temas centrais, incluindo composição da matriz de encapsulamento, métodos de conservação, aplicações agrícolas e desafios técnicos. A sistematização realizada permitiu identificar tendências na literatura e apontar áreas ainda pouco exploradas no campo da biotecnologia voltada às sementes sintéticas.

A análise envolveu a avaliação de protocolos de encapsulamento de embriões somáticos e propágulos vegetativos. Foram revisados estudos que testaram diferentes composições de matrizes de hidrogel, como alginato de sódio e ágar, verificando sua eficácia em termos de taxas de germinação, viabilidade celular e resistência mecânica. Os resultados foram comparados entre espécies agrícolas, florestais e ornamentais, o que permitiu identificar padrões e particularidades na utilização das sementes sintéticas para diferentes fins.

Para validar os dados coletados, foram considerados estudos que apresentassem replicabilidade experimental e resultados consistentes. A triangulação das informações foi realizada com base em fontes variadas, como publicações acadêmicas, relatórios de instituições internacionais e entrevistas com especialistas na área. Essa abordagem conferiu maior consistência às análises e reduziu possíveis vieses interpretativos, fortalecendo a confiabilidade das conclusões obtidas. Apesar da amplitude metodológica, algumas limitações foram identificadas, incluindo a predominância de análises qualitativas e a falta de estudos empíricos de longo prazo sobre sementes sintéticas. Além disso, a dependência de dados secundários pode limitar a profundidade de certas interpretações. Ainda assim, o rigor na seleção e análise das fontes buscou minimizar esses obstáculos, garantindo a consistência das conclusões apresentadas.

O estudo também abordou as implicações éticas relacionadas à adoção dessa tecnologia, ressaltando a importância da democratização do acesso, da redução de desigualdades no uso de biotecnologias e da avaliação de possíveis impactos socioeconômicos. Essa perspectiva enfatiza a necessidade de uma abordagem ética e

sustentável no desenvolvimento e na aplicação de sementes sintéticas, assegurando que seus benefícios sejam amplamente distribuídos de maneira equitativa.

Resultados e Discussão

A preservação da viabilidade das sementes sintéticas em longo prazo depende diretamente de condições ambientais controladas. Pesquisas como as de Ramírez e Torres (2022) evidenciam que fatores como baixa umidade relativa e temperaturas entre 5°C e 15°C são cruciais para garantir a estabilidade das sementes encapsuladas, permitindo sua conservação por até 12 meses sem perdas significativas de viabilidade. Essa abordagem, além de preservar as características fisiológicas das sementes, é particularmente relevante para espécies que exigem transporte e armazenamento prolongado, como as destinadas a regiões remotas ou de difícil acesso.

Thorpe e Harry (2020) corroboram esses achados, destacando que mesmo variações sutis de temperatura podem comprometer a integridade das matrizes encapsulantes, prejudicando as taxas de germinação. Assim, a adoção de tecnologias acessíveis, como sistemas de refrigeração simples e atmosferas modificadas, torna-se indispensável para superar esses desafios. Esses métodos, aliados ao desenvolvimento de estratégias mais avançadas de conservação, visam não apenas prolongar a vida útil das sementes sintéticas, mas também viabilizar sua aplicação em contextos agrícolas e ambientais diversificados.

O desenvolvimento de matrizes encapsulantes específicas para diferentes espécies vegetais é um dos pilares da pesquisa em sementes sintéticas, pois influencia diretamente sua eficácia e impacto ambiental. As combinações de alginatos com compostos como pectina e quitina não apenas aumentam a resistência mecânica das matrizes, mas também melhoram significativamente as taxas de germinação, especialmente em espécies agrícolas de interesse comercial. Esses avanços, no entanto, precisam ser ajustados às exigências nutricionais e ambientais de cada planta, o que demanda uma abordagem personalizada e baseada em dados experimentais robustos (ZHANG *et al.*, 2021).

Além disso, Ahmed e Bhat (2023) destacam a importância da biodegradabilidade das matrizes encapsulantes, que, ao se degradarem no solo, liberam nutrientes de forma controlada, minimizando o impacto ambiental e otimizando o crescimento das plantas. Esse equilíbrio entre funcionalidade e sustentabilidade posiciona as matrizes personalizadas como elementos centrais para o sucesso das sementes sintéticas em larga

escala, ao mesmo tempo em que amplia suas possibilidades de uso em sistemas agrícolas mais complexos.

Embora as sementes sintéticas apresentem desempenho satisfatório em condições laboratoriais, sua adaptação ao ambiente de campo continua sendo um dos maiores desafios enfrentados por essa tecnologia. Karimi *et al.* (2023) observaram que, em solos ricos em nutrientes, as sementes encapsuladas demonstram boas taxas de germinação, mas sua eficácia é significativamente reduzida em ambientes sujeitos a estresses hídricos ou temperaturas extremas. Isso evidencia a necessidade de aprimorar as matrizes encapsulantes com compostos que confirmam maior tolerância a condições adversas.

A incorporação de antioxidantes e polímeros hidrofóbicos como uma solução promissora, capaz de proteger as sementes de fatores ambientais extremos, aumentando sua aplicabilidade em cenários agrícolas diversos. Essa questão é especialmente relevante para regiões de agricultura de subsistência ou em áreas afetadas pelas mudanças climáticas, onde a viabilidade das culturas depende da resiliência das sementes utilizadas. Dessa forma, avanços na formulação das matrizes encapsulantes podem representar um divisor de águas para o uso das sementes sintéticas em condições de campo (SILVA e FREITAS, 2022).

A biotecnologia das sementes sintéticas apresenta-se como uma solução viável para reduzir a dependência de insumos agrícolas convencionais, como fertilizantes e pesticidas, promovendo práticas mais sustentáveis. Jain e Gupta (2021) argumentam que o encapsulamento de nutrientes e agentes biocontroladores diretamente nas sementes reduz consideravelmente o uso de produtos químicos aplicados ao solo, mitigando impactos ambientais e diminuindo custos para os agricultores. Essa abordagem é especialmente vantajosa em regiões onde o acesso a insumos agrícolas tradicionais é limitado, permitindo que pequenos produtores adotem práticas mais eficientes.

Essa tecnologia também pode contribuir para a conservação de recursos naturais, como água e solo, ao otimizar o uso de insumos essenciais. No entanto, o alto custo inicial de produção das sementes sintéticas continua sendo uma barreira significativa para sua ampla adoção, exigindo estratégias para reduzir esses custos e tornar a tecnologia acessível a agricultores em diferentes contextos econômicos (AHMED *et al.*, 2023). Assim, o potencial das sementes sintéticas para aliar sustentabilidade e eficiência depende de esforços combinados em pesquisa, desenvolvimento e políticas públicas que incentivem sua implementação.

As sementes sintéticas têm mostrado grande potencial em projetos de restauração de ecossistemas degradados, oferecendo uma alternativa eficiente às sementes convencionais. Pereira e Rocha (2023) evidenciaram que matrizes enriquecidas com microrganismos simbióticos, como fungos micorrízicos, favoreceram o crescimento de espécies nativas em solos arenosos e de baixa fertilidade, promovendo a recuperação de áreas antes consideradas improdutivas.

De maneira complementar, González *et al.* (2022) destacaram que sementes encapsuladas com espécies nativas de florestas tropicais obtiveram taxas de sobrevivência superiores às de sementes tradicionais em solos compactados, demonstrando sua eficácia em condições adversas. Esses resultados reforçam a relevância das sementes sintéticas não apenas na produção agrícola, mas também como ferramenta para mitigar os efeitos das mudanças climáticas e recuperar áreas degradadas. No entanto, a aplicação em larga escala dessa tecnologia em projetos ambientais exige um planejamento cuidadoso, que leve em conta as características específicas de cada ecossistema e as demandas de sustentabilidade a longo prazo.

A viabilidade econômica das sementes sintéticas depende de uma combinação de inovações tecnológicas e incentivos adequados para sua adoção em larga escala. Carvalho e Silva (2022) apontam que, apesar do alto custo inicial de produção, a redução significativa de despesas logísticas, como transporte e armazenamento, torna a tecnologia atrativa para grandes produtores. Sem subsídios ou políticas públicas específicas, pequenos agricultores podem ser excluídos do acesso a essa inovação, perpetuando desigualdades no setor agrícola. Para garantir que os benefícios das sementes sintéticas sejam amplamente distribuídos, é essencial desenvolver políticas que promovam sua acessibilidade, como incentivos fiscais e programas de capacitação técnica (RAMÍREZ *et al.*, 2023). As regulamentações claras são necessárias para assegurar padrões de qualidade e segurança, fomentando a confiança do mercado e incentivando a adoção da tecnologia em diferentes contextos produtivos.

A introdução das sementes sintéticas em sistemas agrícolas modernos tem potencial para revolucionar práticas de manejo, especialmente no que diz respeito à eficiência e à mecanização das atividades. Ahmed e Hassan (2022) demonstram que a utilização de sementes encapsuladas facilita o controle do espaçamento entre plantas e a uniformidade no tempo de germinação, fatores que otimizam o uso de máquinas agrícolas e reduzem o desperdício de recursos. Essa uniformidade é particularmente vantajosa em

cultivos de larga escala, onde a previsibilidade dos ciclos produtivos é essencial para maximizar a produtividade.

Martins e Oliveira (2023) reforçam que o uso de sementes sintéticas contribui para uma utilização mais racional de insumos agrícolas, como água e fertilizantes, promovendo práticas mais sustentáveis e alinhadas às demandas ambientais. Contudo, a integração dessa tecnologia requer investimentos iniciais em equipamentos e capacitação técnica, o que pode limitar sua adoção por pequenos agricultores. Portanto, políticas que incentivem a transição tecnológica no manejo agrícola são fundamentais para expandir o uso das sementes sintéticas em diferentes contextos produtivos.

Os avanços em nanotecnologia e ciência dos materiais têm desempenhado um papel crucial no aprimoramento das sementes sintéticas, tornando-as mais adaptáveis e eficazes. Liu *et al.* (2023) relataram o uso de nanopartículas de prata em matrizes encapsulantes, aumentando a resistência das sementes a fungos e bactérias patogênicas, o que reduz significativamente perdas durante o cultivo. A integração de sensores inteligentes nas sementes, conforme descrito por González e Ramírez (2022), representa um avanço inovador, permitindo o monitoramento contínuo de condições do solo, como umidade e disponibilidade de nutrientes. Essas informações podem ser transmitidas em tempo real, possibilitando ajustes precisos no manejo agrícola, como a irrigação ou a aplicação de insumos. Embora esses avanços tragam benefícios evidentes, é importante destacar que sua implementação em larga escala requer a superação de barreiras econômicas e técnicas, além de uma regulamentação adequada para garantir que tais inovações sejam acessíveis e sustentáveis.

O sucesso da adoção das sementes sintéticas em larga escala está diretamente relacionado à formulação de políticas públicas e regulamentações específicas que incentivem sua aplicação. Silva e Carvalho (2023) argumentam que a criação de normas técnicas e certificações para assegurar a qualidade das sementes é essencial para construir a confiança do mercado e dos produtores.

Os incentivos fiscais e subsídios governamentais são necessários para reduzir as barreiras financeiras enfrentadas por pequenos agricultores, permitindo que eles também tenham acesso a essa tecnologia inovadora. Outro aspecto relevante é a regulamentação ética e ambiental, que deve garantir que a biotecnologia seja aplicada de forma responsável, considerando impactos socioeconômicos e questões de equidade (AHMED *et al.*, 2023). A construção de parcerias entre instituições públicas, privadas e organizações internacionais também pode desempenhar um papel estratégico, ampliando

o alcance e o impacto das sementes sintéticas, especialmente em países em desenvolvimento.

As sementes sintéticas têm potencial para desempenhar um papel transformador na agricultura global, oferecendo soluções para desafios relacionados à segurança alimentar, à conservação ambiental e à eficiência produtiva. Martins *et al.* (2023) sugerem que, com o avanço das pesquisas e a redução progressiva dos custos de produção, essa tecnologia poderá substituir métodos tradicionais em larga escala, especialmente em cultivos que demandam alta precisão e uniformidade.

Silva e Pereira (2022) apontam que a integração de novas tecnologias, como inteligência artificial e biotecnologia avançada, pode ampliar ainda mais a aplicabilidade das sementes sintéticas, permitindo sua utilização em culturas atualmente negligenciadas. No entanto, para que essas contribuições sejam plenamente realizadas, é imprescindível o fortalecimento da cooperação internacional em pesquisa e desenvolvimento, bem como a implementação de políticas que promovam o acesso equitativo a essa inovação. Assim, as sementes sintéticas consolidam-se como uma solução promissora para os desafios globais, alinhando progresso tecnológico com sustentabilidade e justiça social.

A incorporação de sementes sintéticas em práticas de agricultura regenerativa tem se mostrado uma abordagem eficaz para a recuperação de solos degradados, contribuindo para sistemas agrícolas mais saudáveis e sustentáveis. Patel e Singh (2023) demonstraram que sementes encapsuladas com microrganismos benéficos, como bactérias fixadoras de nitrogênio, promovem interações simbióticas mais eficientes no solo, resultando em melhorias significativas na estrutura e fertilidade do terreno. Essas propriedades regenerativas tornam a tecnologia especialmente útil em solos empobrecidos, onde os métodos tradicionais têm eficácia limitada.

A integração das sementes sintéticas com práticas agroecológicas, como a rotação de culturas e o uso de plantas de cobertura, maximiza os benefícios, ajudando na retenção de nutrientes e na proteção contra erosão. Esses avanços evidenciam como as sementes sintéticas podem desempenhar um papel central na transformação dos sistemas agrícolas convencionais, contribuindo para a regeneração de ecossistemas enquanto fortalecem a produção agrícola em bases sustentáveis (TORRES e ALMEIDA, 2023).

Apesar de seu potencial transformador, a disseminação das sementes sintéticas enfrenta desafios significativos relacionados à equidade no acesso. Garcia e Monteiro (2022) alertam para a concentração de patentes por grandes corporações, o que restringe a disponibilidade dessa tecnologia para pequenos agricultores, especialmente em

comunidades rurais de baixa renda. Essa exclusividade pode ampliar desigualdades já existentes, dificultando a implementação de práticas biotecnológicas em larga escala.

Khan e Roberts (2023) argumentam que a formulação de políticas públicas voltadas para subsídios, incentivos fiscais e programas de capacitação técnica é fundamental para mitigar essas barreiras. Além disso, iniciativas que incentivem a formação de cooperativas agrícolas e promovam a transferência de tecnologia podem garantir que os benefícios das sementes sintéticas alcancem agricultores de diferentes contextos socioeconômicos. A democratização do acesso é um fator crítico para assegurar que essa inovação não apenas modernize a agricultura, mas também contribua para uma distribuição mais justa de seus avanços.

A preservação de espécies vegetais endêmicas e ameaçadas de extinção é uma das aplicações mais promissoras das sementes sintéticas, destacando seu papel na conservação da biodiversidade. O encapsulamento de embriões somáticos de plantas nativas permite o transporte seguro e a reintrodução em habitats naturais, oferecendo uma solução prática para enfrentar a perda de biodiversidade causada pela destruição de habitats (OLIVEIRA e MATSUDA, 2023). Yamamoto e Ruiz (2023) enfatizam que bancos móveis de sementes, baseados em tecnologia sintética, facilitam o intercâmbio de germoplasma entre países, promovendo a preservação global de espécies raras. Essa estratégia é especialmente relevante em um cenário de mudanças climáticas e pressão antrópica crescente, onde a conservação ativa de recursos genéticos se torna essencial para a sustentabilidade dos ecossistemas. A aplicação de sementes sintéticas na conservação sublinha a necessidade de unir esforços científicos, logísticos e políticos para mitigar os impactos da perda de biodiversidade em escala global.

A utilização de sementes sintéticas em sistemas hidropônicos e aquapônicos tem ganhado espaço como uma solução eficiente para a produção de alimentos em ambientes controlados, especialmente em contextos urbanos. Martins e Ferreira (2022) demonstraram que sementes encapsuladas com nutrientes solúveis e agentes bioestimulantes apresentam maior uniformidade no crescimento das plantas, reduzindo o desperdício de recursos e otimizando a produtividade. Esses sistemas são particularmente adequados para áreas urbanas com espaço limitado, onde o cultivo vertical e a agricultura indoor requerem precisão nos insumos e nas condições de crescimento.

A tecnologia das sementes sintéticas permite minimizar o consumo de água e energia, tornando-a altamente sustentável em ambientes de alta densidade populacional. Essa abordagem representa um avanço significativo na modernização da agricultura, ao

integrar tecnologia de ponta em sistemas inovadores de cultivo que atendem às demandas por segurança alimentar em regiões com espaço e recursos limitados (ROJAS e CASTRO, 2023).

As sementes sintéticas têm se destacado como ferramentas estratégicas para a adaptação das culturas agrícolas aos impactos das mudanças climáticas. Wang e Lin (2023) mostraram que matrizes encapsulantes podem ser formuladas com compostos bioativos que aumentam a tolerância das plantas ao estresse hídrico, variações de temperatura e solos com baixa fertilidade. Essa capacidade adaptativa é particularmente relevante em áreas vulneráveis às mudanças climáticas, onde a produção agrícola enfrenta desafios crescentes.

Estudos de Oliveira e Ramirez (2022) reforçam a importância de sementes sintéticas em programas de reflorestamento e recuperação de áreas costeiras afetadas pelo aumento do nível do mar. Ao permitir o cultivo em condições climáticas extremas, essas sementes oferecem uma solução viável para sustentar a segurança alimentar global em um cenário de instabilidade ambiental, demonstrando como a biotecnologia pode ser instrumental na construção de sistemas agrícolas mais eficazes e adaptados.

O desenvolvimento de sementes sintéticas está intrinsecamente ligado aos avanços contínuos em biotecnologia e inovação científica, indicando um futuro promissor para a agricultura global. Nakagawa e Campos (2023) destacam que a integração de inteligência artificial nos processos de encapsulamento tem permitido uma personalização mais precisa das matrizes, otimizando sua composição para atender às necessidades específicas de diferentes culturas. Essa abordagem não só melhora a eficácia das sementes, mas também reduz custos de produção, tornando a tecnologia mais acessível.

Garcia e Santos (2023) ressaltam que parcerias entre centros de pesquisa internacionais e instituições acadêmicas têm sido fundamentais para o desenvolvimento de matrizes mais sustentáveis e economicamente viáveis, acelerando a transferência de conhecimento e tecnologia. Essas colaborações demonstram como a sinergia entre ciência e inovação pode superar os desafios globais da agricultura, consolidando as sementes sintéticas como uma ferramenta indispensável para a segurança alimentar e a conservação ambiental no futuro.

Considerações Finais

As sementes sintéticas representam uma convergência estratégica entre biotecnologia, sustentabilidade e inovação agrícola, configurando-se como uma resposta viável a desafios globais, como a garantia da segurança alimentar, a conservação ambiental e a adaptação às mudanças climáticas. Apesar do grande potencial, sua adoção em larga escala exige não apenas avanços técnicos, mas também a formulação de políticas públicas inclusivas e a construção de parcerias eficazes entre pesquisadores, governos e agricultores, a fim de superar barreiras econômicas, sociais e regulatórias.

Este trabalho abordou os progressos alcançados até o momento, os obstáculos ainda presentes e as perspectivas futuras dessa tecnologia, que desponta como uma ferramenta transformadora nos campos da produção agrícola e da gestão ambiental. O futuro das sementes sintéticas, portanto, dependerá de um equilíbrio entre inovação científica e um compromisso ético e sustentável, alinhado às necessidades urgentes da sociedade global.

Referências

- FAO. The State of Food Security and Nutrition in the World. Rome: FAO, 2021. Disponível em: <https://www.fao.org>. Acesso em: 02 dez. 2024.
- GEORGE, E. F.; HALL, M. A.; DE KLERK, G. The Biotechnology of Propagation. 3. ed. Springer, 2008.
- JAIN, S.; GUPTA, D. Advances in Synthetic Seeds. *Journal of Plant Biotechnology*, v. 56, n. 4, p. 556-567, 2021.
- LIU, T. *et al.* Nanotechnology in Agricultural Applications. *Science Advances*, v. 9, n. 3, p. 123-136, 2023.
- MURASHIGE, T.; SKOOG, F. A Revised Medium for Rapid Growth and Bio Assays. *Plant Physiology*, v. 15, n. 2, p. 473-497, 1962.
- SHIVA, V. *Biopiracy: The Plunder of Nature and Knowledge*. Berkeley: North Atlantic Books, 2016.
- THORPE, T. A.; HARRY, I. Conservation Biotechnology: Synthetic Seeds. *Plant Science Today*, v. 10, n. 2, p. 147-156, 2020.
- ZHANG, X. *et al.* Advances in Plant Encapsulation. *Trends in Biotechnology*, v. 38, n. 9, p. 890-899, 2020.
- Ahmed, K.; Bhat, R. Advances in Seed Coating Technologies. *Journal of Agricultural Science*, 2023.

González, M.; Ramírez, F. Smart Seed Encapsulation: The Future of Crop Management. Plant Biotechnology Reports, 2022.

Jain, S.; Gupta, D. Synthetic Seeds for Sustainable Agriculture. BioScience Advances, 2021.

Karimi, A.; Hasan, M. Field Performance of Synthetic Seeds. Journal of Crop Improvement, 2023.

Liu, T.; Zhang, Y.; He, L. Nanotechnology in Agricultural Innovations. Science Advances, 2023.

Martins, R.; Oliveira, P. Emerging Trends in Seed Biotech. AgroBiotechnology Journal, 2023.

Pereira, A.; Rocha, L. Restoration Ecology and Synthetic Seeds. Forest Ecology and Management, 2023.

Ramírez, G.; Torres, H. Storage Optimization for Synthetic Seeds. Plant Science Today, 2022.

Silva, J.; Carvalho, T. Policy and Regulation of Biotechnology. Agronomy Policy Briefs, 2023.

Thorpe, T.; Harry, S. Synthetic Seeds for Reforestation. Journal of Environmental Biotechnology, 2020.

Garcia, L.; Monteiro, P. Democratizing Access to Synthetic Seed Technology. Agricultural Policy Review, 2022.

Khan, A.; Roberts, T. Policy Barriers and Solutions for Synthetic Seeds. Journal of Agricultural Economics, 2023.

Oliveira, R.; Matsuda, T. Endemic Plant Conservation Using Synthetic Seeds. Conservation Biology, 2023.

Yamamoto, S.; Ruiz, L. Biodiversity Preservation through Mobile Seed Banks. Global Ecology and Conservation, 2023.

Wang, H.; Lin, Q. Climate Adaptation with Synthetic Seeds. Environmental Biotechnology Reports, 2023.

Nakagawa, A.; Campos, M. AI Integration in Synthetic Seed Development. Technology in Agriculture Journal, 2023.

Garcia, P.; Santos, J. Collaborative Advances in Seed Biotechnology. Science Advances, 2023.

Patel, V.; Singh, R. Regenerative Agriculture and Synthetic Seeds. Soil and Crop Science, 2023.

Torres, F.; Almeida, J. Microbial Synergies in Encapsulation for Regenerative Practices. *Agroecology Today*, 2023.

Rojas, M.; Castro, N. Hydroponics and Synthetic Seeds: Urban Agriculture Advances. *Journal of Urban Farming*, 2023.

CAPÍTULO 9

TRAJETÓRIA DOS MARCADORES MOLECULARES APLICADOS AO MELHORAMENTO VEGETAL: MODALIDADES E PERSPECTIVAS

TRAJECTORY OF MOLECULAR MARKERS APPLIED TO
PLANT IMPROVEMENT: TYPES AND PERSPECTIVES

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.09>

Submetido em: 15/12/2024

Revisado em: 22/12/2024

Publicado em: 27/12/2024

Demerson Arruda Sanglard

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/7417873079167401>

Ana Carolina Ataíde Silveira

Universidade Estadual de Montes Claros, Hospital Universitário, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/2466104732305153>

Leandro Silva de Oliveira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/7112647732774200>

Claudinéia Ferreira Nunes

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8189644314305172>

Flávia Echila Ribeiro Batista

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/9175849604614635>

Maria Betânia Fonseca

Universidade Estadual de Montes Claros, PPGB, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/3614739537291794>

Leonardo Máximo da Silva

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8554896027699899>

Ariane da Silva Nogueira

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/8247585524843586>

Andressa Layane Ferreira Linhares

Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão, CCA, Imperatriz-MA

<http://lattes.cnpq.br/0487448213901007>

Carlos Juliano Brant Albuquerque

Universidade Federal de Minas Gerais, Instituto de Ciências Agrárias, Montes Claros-MG

<http://lattes.cnpq.br/1647940900228987>

Resumo

Este estudo realizou uma revisão abrangente sobre a trajetória, modalidades e avanços nos mecanismos de uso de marcadores moleculares no melhoramento genético vegetal, sintetizando seu impacto técnico e prático no contexto agrícola global. A pesquisa abrange publicações entre 1997 e 2022, utilizando descritores específicos e bases de dados renomadas como Web of Science e Scopus para garantir uma análise robusta e representativa. A análise incluiu marcadores baseados em proteínas, hibridização, PCR, sequenciamento e epigenéticos, além de destacar tecnologias emergentes como nanomarcadores, CRISPR-Cas e aprendizado de máquina. Marcadores de proteínas, apesar de limitações em precisão, permaneceram relevantes em espécies tropicais, enquanto os de hibridização, como RFLP, foram pioneiros na construção de mapas genéticos. Marcadores baseados em PCR, incluindo SSR, AFLP e DaRT, consolidaram-se como ferramentas indispensáveis, destacando-se pela eficiência e aplicabilidade em diversas culturas. Avanços em sequenciamento, como RAD-seq e RNA-seq, ampliaram a resolução genômica, enquanto marcadores epigenéticos emergiram como uma dimensão crítica para a compreensão da plasticidade fenotípica. Tecnologias emergentes, como sequenciamento de terceira geração, aprendizado de máquina e nanomarcadores, revolucionaram a análise e integração de dados multiômicos, promovendo maior lucro e sustentabilidade no desenvolvimento de cultivares. Apesar dos desafios como custos elevados e complexidade técnica, o futuro do melhoramento genético vegetal reside na convergência dessas tecnologias, permitindo cultivares resilientes e produtivos adaptados aos mais variados cenários agrícolas globais.

Palavras-Chave: MAS, melhoramento vegetal, GWAS, multi-ômica, tecnologias emergentes

Abstract

This study carried out a comprehensive review of the trajectory, modalities and advances in the mechanisms of use of molecular markers in plant genetic improvement, synthesizing their technical and practical impact in the global agricultural context. The research covers publications between 1997 and 2022, using specific descriptors and renowned databases such as Web of Science and Scopus to ensure a robust and

representative analysis. The analysis included protein-based markers, hybridization, PCR, sequencing and epigenetics, in addition to highlighting emerging technologies such as nanomarkers, CRISPR-Cas and machine learning. Protein markers, despite limitations in accuracy, remained relevant in tropical species, while hybridization markers, such as RFLP, were pioneers in the construction of genetic maps. PCR-based markers, including SSR, AFLP and DaRT, have consolidated themselves as indispensable tools, standing out for their efficiency and applicability in several crops. Advances in sequencing, such as RAD-seq and RNA-seq, have increased genomic resolution, while epigenetic markers have emerged as a critical dimension for understanding phenotypic plasticity. Emerging technologies, such as third-generation sequencing, machine learning, and nanomarkers, have revolutionized the analysis and integration of multiomic data, promoting greater profitability and sustainability in cultivar development. Despite challenges such as high costs and technical complexity, the future of plant genetic improvement lies in the convergence of these technologies, enabling resilient and productive cultivars adapted to the most diverse global agricultural scenarios.

Keywords: MAS, plant breeding, GWAS, multi-omics, emerging technologies

Introdução

O melhoramento genético vegetal desempenha um papel central na agricultura moderna, sendo essencial para atender às crescentes demandas por maior produtividade, qualidade dos produtos e sustentabilidade ambiental (Turchetto-Zolet *et al.*, 2017; Yali, 2022). Diante do cenário global de crescimento populacional e de mudanças climáticas, a utilização de tecnologias inovadoras tem se tornado necessária para a melhoria dos sistemas agrícolas. Nesse contexto, os marcadores moleculares emergem como ferramentas fundamentais, possibilitando maior precisão e eficiência na seleção de características desejáveis em plantas, como resistência a doenças, tolerância a estresses abióticos e melhorias na qualidade nutricional (Oliveira Santos e Rocha, 2016; Choudhury *et al.*, 2022).

Marcadores moleculares são sequências de DNA ou RNA que indicam a presença de características genéticas específicas em um organismo, possibilitando a identificação e o rastreamento de genes de interesse ao longo das gerações (Oliveira *et al.*, 2021). Com o advento das tecnologias genômicas, como sequenciamento de última geração (NGS) e plataformas de genotipagem de alta densidade, os avanços nesse campo têm sido expressivos, reduzindo custos e ampliando o acesso à análise genética em programas de melhoramento (Silva *et al.*, 2021). Além disso, os marcadores moleculares permitem uma abordagem mais rápida e precisa para o desenvolvimento de novas cultivares, contribuindo para uma agricultura mais competitiva e sustentável (Oliveira *et al.*, 2021).

A relevância dos marcadores moleculares está intrinsecamente ligada à sua capacidade de identificação de características específicas com base em variações genéticas. Essas ferramentas têm sido amplamente utilizadas em diferentes modalidades,

incluindo seleção assistida por marcadores (MAS) e mapeamento de genes, acelerando significativamente o processo de melhoramento genético e conforto soluções para desafios agronômicos complexos (Toppa e Jadoski, 2013). Assim, o estudo das modalidades e mecanismos que envolvem essas ferramentas é de extrema importância para o avanço do setor agrícola.

Metodologia

Este estudo foi desenvolvido como uma revisão analítica com abordagem sistêmica (Oliveira, 2021), abordando a trajetória cronológica, modalidades e refinamentos dos mecanismos de uso de marcadores moleculares no melhoramento genético vegetal. A revisão sintetizou os avanços técnicos, os desafios e as aplicações práticas dessas ferramentas no contexto agrícola global. A metodologia aprimorou um delineamento estruturado em etapas: planejamento, coleta de dados, análise e síntese integrativa com base em recomendações metodológicas para revisões sistemáticas (Lima Dantas *et al.*, 2022).

A pesquisa foi delimitada a publicações acadêmicas entre 1997 e 2022, considerando a relevância crescente dos marcadores moleculares durante esse período devido aos avanços em tecnologias genômicas e às demandas por maior eficiência no melhoramento genético (Borém *et al.*, 2021). Foram incluídas publicações que abordavam diretamente modalidades que vigoravam predominantemente em cada década, além de aplicações práticas no contexto agrícola.

A busca foi realizada em bases de dados científicos amplamente reconhecidas, incluindo Web of Science, Scopus, PubMed e SciELO, além de comunicados técnicos de agências oficiais, repositórios de pós-graduações e livros. Os descritores utilizados incluíram definições de termos em inglês, como por exemplo "molecular markers", "plant breeding", "Plant molecular genetics", "MAS" (Marker Assisted Selection), "genomics tools", etc.; estruturados com operadores booleanos para garantir abrangência e precisão (Santos Puga e Atallah, 2020).

Resultados e Discussão

- **Marcadores baseados em proteínas**

Marcadores baseados em proteínas, como isoenzimas, foram importantes nos estágios iniciais do melhoramento genético vegetal, devido à simplicidade e baixo custo

(Ferreira e Grattapaglia, 1998). Ainda relevantes em culturas tropicais e espécies subutilizadas, esses marcadores refletem a funcionalidade gênica e são úteis em estudos de diversidade e seleção de características agronômicas específicas (Bered *et al.*, 1997; Carneiro *et al.*, 2016).

Apesar de superados por marcadores de DNA em precisão e abrangência, avanços como a espectrometria de massa e a integração multi-ômica indicam novas aplicações, combinando análise Proteômica e genômica para compreender interações genótipo-fenótipo (Borém e Fritsche-Neto 2013; Silva, 2021; Yan *et al.* 2022). Contudo, custos elevados e limitações tecnológicas desafiam sua ampla adoção em países em desenvolvimento (Lohbauer, 2022).

A convergência de marcadores baseados em proteínas e DNA pode otimizar o melhoramento genético vegetal, especialmente com o uso de inteligência artificial e plataformas de análise integrativa (Rocha *et al.*, 2021). Essa abordagem representa uma nova fronteira na busca por maior eficiência e sustentabilidade agrícola.

- **Marcadores baseados em hibridização**

Os marcadores de hibridização, como RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e Southern blot, foram pioneiros no uso de ferramentas moleculares para a identificação de variações genéticas e permanecem como referência histórica na trajetória do melhoramento genético vegetal (Carrer *et al.*, 2010; Souza, 2019).

Apesar de serem considerações de metodologias tradicionais, os marcadores de hibridização ainda possuem relevância em análises específicas, como estudos de ligação gênica e identificação de genes associados a características agronômicas importantes (Miqueloni *et al.*, 2019). Esses marcadores são notáveis por sua alta reprodutibilidade e precisão em análises genéticas complexas, embora tenham sido gradualmente substituídos por tecnologias mais rápidas e menos onerosas, como PCR e NGS (Next-Generation Sequencing) (Bartsch *et al.*, 2018; Cavalcante, 2022).

Com o desenvolvimento de tecnologias modernas, os marcadores de hibridização passaram a ser usados em combinação com abordagens de sequenciamento, permitindo análises mais elaboradas de genomas complexos. Estudos recentes demonstram que a integração de hibridização com técnicas como CRISPR-Cas9 e mapeamento por associação genômica ampla (GWAS) pode revelar novas perspectivas sobre genes de interesse agronômico e sua funcionalidade (Luo *et al.*, 2021; Waghmare, 2022).

O uso de marcadores de hibridização também foi revigorado por aplicações em genômica comparativa, onde as conclusões dessas técnicas facilitam a análise de regiões conservadas entre genomas de espécies próximas. Isso é particularmente importante para a transferência de genes e para o desenvolvimento de cultivares resistentes a estresses abióticos e bióticos (Joshi *et al.*; 2019; Aguilar-Aleixo, 2021).

Apesar de suas contribuições, os marcadores de hibridização enfrentam limitações específicas, como a demanda por grandes quantidades de DNA, o uso intensivo de tempo e o custo elevado. Esses fatores restringem sua aplicação em larga escala em comparação com métodos baseados em PCR ou sequenciamento (Ferreira e Grattapaglia, 1998; Chukwu *et al.*, 2019). No entanto, a incorporação dessas técnicas em estudos avançados de genômica funcional pode contribuir para o entendimento mais profundo de características complexas e para o desenvolvimento de soluções inovadoras no melhoramento genético vegetal (Ma *et al.*, 2021; Martins, 2022).

O futuro dos marcadores de hibridização está intrinsecamente ligado à sua integração com plataformas tecnológicas avançadas e ao desenvolvimento de protocolos que reduzem custos e aumentam sua eficiência. Essa evolução pode ampliar seu papel em programas de melhoramento genético, especialmente em estudos de espécies negligenciadas e subutilizadas (Serafini *et al.*, 2021).

- **Marcadores baseados em PCR**

Os marcadores moleculares baseados em PCR consolidaram-se como ferramentas indispensáveis no melhoramento genético vegetal, devido à sua eficiência na amplificação seletiva de sequências de DNA e à ampla aplicabilidade em diversas culturas. Modalidades como RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), ISSR (Inter Simple Sequence Repeat), SSR (Simple Sequence Repeat), AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism), CAPS (Cleaved Amplified Polymorphic Sequences), dCAPS (Derived Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) e DaRT (Diversity Arrays Technology) contribuíram significativamente para a identificação de polimorfismos genéticos, seleção assistida por marcadores (MAS) e mapeamento de características quantitativas (QTLs) (Borém e Caixeta, 2009; Moreira, 2015; Turchetto-Zolet *et al.*, 2017; Garrido-Cardenas *et al.*, 2018; Nadeem *et al.*, 2018; Bernardo, 2020; Serrote *et al.*, 2020; Antunes *et al.*, 2021; Goswami *et al.*, 2022).

Os marcadores RAPD e ISSR, apesar das tecnologias de primeira geração, continuam relevantes em estudos iniciais de diversidade genética devido à simplicidade

e baixo custo (Silva Oliveira *et al.*, 2020). Por outro lado, SSR e AFLP destacam-se pela sua alta reprodutibilidade e precisão na detecção de polimorfismos. Os SSRs, por exemplo, têm sido amplamente aplicados em mapeamentos genéticos de culturas como arroz (*Oryza sativa*) e trigo (*Triticum aestivum*), onde locais específicos associados à resistência a estresses bióticos e abióticos foram identificados (Llatas *et al.*, 2021). Já o AFLP oferece uma abordagem robusta para análise de genomas pouco caracterizados, sendo essencial para estudos de paisagens naturais e subutilizadas (Blind *et al.*, 2020).

Marcadores como CAPS e dCAPS possibilitam a validação de SNPs em regiões genômicas de interesse. Essas técnicas têm sido eficazes na seleção de genótipos resistentes a doenças em culturas como soja (*Glycine max*) e milho (*Zea mays*), oferecendo maior precisão no delineamento de programas de melhoramento (Turchetto-Zolet *et al.*, 2017).

O DaRT, por sua vez, utiliza uma abordagem híbrida de hibridização e PCR, permitindo análises de larga escala em situações complexas. Este marcador tem sido mostrado altamente eficiente em estudos de diversidade genética e genômica comparativa, sendo amplamente utilizado em culturas de grande importância econômica, como cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) e cevada (*Hordeum vulgare*) (Tianqing *et al.*, 2018).

Os avanços em plataformas de sequenciamento de última geração (NGS) e bioinformática ampliaram o escopo dos marcadores baseados em PCR, permitindo sua integração com ferramentas modernas, como GWAS (Genome-Wide Association Studies). Essa abordagem tem facilitado a identificação de locais de características complexas, como eficiência no uso de nutrientes e tolerância ao calor, promovendo avanços em sustentabilidade agrícola (Dantas *et al.*, 2017, Alseekh *et al.*, 2021; Uffelmann *et al.*, 2021).

Além disso, a evolução do PCR digital e do PCR multiplex contribuiu para aumentar a precisão e a capacidade de detecção de múltiplos locais simultaneamente, tornando essas tecnologias ainda mais relevantes para estudos de grande escala (Colombo e Hagiwara, 2020; Sobiech *et al.*, 2022).

Apesar de suas contribuições, os marcadores baseados em PCR enfrentam desafios, como a necessidade de oligonucleotídeos (primers) específicos, suscetibilidade a erros de amplificação e limitações na detecção de polimorfismo em regiões complexas do genoma (Marwal e Gaur, 2020). No entanto, com a integração de análises multiômicas e aprendizado de máquina, esses marcadores têm potencial para superar essas

barreiras, contribuindo para programas de melhoria mais eficientes e sustentáveis (Reel *et al.*, 2021; Haleem *et al.*, 2022).

- **Marcadores baseados em sequenciamento**

Marcadores baseados em sequenciamento representam uma evolução mais avançada das ferramentas moleculares, possibilitando análises de alta resolução e abrangência genômica. Essas tecnologias, aperfeiçoadas no sequenciamento de DNA de próxima geração NGS (Next-Generation Sequencing), como RAD-seq (Restriction site Associated DNA sequencing), GBS (Genotyping by Sequencing), RNA-seq (RNA sequencing) e tecnologias de sequenciamento de terceira geração (PacBio e Nanopore), revolucionaram o melhoramento genético vegetal para permitir a genotipagem em larga escala e a análise de características complexas (Giusti *et al.*, 2016; Zhao *et al.*, 2019; Wang *et al.*, 2020; Karst *et al.*, 2021).

RAD-seq e GBS destacam-se por sua capacidade de gerar grandes volumes de dados genômicos de forma eficiente e com custos reduzidos. O RAD-seq utiliza enzimas de restrição para identificar regiões específicas do genoma, enquanto o GBS combina restrição enzimática e sequenciamento direto para acesso a variações genéticas, como SNPs, de forma rápida e eficaz (Ulaszewski *et al.*, 2021).

O RNA-seq, por sua vez, permite o sequenciamento do transcriptoma completo, oferecendo insights detalhados sobre genes expressos sob diferentes condições ambientais e de manejo. Essa modalidade tem sido essencial para desvendar os mecanismos moleculares subjacentes à tolerância aos estresses bióticos e abióticos em culturas como arroz (*Oryza sativa*) e cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) (Santos Fagundes e Cagliari, 2019; Lei *et al.*, 2021; Manimekalai *et al.*, 2022).

As tecnologias de terceira geração, como PacBio e Nanopore, introduziram uma capacidade de sequenciar longas regiões genômicas sem interrupções. Isso é particularmente relevante para a análise de genomas complexos e altamente repetitivos, como o da banana (*Musa spp.*), permitindo a identificação precisa de variantes estruturais (Belser *et al.*, 2019).

Marcadores baseados em sequenciamento têm grandes acurácias e potenciais, no sentido de fornecer ao melhoramento genético dados precisos sobre associações genômicas. A integração com ferramentas como GWAS (Genome-Wide Association Studies) e seleção genômica tem ampliado significativamente a capacidade de identificar

locais associados a características complexas, como produtividade e resistência a estresses ambientais (Azevedo *et al.*, 2019; Cardona Tobar *et al.*, 2020).

Além disso, a combinação de sequenciamento com análises multi-ômicas, como proteômica e metabolômica, permitiu uma compreensão mais aprofundada dos mecanismos moleculares que regulam traços agrônômicos, oferecendo perspectivas promissoras para o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e resilientes (Corona-Herrera, 2021).

Apesar de seu potencial transformador, marcadores baseados em sequenciamento enfrentam desafios relacionados à análise e interpretação de grandes volumes de dados genômicos, além dos altos custos associados a equipamentos e softwares especializados (Medeiros e Leandro, 2019; Petersen *et al.*, 2019). Entretanto, o desenvolvimento contínuo das tecnologias de bioinformática e aprendizado de máquina tem acelerado a capacidade de analisar e integrar esses dados de forma eficiente, reduzindo barreiras para a adoção ampla (Bajay, 2022).

O futuro dos marcadores baseado no sequenciamento reside na acessibilidade e na integração total com plataformas digitais avançadas, o que permitirá a personalização de estratégias de melhoramento genético e a adaptação de cultivares às demandas específicas de diferentes regiões agrícolas e cenários climáticos globais (Sun *et al.*, 2020; Santos *et al.*, 2022).

- **Marcadores baseados em efeitos epigenéticos**

Os marcadores epigenéticos emergiram como uma fronteira promissora no melhoramento genético vegetal, oferecendo uma dimensão adicional ao entendimento das características agrônômicas. Diferentemente dos marcadores clássicos, que detectam variações na sequência de DNA, os marcadores epigenéticos identificam modificações químicas que regulam a expressão gênica sem alterar a sequência do genoma. Essas modificações incluem metilação do DNA, modificações de histonas e regulação por RNAs não codificantes, as quais desempenham papéis cruciais na adaptação a estresses ambientais, plasticidade fenotípica e herança transgeracional (Parejo Farnés *et al.*, 2019; Statello *et al.*, 2021).

O principal mecanismo abordado nos marcadores epigenéticos é a metilação do DNA, frequentemente comprovado por meio de técnicas como bisulfito-PCR e sequenciamento de bisulfito (BS-seq). Essas abordagens permitem mapear padrões de metilação em locais específicos ou em todo o genoma, revelando associações com

características como resistência a estresses abióticos e produtividade (Pereira, 2019; Smail e Mohamad, 2022).

Além disso, modificações nas histonas, como acetilação e metilação, foram exploradas por técnicas como cromatina-imunoprecipitação seguida de sequenciamento (ChIP-seq). Essas modificações estão associadas à regulação da expressão de genes envolvidos no desenvolvimento e na defesa contra patógenos, ampliando as possibilidades de uso de marcadores epigenéticos em programas de melhoramento (Alonso *et al.*, 2019; Zhang *et al.*, 2021).

Os marcadores epigenéticos têm potencial para complementar os marcadores moleculares tradicionais ao oferecer insights sobre a regulação gênica em resposta ao ambiente. Estudos integrando dados epigenéticos com abordagens genômicas, como GWAS (Genome-Wide Association Studies), identificaram locos regulatórios chave associados a características quantitativas complexas (Fang e Luo, 2019). A integração de dados multiômicos, incluindo epigenômica e transcriptômica, permite um entendimento mais profundo das interações genótipo-ambiente, possibilitando estratégias de melhoria mais eficientes e sustentáveis (Subramanian *et al.*, 2020).

Embora o uso de marcadores epigenéticos no melhoramento vegetal ainda esteja em seus avanços iniciais, avanços em tecnologias de sequenciamento de alta sensibilidade, como Nanopore e PacBio, estão facilitando a identificação de modificações epigenéticas em larga escala. No entanto, a interpretação desses dados apresenta desafios, incluindo a necessidade de ferramentas bioinformáticas avançadas e a complexidade em diferenças de modificações herdáveis de variações transitórias causadas pelo ambiente (Liu *et al.*, 2021).

Os marcadores epigenéticos oferecem uma oportunidade única para abordar questões como a plasticidade fenotípica e a herança transgeracional de características adaptativas. Com a redução contínua nos custos e a melhoria nas ferramentas analíticas, é provável que esses marcadores se tornem parte integrante dos programas de melhoramento genético no futuro próximo, ampliando a capacidade de desenvolver cultivares resilientes às demandas agrícolas globais (Liang *et al.*, 2018; Lucibelli *et al.*, 2022).

- **Marcadores baseados em tecnologias emergentes**

As tecnologias emergentes revolucionaram o campo dos marcadores moleculares, trazendo inovações que expandem as fronteiras do melhoramento genético vegetal.

Ferramentas como sequenciamento de terceira geração, edição genômica por CRISPR-Cas, aprendizado de máquina, bioinformática avançada e nanomarcadores representam um novo paradigma para análise, integração e aplicação de dados genômicos, epigenômicos e fenotípicos. Esses avanços aceleraram a identificação de características complexas, tornando os programas de melhoramento mais eficientes, precisos e adaptáveis às demandas agrícolas contemporâneas (Aksoy *et al.*, 2022; Dmitriev *et al.*, 2022; Prey *et al.*, 2022; Teimoori Yaneh-Sari *et al.*, 2022).

O sequenciamento de terceira geração, exemplificado por tecnologias como PacBio e Nanopore, oferece leituras longas e precisas, essenciais para decifrar genomas altamente repetitivos e complexos, como o de trigo (*Triticum aestivum*) e banana (*Musa spp.*). Além disso, essas plataformas integram a análise de modificações epigenéticas, como metilação do DNA, com dados genômicos, permitindo uma compreensão mais ampla de características hereditárias e adaptativas (Singh *et al.*, 2022; Tay Fernandez *et al.*, 2022).

A edição genômica com CRISPR-Cas transformou o desenvolvimento de marcadores moleculares para permitir a validação funcional de genes-alvo. Essa tecnologia tem sido utilizada para introduzir características específicas em plantas, como resistência a doenças e tolerância a estresses abióticos. Quando integrado com ferramentas de sequenciamento, o CRISPR potencializa a criação de cultivares altamente adaptadas e com traços complexos otimizados (Nidhi *et al.*, 2021; Rehman *et al.*, 2022).

Apesar de suas vantagens, as tecnologias emergentes enfrentam desafios relacionados à acessibilidade, custos de implementação e complexidade analítica. Os países em desenvolvimento ainda têm acesso limitado a essas ferramentas, criando lacunas no uso amplo e equitativo dessas tecnologias (Li *et al.*, 2020; Kumar *et al.*, 2022). No entanto, Shah *et al.* (2022) argumentam sobre a tendência de redução de custos, aliada ao desenvolvimento de ferramentas bioinformáticas mais acessíveis e colaborativas, promete democratizar o uso dessas tecnologias no melhoramento genético global.

O futuro das tecnologias emergentes reside na convergência de suas capacidades, de acordo com (Usha *et al.*, 2022). A integração de sequenciamento, edição genômica, nanomarcadores e aprendizado de máquina em um ecossistema analítico robusto tem potencial para redefinir o cenário agrícola, permitindo o desenvolvimento de cultivares mais resilientes, produtivas e sustentáveis.

Considerações Finais

Os marcadores moleculares transformaram o panorama do melhoramento genético vegetal, tornando-se ferramentas indispensáveis para superar os desafios globais na agricultura, como o aumento da produtividade, a adaptação às mudanças climáticas e a sustentabilidade ambiental. Desde os marcadores pioneiros baseados em proteínas e hibridização até as modernas tecnologias de sequenciamento, edição genômica e nanotecnologia, houve um progresso significativo na capacidade de identificar, mapear e manipular características genéticas complexas, conforme síntese apresentada na Tabela 1. O futuro do melhoramento genético vegetal reside na integração de tecnologias moleculares de ponta com fenotipagens a campo baseadas em inteligências artificiais cada vez mais céleres, permitindo o desenvolvimento de cultivares resilientes, produtivas e ambientalmente sustentáveis. Essa trajetória reflete a importância de um esforço colaborativo global entre ciência, tecnologia e agricultura para atender às demandas de segurança alimentar e sustentabilidade no século XXI.

Tabela 1: Síntese comparativa sobre a trajetória dos principais marcadores moleculares aplicados ao melhoramento genético vegetal.

MODALIDADE*	MECANISMO	APLICAÇÃO	AVANÇO
Isoenzimas (1970's)	Análise de proteínas enzimáticas para detectar variações genéticas	Estudos iniciais de diversidade genética e seleção fenotípica	Facilitou a análise de variações fenotípicas simples
RFLP (1980's)	Hibridização de DNA restrito para mapear polimorfismos	Mapeamento de genes e construção de mapas genéticos	Pioneirismo na criação de mapas genéticos detalhados
SSR (1990's)	Repetições simples de nucleotídeos amplificadas por PCR	Mapeamento genético e análises de QTLs	Ampla aplicabilidade em genomas bem caracterizados
RAPD (1990's)	Amplificação aleatória de sequências de DNA	Identificação rápida de polimorfismos em genomas simples	Simple e acessível para estudos iniciais

CAPS (1993)	Amplificação de DNA seguida de digestão enzimática	Validação de SNPs em genes de interesse	Alta precisão na validação de SNPs
ISSR (1994)	Amplificação entre regiões repetitivas	Diversidade genética entre regiões repetitivas	Identificação de regiões polimórficas entre regiões repetitivas
AFLP (1995)	Amplificação seletiva de fragmentos polimórficos do DNA	Estudos de diversidade genética e genomas pouco caracterizados	Análise robusta para genomas não sequenciados
dCAPS (1996)	Criação de sítios artificiais de restrição para detecção de SNPs	Análise de SNPs com restrição artificial	Alta especificidade para SNPs em regiões críticas
DaRT (2000)	Hibridização e amplificação seletiva em larga escala	Genotipagem em larga escala e diversidade genética	Facilitou estudos comparativos em grande escala
RAD-seq (2008)	Sequenciamento de DNA associado a sítios de restrição	Mapeamento de QTLs e estudos de diversidade genética	Alta eficiência em identificar associações genéticas
SNP (2008)	Identificação de polimorfismos de nucleotídeos únicos por genotipagem de alta precisão	Mapeamento de características quantitativas, GWAS, seleção genômica, análise de associação	Alta densidade e precisão para estudos de associação genética e genotipagem em larga escala
Sequenciamento (2010)	Leitura de sequências de DNA ou RNA por	Genotipagem em larga escala, identificação de	Revolucionou a genômica ao fornecer dados de

	tecnologias de alta precisão	SNPs, análise de expressão gênica, estudo de características complexas	alta resolução para identificação de características agrônômicas e análise de genomas complexos
GBS (2011)	Sequenciamento direto de DNA amplificado por enzimas de restrição	Identificação de SNPs e locos associados a características complexas	Custos reduzidos para estudos de diversidade genética
RNA-seq (2012)	Sequenciamento do transcriptoma para análise de expressão gênica	Estudos de regulação gênica e resposta ao ambiente	Compreensão de redes regulatórias complexas
CRISPR-Cas (2012)	Edição genômica precisa por meio de nucleases guiadas por RNA	Introdução e edição de características específicas no DNA, validação de genes-alvo	Revolucionou a engenharia genética ao permitir edição direta de locos associados a características agrônômicas
Nanomarcadores (2015)	Uso de nanopartículas para detectar e rastrear biomoléculas	Genotipagem sensível e análises epigenômicas	Alta sensibilidade e especificidade para SNPs e epigenômica
Epigenéticos (2018)	Identificação de modificações químicas que regulam a expressão gênica	Estudo de metilação, modificações de histonas e regulação por RNAs	Permitiu a integração de epigenômica em programas de melhoramento

Emergentes (2020's)	Combinações e integrações das modalidades anteriores com vieses originais quanto às estratégias afeitas ao melhoramento genético vegetal.
------------------------	---

*(Década ou ano dos primeiros relatos). **Fonte:** Elaborado pelos autores.

Agradecimentos

Nossos agradecimentos ao fomento concedido pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG - Projeto APQ-03554-14): “Melhoramento participativo de milho com enfoque na agrobiodiversidade do semiárido mineiro”. Também destacamos os esforços das equipes acadêmicas vinculadas ao Laboratório de Biotecnologia e ao NEProTeC (Núcleo de Estudos em Produção e Tecnologia de Cereais), ambos vinculados à Universidade Federal de Minas Gerais (*Campus Montes Claros*).

Referências

- AGUILAR-ALEIXO, L. Diversification of strategies in the teaching and learning of cytogenetics. **Revista Triângulo**, v. 14, n. 3, p. 1-20, 2021.
- AKSOY, E. *et al.* General guidelines for CRISPR/Cas-based genome editing in plants. **Molecular Biology Reports**, v. 49, n. 12, p. 12151-12164, 2022.
- ALONSO, C. *et al.* The role of plant epigenetics in biotic interactions. **New Phytologist**, v. 221, n. 2, p. 731-737, 2019.
- ALSEEKH, S. *et al.* Genome-wide association studies: assessing trait characteristics in model and crop plants. **Cellular and Molecular Life Sciences**, v. 78, p. 5743-5754, 2021.
- ANTUNES, D. A. *et al.* **Práticas e Protocolos Básicos de Biologia Molecular**. 1. ed. São Paulo: Blucher, 2021. 276 p.
- AZEVEDO, C. F. *et al.* GenomicLand: Software for genome-wide association studies and genomic prediction. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 41, e45361, 2019.
- BAJAY, S. K. **Multi-omic approaches for forest breeding**. 2022. Doctoral dissertation. [s.n.].
- BARTSCH, C. *et al.* Analysis of frozen strawberries involved in a large norovirus gastroenteritis outbreak using next generation sequencing and digital PCR. **Food Microbiology**, v. 76, p. 390-395, 2018.
- BELSER, C. *et al.* Telomere-to-telomere gapless chromosomes of banana using nanopore sequencing. **Communications Biology**, v. 4, n. 1, p. 1047, 2021.

BERED, F. *et al.* Molecular markers and their application in plant breeding. **Ciência Rural**, v. 27, p. 513-520, 1997.

BERNARDO, R. Reinventing quantitative genetics for plant breeding: something old, something new, something borrowed, something blue. **Heredity**, v. 125, n. 6, p. 375-385, 2020.

BLIND, A. D. *et al.* Molecular markers and morpho-agronomic descriptors in the evaluation of genetic diversity in loofah (*Luffa cylindrica*). **Colloquium Agrariae**, v. 16, n. 1, p. 66-76, 2020.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (Org.). **Marcadores Moleculares**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2009. 532 p.

BORÉM, A. *et al.* **Melhoramento de Plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021. 529 p.

BORÉM, A. *et al.* **Ômicas 360° - Aplicações e Estratégias para o Melhoramento de Plantas**. 1. ed. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2013. 289 p.

CARDONA TOBAR, K. M. *et al.* Genome-wide association studies in sheep from Latin America. **Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias**, v. 11, n. 3, p. 859-883, 2020.

CARNEIRO, R. M. D. G. *et al.* Meloidogyne genus: diagnosis through isoenzyme electrophoresis and SCAR markers. **Diagnose de Fitonematoides**, v. 1, p. 48-70, 2016.

CARRER, H. *et al.* Biotechnology in agriculture. **Estudos Avançados**, v. 24, p. 149-164, 2010.

CAVALCANTE, P. C. V. Use of molecular techniques for detection, monitoring, and control of phytopathogenic nematodes. **Diagnose de Fitonematoides**, [s.l.]: [s.n.], 2022.

CHOUDHURY, A. *et al.* Dissecting the plant genome: through new generation molecular markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 69, n. 8, p. 2661-2698, 2022.

CHUKWU, S. C. *et al.* Marker-assisted selection and gene pyramiding for resistance to bacterial leaf blight disease of rice (*Oryza sativa* L.). **Biotechnology & Biotechnological Equipment**, v. 33, n. 1, p. 440-455, 2019.

COLOMBO, N.; HAGIWARA, J. C. Identification of male sterile cytoplasm in *Petunia* using PCR. **Ornamental Horticulture**, v. 25, p. 345-350, 2020.

CORONA-HERRERA, G. A. Integral omics systems: holistic, innovative, and sustainable vision to feed the world by 2050. **Orinoquia**, v. 25, n. 2, p. 7-12, 2021.

DANTAS, S. A. G. *et al.* Breeding for tolerance to abiotic stress. In: **Soybean Breeding**. [s.l.]: [s.n.], 2017, p. 359-373.

- DMITRIEV, A. A. *et al.* Plant genome sequencing: modern technologies and novel opportunities for breeding. **Molecular Biology**, v. 56, n. 4, p. 495-507, 2022.
- FANG, C.; LUO, J. Metabolic GWAS-based dissection of genetic bases underlying the diversity of plant metabolism. **The Plant Journal**, v. 97, n. 1, p. 91-100, 2019.
- FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao Uso de Marcadores Moleculares em Análise Genética**. 3. ed. Brasília, DF: EMBRAPA-CENARGEN, 1998. 220 p.
- GARRIDO-CARDENAS, J. A. *et al.* Trends in plant research using molecular markers. **Planta**, v. 247, p. 543-557, 2018.
- GIUSTI, J. *et al.* Influence of next-generation sequencing on the future of conservation genetics. **Revista RG News**, v. 2, p. 2, 2016.
- GOSWAMI, M. *et al.* Applications of molecular markers in fruit crops: A review. **International Journal of Economic Plants**, v. 9, n. 2, p. 121-126, 2022.
- HALEEM, A. *et al.* Deciphering pleiotropic signatures of regulatory SNPs in *Zea mays* L. using multi-omics data and machine learning algorithms. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 23, n. 9, p. 5121, 2022.
- JOSHI, D. C. *et al.* Revisiting the versatile buckwheat: reinvigorating genetic gains through integrated breeding and genomics approach. **Planta**, v. 250, p. 783-801, 2019.
- KARST, S. M. *et al.* High-accuracy long-read amplicon sequences using unique molecular identifiers with Nanopore or PacBio sequencing. **Nature Methods**, v. 18, n. 2, p. 165-169, 2021.
- KUMAR, S. *et al.* Abiotic stress resistance breeding in omics and climate change era: a review. **Annals of Horticulture**, v. 15, n. 1, p. 138-144, 2022.
- LEI, L. *et al.* Combined gene family characterization and RNA-Seq to study the response of β -ketoacyl-CoA synthase to abiotic stress in rice (*Oryza sativa* L.). **Plant Growth Regulation**, v. 95, n. 1, p. 97-110, 2021.
- LI, S.; XIA, L. Precise gene replacement in plants through CRISPR/Cas genome editing technology: current status and future perspectives. **Abiotech**, v. 1, n. 1, p. 58-73, 2020.
- LIANG, Z. *et al.* Adenine methylation: new epigenetic marker of DNA and mRNA. **Molecular Plant**, v. 11, n. 10, p. 1219-1221, 2018.
- LIMA DANTAS, H. L. *et al.* How to perform an integrative review: systematization of the scientific method. **Revista Recien-Revista Científica de Enfermagem**, v. 12, n. 37, p. 334-345, 2022.
- LIU, Y. *et al.* DNA methylation-calling tools for Oxford Nanopore sequencing: a survey and human epigenome-wide evaluation. **Genome Biology**, v. 22, p. 1-33, 2021.
- LLATAS, M. N. S. *et al.* Genetic improvement in autogamous plants. **REBIOL**, v. 41, n. 1, p. 136-153, 2021.

LOHBAUER, C. Connected through the field and united for the future. **AgroANALYSIS**, v. 42, n. 10, p. 37-45, 2022.

LUCIBELLI, F. *et al.* Plant DNA methylation: an epigenetic mark in development, environmental interactions, and evolution. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 23, n. 15, p. 8299, 2022.

LUO, M. *et al.* Molecular dissection of maize seedling salt tolerance using a genome-wide association analysis method. **Plant Biotechnology Journal**, v. 19, n. 10, p. 1937-1951, 2021.

NADEEM, M. A. *et al.* DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. **Biotechnology & Biotechnological Equipment**, v. 32, n. 2, p. 261-285, 2018.

NIDHI, S. *et al.* Novel CRISPR-Cas systems: an updated review of the current achievements, applications, and future research perspectives. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 22, n. 7, p. 3327, 2021.

MA, S. *et al.* WheatOmics: A platform combining multiple omics data to accelerate functional genomics studies in wheat. **Molecular Plant**, v. 14, n. 12, p. 1965-1968, 2021.

MANIMEKALAI, R. *et al.* Sugarcane transcriptomics in response to abiotic and biotic stresses: a review. **Sugar Tech**, v. 24, n. 5, p. 1295-1318, 2022.

MARTINS, A. A. **Characterization of epigenetic diversity in sugarcane using MSAP (Methylation Sensitive Amplification Polymorphism)**. [s.l.]: [s.n.], 2018.

MARTINS, F. B. **Identification of contaminants and multi-omics analyses applied to molecular breeding of polyploid tropical forage grasses**. [s.l.]: [s.n.], 2022.

MARWAL, A.; GAUR, R. K. Molecular markers: tool for genetic analysis. In: **Animal Biotechnology**. [s.l.]: Academic Press, 2020, p. 353-372.

MEDEIROS, E. S. D.; LEANDRO, R. A. Hidden Markov model for genotype imputation of molecular markers. **Revista Brasileira de Biometria**, v. 37, n. 1, p. 107-120, 2019.

MIQUELONI, D. *et al.* Genome-wide selection (GWS) and genome-wide association (GWAS) in forage improvement: conceptual approach, quantitative genetics, and applications. **Enciclopédia Biosfera**, v. 16, n. 30, 2019.

MOREIRA, L. M. (Org.). **Genomic Sciences: Fundamentals and Applications**. 1. ed. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 2015. 403 p.

OLIVEIRA, A. J. *et al.* Key molecular markers. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 15, p. e562101523633, 2021.

OLIVEIRA, N. M. Revisiting classical regional development theories. **Informe Gepec**, v. 25, n. 1, p. 203-219, 2021.

OLIVEIRA SANTOS, T.; ROCHA, L. Í. R. Contributions of plant breeding to food production: economic and sustainable aspects. **Revista Univap**, v. 22, n. 40, p. 453, 2016.

PAREJO FARNÉS, C. *et al.* An approach to epigenetic ecology in plants. **Ecosistemas**, v. 28, n. 1, p. 69-74, 2019.

PEREIRA, W. J. **Differential DNA methylation patterns at the genomic scale in *Eucalyptus* clones under variable environments**. [s.l.]: [s.n.], 2021.

PETERSEN, L. M. *et al.* Third-generation sequencing in the clinical laboratory: exploring the advantages and challenges of nanopore sequencing. **Journal of Clinical Microbiology**, v. 58, n. 1, p. 10-1128, 2019.

PREY, L. *et al.* UAV-based estimation of grain yield for plant breeding: applied strategies for optimizing the use of sensors, vegetation indices, growth stages, and machine learning algorithms. **Remote Sensing**, v. 14, n. 24, p. 6345, 2022.

REEL, P. S. *et al.* Using machine learning approaches for multi-omics data analysis: A review. **Biotechnology Advances**, v. 49, p. 107739, 2021.

REHMAN, R. S. *et al.* CRISPR-Cas mediated genome editing: A paradigm shift towards sustainable agriculture and biotechnology. **Asian Plant Research Journal**, v. 9, n. 1, p. 27-49, 2022.

ROCHA, J. E. C. *et al.* Artificial intelligence in the annual improvement of eucalyptus hybrids for defoliation and tip drying. **Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais**, v. 12, n. 7, p. 61-71, 2021.

SANTOS, A. F. *et al.* Evolution of studies on holocentric chromosomes: a literature review. **Research, Society and Development**, v. 11, n. 17, p. e213111739082, 2022.

SANTOS FAGUNDES, D. G.; CAGLIARI, A. RNA sequencing as a tool for gene identification and characterization in agronomic crops. **Revista Eletrônica Científica da UERGS**, v. 5, n. 3, p. 271-279, 2019.

SANTOS PUGA, M. E.; ATALLAH, A. N. What editors, reviewers, researchers, and librarians need to know about PRESS, MECIR, PRISMA, AMSTAR tools for improving methodological quality in literature search. **Diagnóstico e Tratamento**, v. 25, n. 4, p. 131-137, 2020.

SHAH, P. *et al.* Current technological interventions and applications of CRISPR/Cas for crop improvement. **Molecular Biology Reports**, v. 49, n. 6, p. 5751-5770, 2022.

SERAFINI, S. *et al.* Aspects and peculiarities of commercial papaya (*Carica papaya* Linnaeus) production in Brazil: strategies for the future of the crop. **Research, Society and Development**, v. 10, n. 12, p. e544101220551, 2021.

SERROTE, C. M. L. *et al.* Determining the polymorphism information content of a molecular marker. **Gene**, v. 726, p. 144175, 2020.

- SILVA, T. L. C. D. **Phenomics and integration of transcriptomics and metabolomics in the analysis of *Gliricidia sepium* (Jacq.) Steud. and *Portulaca oleracea* L. responses to salt stress.** [s.l.]: [s.n.], 2021.
- SILVA, A. W. T. *et al.* Role of microRNAs in plant development: a review. **Revista Multidisciplinar em Saúde**, v. 2, n. 4, p. 10, 2021.
- SILVA OLIVEIRA, J. *et al.* Variability of selected matrices of *Passiflora quadrangularis* L. based on ISSR and RAPD markers. **Magistra**, v. 31, p. 490-501, 2020.
- SINGH, A. *et al.* Next-generation sequencing technologies: approaches and applications for crop improvement. In: **Genomics of Cereal Crops**. New York, NY: Springer US, 2022, p. 31-94.
- SMAIL, H. O.; MOHAMAD, D. A. Molecular approaches for the detection of DNA methylation. **Academic Journal of Nawroz University**, v. 11, n. 4, p. 452-463, 2022.
- SOBIECH, A. *et al.* Application marker-assisted selection (MAS) and multiplex PCR reactions in resistance breeding of maize (*Zea mays* L.). **Agriculture**, v. 12, n. 9, p. 1412, 2022.
- SOUZA, T. L. P. O. Use of molecular markers in plant breeding for nematode resistance. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE NEMATOLOGIA, 36, Caldas Novas. **Nematoides: da Ciência ao Campo**. [Anais, palestras e resumos]. Campinas: Infobibos, 2019.
- STATELLO, L. *et al.* Gene regulation by long non-coding RNAs and its biological functions. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, v. 22, n. 2, p. 96-118, 2021.
- SUBRAMANIAN, I. *et al.* Multi-omics data integration, interpretation, and its application. **Bioinformatics and Biology Insights**, v. 14, p. 1177932219899051, 2020.
- SUN, S. *et al.* Machine learning and its applications in plant molecular studies. **Briefings in Functional Genomics**, v. 19, n. 1, p. 40-48, 2020.
- TAY FERNANDEZ, C. G. *et al.* Pangenomes as a resource to accelerate breeding of under-utilized crop species. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 23, n. 5, p. 2671, 2022.
- TEIMOORI YANEH-SARI, A. *et al.* Canonical correlations between nanomechanical properties and some agronomic traits in sugar beet. **Journal of Agricultural Science and Technology**, v. 24, n. 5, p. 1205-1215, 2022.
- TIANQING, C. *et al.* Population structure of Chinese southwest wheat germplasms resistant to stripe rust and powdery mildew using the DArT-seq technique. **Ciencia Rural**, v. 48, n. 4, p. 7, 2018.
- TOPPA, E. V. B.; JADOSKI, C. J. Use of molecular markers in plant breeding. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 12, n. 1, p. 1-5, 2013.

TURCHETTO-ZOLET, A. C. *et al.* **Molecular Markers in the Genomics Era: Methodologies and Applications**. 1. ed. Ribeirão Preto, SP: Sociedade Brasileira de Genética, 2017. 181 p.

UFFELMANN, E. *et al.* Genome-wide association studies. **Nature Reviews Methods Primers**, v. 1, n. 1, p. 59, 2021.

ULASZEWSKI, B. *et al.* Comparative analysis of SNP discovery and genotyping in *Fagus sylvatica* L. and *Quercus robur* L. using RADseq, GBS, and ddRAD methods. **Forests**, v. 12, n. 2, p. 222, 2021.

USHA, T. *et al.* Whole-genome sequencing of plants: past, present, and future. In: **Plant Genomics for Sustainable Agriculture**. Singapore: Springer Nature, 2022, p. 191-239.

WAGHMARE, V. N. Cotton breeding. In: **Fundamentals of Field Crop Breeding**. Singapore: Springer Nature, 2022, p. 609-676.

WANG, N. *et al.* Applications of genotyping-by-sequencing (GBS) in maize genetics and breeding. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 16308, 2020.

YALI, W. Molecular markers: their importance, types, and applications in modern agriculture. **Agriculture, Forestry and Fisheries**, v. 9, n. 4, p. 8-14, 2022.

YAN, S. *et al.* Recent advances in proteomics and metabolomics in plants. **Molecular Horticulture**, v. 2, n. 1, p. 17, 2022.

ZHANG, W. *et al.* Histone modification dynamics at H3K27 are associated with altered transcription of in planta induced genes in *Magnaporthe oryzae*. **PLoS Genetics**, v. 17, n. 2, e1009376, 2021.

ZHAO, L. *et al.* Analysis of transcriptome and epitranscriptome in plants using PacBio Iso-Seq and nanopore-based direct RNA sequencing. **Frontiers in Genetics**, v. 10, p. 253, 2019.

CAPÍTULO 10

PARÂMETROS GENÉTICOS E PREDIÇÃO DE VALORES GENOTÍPICOS DE LINHAGENS DE ARROZ IRRIGADO EM CAMPOS DOS GOYTACAZES

GENETIC PARAMETERS AND PREDICTION OF GENOTYPIC VALUES OF IRRIGATED RICE IMBRED LINES IN CAMPOS DOS GOYTACAZES

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.10>

Submetido em: 15/04/2025

Revisado em: 24/04/2025

Publicado em: 25/04/2025

Maxwel Rodrigues Nascimento

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/8609015173005661>

Rogério Figueiredo Daher

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/0190530879188803>

Ana Kesia Faria Vidal

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/7023035795229169>

Josefa Grasiela Silva Santana

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/6595004772286179>

Moisés Ambrósio

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/5878111118210460>

Rafael Souza Freitas

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/4936198130928883>

André Filipe Diniz de Souza

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/1447527340026698>

Genival Ferreira dos Santos Junior

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/5962412536275481>

Josilene Vargas Xavier

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/2723243991308627>

Silvino Amorim Neto

Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro, Centro Estadual de
Pesquisa em Agropecuária e Aproveitamento de Resíduos, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/6404385455530611>

Resumo

O arroz é um cereal de suma importância por ser fonte de carboidratos, proteínas, vitaminas e minerais para mais da metade da população mundial. Devido a sua importância, o arroz é cultivado anualmente em cerca de 168 milhões de hectares em todo o mundo, sendo que a maior parte da produção advém do continente asiático. O objetivo desse trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos envolvidos em caracteres agronômicos de genótipos de arroz cultivados em condição de várzea, a fim de identificar as linhagens de melhor desempenho. Foram avaliados 20 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea, sendo 15 linhagens desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão e cinco cultivares

designadas testemunhas, no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2018/2019. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições. Foram estimados ciclo de florescimento, altura de planta e produtividade de grãos. As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos mistos via REML (*Restriction Maximum Likelihood*) / BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). Com base nos resultados estimados, a cultivar BRS Pampeira foi a melhor classificada, sendo, para efeito de seleção, a mais indicada para o cultivo no município de Campos dos Goytacazes.

Palavras-Chave: *Oriza sativa* L., herdabilidade, modelos mistos, REML/BLUP, valor de cultivo e uso

Abstract

Rice is an extremely important cereal because it is a source of carbohydrates, proteins, vitamins and minerals for more than half of the world's population. Due to its importance, rice is cultivated annually in approximately 168 million hectares worldwide, with most of the production coming from the Asian continent. The objective of this study was to estimate the genetic parameters and predict the genotypic values involved in agronomic traits of rice genotypes grown in floodplain conditions, in order to identify the best performing lines. Twenty rice genotypes grown in floodplain conditions were evaluated, 15 inbred lines developed by Embrapa Rice and Beans and five cultivars designated as controls, in the municipality of Campos dos Goytacazes, in the 2018/2019 harvest. The design was in randomized blocks with four replications. The flowering cycle, plant height and grain yield were estimated. The estimates of variance components and genetic parameters were obtained by the mixed model methodology via REML (*Restriction Maximum Likelihood*) / BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). Based on the estimated results, the cultivar BRS Pampeira was the best classified, being, for selection purposes, the most suitable for cultivation in the municipality of Campos dos Goytacazes.

Keywords: *Oriza sativa* L., heritability, mixed models, REML/BLUP, cultivation value and use

Introdução

O arroz é uma excelente fonte de energia, devido à alta concentração de carboidratos, principalmente amido, fornecendo também proteínas, vitaminas e minerais, além de possuir baixo teor de lipídios, constituindo-se em um alimento importante para o equilíbrio alimentar e nutricional na alimentação saudável (Walter *et al.*, 2008).

O arroz é um cereal pertencente à ordem Glumiflorae, família Poaceae, gênero *Oryza* o qual é composto de 23 espécies (Khush, 1997). Atualmente existem duas espécies cultivadas, *Oryza sativa* L., que é cultivada em todo os continentes e *Oryza glaberrima* Steud, que tem o seu cultivo restrito ao oeste da África. O número básico de cromossomos do gênero *Oryza* é 12 e há várias espécies tetraploides com $2n=4x=48$ cromossomos. A diferença entre as espécies que compõem esse gênero é a classificação quanto aos seus seis distintos genomas: A, B, C, D, E e F. As espécies *O. sativa* L. e *O. glaberrima* Steud., pertencem ao grupo com genoma A, o qual é composto por oito espécies, todas diploides ($2n=2x=24$ cromossomos) (Khush, 1997).

Atualmente o arroz é um dos cereais mais produzidos e consumidos no mundo, caracterizando-se como principal alimento para mais da metade da população mundial. É

cultivado anualmente em cerca de 168 milhões de hectares em todo o mundo (FAO, 2025), sendo que, a maior parte da produção, cerca de 90%, ocorre no continente asiático, cujo sistema básico de cultivo é o irrigado (FAO, 2025).

Entre os países com maior produção, destaca-se a Índia, com 206,7 milhões de toneladas, seguida pela China, com 206,6 milhões de toneladas e Bangladesh com 58,6 milhões de toneladas (FAO, 2024) na safra de 2023. Enquanto o Brasil é o décimo primeiro produtor mundial e o primeiro fora do continente asiático, sendo que no mesmo período o país produziu 10,6 milhões de toneladas em 1,6 milhão de hectares (CONAB, 2025). Entre as regiões brasileiras, a região Sul destaca-se como a principal produtora de arroz, com 8,4 milhões de toneladas em 1 milhão de hectares, seguida da região Norte, com produção de 1,1 milhão de toneladas em 230,4 mil hectares e da região Centro-Oeste que produziu 537,2 mil toneladas em 132,6 mil hectares (CONAB, 2025).

No cultivo de arroz, segundo Borém e Rangel (2015), são considerados dois ecossistemas: de várzeas e o de terras altas. No ecossistema de várzea, o cultivo pode ser feito tanto em várzea sistematizada, com controle da lâmina de água, como em várzea úmida não sistematizada, inundadas pela água da chuva ou pela elevação do lençol freático. Já no ecossistema de terras altas o cultivo é realizado por sistema sem irrigação, onde as chuvas e as enchentes dos rios são as únicas fontes de água disponíveis para o desenvolvimento das plantas, podendo também ter irrigação suplementar por aspersão sempre que necessário. Além disso, este último ecossistema de cultivo é caracterizado pela condição aeróbica de desenvolvimento da raiz da planta, ao passo que, sob condições de solo inundado, a consequente criação de uma condição anaeróbica implica uma série de transformações que influenciam não só o desenvolvimento da planta de arroz como também a absorção de nutrientes e o manejo do solo (Borém e Rangel, 2015).

A maior parcela da produção de arroz do Brasil é proveniente do ecossistema várzeas, onde a orizicultura irrigada é responsável por 92% da produção nacional, sendo considerada um estabilizador da safra nacional, uma vez que não é tão dependente das condições climáticas como no cultivo de sequeiro. A participação gaúcha na produção nacional de arroz na última safra (CONAB, 2024) foi de 69%, toda oriunda de áreas de várzeas, tornando o estado do Rio Grande do Sul o maior produtor nacional. Já em relação à orizicultura de sequeiro, destacam-se os estados do Maranhão, Mato Grosso e Piauí que juntos produziram cerca de 70% do arroz de sequeiro do país. Por fim, a produção do estado Rio de Janeiro, considerado o terceiro maior centro consumidor de gêneros alimentícios do país, produziu, no mesmo período, cerca de 800 toneladas de arroz, sendo

500 toneladas colhidos em áreas de várzeas oriundas, majoritariamente, do município de Macaé. Uma das soluções para o aumento da produção é o uso de novas cultivares com ampla adaptação às diversas condições de cultivo e elevado potencial produtivo.

O melhoramento genético da cultura do arroz tem sido fundamental para o cultivo da espécie no país, em razão da disponibilização de cultivares produtivas, com ampla adaptação às diversas condições de cultivo e elevada aceitação pelo mercado consumidor. Prova disso, nos últimos trinta anos, a produtividade saltou de 2,2 para 6,8 t ha⁻¹, resultando em um incremento de 210%, enquanto que a área cultivada reduziu-se em 66% (CONAB, 2024). Mesmo apresentando um incremento na produtividade, o rendimento ainda é baixo quando comparado à países como Austrália (11,1 t ha⁻¹), Uruguai (9,3 11,1 t ha⁻¹) e Egito (9,0 11,1 t ha⁻¹) (FAO, 2024).

Na fase final do desenvolvimento de uma nova cultivar, é realizado inúmeras avaliações, em campo, de linhagens em rede nacional, com o estabelecimento de parcerias, por meio dos ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), de modo que as linhagens candidatas a cultivares tenham valor agrônômico comprovado em condições de cultivo, cujas normas são elaboradas pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA).

A utilização dos modelos mistos, via REML/BLUP, nas avaliações de genótipos mais promissores em programas de melhoramento genético de plantas, permite estimativas mais precisas, principalmente quando se trata de experimentos com dados desbalanceados (Resende, 2016). O BLUP, melhor predição linear não viciada, permite o uso simultâneo de várias fontes de informação, como aquelas advindas de vários experimentos instalados em ou vários locais (Resende, 2007). O REML, máxima verossimilhança restrita ou residual, permite estimar os componentes de variância, e se torna superior ao método de análise de variância (ANOVA) em situação dedados desbalanceados (Resende, 2007).

Com isso, o presente estudo teve como objetivo estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos envolvidos em caracteres agrônômicos de genótipos de arroz cultivados em condição de várzea, a fim de identificar as linhagens de melhor desempenho.

Metodologia

No ano de 2018 foi instalado um experimento de valor de cultivo e uso (VCU) com 20 genótipos de arroz (Tabela 1), cultivados em condição de várzea, sendo 15

linhagens desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão e 5 cultivares designadas testemunhas (BRS A702 CL, BRS Catiana, BRS Pampeira, IRGA 424 e SCS 122 Muíra). O ensaio foi instalado na época das águas, com semeadura realizada no dia 15 de novembro de 2018 e colheita no dia 30 de abril de 2019, no Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) da Empresa de Pesquisa Agropecuária do estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO), situada no município de Campos dos Goytacazes (Figura 1).

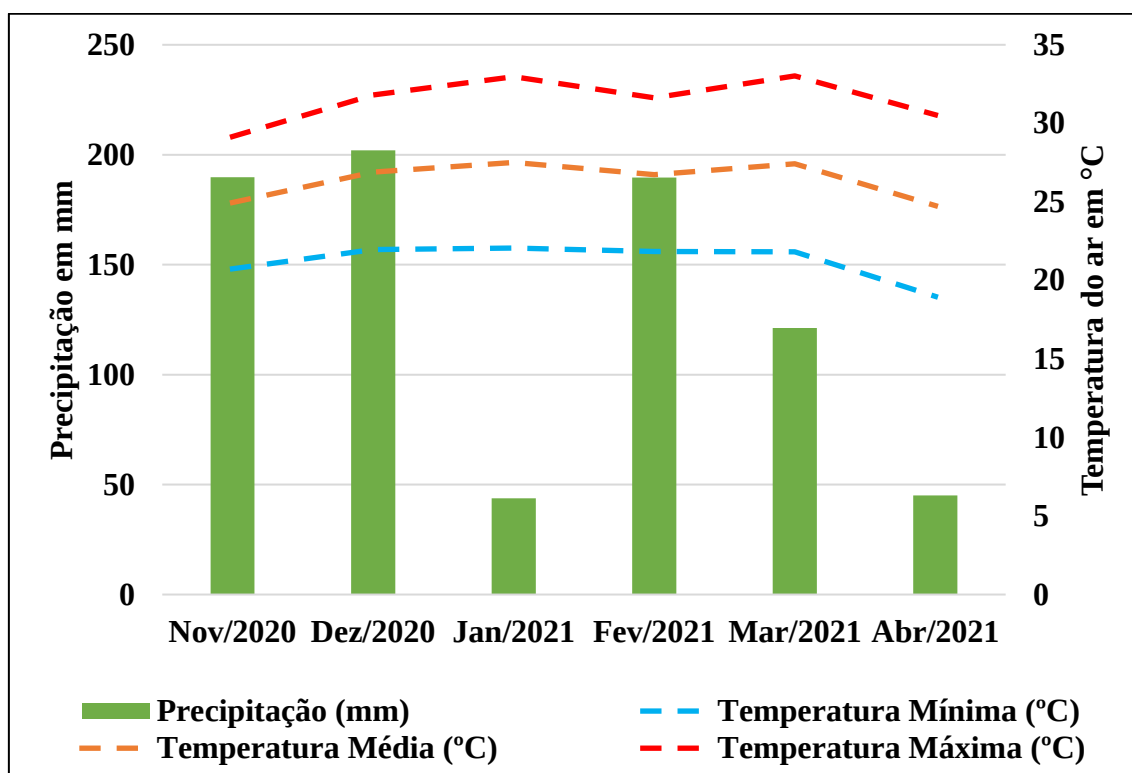
Tabela 1: Relação dos 20 genótipos de arroz quanto ao tipo e origem cultivados em condição de várzea no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2018/2019.

Ordem	Genótipos	Tipo	Origem
1	BRS Catiana	Cultivar	Embrapa
2	BRS Pampeira	Cultivar	Embrapa
3	BRS A702 CL	Cultivar	Embrapa
4	IRGA 424	Cultivar	IRGA
5	AB 161253-RH	Linhagem	Embrapa
6	AB 161255-RH	Linhagem	Embrapa
7	AB 161256-RH	Linhagem	Embrapa
8	AB 14739	Linhagem	Embrapa
9	AB 14826	Linhagem	Embrapa
10	AB 151158	Linhagem	Embrapa
11	AB 161203	Linhagem	Embrapa
12	AB 161227	Linhagem	Embrapa
13	AB 161229	Linhagem	Embrapa
14	AB 161235	Linhagem	Embrapa
15	AB 161236	Linhagem	Embrapa
16	AB 181097-RH	Linhagem	Embrapa
17	AB 181098-RH	Linhagem	Embrapa
18	AB 181106-RH	Linhagem	Embrapa
19	AB 181107-RH	Linhagem	Embrapa
20	SCS 122 Miura	Linhagem	Epagri

O delineamento estatístico utilizado foi em blocos casualizados com quatro repetições, totalizando 120 parcelas. Cada parcela experimental foi constituída de 8 linhas de 5,0 metros de comprimento, espaçadas em 0,17 metros entre si. A área útil avaliada correspondeu a seis linhas centrais de cada unidade experimental, desprezando-se 0,5 m acima e abaixo de cada linha, formando-se área útil de 4,08 m². Além da característica de produtividade de grãos, obtida pelo peso total da parcela transformado em kg ha⁻¹, avaliou-se também o ciclo de florescimento, no qual corresponde ao número total de dias

transcorridos da semeadura até o atingimento de 50% das panículas floridas e altura de plantas, quantificado pela distância média, em centímetros, entre a superfície do solo até a extremidade da panícula do perfilho mais alto.

Figura 1: Temperatura média mínima (°C), temperatura média máxima (°C) e precipitação acumulada em mm durante a avaliação do experimento envolvendo 20 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2018/2019.



Fonte: Agritempo (2025)

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos mistos REML (*Restriction Maximum Likelihood*)/BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), utilizando-se o programa SELEGEN (Resende, 2007), modelo 96 (blocos ao acaso, teste de genótipos não-aparentados, uma planta por parcela ou média de parcelas) denotado na forma matricial por: $y = X_r + Z_g + e$, em que y é o vetor de dados observados conhecidos, r é o vetor de efeitos de repetições desconhecidos (assumidos como fixos), g é o vetor dos efeitos genotípicos desconhecidos (assumidos como aleatórios), e , o vetor de erros (aleatórios) e X e Z , matrizes de incidência para os referidos efeitos (Resende, 2002), sendo $g \sim N(0, G)$, $e \sim N(0, R)$, $E_{(y)} =$

X_r e $V_{(y)} = ZGZ' + R$. G é a matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos genéticos e R é a matriz de variâncias e covariâncias dos erros. Para esse modelo, as equações de modelos mistos são (Resende, 2002):

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1} + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

Para avaliar a significância dos efeitos aleatórios do modelo foi construído o teste da razão da Verossimilhança (LRT). Para os efeitos fixos, um teste F aproximado pode ser usado. Tal análise denomina-se “Análise de Deviance” (ANADEV). Esse teste é então obtido pela diferença entre as deviances do modelo sem o efeito a ser testado e com o modelo completo e a existência de significância dessa diferença é comparada com o teste do Qui-quadrado com 1 grau de liberdade (Tabela 2).

Resultados e Discussão

Na Tabela 2, verificou-se através da análise de deviance (Tabela 2) que os efeitos de genótipos foram significativos, pelo teste de Qui-quadrado a 5% de probabilidade, para produtividade de grãos (PROD) e ciclo de florescimento (FLOR), e que seus respectivos efeitos genotípicos explicaram 18% e 35% da variação total, conforme o coeficiente de determinação (h_g^2) (Tabela 3). Já em relação à altura de planta (ALT), não se constatou diferença significativa, sendo assim, qualquer um dos genótipos aqui estudados pode ser recomendado para o cultivo.

Tabela 2: Resumo da análise de deviance para os caracteres ciclo de florescimento (FLOR), em dias, altura de planta (ALT), em cm, e produtividade de grãos (PROD), em kg ha⁻¹, de 20 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2018/2019.

Componentes de variância (REML individual)	FLOR	ALT	PROD
σ_g^2	1,22	0,06	254.214,61
σ_e^2	2,23	10,51	1.121.031,60
σ_f^2	3,45	10,56	1.375.246,21
h_g^2	0,35 ± 0,19	0,01 ± 0,02	0,18 ± 0,14
h_{mg}^2	0,69	0,02	0,48
Acclon	0,83	0,15	0,69
CVgi%	10,44	0,23	8,15
CVe%	14,1	3,09	17,12
CVr	0,74	0,07	0,48
Média Geral	105,83	104,85	6.183,83

* ** para níveis de significância de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente; ns, não significativo.

A obtenção de estimadores e preditores em modelos mistos é realizada por processos iterativos. Para se iniciar o processo iterativo, foi fornecido o valor inicial para herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais (h_g^2) igual a 0,10, como sugerido por Resende (2007). Com o processamento, foram obtidos os resultados de componentes de variância genotípica e residual (V_g e V_e , respectivamente); variância fenotípica individual (V_f); herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h_g^2); herdabilidade da média de genótipo (h_{mg}^2); acurácia da seleção de genótipos (Acclon); coeficiente de variação genotípica (CVgi%); coeficiente de variação residual – ambiental (CVe%) e coeficiente de variação relativa ($CVr = \frac{CVg}{CVe}$), contidos na Tabela 3.

Tabela 3: Resumo da análise de deviance para os caracteres ciclo de florescimento (FLOR), em dias, altura de planta (ALT), em cm, e produtividade de grãos (PROD), em kg ha⁻¹, de 20 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2018/2019.

Componentes de variância (REML individual)	FLOR	ALT	PROD
σ_g^2	1,22	0,06	254.214,61
σ_e^2	2,23	10,51	1.121.031,60
σ_f^2	3,45	10,56	1.375.246,21
h_g^2	0,35 ± 0,19	0,01 ± 0,02	0,18 ± 0,14
h_{mg}^2	0,69	0,02	0,48
Acclon	0,83	0,15	0,69
CVgi%	10,44	0,23	8,15
CVe%	14,1	3,09	17,12
CVr	0,74	0,07	0,48
Média Geral	105,83	104,85	6.183,83

σ_g^2 : variância genotípica; σ_e^2 : variância residual; σ_f^2 : variância fenotípica individual; h_g^2 : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h_{mg}^2 : herdabilidade da média de genótipos; Acclon: acurácia da seleção de genótipos; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: coeficiente de variação residual – ambiental; $CVr = \frac{CVg}{CVe}$: coeficiente de variação relativa.

O valor fenotípico corresponde aos valores obtidos nas avaliações de campo, que são influenciadas pelos efeitos genotípico e ambiental. Nesse sentido, o somatório da variância genotípica e residual resulta na variância fenotípica individual. No presente estudo, a dispersão residual (efeito ambiental) entre parcelas representou em 64,64% e 81,51% (FLOR e PROD, respectivamente) do valor fenotípico (Tabela 3), sendo assim,

a seleção dos genótipos superiores com base nesses caracteres é possível, porém é onerosa, uma vez que o efeito ambiental se sobressai em relação ao efeito genotípico.

Os coeficientes de variação residual (CVe%) apresentaram variação entre 3,09% a 17,12 %, superando os valores dos coeficientes de variação genotípica (CVgi%), considerando-se o delineamento estatístico para as características aqui estudadas (Tabela 3). Valores desta natureza para CVe%, como também para outros parâmetros estatísticos, são comuns quando se avaliam culturas cultivadas em campo, em que o controle ambiental é dificultado (Nascimento *et al.*, 2023).

Segundo Vencovsky (1987), o coeficiente de variação relativa (CVr) quantifica a proporção da variabilidade genética em relação à variabilidade ambiental. Valores de CVr iguais a 1 ou mais, tem-se uma situação muito favorável à seleção. No presente estudo, nenhum dos caracteres apresentaram relação acima de 1, o que torna a seleção de genótipos dispendiosa para tais características.

A acurácia evidencia alta precisão das inferências das médias genotípicas pois, de acordo com Resende (2002), esta tem a propriedade de informar sobre o correto ordenamento das cultivares para fins de seleção e, também, sobre a eficácia da inferência acerca do valor genotípico da cultivar, sendo uma correlação entre os valores genotípicos preditos e os verdadeiros. De acordo com Resende & Duarte (2007), a acurácia pode ser classificada em baixa (as > 0,50), moderada ($0,50 > as < 0,70$), alta ($0,70 < as < 0,90$) e muito alta (as > 0,90). De acordo com a classificação de Resende e Duarte (2007), as acurácias estimadas no presente estudo (Tabela 3) estão com valores entre moderada (0,69), para o caractere PROD, e alta (0,83), para o caractere FLOR. Opondo-se a isso, o valor estimado para o caractere ALT foi considerado baixo (0,15), o que já era esperado uma vez que os valores estimados de herdabilidade, coeficiente de variação genotípica e variância genotípica foram baixas, caracterizando fixação genotípica (homozigose) para tal caractere.

A principal função da herdabilidade, segundo Falconer (1996), é seu papel preditivo, que expressa a confiabilidade do valor fenotípico como estimador do valor genotípico, de tal forma que quanto maior a herdabilidade maior o ganho genético por seleção. De acordo com Resende (2002), a herdabilidade pode ser classificada como baixa ($h < 0,15$), mediana ($0,15 < h < 0,50$) e alta ($h > 0,50$). Considerando tais classificações, os valores de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (Tabela 3) foram classificadas como mediana os caracteres PROD e FLOR (0,18 e 0,35, respectivamente) e baixa o caractere ALT (0,01). Já em relação à herdabilidade da média de genótipos

(Tabela 3) foi classificada como alta (0,69) o caractere FLOR, mediana (0,48) o caractere PROD e baixa (0,02) o caractere ALT. Quando a herdabilidade de uma característica é baixa, ela evidencia que grande parte da variação da característica é devido aos diferentes ambientes aos quais os genótipos estão sujeitos. Altos valores para a herdabilidade significa que as diferenças genéticas entre os genótipos são responsáveis, em grande parte, pela variação da característica (Cruz et al., 2012).

Valores genotípicos devem ser os preferíveis pelos melhoristas, pois são estes os verdadeiros valores a serem preditos. Valores de nova média são as previsões feitas pelo BLUP para os cultivos comerciais, ou seja, nesses cultivos os genótipos deverão produzir, em média, tais valores. Pela metodologia REML/BLUP o que realmente se estima e/ou se prediz são estes valores. Neste estudo, pode ser verificado que os valores genotípicos ($u+g$) foram bem próximos da nova média e vice-versa (Tabela 4 e Tabela 5).

Os ganhos preditos diante da seleção de genótipos de arroz encontrados variaram de 0,50% a 11,70%, para o caractere PROD, e de 0,06% a 2,06%, para o caractere FLOR (Tabela 4). O ganho em PROD da cultivar BRS Catiana foi o maior entre os genótipos, entretanto a cultivar apresentou um comportamento mais tardio em relação ao FLOR (Tabela 4).

Quanto menor o período que compreende a germinação até o início da floração das espiguetas do terço superior, menor será o ciclo e mais precoce será o genótipo (Borém e Rangel, 2015). Baseando-se no valor genotípico ($u+g$), 60% dos genótipos apresentaram FLOR abaixo da média, o que as tornam opção para precocidade (Tabela 4).

Genótipos que apresentam elevado potencial produtivo associado a um ciclo de florescimento precoce são mais desejados em programas de melhoramento. Neste contexto podemos selecionar os genótipos BRS Pampeira, AB 161253-RH e AB 161256-RH que apresentaram rendimentos superiores à média geral e ciclos fenológicos abaixo da média geral.

O caractere altura de planta, por não ter apresentado diferença significativa, não pode ser utilizado para ordenamento e seleção de genótipos superiores, uma vez que apresentaram uma variação ínfima entre o genótipo de maior e menor estatura. Neste cenário o ganho é praticamente nulo (Tabela 5). Entretanto, a altura média dos genótipos ficou abaixo de 105 cm, com base no valor genotípico ($u+g$), o que as tornam menos susceptíveis ao acamamento e/ou tombamento.

É importante salientar que a altura de plantas apresenta forte correlação positiva com acamamento e/ou tombamento, dando-se preferência a genótipos de menor estatura que apresentam maior resistência. No presente estudo não foi observado acamamento e/ou tombamento entre as plantas, o que indica que a altura média dos genótipos foi suficiente para manter as plantas eretas durante todo o ciclo da cultura.

Tabela 4: Ordenamento de genótipos, efeito genotípico predito (g), valor genotípico (u+g), ganho (%) e nova média para os caracteres produtividade de grãos (PROD), em kg ha⁻¹, e ciclo de florescimento (FLOR), em dias, de 20 genótipos de arroz cultivados no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2018/2019.

Nº	Genótipos	PROD					FLOR				
		Ordem	g	u+g	Ganho (%)	Nova média	Ordem	g	u+g	Ganho (%)	Nova média
1	BRS Catiana	2	723,74	6.907,56	11,70	6.907,56	1	2,18	108,01	2,06	108,01
2	BRS Pampeira	11	444,67	6.628,49	9,45	6.768,03	2	2,18	108,01	2,06	108,01
3	BRS A702 CL	7	426,36	6.610,18	8,60	6.715,41	15	0,81	106,63	1,63	107,55
4	IRGA 424	17	370,35	6.554,18	7,94	6.675,11	17	0,81	106,63	1,41	107,32
5	AB 161253-RH	20	302,22	6.486,05	7,33	6.637,29	6	0,29	106,12	1,18	107,08
6	AB 161255-RH	8	253,95	6.437,77	6,80	6.604,04	5	0,12	105,95	1,01	106,89
7	AB 161256-RH	18	250,26	6.434,08	6,40	6.579,76	7	0,12	105,95	0,88	106,75
8	AB 14739	6	60,01	6.243,84	5,72	6.537,77	8	0,12	105,95	0,78	106,65
9	AB 14826	1	16,97	6.200,79	5,12	6.500,33	3	-0,22	105,60	0,67	106,54
10	AB 151158	19	-48,31	6.135,51	4,53	6.463,85	9	-0,22	105,60	0,58	106,44
11	AB 161203	14	-55,56	6.128,26	4,03	6.433,34	10	-0,22	105,60	0,51	106,37
12	AB 161227	12	-84,46	6.099,37	3,58	6.405,51	16	-0,22	105,60	0,45	106,30
13	AB 161229	10	-170,55	6.013,28	3,10	6.375,34	20	-0,40	105,43	0,39	106,24
14	AB 161235	4	-208,24	5.975,59	2,64	6.346,78	14	-0,40	105,43	0,33	106,18
15	AB 161236	16	-247,71	5.936,11	2,19	6.319,40	4	-0,57	105,26	0,28	106,12
16	AB 181097-RH	15	-270,19	5.913,64	1,78	6.294,04	13	-0,57	105,26	0,23	106,06
17	AB 181098-RH	5	-317,39	5.866,43	1,38	6.268,89	18	-0,74	105,09	0,17	106,01
18	AB 181106-RH	13	-427,38	5.756,44	0,92	6.240,42	19	-0,74	105,09	0,12	105,95
19	AB 181107-RH	3	-428,81	5.755,02	0,50	6.214,87	12	-1,08	104,74	0,06	105,89
20	SCS 122 Miura	9	-589,92	5.593,90	0,00	6.183,83	11	-1,25	104,57	0,00	105,83

Tabela 5: Ordenamento de genótipos, efeito genotípico predito (g), valor genotípico (u+g), ganho (%) e nova média para o caractere de altura de planta (ALT), em cm, de 20 genótipos de arroz cultivados no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2018/2019.

Ordem	Genótipos	g	u + g	Ganho (%)	Nova Média
1	AB 161256-RH	0,08	104,93	0,08	104,93
2	AB 181097-RH	0,06	104,91	0,07	104,92
3	AB 161253-RH	0,03	104,88	0,06	104,91
4	AB 14826	0,03	104,88	0,05	104,90
5	AB 181106-RH	0,03	104,88	0,05	104,90
6	BRS Pampeira	0,02	104,87	0,04	104,89
7	AB 161203	0,01	104,86	0,04	104,89
8	AB 181107-RH	0,01	104,86	0,03	104,88
9	AB 161229	0,00	104,85	0,03	104,88
10	AB 14739	-0,01	104,84	0,03	104,88
11	IRGA 424	-0,01	104,84	0,02	104,87
12	AB 151158	-0,01	104,84	0,02	104,87
13	AB 161227	-0,01	104,84	0,02	104,87
14	AB 161255-RH	-0,02	104,83	0,01	104,86
15	BRS A702 CL	-0,02	104,83	0,01	104,86
16	SCS 122 Miura	-0,02	104,83	0,01	104,86
17	BRS Catiana	-0,03	104,82	0,01	104,86
18	AB 181098-RH	-0,03	104,82	0,01	104,86
19	AB 161235	-0,04	104,81	0,00	104,85
20	AB 161236	-0,06	104,79	0,00	104,85

Considerações Finais

O procedimento REML/BLUP apresentou-se altamente eficiente na classificação e no ordenamento dos genótipos para os caracteres de produtividade de grãos e ciclo de florescimento.

Pela metodologia dos modelos mistos via REML/BLUP, a cultivar BRS Pampeira foi a melhor classificada, sendo, para efeito de seleção, a mais indicada para o cultivo no município de Campos dos Goytacazes.

Agradecimentos

À Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO) pela implantação e condução do Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU), cuja dedicação e comprometimento foram fundamentais para o desenvolvimento deste trabalho. Também agradecemos também à EMBRAPA pelo envio das linhagens de arroz utilizadas na implantação do VCU.

Referências

- AGRITEMPO. **Sistema de Monitoramento Agrometeorológico**. Disponível em: <https://www.agritempo.gov.br/br/>. Acesso em: 01 abr. 2025
- BORÉM A.; RANGEL, P. H. N. **Arroz do plantio à colheita**. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2015. 242 p.
- CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Safra Brasileira de Grãos**. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras>. Acesso em 01 abr. 2025.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 512 p.
- FALCONER, D. S.; MAKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. Harlow: Longman, 1996. 464 p.
- FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Statistics Division – FAOSAT**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acesso em: 01 abr. 2025.
- KHUSH, G. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. **Plant Molecular Biology**, v. 35, n. 1, p. 25-34, 1997. Doi: <http://dx.doi.org/10.1023/A:1005810616885>.
- NASCIMENTO, M. R.; SANTOS, P. R.; COSTA, A. F.; DAHER, R. F.; OLIVEIRA, T. R. A.; SOUZA, A. G.; COSTA, K. D. S.; SILVA, K. R. G.; ARAÚJO, E. R.; SANTANA, S. R. A.; SILVA, J. W. Genotypic selection of pre-cultivars of carioca and early carioca beans for the Agreste-Sertão of Pernambuco, Brazil. **Ciência Rural**, v. 53, n. 6, p. 1-8, 2023. Doi: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20220031>.
- RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.
- RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362 p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016. Doi: <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

VENCOVSKY, R. 1987. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2 ed. Campinas, Fundação Cargill. pp. 137-214.

WALTER, M.; MARCHEZAN, E.; AVILA, L. A. Arroz: composição e características nutricionais. **Ciência Rural**, v. 38, n. 4, p. 1184-1192, 2008. Doi: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782008000400049>.

CAPÍTULO 11

PERFORMANCE GENOTÍPICA DE LINHAGENS DE ARROZ IRRIGADO EM CAMPOS DOS GOYTACAZES VIA MODELOS MISTOS

GENOTYPIC PERFORMANCE OF IRRIGATED RICE IMBRED LINES IN CAMPOS DOS GOYTACAZES VIA MIXED MODELS

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.11>

Submetido em: 15/04/2025

Revisado em: 24/04/2025

Publicado em: 25/04/2025

Maxwel Rodrigues Nascimento

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/8609015173005661>

Rogério Figueiredo Daher

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/0190530879188803>

Josefa Grasiela Silva Santana

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/6595004772286179>

Moisés Ambrósio

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/5878111118210460>

Ana Kesia Faria Vidal

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/7023035795229169>

Rafael Souza Freitas

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/4936198130928883>

Genival Ferreira dos Santos Junior

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/5962412536275481>

André Filipe Diniz de Souza

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/1447527340026698>

Josilene Vargas Xavier

Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e
Tecnologias Agropecuárias, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/2723243991308627>

Silvino Amorim Neto

Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro, Centro Estadual de
Pesquisa em Agropecuária e Aproveitamento de Resíduos, Campos dos Goytacazes-RJ

<http://lattes.cnpq.br/6404385455530611>

Resumo

O arroz é considerado um alimento base na dieta alimentar de mais da metade da população mundial. Seu cultivo ocorre anualmente em cerca de 168 milhões de hectares em todo o mundo, sendo que a maior parte está situada no continente asiático. Atualmente, o Brasil é o décimo primeiro maior produtor de arroz do mundo, destacando-se como o maior fora do continente asiático. O objetivo desse trabalho foi estimar os parâmetros genéticos e prever os valores genotípicos envolvidos em caracteres agrônômicos de genótipos de arroz cultivados em condição de várzea, a fim de identificar as linhagens de melhor desempenho. Foram avaliados 13 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea, sendo sete linhagens desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão e seis cultivares designadas testemunhas, no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021. O delineamento foi em blocos casualizados com quatro repetições. Foram estimados

ciclo de florescimento, altura de planta e produtividade de grãos. As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos mistos REML (*Restriction Maximum Likelihood*) / BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). As análises estatísticas foram geradas pelo modelo 96 do software SELEGEN – REML/BLUP. Com base nas características avaliadas, a cultivar BRS A702 CL e a linhagem AB 181045 foram indicadas para o cultivo no município de Campos dos Goytacazes.

Palavras-Chave: *Oryza sativa* L., linhagens, parâmetros genéticos, valor genotípico, REML/BLUP

Abstract

Rice is considered a staple food in the diet of more than half of the world's population. It is cultivated annually on approximately 168 million hectares worldwide, most of which are located in Asia. Currently, Brazil is the eleventh largest rice producer in the world, standing out as the largest outside Asia. The objective of this study was to estimate the genetic parameters and predict the genotypic values involved in agronomic traits of rice genotypes grown in floodplain conditions, in order to identify the best performing lines. Thirteen rice genotypes grown in floodplain conditions were evaluated, seven imbred lines developed by Embrapa Rice and Beans and six cultivars designated as controls, in the municipality of Campos dos Goytacazes, in the 2020/2021 harvest. The design was in randomized blocks with four replications. Flowering cycle, plant height, and grain yield were estimated. The estimates of variance components and genetic parameters were obtained by the mixed model methodology REML (*Restriction Maximum Likelihood*) / BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*). Statistical analyses were generated by model 96 of the SELEGEN – REML/BLUP software. Based on the evaluated characteristics, the cultivar BRS A702 CL and the imbred line AB 181045 were indicated for cultivation in the municipality of Campos dos Goytacazes.

Keywords: *Oryza sativa* L., lines, genetic parameters, genotypic value, REML/BLUP

Introdução

O arroz é um vegetal da família Poaceae (Gramineae), subfamília Oryzoideae, tribo Oryzea, gênero *Oryza* que apresenta 23 espécies, dentre essas apenas duas são cultivadas, *O. sativa* L. em todo o mundo e *O. glaberrima* Steud, apenas no oeste da Ásia e da África (Khush, 1997). A espécie *O. sativa* L. é uma planta autógama e de acordo com Silva et al. (2005) pode apresentar taxa de cruzamento natural de até 3%, dependendo do genótipo e das condições do ambiente.

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais de maior importância social e econômica para o mundo, sendo responsável pela alimentação de dois terços da população mundial, fornecendo aproximadamente 20% de energia e 15% da proteína necessária ao ser humano (Silveira et al., 2010).

Segundo o último levantamento da Organização das Nações Unidas para Alimentação e Agricultura – FAO, a produção mundial de arroz foi de 800 milhões de toneladas, sendo que 90% deste montante foi produzido no continente asiático (FAO, 2025). O Brasil é o décimo primeiro maior produtor mundial de arroz e o maior produtor fora do continente asiático. De acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB, o país produziu na última safra 10,6 milhões de toneladas em 1,6 milhão de

hectares, o que resultou em 6.588 kg ha⁻¹ de rendimento (CONAB, 2025). A produtividade do Brasil, mesmo sendo superior a vários países asiáticos, está abaixo de países como a Tajiquistão (9.874 kg ha⁻¹), Austrália (9.516 kg ha⁻¹), Uruguai (9.338 kg ha⁻¹) e Egito (8.716 kg ha⁻¹) e Estados Unidos da América (8.573 kg ha⁻¹) (FAO, 2025).

A orizicultura brasileira é conduzida sob quatro sistemas básicos de cultivo, em dois ecossistemas: várzeas e terras altas (Borém e Rangel, 2015). No ecossistema de várzeas, o cultivo pode ser feito tanto em várzeas sistematizadas, com controle da lâmina de água, como em várzeas úmidas não sistematizadas, inundadas pela água da chuva ou pela elevação do lençol freático (Borém e Rangel, 2015). Enquanto que no ecossistema de terras altas, o cultivo é realizado por sistema sem irrigação, onde as chuvas e as enchentes dos rios são as únicas fontes de água disponíveis para o desenvolvimento das plantas, podendo também ter irrigação suplementar por aspersão sempre que necessário (Borém e Rangel, 2015).

Um dos principais desafios dos programas de melhoramento genético do arroz irrigado é desenvolver cultivares que apresentem alto potencial produtivo, com características agrônômicas que atendam a demanda do consumidor em relação aos padrões industriais e culinários dos grãos. Para isso, é feita a avaliação, nos ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), das linhagens-elites candidatas ao lançamento como novas cultivares. Em vista disso, os ensaios de VCU constituem a última etapa de avaliação de linhagens para lançamento e/ou recomendação de cultivares para uma determinada região ou unidade da federação (Chiorato et al., 2015).

A predição dos valores genéticos dos vários materiais submetidos à seleção tem grande importância para o melhoramento genético, já sua predição necessita de componentes de variância conhecidos, e como isto não é possível, têm-se utilizado estimativas destes componentes, ambos associados a um modelo linear misto, o qual contém um efeito fixo, além da média geral e efeitos aleatórios, além do erro (Resende, 2007).

A avaliação genotípica compreende a estimação de componentes de variância (parâmetros genéticos) e a predição dos valores genotípicos. As estimativas dos parâmetros genéticos tais quais a herdabilidade e correlações genéticas são fundamentais para o delineamento de eficientes estratégias de melhoramento para uma determinada cultura (Resende, 2007).

Segundo Resende (2016), o método considerado ótimo e utilizado na estimação dos componentes de variância é o REML (Método da Máxima Verossimilhança Restrita

– *Restriction Maximum Likelihood*), e o procedimento para a predição dos valores genéticos é o BLUP (Melhor Predição Linear Não Viesada – *Best Linear Unbiased Prediction*).

A consideração dos efeitos de tratamentos como aleatórios é essencial ao melhoramento genético, uma vez que esta é a única forma de fazer seleção genética. Caso contrário a seleção é apenas fenotípica e não genética, visto que a única forma de se eliminar os efeitos ambientais residuais embutidos nos dados fenotípicos é por meio do efeito *shrinkage* ou multiplicação do valor fenotípico corrigido por uma função da herdabilidade do caráter sob seleção, uma das propriedades do estimador REML/BLUP (Resende, 2007).

A utilização de modelos mistos já é realizada com frequência em plantas anuais como feijão carioca (Souza et al., 2018), feijão caupi (Cruz et al., 2021), algodão (Silva et al., 2022), milho (Nascimento et al., 2023) e plantas perenes como eucalipto (Oliveira et al., 2021), café (Carias et al., 2014), citros (Capistrano, et al., 2021) e caju (Maia et al., 2009).

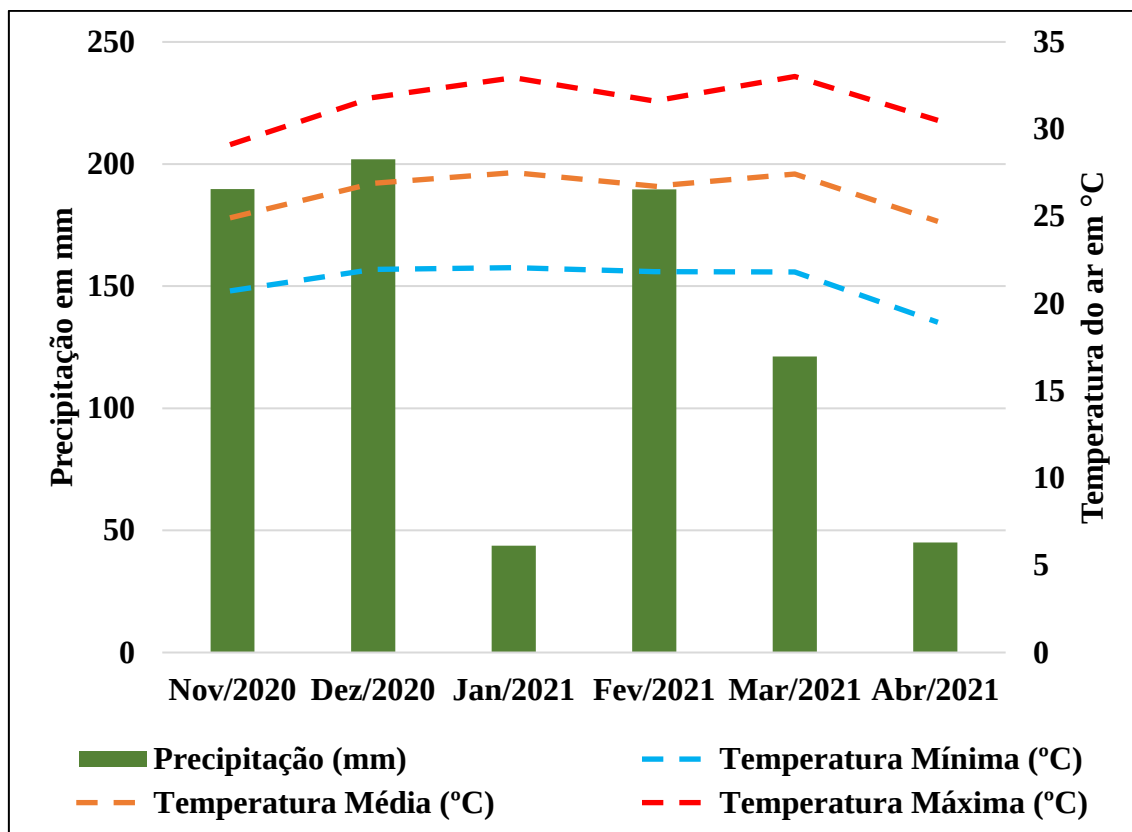
Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi aplicar a metodologia REML/BLUP com enfoque de modelos mistos, em arroz irrigado, a fim de se classificar e se selecionar as melhores linhagens.

Metodologia

O experimento foi instalado na área experimental do Centro Estadual de Pesquisa em Agroenergia e Aproveitamento de Resíduos (CEPAAR) da Empresa de Pesquisa Agropecuária do estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO), situada no município de Campos dos Goytacazes sob as coordenadas 21°44'47'' de latitude sul, 41°18'24'' de longitude oeste e 11 m de altitude.

Os dados meteorológicos foram obtidos da estação automática agrometeorológica, localizada próximo à área experimental. A Figura 1 apresenta os valores mensais de precipitação pluvial e temperatura do ar referentes ao período da condução do experimento (novembro de 2020 a abril de 2021). Durante os seis meses de condução do experimento, foi registrada uma precipitação pluvial acumulada de 791,4 mm. Já em relação à temperatura, os valores estão na faixa de 21,2 a 31,5 °C.

Figura 1: Temperatura média mínima (°C), temperatura média máxima (°C) e precipitação acumulada em mm durante a avaliação do experimento envolvendo 20 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021.



Fonte: Agri tempo (2025)

O experimento foi instalado na forma de ensaio de valor de cultivo e uso (VCU) com 13 genótipos de arroz (Tabela 1) cultivados em condição de várzea, sendo sete linhagens desenvolvidas pela Embrapa Arroz e Feijão e seis cultivares designadas testemunhas (BRS Catiana, BRS Pampeira, BRS A702 CL, BRS A704, BRS A705 e SCS 120 Ônix). O ensaio foi instalado na época das águas, com semeadura realizada no dia 30 de novembro de 2020 e a colheita realizada no dia 24 de abril de 2021.

Tabela 1: Relação dos 13 genótipos de arroz quanto ao tipo e origem cultivados em condição de várzea no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021.

Nº	Genótipos	Tipo	Origem
1	BRS Catiana	Cultivar	Embrapa
2	BRS Pampeira	Cultivar	Embrapa
3	BRS A702 CL	Cultivar	Embrapa
4	BRS A704	Cultivar	Embrapa
5	BRS A705	Cultivar	Embrapa
6	SCS 120 Ônix	Cultivar	Epagri
7	AB 171267	Linhagem	Embrapa
8	AB 171275	Linhagem	Embrapa
9	AB 181009	Linhagem	Embrapa
10	AB 181045	Linhagem	Embrapa
11	AB 181056	Linhagem	Embrapa
12	SC806	Linhagem	Epagri/Embrapa
13	AE 153045	Linhagem	Embrapa

O delineamento estatístico utilizado foi em blocos casualizados com quatro repetições, totalizando 52 parcelas. Cada parcela experimental foi constituída de 8 linhas de 5,0 metros de comprimento, espaçadas em 0,17 metros entre si. A área útil avaliada correspondeu a seis linhas centrais de cada unidade experimental, desprezando-se 0,5 m acima e abaixo de cada linha, formando-se área útil de 4,08 m². Além da característica de produtividade de grãos, obtida pelo peso total da parcela transformado em kg ha⁻¹, avaliou-se também o ciclo de florescimento, no qual corresponde ao número total de dias transcorridos da semeadura até o atingimento de 50% das panículas floridas e altura de plantas, quantificado pela distância média, em centímetros, entre a superfície do solo até a extremidade da panícula do perfilho mais alto.

As estimativas de componentes de variância e parâmetros genéticos foram obtidas pela metodologia de modelos mistos REML (*Restriction Maximum Likelihood*)/BLUP (*Best Linear Unbiased Prediction*), utilizando-se o programa SELEGEN (Resende, 2007), modelo 96 (blocos ao acaso, teste de genótipos não-aparentados, uma planta por parcela ou média de parcelas) denotado na forma matricial por: $y = X_r + Z_g + e$, em que y é o vetor de dados observados conhecidos, r é o vetor de efeitos de repetições desconhecidos (assumidos como fixos), g é o vetor dos efeitos genotípicos desconhecidos (assumidos como aleatórios), e , o vetor de erros (aleatórios) e X e Z , matrizes de incidência para os referidos efeitos (Resende, 2002), sendo $g \sim N(0, G)$, $e \sim N(0, R)$, $E_{(y)} = X_r$ e $V_{(y)} = ZGZ' + R$. G é a matriz de variâncias e covariâncias dos efeitos genéticos e R

é a matriz de variâncias e covariâncias dos erros. Para esse modelo, as equações de modelos mistos são (Resende, 2002):

$$\begin{pmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1} + G^{-1} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \hat{r} \\ \hat{g} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} X'R^{-1}y \\ Z'R^{-1}y \end{pmatrix}$$

Para avaliar a significância dos efeitos aleatórios do modelo foi construído o teste da razão da Verossimilhança (LRT). Para os efeitos fixos, um teste F aproximado pode ser usado. Tal análise denomina-se “Análise de Deviance” (ANADEV). Esse teste é então obtido pela diferença entre as deviances do modelo sem o efeito a ser testado e com o modelo completo e a existência de significância dessa diferença é comparada com o teste do Qui-quadrado com 1 grau de liberdade (Tabela 2).

Resultados e Discussão

A análise de deviance (Tabela 2) foi realizada para identificar diferença significativa entre os genótipos para os caracteres avaliados. Para o efeito de genótipos foi observado diferença significativa, pelo teste de Qui-quadrado a 5% de probabilidade, para todas as características, o que indicou a existência de uma variabilidade entre os genótipos de arroz avaliados.

Tabela 2: Resumo da análise de deviance para os caracteres ciclo de florescimento (FLOR), em dias, altura de planta (ALT), em cm, e produtividade de grãos (PROD), em kg ha⁻¹, de 13 genótipos de arroz cultivados em condição de várzea no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021.

Efeito	FLOR		ALT		PROD	
	Deviance	LRT	Deviance	LRT	Deviance	LRT
Genótipos	263,34	81,3*	253,52	31,47*	765,72	31,37*
Modelo completo	182,04	-	222,05	-	734,35	-

* ** para níveis de significância de 5 e 1% de probabilidade, respectivamente; ns, não significativo.

A obtenção de estimadores e preditores em modelos mistos é realizada por processos iterativos. Para se iniciar o processo iterativo, foi fornecido o valor inicial para herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais (h_g^2) igual a 0,10, como sugerido por Resende (2007). Com o processamento, foram obtidos os resultados de componentes de variância genotípica e residual (V_g e V_e , respectivamente); variância fenotípica individual (V_f); herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h_g^2); herdabilidade da média de genótipo (h_{mc}^2); acurácia

da seleção de genótipos (Acclon); coeficiente de variação genotípica (CVgi%); coeficiente de variação residual – ambiental (CVe%) e coeficiente de variação relativa ($CVr = \frac{CVg}{CVe}$), contidos na Tabela 3.

O valor fenotípico corresponde aos valores obtidos nas avaliações de campo, que são influenciadas pelos efeitos genotípico e ambiental. Nesse sentido, o somatório da variância genotípica e residual resulta na variância fenotípica individual. No presente estudo, os efeitos genotípicos explicaram 71,43%, 71,52% e 93,30 (PROD, ALT e FLOR, respectivamente) a variação total, conforme o coeficiente de determinação (h_g^2), sendo assim, a seleção dos genótipos superiores com base nesses caracteres é facilitada, uma vez que os efeitos ambientais são facilmente controláveis (Tabela 3).

Tabela 3: Estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres ciclo de florescimento (FLOR), em dias, altura de plantas (ALT), em cm, e produtividade de grãos (PROD), em kg ha⁻¹, de 13 genótipos de arroz cultivados no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021.

Componentes de variância (REML individual)	FLOR	ALT	PROD
σ_g^2	66,90	41,79	1.798.279,09
σ_e^2	4,80	16,64	719.098,09
σ_f^2	71,70	58,43	2.517.377,18
h_g^2	0,93 ± 0,38	0,72 ± 0,33	0,71 ± 0,33
h_{mg}^2	0,98	0,91	0,91
Acclon	0,99	0,95	0,95
CVgi%	8,48	6,63	23,83
CVe%	2,27	4,19	15,07
CVr	3,73	1,58	1,58
Média Geral	96,40	97,44	5.626,23

σ_g^2 : variância genotípica; σ_e^2 : variância residual; σ_f^2 : variância fenotípica individual; h_g^2 : herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais; h_{mg}^2 : herdabilidade da média de genótipos; Acclon: acurácia da seleção de genótipos; CVgi%: coeficiente de variação genotípica; CVe%: variação residual – ambiental; $CVr = \frac{CVg}{CVe}$: coeficiente de variação relativa.

A presença de variabilidade genética pode ser confirmada e quantificada pelo coeficiente de variação genotípica (CVgi%), que expressa a magnitude da variação genética em relação à média do caráter. Os valores estimados foram de 6,63%, 8,48% e 23,83% para os caracteres ALT, FLOR e PROD, respectivamente (Tabela 3). De acordo com Sebbenn *et al.* (1998), os CVgi% acima de 7% são considerados altos, sendo assim,

apenas o caractere flor apresentou valor inferior a esta referência, mas, em contrapartida, o valor foi superior ao coeficiente de variação residual.

Os caracteres ALT e PROD apresentaram valores de coeficiente de variação relativa (CVr), expresso pela razão entre o coeficiente de variação genotípica e o coeficiente de variação experimental, acima de 1,0 (1,59 e 1,58, respectivamente) (Tabela 3). Segundo Vencovsky (1978), valores de CVr iguais ou acima da unidade favorecem à seleção com base nos valores fenotípicos.

A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos que mais contribuem para o trabalho do melhorista. Diz respeito à proporção relativa das influências genéticas e ambientais na manifestação fenotípica das características e indica o grau de facilidade ou dificuldade para melhorar determinada característica. A herdabilidade expressa a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético; por esta razão, entra em quase todas as fórmulas relacionadas com métodos de melhoramento, e muitas decisões práticas sobre procedimentos a serem usados dependem de sua magnitude como estratégias de seleção para um determinado caráter na população (Falconer, 1987).

Quanto maior o coeficiente de herdabilidade, maior o sucesso de uma seleção para um dado caráter, o que resulta numa relação positiva entre alta herdabilidade e eficácia seletiva (Van Vleck, 1993). De acordo com Resende (2002), a herdabilidade pode ser classificada como baixa ($h < 0.15$), mediana ($0.15 < h < 0.50$) e de alta magnitude ($h > 0.50$).

As estimativas de herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo (h_g^2) e da média dos genótipos (h_{mg}^2) foram consideradas altas segundo a classificação proposta por Resende (2002). Neste contexto, elevados valores de herdabilidade significa que as diferenças genéticas entre os genótipos são responsáveis, em grande parte, pela variação da característica, o que torna mais exíguo a seleção dos melhores genótipos (Cruz et al., 2012).

A avaliação conjunta dos coeficientes de variação genotípica e experimental é refletida na estatística da acurácia seletiva. De acordo com Resende & Duarte (2007), a acurácia seletiva pode ser classificada em baixa ($as > 0,50$), moderada ($0,50 > as < 0,70$), alta ($0,70 < as < 0,90$) e muito alta ($as > 0,90$). As acurácias seletivas estimadas para todos os caracteres foram consideradas muito altas, o que indica ótima qualidade experimental e, portanto, segurança na seleção de genótipos superiores quanto aos caracteres avaliados (Tabela 3).

Valores genotípicos devem ser os preferíveis pelos melhoristas, pois são estes os verdadeiros valores a serem preditos. Valores de nova média são as predições feitas pelo BLUP para os cultivos comerciais, ou seja, nos cultivos comerciais os genótipos deverão produzir, em média, tais valores. Pela metodologia REML/BLUP o que realmente se estima e/ou se prediz são estes valores. Neste estudo, pode ser verificado que os valores genotípicos ($u+g$) são bem próximos da nova média e vice-versa (Tabela 4 e Tabela 5).

Tabela 4: Ordenamento de genótipos, efeito genotípico predito (g), valor genotípico (u+g), ganho (%) e nova média para os caracteres produtividade de grãos (PROD), em kg ha⁻¹, e ciclo de florescimento (FLOR), em dias, de 13 genótipos de arroz cultivados no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021.

Ordem	Genótipos	PROD				Genótipos	FLOR			
		g	u + g	Ganho (%)	Nova Média		g	u + g	Ganho (%)	Nova Média
1	BRS A704	2.079,84	7.706,07	36,97	7.706,07	BRS A705	13,36	109,76	13,85	109,76
2	BRS Pampeira	1.585,28	7.211,51	32,57	7.458,79	AB 171275	6,48	102,88	10,29	106,32
3	BRS Catiana	1.225,27	6.851,50	28,97	7.256,36	BRS Catiana	5,01	101,41	8,59	104,68
4	AB 181045	983,22	6.609,45	26,10	7.094,63	BRS Pampeira	3,53	99,94	7,36	103,50
5	AB 171267	386,84	6.013,08	22,25	6.878,32	BRS A704	3,53	99,94	6,62	102,79
6	BRS A702 CL	312,75	5.938,98	19,47	6.721,77	AB 171267	3,53	99,94	6,13	102,31
7	AB 171275	-11,57	5.614,66	16,66	6.563,61	SC806	3,53	99,94	5,78	101,97
8	SC806	-78,39	5.547,84	14,40	6.436,64	BRS A702 CL	2,55	98,95	5,38	101,59
9	AB 181009	-467,04	5.159,19	11,88	6.294,70	AB 181045	1,32	97,73	4,94	101,16
10	BRS A705	-859,09	4.767,14	9,17	6.141,94	SCS 120 Ônix	-9,24	87,17	3,49	99,76
11	AE 153045	-1.342,51	4.283,72	6,16	5.973,01	AB 181009	-9,24	87,17	2,30	98,62
12	AB 181056	-1.798,89	3.827,34	2,99	5.794,21	AE 153045	-9,24	87,17	1,31	97,66
13	SCS 120 Ônix	-2.015,71	3.610,52	0,00	5.626,23	AB 181056	-15,13	81,27	0,00	96,40

Os ganhos preditos diante da seleção de genótipos de arroz encontrados variaram de 2,99% a 36,97%, para o caractere PROD, e de 1,31% a 13,85%, para o caractere FLOR, e de 0,71% a 11,95%, para ALT (Tabela 4 e Tabela 5). Quanto a produtividade de grãos, característica de maior interesse em programas de melhoramento, destacam-se as cultivares BRS A704 e BRS Pampeira que apresentaram ganhos superiores a 30%, no entanto as mesmas apresentaram ALT superiores a 103 cm e FLOR acima de 100 dias (Tabela 4 e Tabela 5).

Tabela 5: Ordenamento de genótipos, efeito genotípico predito (g), valor genotípico (u+g), ganho (%) e nova média para o caractere de altura de planta (ALT), em cm, de 13 genótipos de arroz cultivados no município de Campos dos Goytacazes, na safra 2020/2021.

Ordem	Genótipos	g	u + g	Ganho (%)	Nova Média
1	BRS Pampeira	11,65	109,09	11,95	109,09
2	AB 171275	8,01	105,45	10,09	107,27
3	BRS A704	6,87	104,32	9,08	106,29
4	AB 171267	4,15	101,59	7,87	105,11
5	BRS Catiana	3,24	100,68	6,96	104,22
6	AB 181045	-1,54	95,90	5,54	102,84
7	AB 181056	-1,99	95,45	4,45	101,78
8	AB 181009	-2,90	94,54	3,52	100,88
9	AE 153045	-4,04	93,40	2,67	100,05
10	SCS 120 Ônix	-4,04	93,40	1,99	99,38
11	BRS A702 CL	-4,27	93,17	1,41	98,82
12	SC806	-6,77	90,67	0,71	98,14
13	BRS A705	-8,36	89,08	0,00	97,44

Por ocasião do florescimento, a planta de arroz atinge sua máxima estatura. Tal caractere está diretamente relacionado com o ciclo da cultura. Quanto menor o período que compreende a germinação até o início da floração das espiguetas do terço superior, menor será o ciclo e mais precoce será o genótipo. No presente estudo, cerca de 30% dos genótipos apresentaram FLOR abaixo de 100 dias, o que as tornam opção para precocidade (Tabela 4).

A altura apresenta forte correlação positiva com acamamento, dando preferência a cultivares de arroz de menor porte que apresentam maior resistência ao acamamento. Cerca de 60% dos genótipos avaliados apresentaram médias inferiores a 103,0 cm, o que

as tornam menos susceptíveis ao acamamento, principalmente em regiões de alta incidência de ventos fortes (Tabela 5).

Genótipos que apresentam elevado potencial produtivo associado a um ciclo de florescimento precoce e menor estatura são mais desejados em programas de melhoramento. Neste contexto podemos selecionar os genótipos AB 181045 e BRS A702 CL que apresentaram PROD superiores à média geral, ALT inferiores a 103 cm e FLOR próximos a 100 dias

Considerações Finais

O procedimento REML/BLUP apresentou-se altamente eficiente na classificação e no ordenamento dos genótipos para todas as características avaliadas.

Pela metodologia dos modelos mistos, via REML/BLUP, a cultivar BRS A702 CL e a linhagem AB 181045 foram indicadas, para efeito de seleção, para o cultivo no município de Campos dos Goytacazes.

Agradecimentos

À Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro (PESAGRO-RIO) pela implantação e condução do Ensaio de Valor de Cultivo e Uso (VCU), cuja dedicação e comprometimento foram fundamentais para o desenvolvimento deste trabalho. Também agradecemos também à EMBRAPA pelo envio das linhagens de arroz utilizadas na implantação do VCU.

Referências

AGRITEMPO. **Sistema de Monitoramento Agrometeorológico**. Disponível em: <https://www.agritempo.gov.br/br/>. Acesso em: 01 abr. 2025.

BORÉM A.; RANGEL, P. H. N. **Arroz do plantio à colheita**. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2015. 242 p.

CAPISTRANO, M. C.; ANDRADE NETO, R. C.; SANTOS, V. B.; LESSA, L. S.; RESENDE, M. D. V.; MESQUITA, A. G. G.; GURGEL, F. L. Use of the REML/BLUP methodology for the selection of sweet orange genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 56, e. 02032, p. 1-11, 2021. Doi: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2021.v56.02032>.

CARIAS, C. M. O. M.; TOMAZ, M. A.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A.; FERRÃO, R. G.; GONÇALVES, L. S. A. Grain yield of coffee conilon different

maturity groups by REML / BLUP. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 35, n. 2, p. 707-718, 2014. Doi: <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2014V35N2P707>.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BOSETTI, F.; SASSERON, G. R.; LOPES, R. L. T.; AZEVEDO, C. V. G. Common bean genotypes for agronomic and market-related traits in VCU trials. **Scientia Agricola**, v. 72, n. 1, p. 34-40, 2015. Doi: <https://doi.org/10.1590/0103-9016-2013-0172>.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Safra Brasileira de Grãos**. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras>. Acesso em 01 abr. 2025.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 2012. 512 p.

CRUZ, D. P.; GRAVINA, G. A.; VIVAS, M.; SOUZA, Y. P.; ROCHA, R. S.; JAEGGI, M. E. P. C.; ALBUQUERQUE, D. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; GRAVINA, L. M.; ROCHA, M. M.; SILVA, R. K. G. Combined selection for adaptability, genotypic stability and cowpea yield from mixed models. *Ciência Rural*, v. 51, n. 9, p. 1-12, 2021. Doi: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200540>.

FALCONER, D. S.; MAKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. Harlow: Longman, 1996. 464 p.

FAO – Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Statistics Division – FAOSAT**. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acesso em: 01 abr. 2025.

KHUSH, G. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice. **Plant Molecular Biology**, v. 35, n. 1, p. 25-34, 1997. Doi: <http://dx.doi.org/10.1023/A:1005810616885>.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. M. Simultaneous selection for genotypic production, adaptability, and stability in cashew clones by mixed models. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

NASCIMENTO, L. O.; SANTOS, V. B.; MESQUITA, F. R.; COSTA, J. S.; LIMA, A. F. B.; CRUZ, C. D.; RESENDE, M. D. V. Genetic parameters and prediction of genotypic values via REML/BLUP in families of half-sibs of traditional maize. *Scientia Naturalis*, v. 5, n. 2, p. 509-523, 2023. Doi: <https://doi.org/10.54033/cadpedv21n12-223>.

OLIVEIRA, L. G. M.; MARQUES, A.; LOPES, E. D.; GONÇALVES, J. F.; MARTINS, N. S.; PENA, C. A. A.; ARBEX, D. C.; LAIA, M. L. Productivity, adaptability and genotypic stability of clones of *Eucalyptus* spp. and *Corymbia* spp. in different plant spacing. **Scientia Forestalis**, v. 49, n. 131, p. 1-16, 2021. Doi: <https://doi.org/10.18671/scifor.v49n131.21>.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 975 p.

RESENDE, M. D. V. **Software SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 362 p.

RESENDE, M. D. V. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, n. 4, p. 330-339, 2016. Doi: <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

SEBBENN, A. M.; SIQUEIRA, A. C. M. F.; KAGEYAMA, P. Y.; MACHADO, J. A. R. Parâmetros genéticos na conservação da cabreúva – *Myroxylon peruiferum* L.F. Allemão. **Scientia Forestalis**, n. 53, p. 31-38, 1998.

SILVA, E. H. C.; CANDIDO, W. S.; SANTOS, L. S. Identifying cotton genotypes resistant to *Meloidogyne incognita* race 3 using Blup. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 52, e. 70515, p. 1-6, 2022.

SILVEIRA, R. D. D.; SANTOS, K. F. D. N.; DIDONET, C. C. G. M.; DIDONET, A. D.; BRONDANI, C. Storage proteins in accessions of a rice core collection. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 12, p. 1441-1447, 2010. Doi: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2010001200015>.

SOUZA, Y. P.; SANTOS, P. R.; NASCIMENTO, M. R.; COSTA, K. D. S.; LIMA, T. V.; OLIVEIRA, T. R. A.; COSTA, A. F.; PEREIRA, H. S.; SILVA, J. W. Assessing the genotypic performance of carioca beans through mixed models. **Ciência Rural**, v. 48, n. 07, p. 1-7, 2018. Doi: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170761>.

VAN VLECK, L. D. **Selection index and introduction to mixed models methods**. Boca Raton: CRC Press. 1993.

VENCOVSKY, R. 1987. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2 ed. Campinas, Fundação Cargill. pp. 137-214.

CAPÍTULO 12

APLICAÇÃO DE MICROALGAS E LEVEDURAS COMO BIOSSORVENTES DE CROMO HEXAVALENTE E CORANTES DE SOLUÇÕES MONOCOMPONENTES

APPLICATION OF MICROALGAE AND YEAST AS BIOSORBENTS OF HEXAVALENT CHROMIUM AND DYES OF MONOCOMPONENT SOLUTIONS

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.12>

Submetido em: 20/04/2025

Revisado em: 24/04/2025

Publicado em: 25/04/2025

Luiza de Oliveira Figueiredo

Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Escola Politécnica,
Porto Alegre-RS

<https://orcid.org/0009-0007-1962-8489>

Victor Mateus Juchem Salerno

Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Escola Politécnica,
Porto Alegre-RS

<https://orcid.org/0009-0008-4191-944X>

Allan Valcareggi Morcelli

Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Sul-rio-grandense (IFSul),
Departamento de Engenharia Química, Pelotas-RS

<https://orcid.org/0000-0002-5507-7473>

Resumo

As atividades industriais contribuem potencialmente à contaminação da água e dos solos quando não ocorre tratamento adequado dos efluentes produzidos. Neste contexto, as indústrias têxteis utilizam diversos corantes e as indústrias de curtume e de galvanoplastia liberam cromo hexavalente nos seus processos, de modo que devem tratar os efluentes que contêm estes resíduos, seguindo as diretrizes impostas pelos órgãos

fiscalizadores. Com este propósito, a utilização de materiais biológicos para a adsorção de corantes e cromo hexavalente se apresentam como alternativas importantes de tratamento. Esse trabalho avaliou o potencial do emprego de leveduras e microalgas no processo de adsorção dos corantes azul de metileno, vermelho de metila, alaranjado de metila, violeta cristal e do metal pesado cromo hexavalente. As biomassas de leveduras foram as que obtiveram os melhores resultados de remoção de adsorvato e capacidade de sorção em todos os efluentes sintéticos testados. Em particular, o uso de *Kluyveromyces marxianus* foi destacado na adsorção de violeta cristal, apresentando resultados comparáveis àqueles obtidos com carvão ativado ($90,3 \pm 0,5\%$ e $92,0 \pm 0,2\%$, respectivamente). Na adsorção de cromo hexavalente, destacou-se ainda o potencial do uso de biomassa de *Saccharomyces cerevisiae*, a qual alcançou adsorção significativamente superior ao carvão ativado ($95,9 \pm 0,3\%$ e $51,9 \pm 1,6\%$, respectivamente).

Palavras-Chave: microalgas, biossorção, corantes, cromo hexavalente.

Abstract

Industrial activities potentially contribute to the water and soil contamination when there is no treatment of the wastewater. In this context, the textile industries use different dyes, and the tannery and electroplating industries release hexavalent chromium in their processes, so they must treat this wastewater following the guidelines imposed by regulatory agencies. For this purpose, the use of biological materials for the adsorption of dyes and hexavalent chromium are presented as important treatment alternatives. This work evaluated the potential of using yeast and microalgae in the adsorption process of methylene blue, methyl red, methyl orange, crystal violet and the heavy metal hexavalent chromium. Yeast biomass obtained the best results in terms of adsorbate removal and sorption capacity in all synthetic effluents tested. In particular, the use of *Kluyveromyces marxianus* was highlighted in the adsorption of crystal violet, presenting results comparable to those obtained with activated carbon ($90.3 \pm 0.5\%$ and $92.0 \pm 0.2\%$, respectively). In the adsorption of hexavalent chromium, the potential of using biomass from *Saccharomyces cerevisiae* was also highlighted, which achieved significantly higher adsorption than activated carbon ($95.9 \pm 0.3\%$ and $51.9 \pm 1.6\%$, respectively).

Keywords: microalgae, biosorption, dyes, hexavalent chromium.

Introdução

Muitas indústrias são dependentes do meio ambiente e o que ele gera de recursos naturais para fornecimento de suas matérias-primas. A dependência desses recursos sem estratégias de planejamento sustentável ou de reposição, quando essa for possível, faz com que eles se tornem cada vez mais escassos devido ao seu esgotamento global (KALAITZI *et al.*, 2017). Desde 1970, a extração de recursos naturais mais que triplicou chegando a 92 bilhões de toneladas e há uma estimativa que até 2060 esse número possa chegar a 190 bilhões de toneladas (ONU, 2019).

Dependendo de suas produções, indústrias geram impactos ambientais a depender das diferentes categorias de resíduos em decorrências de seus processos. Se não tratados corretamente podem causar problemas irreversíveis tanto para os biomas, fauna e flora, quanto as pessoas que vivem no entorno das fábricas pela inviabilidade de recursos de necessidade humana, como a água por exemplo. A geração de efluentes com a presença de metais pesados é motivo de preocupação global por se tratar de elementos com altos índices de toxicidades. Com o aumento da utilização desses metais no contexto industrial,

esses elementos podem causar contaminações principalmente de águas e solos, aumentando os riscos de possíveis exposições humanas. As indústrias de galvanoplastia e de beneficiamento do couro são exemplos que geram esses efluentes com a presença desses metais (UBANDO *et al.*, 2020).

A indústria de galvanoplastia consiste no recobrimento de superfícies por meio de metais. É realizado por meio químico ou eletrolítico com o metal de interesse, por meio de soluções aquosas ou banho de metal fundido. Tem como objetivo aumentar as propriedades físicas e mecânicas de um material, metálico ou não, também conferindo proteção contra desgastes e corrosão. Algumas de suas aplicabilidades são o recobrimento de tubulações, utensílios domésticos e bijuterias. O processo galvânico é composto por duas etapas antes do recobrimento; a primeira delas é a etapa de desengraxe alcalino com o propósito de remoção de óleos e gorduras dispostas na superfície. A segunda etapa denominada decapagem, é a submersão da peça em soluções ácidas para a remoção de possíveis oxidações. Por fim, ocorre a etapa de aplicação de camadas metálicas sobre a peça. Todo esse processo gera efluentes líquidos com grandes quantidades de metais pesados dissolvidos (MOREIRA *et al.*, 2010).

Por sua vez, a indústria de beneficiamento do couro consiste em transformar a pele chamada de verde ou salgada em couro acabado, esse couro possui três classificações: sintético, mineral e vegetal. Esse processo é composto por operações químicas e mecânicas, com o objetivo de conferir resistência ao calor, a umidade e a deterioração microbiana da peça. Além do excessivo consumo de água e energia, os processos de curtimento geram uma grande quantidade de efluentes contaminados com pelos, sais, proteínas, corantes, óleos ácidos, sangue e principalmente o metal cromo tetravalente (TOSO *et al.*, 2021). O curtimento mineral utiliza cromo tetravalente na forma de sulfato básico de cromo, por razões de tempo de processo e qualidade do produto é a técnica mais utilizada no mundo. Os resíduos que resultam do processo de curtimento possuem alto teor de cromo, esse metal é muito prejudicial ao meio ambiente e ao ser humano em caso de exposição. Além do cromo, os metais alumínio cobre, manganês, níquel e titânio também são encontrados no efluente líquido bruto. O beneficiamento do couro também emite gases tóxicos, como amônia (FARIA *et al.*, 2015).

A indústria têxtil ocupa uma importante posição no cenário da economia, porém o alto consumo de água, principalmente nas etapas de tinturaria e acabamento, geram em torno de 50 a 100 litros de efluente por quilo de tecido produzido. O tingimento é o que mais causa preocupações devido a variedade de produtos químicos que são empregados

nessa etapa do processo. Devido ao alto grau de poluição que eles apresentam, os corantes são os compostos que mais geram estudos na área de tratamento de efluentes (ARSLAN-ALATON *et al.*, 2008). A remoção dos corantes sintéticos é um dos principais problemas encontrados pela não fixação completa dos corantes às fibras dos tecidos durante a etapa de tingimento. Esses corantes, quando não tratados de forma apropriada e lançados em rios e lagos, acabam por afetar a transparência das águas, limitando a passagem de radiação solar, resultando na diminuição da fotossíntese natural causando toxicidade desse ecossistema (HONORATO *et al.*, 2015). Eles também prejudicam a vida humana por serem considerados tóxicos, carcinogênicos e mutagênicos (ORTIZ *et al.*, 2015).

A biossorção é a acumulação e a concentração de poluentes ou partículas indesejadas, a partir de soluções que utilizem biomassa como biossorbente, recuperando a área ou o efluente contaminado. Essa biomassa pode ser classificada em viva ou não viva, elas se diferenciam no princípio de que com a biomassa viva, o processo pode ser viabilizado pelo metabolismo das células. Já quando a biomassa é não viva, esse processo ocorre na superfície da célula (VILLANUEVA *et al.*, 2016). No caso dos efluentes contendo metais pesados, os biossorbentes apresentam alta eficiência de remoção. Esse processo é reversível, podendo ser feita a regeneração da biomassa utilizada, recuperando o metal adsorvido com técnicas como dessorção, incineração ou formação de óxidos (MOREIRA *et al.*, 2010). Já no caso do efluente têxtil esses biossorbentes podem reduzir as concentrações dos corantes a níveis de parte por bilhão, se tornando uma nova abordagem para essas empresas (AKSU *et al.*, 2005a).

Com isso, a biossorção se apresenta como uma alternativa que pode ser empregada nos processos de remoção de metais pesados e corantes sintéticos de efluentes provenientes da indústria. É uma técnica que utiliza sólidos de origem vegetal ou microrganismos na retenção, remoção ou recuperação desses efluentes. Ela vem mostrando resultados positivos e economia em relação aos tratamentos convencionais que já são utilizados nesses efluentes (SILVA *et al.*, 2014). O uso de biomassas alternativas, como a fúngicas, leveduras e microalgas, vem sendo estudado para a aplicação em processos de retirada de metais pesados e de corantes sintéticos de efluentes industriais. Essa técnica com esses biossorbentes tem mostrado alta eficiência de remoção (ORTIZ *et al.*, 2015).

Este trabalho avaliou o potencial do emprego de leveduras e microalgas no processo de adsorção dos corantes azul de metileno, vermelho de metila, alaranjado de metila, violeta cristal e do metal pesado cromo hexavalente. Foram testadas as leveduras

Saccharomyces cerevisiae, *Saccharomyces boulardii* e *Kluyveromyces marxianus*, além das microalgas *Chlorella sorokiniana* e *Heterochlorella luteoviridis*, e a adsorção por carvão ativado foi utilizada como um controle para comparação com um processo convencional de adsorção de referência.

Metodologia

- **Materiais e reagentes**

Para os experimentos de adsorção de efluentes sintéticos com a presença de corantes, foram utilizadas seis variedades diferentes, sendo eles, respectivamente: azul de metileno (Merck, Alemanha), alaranjado de metila (Vetec Química Fina Ltda, Brasil), vermelho de metila (Synth, Brasil), todos eles no estado sólido, além do corante violeta cristal (New Prov, Brasil) em estado líquido. O carvão ativado utilizado apresentou granulometria de 1 – 2 mm (Dinâmica Química Contemporânea Ltda., Brasil). Para os experimentos de adsorção do cromo hexavalente foram utilizados os reagentes de dicromato de potássio (Synth, Brasil), ácido sulfúrico 6 N (Caal, Brasil), 1,5 difenilcarbazida (Neon Comercial, Brasil) e acetona (Dinâmica Química Contemporânea Ltda, Brasil).

- **Preparo de efluentes sintéticos e curvas de calibração**

O preparo de efluentes sintéticos com corantes constituiu na pesagem das massas dos corantes em uma balança analítica (BEL Engineering, Itália) e diluição em béquer contendo 1,5 litros de água deionizada. A composição de todos os efluentes sintéticos preparados foi padronizada para um valor de absorbância de 1,0, medido no respectivo comprimento de onda a cada corante (Gehaka, Modelo UV – 330G, Brasil). Teve-se por objetivo com este procedimento tornar os efluentes de diferentes corantes comparáveis entre si quanto ao impacto da cor neles desenvolvida e a potencial eutrofização causada por este efeito.

Foram realizadas adições sequenciais do reagente após pesagem ou medição de volume em pipeta graduada até atingir o valor alvo de absorbância lido no respectivo comprimento de onda. Para cada incremento de composição, registrou-se a quantidade adicionada e a absorbância resultante, de modo a construir curvas de calibração para quantificar cada pigmento. A preparação do efluente de cromo hexavalente se deu a partir do método colorimétrico da difenilcarbazida de acordo com as diretrizes da NBR 13738 (ABNT, 1996). Foi realizada a pesagem de dicromato de potássio em balança analítica

(BEL Engineering, Itália) e foram realizadas diluições com água deionizada, seguidas de ajuste do pH com uma solução de ácido sulfúrico 0,2 N (Caal, Brasil). Foi realizada a análise da solução no espectrofotômetro (Gehaka, Modelo UV – 330G, Brasil) a 540 nm.

- **Biomassa de leveduras e microalgas**

A biomassa de *Saccharomyces cerevisiae* foi adquirida da marca Dr. Oetker em forma de pó seco pela companhia Zaffari & Bourbon. A biomassa de *Chlorella sorokiniana* foi adquirida também em forma de pó, da marca Taiwan Chlorella Manufacturing CO Ltda, uma empresa especializada em cultivo de microalgas, por meio da representante e distribuidora local Pavversul (Flores da Cunha – RS). Por sua vez, a biomassa da microalga *Heterochlorella luteoviridis* e as biomassas das leveduras *Kluyveromyces marxianus* e *Saccharomyces boulardii* foram obtidas a partir do seu cultivo em laboratório.

- **Cultivo da microalga *Heterochlorella luteoviridis***

A microalga *Heterochlorella luteoviridis* foi cultivada em fotobiorreatores de placas planas do tipo *airlift* com aeração realizada por pedra difusora pelo fundo do fotobiorreator com uma vazão de 1 L min⁻¹ de ar comprimido filtrado por membrana de 0,22 µm (Midistart 2000, Sartorius Stedim Biotech, Alemanha) a partir de uma metodologia adaptada (JAESCHKE *et al.*, 2016). Em erlenmeyers de 250 mL com 100 mL de meio de cultivo, o inóculo foi cultivado sob agitação de 120 rpm e incidência de luz durante 7 dias (Tachibra, Brasil, 13 W, luz branca).

Após a inoculação, os cultivos foram iluminados artificialmente através de um painel composto por 12 lâmpadas eletrônicas. Foi utilizado o meio de cultivo f1/2 modificado com concentração NaNO₃ adaptada para 600mg L⁻¹ de fosfato (5g L⁻¹ de NaH₂PO₄.H₂O) e 1mL L⁻¹ de uma solução de metais-traço (9,8 mg L⁻¹ de CuSO₄.5H₂O, 22 mg L⁻¹ de ZnSO₄.7H₂O, 1 mg L⁻¹ de CoCl₂.6H₂O, 180 mg L⁻¹ de MnCl₂.H₂O, 6,3 mg L⁻¹ de Na₂MoO₄.2H₂O, 4,36 g L⁻¹ de Na₂EDTA e 3,15 g L⁻¹ de FeCl₃.6H₂O). Os frascos contendo meios de cultivo foram esterilizados em autoclave a 121 °C por 30 minutos.

O cultivo foi realizado em regime semicontínuo, ou seja, decorridos os 7 dias iniciais, a cada 48 horas metade do volume do fotobiorreator foi substituído por meio fresco. A cada 14 dias, um novo cultivo foi iniciado. O volume retirado do fotobiorreator foi centrifugado a 10.000 rpm a 10 °C durante 10 minutos (Hitachi, CR 21GIII). Após esse processo, a biomassa foi liofilizada (LIOTOP, Modelo L101, Brasil; Bomba

Edwards Vacuum, RV-5, Reino Unido) e mantida a -18 °C sem a incidência de luz.

- **Cultivo das leveduras *Kluyveromyces marxianus* e *Saccharomyces boulardii***

A levedura *Kluyveromyces marxianus*, foi cultivada em meio YPD (10 g L⁻¹ de extrato de levedura, 20 g L⁻¹ de triptona e 20 g L⁻¹ de glicose) a partir da transferência de uma colônia isolada de uma placa de petri. Foi realizada incubação sob agitação de 150 rpm por 24 h a 37 °C (Solab, SL223, Brasil). Após este período, 9 Erlenmeyers contendo meio YPD foram inoculados com esta amostra (10% v/v), sendo incubadas sob as mesmas condições por 12 h. O conteúdo final dos cultivos foi submetido a centrifugação a 40.000 rpm por 10 min (Kasvi, K14-0815C, Brasil) e posterior liofilização a uma pressão de 0,03 mbar (LIOTOP, Modelo L101, Brasil; Bomba Edwards Vacuum, RV-5, Reino Unido). Para o cultivo da *Saccharomyces boulardii*, foi utilizado o mesmo procedimento de cultivo de *K. marxianus*, se diferenciando somente na etapa de inóculo, na qual foi realizada a adição de 1 g do medicamento Flomicin, em forma de pó, adquirido das redes de farmácia Panvel.

- **Experimentos de adsorção**

Os experimentos de adsorção foram realizados em batelada através do contato do efluente sintético com o bioissorvente sólido. Cada uma das 6 biomassas foi pareada individualmente com cada um dos 5 adsorvatos testados.

Foi pesada em balança analítica aproximadamente 1 g de cada biomassa e adicionada a erlenmeyers de 250 mL preenchidos com 100 mL do efluente sintético. Cada pareamento de biomassa com adsorvato foi realizado em duplicatas. Os erlenmeyers foram deixados por 24 horas em agitação em uma incubadora orbital com controle de temperatura a 100 rpm e 25 °C (Solab, SL223, Brasil). Após as 24 horas de contato, foram coletadas amostras de 10 mL de cada erlenmeyer, as quais foram transferidas para tubos Falcon de 15 mL. Todas as amostras passaram por centrifugação a 10.000 rpm por 10 min (Kasvi, K14-0815C, Brasil), e foi coletado 1 mL do sobrenadante de cada tubo para leitura de absorbância no espectrofotômetro (Gehara, UV-330G, Brasil). Os comprimentos de onda foram, respectivamente: 665 nm para azul de metileno, 464 nm para alaranjado de metila, 440 nm para vermelho de metila, 545 nm para violeta cristal e 540 nm para cromo hexavalente. Estes comprimentos de onda foram selecionados com base em referências na literatura para quantificação dos referidos corantes e a partir da metodologia específica para quantificação de cromo hexavalente.

- **Remoção de adsorvato e capacidade de adsorção**

Para os cálculos de remoção percentual, foi utilizada a seguinte equação:

$$\text{Remoção (\%)} = \frac{C_i - C_f}{C_i} \times 100 \%$$

onde:

C_i = Concentração inicial de adsorvato;

C_f = Concentração final de adsorvato;

Para as capacidades de adsorção foi utilizada a seguinte equação:

$$q \left(\frac{mg}{g} \right) = \frac{C_i - C_f}{m} \times V$$

onde:

q = Capacidade de adsorção;

C_i = Concentração inicial de adsorvato;

C_f = Concentração final de adsorvato;

m = Massa de bioissorvente;

V = Volume da amostra;

Resultados e Discussão

- **Desenvolvimento da metodologia para determinação de concentrações de adsorvato**

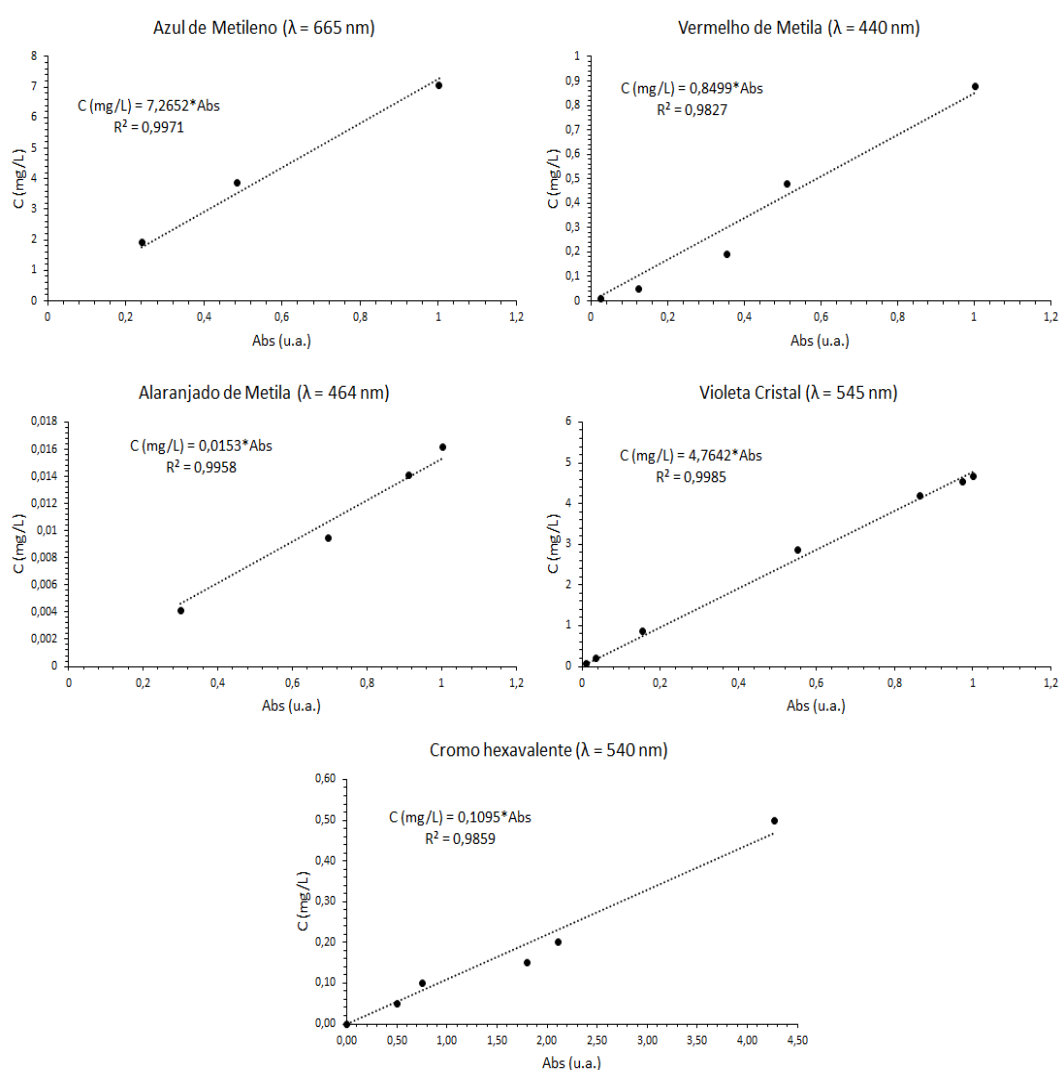
Quantidades conhecidas de adsorvato foram diluídas de forma sequencial em água deionizada, de modo a possibilitar a construção de curvas de calibração, que correlacionassem concentração mássica de adsorvato com absorbância lida no respectivo comprimento de onda (Figura 1). Para alcançar a curva de calibração para determinação de cromo hexavalente, passos adicionais apresentados na referida metodologia foram necessários. Para todos os adsorventes testados, foram encontrados valores altos para o coeficiente de regressão múltipla (R^2), de modo que se considerou haver confiabilidade no método espectrofotométrico utilizado. As curvas de calibração apresentadas na Figura 1 foram empregadas neste trabalho para determinar as concentrações mássicas de

adsorvato posteriormente apresentadas.

• Adsorção em Batelada

As seis biomassas testadas neste trabalho foram pareadas individualmente com cada um dos quatro corantes e com o cromo hexavalente em soluções monocomponentes, conduzindo-se experimentos de adsorção em batelada. Após o período de contato entre as biomassas e os efluentes sintéticos, realizou-se a recuperação do sobrenadante e foi aplicada a metodologia espectrofotométrica, de modo a determinar a concentração residual do adsorvato na amostra (adsorvato livre). Os resultados de recuperação de adsorvato e de capacidade de sorção para todos os pareamentos testados são apresentados na Tabela 1.

Figura 1: Curvas de calibração para a determinação de concentrações de adsorvato em função da absorbância.



Fonte: Os autores (2025).

Na Tabela 1 os resultados para amostras contendo o corante vermelho de metila são apresentados como “não aplicáveis” (“N/A”). Na prática, ocorreu mudança de coloração do efluente nas amostras após o contato com as biomassas, de modo que as leituras de absorbância atingiram valores maiores às do próprio efluente sintético preparado, no respectivo comprimento de onda. Esse comportamento pode ter ocorrido devido a interação biomassa-biossorvente, podendo ser relacionadas às estruturas das moléculas devido a reação ou a interações relacionadas às propriedades dos adsorventes e adsorvatos envolvidos nas condições testadas (NASCIMENTO *et al.*, 2014).

Tabela 1: Resultados de remoção de adsorvato e de capacidade de adsorção(q).

Adsorvente	Azul de metileno		Vermelho de metila		Alaranjado de metila		Violeta cristal		Cromo hexavalente	
	Remoção (%)	$q \times 10^{-2}$ (mg/g)	Remoção (%)	q (mg/g)	Remoção (%)	$q \times 10^{-2}$ (mg/g)	Remoção (%)	$q \times 10^{-2}$ (mg/g)	Remoção (%)	$q \times 10^{-2}$ (mg/g)
Carvão Ativado	92,8 ± 0,2	66,9 ± 0,17	N/A		90,9 ± 0,7	0,14 ± 0,00	92,0 ± 0,2	43,9 ± 0,14	51,9 ± 1,6	2,43 ± 0,08
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	72,9 ± 0,5	52,9 ± 0,42	N/A		N/A	N/A	71,9 ± 1,6	34,2 ± 0,75	95,9 ± 0,3	4,48 ± 0,02
<i>Saccharomyces boulardii</i>	76,6 ± 1,8	52,6 ± 1,26	N/A		36,3 ± 4,4	0,06 ± 0,01	77,7 ± 1,4	36,9 ± 0,63	21,4 ± 1,3	1,00 ± 0,06
<i>Kluyveromyces marxianus</i>	78,4 ± 1,5	56,9 ± 1,08	N/A		52,8 ± 4,9	0,08 ± 0,01	90,3 ± 0,5	42,9 ± 0,23	16,0 ± 8,8	0,75 ± 0,41
<i>Chlorella sorokiniana</i>	50,3 ± 4,35	36,4 ± 3,15	N/A		N/A	N/A	27,7 ± 2,7	13,1 ± 1,26	28,0 ± 4,1	1,31 ± 0,19
<i>Heterochlorella luteoviridis</i>	19,9 ± 14,3	14,4 ± 10,32	N/A		N/A	N/A	30,5 ± 0,2	14,5 ± 0,07	31,9 ± 11,9	1,49 ± 0,56

Fonte: Os autores (2025).

Considerou-se, portanto, que o emprego das biomassas testadas na adsorção de vermelho de metila foi inadequado, uma vez que produziu coloração intensa em todos os testes.

Para os pareamentos entre os corantes e as biomassas selecionadas, os melhores resultados encontrados se deram a partir do contato com a levedura *Kluyveromyces marxianus*. O corante azul de metileno obteve porcentagem de remoção alcançando o valor de 78,4% e capacidade de sorção de 0,569 mg/g. No caso do alaranjado de metila, alcançou-se o valor de 52,8% de remoção de adsorvato. Já no pareamento desta biomassa com o corante violeta cristal, atingiu-se os valores de 90,3% de remoção e 0,429 mg/g de capacidade de sorção. Destaca-se que estes resultados eficientes de adsorção de violeta cristal foram semelhantes àqueles alcançados com o carvão ativado (92,4% e 0,439 mg/g, respectivamente). Bons resultados ainda foram encontrados no pareamento dos efluentes sintéticos com a biomassa de *Saccharomyces boulardii*, resultando em valores de 76,6% de remoção e 0,526 mg/g de capacidade de sorção no caso do azul de metileno, e de 77,7% de remoção e 0,369 mg/g de capacidade de sorção para violeta cristal.

No caso de uso das microalgas *Chlorella sorokiniana* e *Heterochlorella luteoviridis*, observou-se adsorção de azul de metileno, violeta cristal e cromo hexavalente. O melhor resultado para o azul de metileno se deu a partir da biomassa de *Chlorella sorokiniana* com 50,3% de remoção e 0,364 mg/g de capacidade de sorção. Já para o corante violeta cristal, a biomassa de *Heterochlorella luteoviridis* apresentou os resultados de 30,5% de remoção e 0,146 mg/g de capacidade de sorção. Na literatura não existem até o momento muitos resultados de adsorção de corantes a partir de microalgas. Porém, *Scenedesmus sp.* e *Chlorella sp.* foram testadas na adsorção do corante *Acid Blue 161* (AB-161) e obteve-se 76,7% de remoção (FONTOURA *et al.*, 2017). Outro estudo utilizou biomassa residual da microalga *Scenedesmus sp.* para a adsorção de diversos corantes, incluindo o azul de metileno, para o qual se alcançou 69,0% de remoção (FERREIRA *et al.*, 2018). Estes resultados da literatura sugerem que, por semelhança, o uso das microalgas testadas no presente trabalho possa apresentar maior eficiência na adsorção de corantes, caso as condições do processo de adsorção sejam otimizadas.

No pareamento das biomassas com o efluente de cromo hexavalente foi observado um bom resultado referente ao uso da levedura de *Saccharomyces cerevisiae*, com 95,9% de remoção e 0,448 mg/g de capacidade de sorção na presença dessa levedura. Esse resultado é maior em comparação com os resultados alcançados com a biomassa do carvão ativado, o controle utilizado neste estudo, o qual é amplamente empregado

atualmente. Bons resultados também haviam sido reportados na literatura quando *Saccharomyces cerevisiae* foi testada na adsorção de cádmio, obtendo 94,0% de capacidade de remoção deste metal (DEL RIO *et al.*, 2004). Outro estudo também testou esta levedura no processo de adsorção de chumbo e cobre obtendo 80,0% e 90,0% de capacidade de remoção desses metais ao final do processo, respectivamente (AZEVEDO *et al.*, 2020).

Após todos os pareamentos entre as biomassas e os efluentes sintéticos, observou-se que as leveduras testadas se apresentaram, de forma geral, como os melhores adsorventes neste trabalho. O bom desempenho destes microrganismos pode estar relacionado com a estrutura de suas paredes celulares, as quais apresentam alta superfície de contato, e são compostas por lipídios, proteínas e polissacarídeos que possuem regiões com propriedades de troca iônica, fornecendo uma série de grupos funcionais capazes de desencadear o processo de adsorção desses compostos (AKSU *et al.*, 2005b).

Quando microalgas foram testadas na adsorção de cromo hexavalente, foram encontrados resultados inferiores, se comparados àqueles alcançados pela levedura *Saccharomyces cerevisiae*. No contato do efluente com *Chlorella sorokiniana* e *Heterochlorella luteoviridis*, obteve-se remoção de 28,0% e 31,9% respectivamente. Valores semelhantes haviam sido relatados em pesquisas anteriores, com remoção de 34,7% por *Chlorella sorokiniana* (DIAS *et al.*, 2019).

O cromo hexavalente possui comportamento aniônico em solução (representado pela formação do íon dicromato), sendo, na prática, carregado negativamente na sua forma dissociada. Essas cargas negativas podem ser atraídas eletrostaticamente, se ligando aos grupos funcionais carregados positivamente presentes no adsorvente. No entanto, a parede celular microalgal também apresenta grupos funcionais negativamente carregados como hidroxila (-OH), fosforil (-PO₃O₂), amina (NH₂), carboxila (-COOH), entre outros, conferindo uma alta afinidade com ligações de cátions metálicos, não atribuindo boa interação com o íon dicromato, podendo ser relacionado as baixas porcentagens de remoção nos testes de cromo (MEHTA *et al.*, 2008).

A concentração é outro fator que pode influenciar no processo de bioadsorção. A eficiência na remoção de metais por microalgas é conhecida por depender de suas concentrações originais em solução, apresentando nível de sorção diretamente proporcional ao aumento da concentração dos metais (OMAR *et al.*, 2002). Desta forma, sugere-se que os resultados aqui relatados podem ter sido influenciados pelas

concentrações de adsorvato no efluente sintético, sendo sugeridos estudos posteriores testando esta variável.

Por fim, os resultados deste trabalho foram alcançados para um processo de adsorção em batelada não otimizado, podendo ser substancialmente melhorados através da otimização de variáveis como a proporção entre biomassa e adsorvato, a temperatura e o pH da solução, além do uso de pré-tratamentos da biomassa. Sugere-se como abordagens futuras proceder com este estudo de otimização e realizar o levantamento das isotermas de adsorção para o processo otimizado.

Considerações Finais

Com base nos resultados obtidos durante os ensaios de adsorção e documentados neste artigo, foi possível concluir que as biomassas de leveduras foram as que obtiveram os melhores resultados em porcentagem de remoção e capacidade de sorção em todos os efluentes sintéticos testados. Assim, estas podem ser consideradas uma alternativa viável à remoção de corantes sintéticos e metais pesados em efluentes industriais. De forma geral, foi possível comparar a eficiência das diferentes biomassas na adsorção dos adsorvatos testados, embora se sugira padronizar estudos futuros pela concentração mássica de adsorvato no efluente, em vez da absorbância resultante, de modo a tornar resultados de capacidade de sorção mais adequadamente comparáveis entre si. Em particular para os efluentes com presença de corantes, a levedura de *Kluyveromyces marxianus* foi a que apresentou os melhores índices de bioadsorção, destacando sua atuação no pareamento com o adsorvato de violeta cristal, tendo seus resultados equiparados com os obtidos do carvão ativado. A biomassa de *Saccharomyces cerevisiae* apresentou alta bioadsorção para o efluente de cromo hexavalente na concentração formulada, superando o desempenho do carvão ativado.

Sugerem-se análises futuras sobre a estrutura dos bioadsorventes, como a análise por microscopia eletrônica de varredura (MEV), antes e depois do processo de bioadsorção para melhor entendimento do alto índice de remoção de cromo da solução. Ao que se refere as microalgas, foram obtidos resultados inferiores, embora compatíveis com aqueles encontrados na literatura, tornando-as também uma opção viável de bioadsorventes para a remoção de corantes e de cromo hexavalente de efluentes industriais. Serão necessários, porém, estudos aprofundados para um possível aumento da porcentagem de remoção na presença desses bioadsorventes.

Referências

- ABNT, Associação Brasileira de Normas Técnicas. NBR 13738 - Determinação de Cromo Hexavalente – Método colorimétrico da difenilcarbazina. 1996. Disponível em: < <https://www.normas.com.br/autorizar/visualizacao-nbr/10282/>> Acesso em: 20 out. 2022
- AKSU, Z. et al. Application of biosorption for the removal of organic pollutants: a review. *Process Biochemistry*. v.40, p.997-1026, 2005b. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.procbio.2004.04.008>> Acesso em: 26 out. 2022.
- AKSU, Z. et al. Biosorption of reactive dyes on the green alga *Chlorella vulgaris*. *Process Biochemistry*, v. 40, n. 3–4, p. 1347–1361, 2005a. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.procbio.2004.06.007>> Acesso em: 06 set. 2022.
- ARSLAN-ALATON, Idil et al. Advanced oxidation of acid and reactive dyes: Effect of Fenton treatment on aerobic, anoxic and anaerobic processes. *Dyes and Pigments*, v. 78, p. 117-130, 2008. Disponível em: < <https://doi.org/10.1016/j.dyepig.2007.11.001>> Acesso em: 01 set. 2022.
- AZEVEDO, Flavia et al. Remoção de cobre e chumbo presentes em efluentes pelo gênero *Saccharomyces*. 2020. Disponível em: < file:///C:/Users/luiza/Downloads/516-1332-1-SM.pdf> Acesso em: 02 nov. 2022.
- DEL RIO, Daniele et al. Biossorção de Cádmio por leveduras. 2004. Disponível em: <<https://pdfs.semanticscholar.org/a7b2/a85cab0ded917e205166e7ca03c3a5b6e8a9.pdf>> Acesso em: 01 nov. 2022.
- DIAS, Guilherme Igor et al. Biossorção de Cromo Hexavalente em biomassa de microalga (*Chlorella sorokiniana*). 2019. Disponível em: < https://repositorio.uergs.edu.br/xmlui/bitstream/handle/123456789/1689/26359_00000700.pdf?sequence=-1&isAllowed=y> Acesso em: 01 nov. 2022.
- FARIA, José Wagner et al. Guia Técnico Ambiental de Curtumes. 2015. Disponível em: <<https://cetesb.sp.gov.br/camaras-ambientais/wp-content/uploads/sites/21/2013/12/Guia-T%C3%A9cnico-Ambiental-de-Curtumes-v2015.pdf>> Acesso em: 28 ago. 2022.
- FERREIRA, Lucas et al. Biossorção de corantes catiônicos utilizando biomassa residual de microalgas. 2018. Disponível em: <<https://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/174127/001063082.pdf?sequence=1&isAllowed=y>> Acesso em: 10 nov. 2022.
- FONTOURA, Juliana et al. Crescimento de microalgas em efluente de curtume: remoção de nutrientes, viabilidade de produção de biodiesel e utilização da biomassa residual. 2017. Disponível em: <<https://www.lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/173885/001061714.pdf?sequence=1&isAllowed=y>> Acesso em: 03 nov. 2022.
- HONORATO, Andressa et al. Biossorção de azul de metileno utilizando resíduos agroindustriais. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*. v.19, n.7,

p.705–710, 2015. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v19n7p705-710>> Acesso em: 28 ago. 2022.

JAESCHKE, D. P. et al. Carotenoid and lipid extraction from *Heterochlorella luteoviridis* using moderate electric field and ethanol. *Process Biochemistry*, v. 51, n. 10, p. 1636–1643, 2016.

KALAITZI, Dimitra et al. Supply Chain Strategies in an era of natural resource scarcity. 2017. Disponível em: <<https://www.emerald.com/insight/content/doi/10.1108/IJOPM-05-2017-0309/full/pdf?title=supply-chain-strategies-in-an-era-of-natural-resource-scarcity>> Acesso em: 27 ago. 2022.

MEHTA, JK et al. Use of Algae for Removing Heavy Metal Ions From Wastewater: Progress and Prospects. 2008. Disponível em: <<https://doi.org/10.1080/07388550500248571>> Acesso em: 03 nov. 2022.

MOREIRA, Danna Rodrigues et al. Desenvolvimento de Adsorventes Naturais para Tratamento de Efluentes de Galvanoplastia. 2010. Disponível em: <<https://tede2.pucrs.br/tede2/handle/tede/3158>> Acesso em: 28 ago. 2022.

NASCIMENTO, Ronaldo Ferreira do et al. Adsorção: aspectos teóricos e aplicações ambientais. E-book. Fortaleza: Imprensa Universitária, 2014. 256 p. Disponível em: <<http://www.repositorio.ufc.br/handle/riufc/10267>> Acesso em: 25 out. 2022.

OMAR, H.H et al. Bioremoval of zinc ions by *Scenedesmus obliquus* and *Scenedesmus quadricauda* and its effect on growth and metabolism. *International Biodeterioration & Biodegradation*, v. 50, n. 2, p. 95-100. 2002. Disponível em: <[https://doi.org/10.1016/S0964-8305\(02\)00048-3](https://doi.org/10.1016/S0964-8305(02)00048-3)> Acesso em: 06 nov. 2022.

ONU, Programa de Meio Ambiente. Global Resources Outlook. 2019. Disponível em: <https://pure.iiasa.ac.at/id/eprint/15879/1/unep_252_global_resource_outlook_2019_web.pdf> Acesso em: 27 ago. 2019.

ORTIZ et al. Estudos de descoloração de corantes para couro pelo isolado nativo *Trametes villosa* SC10. Dissertação de Mestrado (Eng. Química). Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre. 2015. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/10183/118885>> Acesso em: 06 set. 2022.

SILVA, J et al. Biossorção de metais pesados: uma revisão. *Revista Saúde e Ciência*. v. 3, p. 137 – 149. 2014. Disponível em: <<https://doi.org/10.35572/rsc.v3i3.320>> Acesso em: 06 set. 2022.

TOSO, Giordano Saloni et al. Gestão Ambiental na Indústria do Curtume: Uma Pesquisa Bibliométrica. 2021. Disponível em: <<http://hdl.handle.net/11449/213765>> Acesso em: 28 ago. 2022.

UBANDO, Aristotle et al. Microalgal biosorption of heavy metals: A comprehensive bibliometric review. *Journal of Hazardous Materials*. 2020. Disponível em: <<https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2020.123431>> Acesso em: 28 ago. 2022.

VILLANUEVA, R et al. Biosorción de metales pesados mediante el uso de biomasa microbiana. *Revista Latinoamericana de microbiología*, v 42, p. 131-143, 2016.

Disponível em: < <https://www.redalyc.org/pdf/3214/321428096010.pdf>> Acesso em: 06 set. 2022.

CAPÍTULO 13

USO DO EXTRATO DA *Psidium guajava* L. (LINEU)
COMO ALTERNATIVA AOS ANTIBIÓTICOS
TRADICIONAIS

USE OF *Psidium guajava* L. (LINEU) EXTRACT AS AN
ALTERNATIVE TO TRADITIONAL ANTIBIOTICS

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.13>

Submetido em: 15/04/2025

Revisado em: 24/04/2025

Publicado em: 25/04/2025

Fábio Dantas Oliveira

Universidade Federal de Campina Grande, Centro de Educação e Saúde, Cuité-PB

<http://lattes.cnpq.br/6857857062455444>

Silvânia Narielly Araújo Lima

Universidade Federal de Pernambuco, Programa de Pós-Graduação em Ciências

Farmacêuticas, Recife-PE

<https://orcid.org/0000-0001-5688-8422>

Carlíane Rebeca Coelho da Silva

Doutorado e Pós-Doutorado pela Rede Nordeste de Biotecnologia, RENORBIO, Brasil

<https://orcid.org/0000-0002-9462-5823>

Igor Luiz Vieira de Lima Santos

Universidade Federal de Campina Grande, Centro de Educação e Saúde, Cuité-PB

<https://orcid.org/0000-0003-3438-0446>

Resumo

Em meio à ascensão de bactérias resistentes aos antibióticos, cada vez mais a medicina busca alternativas como terapias ou produtos que substituam esses fármacos no tratamento de infecções bacterianas. Tendo em vista isso, esse TCC busca analisar, com base na literatura, o potencial do efeito antimicrobiano dos extratos de *Psidium guajava* e seu uso para a produção de novos antibióticos. A metodologia utilizada neste TCC foi a revisão de literatura integrativa, ocorrida no primeiro semestre de 2024. A estratégia utilizada foi a PICO, o Google Acadêmico, PubMed e Scielo foram usados como portais de dados, para a pesquisa de diversos descritores e de uma palavra-chave: “Resistant Bacteria” “Bacteria” “Guava” “Antibiotics” “Antimicrobial Agent” e “Antimicrobial Activity” separados pelos operadores OR e AND para garantir a relação ou alternância entre eles. O Zotero foi utilizado para organizar os trabalhos científicos encontrados após a pesquisa e para a análise inicial e aprofundada dos artigos selecionados utilizou-se o Rayyan QRCI. O extrato metanólico demonstrou ser o mais eficaz em relação à utilização de outros extratos de *P. guajava*. Além disso, alguns extratos testados foram mais eficazes que antibióticos convencionais e outros mostraram efeito sinérgico em combinação com esses fármacos. Com base nos artigos analisados, foi possível observar a eficácia do efeito antimicrobiano dos extratos de *Psidium guajava*, mas também outros efeitos relevantes para a medicina. Ademais, os extratos de *P. guajava* tem potencial para serem utilizados na produção de fármacos antimicrobianos.

Palavras-Chave: Goiaba, bactérias multirresistentes, fármacos antibacterianos

Abstract

Amid the rise of antibiotic-resistant bacteria, medicine increasingly seeks alternatives such as therapies or products to replace these drugs in the treatment of bacterial infections. Considering this, this thesis aims to analyze, based on the literature, the potential antimicrobial effect of *Psidium guajava* extracts and their use in the production of new antibiotics. The methodology used in this thesis was an integrative literature review, conducted in the first half of 2024. The strategy used was PICO, Google Scholar, PubMed and Scielo were used as data portals, for the search of several descriptors and a keyword: “Resistant Bacteria” “Bacteria” “Guava” “Antibiotics” “Antimicrobial Agent” and “Antimicrobial Activity” separated by the operators OR and AND to ensure the relationship or alternation between them. Zotero was used to organize the scientific works found after the search and for the initial and in-depth analysis of the selected articles used the Rayyan QCRI. The methanolic extract proved to be the most effective compared to other *P. guajava* extracts. Additionally, some tested extracts were more effective than conventional antibiotics, and others showed a synergistic effect in combination with these drugs. Based on the analyzed articles, it was possible to observe the efficacy of the antimicrobial effect of *Psidium guajava* extracts, as well as other relevant effects for medicine. Furthermore, *P. guajava* extracts have the potential to be used in the production of antimicrobial drugs.

Keywords: Guava, multi-drug resistant bacteria, antibacterial drugs.

Introdução

Embora a resistência antimicrobiana seja reconhecida mundialmente como questão urgente, a incidência e a disseminação de bactérias multirresistentes ainda continua subindo. Além disso, o aumento na utilização de dispositivos implantados médicos como próteses de articulações, válvulas de coração artificiais, próteses endovasculares e marca-passos resultam numa grande ocorrência de infecções associadas a biofilmes microbianos (Huemer *et al.*, p. 1, 2020). As causas para a ocorrência da resistência antibiótica são variáveis, pois de acordo com Chavada *et al.* (2023), países pobres e de classe média são amplamente afetados por conta da generalização do uso

inadequado dos antibióticos, uso de fármacos antimicrobianos na agricultura, qualidade inapropriada de antibióticos, supervisão inadequada e outros fatores estão ligados à carência de saúde abaixo da média, má nutrição, infecções recorrentes e crônicas, e a inabilidade dos profissionais de saúde proporcionarem medicamentos mais caros e potentes.

Tendo em vista isso, os principais fármacos utilizados para tratar as infecções bacterianas são os antibióticos. Segundo Dos Santos Garcia e Comarella (2021), esses fármacos são constituídos de compostos originados naturalmente ou sinteticamente e possuem o objetivo de dificultar o desenvolvimento ou causar a morte de fungos ou bactérias no organismo. Os antibióticos podem ser classificados como bactericidas, quando causam a morte das bactérias ou bacteriostáticos, quando inibem o crescimento e desenvolvimento bacteriano. É importante ressaltar que esses medicamentos precisam ser administrados conscientemente e com orientação médica, visto que ao ocorrer o desenvolvimento de resistência aos antibióticos, o número de fármacos eficazes para combater as infecções bacterianas diminui, tornando o tratamento mais difícil (De Brito; Trevisan, p. 2, 2021).

No entanto, de acordo com Mancuso *et al.* (2021), a resistência antibiótica não era uma preocupação mundial nos anos 60, pois novos fármacos como a vancomicina e meticilina surgiram, sugerindo que a resistência poderia ser resolvida através da síntese de novas moléculas. Infelizmente, nas décadas seguintes, as bactérias desenvolveram diferentes mecanismos de resistência aos antibióticos que dificultaram os efeitos desses fármacos e resultaram no aumento da resistência antibiótica.

Nesse sentido, Vaou *et al.* (2021), ressaltam que existe uma grande demanda para o desenvolvimento de novos antimicrobianos que sejam capazes de reduzir o uso de antibióticos e combater a resistência microbiana a esses fármacos. Isso direcionou o rumo das pesquisas, focalizando-as na identificação de novos bioativos antimicrobianos adquiridos através de plantas, pois aproximadamente 50% dos produtos farmacêuticos e nutracêuticos são produzidos com plantas e seus derivados. Com isso, os extratos de plantas representam fontes promissoras de moléculas antimicrobianas. Essas moléculas antimicrobianas são agrupadas em diferentes classes de acordo com a sua estrutura química e propriedades: óleos essenciais, fenólicos, alcalóides, saponinas e peptídeos (Oulahal e Degraeve, p.1, 2020).

Uma das principais plantas que servem de base para a produção de extratos com ação antimicrobiana é a goiaba. De acordo com Sarkingobir e colaboradores (2022) a

goiaba é benéfica medicinalmente em diversos aspectos como no tratamento de inflamações, dores, febre, doenças estomacais, hipertensão e age como agente esterilizante. Ademais, nos métodos tradicionais, a população local aprecia os materiais advindos dessa planta devido aos componentes ativos que servem como base para a produção de fármacos modernos, sendo benéficos para a humanidade. Millones-Gómez *et al.* (2020) destacam que essa planta é constituída quimicamente por taninos, fenóis, saponinas, carboidratos, alcaloides, esteróis, terpenoides e compostos fenólicos. Além disso, os compostos responsáveis pela ação antimicrobiana presentes nas folhas de goiaba são a quercetina, avicularina e guaijaverina.

Diante disso, considerando a busca por novos métodos e produtos que possam combater a resistência das bactérias aos antibióticos, é essencial compreender o potencial do uso de produtos de origem vegetal, visto que são constituídos por algumas substâncias químicas que possuem efeito antimicrobiano. Logo, devido à escassez de estudos que abordem uma visão geral sobre o potencial dos extratos de *Psidium guajava* L. como antimicrobiano, este trabalho busca ressaltar a eficácia do efeito antimicrobiano dos extratos de goiaba nas bactérias mais resistentes aos antibióticos, seus mecanismos para dificultar a penetração dos extratos utilizados e outros efeitos de interesse médico, abordando assim, fatores relevantes para a medicina atual e contribuindo sobremaneira para o desenvolvimento de estudos prospectivos futuros laboratoriais visando a identificação, análise, isolamento e aplicação dessas moléculas com potencial biotecnológico e farmacológico.

Desenvolvimento

- **ASPECTOS GERAIS DA *Psidium guajava* L.**

A goiaba (*Psidium guajava*) é uma fruta nutritiva originária do México, na América Central ou na América do Sul, e no Caribe (Pathmanaban; Gnanavel; Anandan, 2023, p.1). Ademais, a goiaba é uma fruta popular em países tropicais e não tropicais como Bangladesh, Índia, Paquistão, Brasil e Cuba. (Mostafa *et al.*, 2022, p.1). Ribeiro (2021) ressalta que a Índia e a China lideram mundialmente a produção de goiabas. No entanto, mesmo sendo o sétimo produtor mundial de goiabas, o Brasil apresenta o maior rendimento por kg.ha⁻¹. Além disso, em 2019, a produção de goiabas no Brasil atingiu cerca de 584.223 toneladas, rendendo em média 26.402 kg.ha⁻¹.

A comercialização de goiabas frescas é limitada internacionalmente, porém os produtos processados advindos desse fruto, como conservas e bebidas estão se tornando

cada vez mais comuns em vários países. Além da polpa, a indústria alimentícia também produz nectars, geleias, gelatinas e xaropes a partir da goiaba (Angulo-López *et al.*, 2021, p. 1-2). A fruta contém baixas quantidades de carboidratos, gordura e proteínas, mas é altamente rica em água e nas vitaminas A, B e C. A vitamina C presente na goiaba é três a seis vezes maior do que a quantidade encontrada nas laranjas. Além disso, a goiaba também apresenta alta concentração de fibras alimentares e sais minerais, como potássio, cálcio, ferro e fósforo (Ordóñez-Santos; Vázquez-Riascos, 2010; Viana, 2021).

A goiaba está inserida na família Myrtaceae e caracteriza-se pelo seu tamanho que varia entre 3 a 5m de altura e pelas folhas com pecíolos arredondadas, ovais, oblongas ou elípticas e com uma coloração verde-amarelada. Ademais, os brotos começam o processo de crescimento no período das chuvas e florescem a partir do mês de outubro, exibindo flores brancas e frutos do tipo baga que podem pesar entre 42 e 280g (Carvalho *et al.*, 2024, p. 3). O fruto da goiabeira é do tipo climatérico, no qual a maturação continua ocorrendo mesmo após a retirada da planta mãe. Portanto, é imprescindível que haja a aplicação de técnicas que reduzam o processo metabólico do amadurecimento, com o intuito de minimizar as perdas na colheita de goiabas, prolongar o período de conservação dos frutos e comercializar produtos in natura adequados para o consumo (Júnior *et al.*, 2020, p. 464).

• COMPOSIÇÃO QUÍMICA DA *Psidium guajava* L.

Bogha *et al* (2020) salientam que a goiaba é rica em compostos como taninos, fenóis, triterpenos, flavonoides, óleos essenciais, saponinas, carotenoides, lectinas, vitaminas, fibras e ácidos graxos. Alguns compostos demonstram importância médica: Os flavonoides possuem propriedades antibacterianas e a quercetina auxilia no efeito antidiarreico da goiaba, além de ser capaz de relaxar a musculatura lisa intestinal e inibir as contrações intestinais. Rehman e Khan (2022) destacam que a composição química das folhas da goiaba inclui 0.37% de óleo volátil, 6.0% de óleo fixado, 3.14% de resina, 8.51% de taninos, e outros compostos fixantes. Além disso, gordura, sais minerais, resina, clorofila, taninos, celulose e óleo volátil, com eugenol, ácido málico são encontrados nas folhas da goiaba. Ademais as folhas contêm um óleo vital com concentrações de cineol, 4 ácidos triterpênicos e 3 flavonoides, todos com propriedades antibacterianas.

A presença de uma variedade única de compostos polifenólicos bioativos, como quercetina e outros flavonoides, e os ácidos ferúlicos, cafeicos e gálicos presente nas folhas de goiabas determinam suas propriedades bioativas e terapêuticas. Esses

compostos fenólicos são conhecidos como metabólitos secundários que demonstram forte atividade antioxidante e imunoestimulante (Kumar *et al.*, 2021, p.3). Além do efeito antidiarréico e antibacteriano, as folhas da goiaba contém outras propriedades farmacológicas, como antioxidante, antitumoral e atividades hipotensivas e hipoglicêmicas (Jiang *et al.*, 2021, p. 2).

• APLICAÇÕES TRADICIONAIS E CLÍNICAS

A *Psidium guajava* é usada mundialmente no tratamento de diversas doenças atuando como agente inflamatório, na diabetes, hipertensão, cáries, machucados, no alívio da dor e redução da febre. As folhas da goiabeira são utilizadas em lesões, úlceras e em dores reumáticas, sendo mastigadas no processo para aliviar dores de dente (Dange; Rao; Jadhav, 2020, p. 452). Além disso, as folhas em adição ao fruto, têm potenciais benefícios para a saúde, incluindo a prevenção de cânceres, a regulação da pressão sanguínea, tratamento para a diarreia, e auxilia no alívio de problemas gastrointestinais. Também auxiliam no processo de perda de peso, da tonificação da pele e no tratamento de tosse, resfriados, constipação, disenteria e escorbuto (Mathpal; Rathore, 2022, p. 239).

Outras partes da goiaba também possuem potencial para serem utilizadas na medicina. Visto que, Kumar *et al* (2022) destacam que as sementes da goiaba contêm um amplo espectro de metabólitos secundários que demonstram diversas bioatividades, incluindo efeitos antioxidantes, anti-inflamatórios, neuroprotetores, antidiabéticos e ação anticancerígena. Além disso, Sharma e Borah (2021) ressaltam que o extrato metanólico da casca da goiabeira pode ser utilizado como reforço sanguíneo em pacientes anêmicos ou como profilaxia. Os resultados sugerem que uma concentração de 200mg/kg pode ser capaz de estimular o processo hematopoiético dos pacientes acometidos.

Atualmente, os extratos de *Psidium guajava* estão sendo investigados para evidenciar possíveis aplicações clínicas ou terapêuticas dos extratos no tratamento e prevenção de doenças. De acordo com o estudo de Ruksiriwanich *et al* (2022), observou-se que o extrato da folha da goiaba pode promover o crescimento capilar, por meio da redução dos radicais livres e diminuição na expressão da 5 α -redutase. Futuramente esse extrato pode ser utilizado no desenvolvimento de produtos ou adjuvantes terapêuticos no tratamento da alopecia androgenética, bem como outros distúrbios relacionados aos hormônios andrógenos.

Além disso, no estudo de Liu *et al* (2018), o extrato da goiaba vermelha demonstrou atividades anticancerígenas no câncer de mama triplo negativo através da

apoptose ou necrose. Por fim, os extratos de goiaba também demonstram efeitos antimicrobianos, pois no estudo de Shetty *et al* (2018) evidenciou-se a ação antimicrobiana do extrato de *Psidium guajava* contra bactérias periodontais patógenas *A. actinomycetemcomitans* e *P. gingivalis*. Ressaltando que os extratos podem ser utilizados como adjuvantes para fármacos sintéticos e como agente potencial terapêutico no combate à periodontite.

- **IMPLICAÇÕES MÉDICAS**

Em 1929, Sir Alexander Fleming descobriu a penicilina, também conhecida como “fármaco milagroso” com propriedades incríveis que atuava no tratamento de infecções bacterianas, particularmente causadas por espécies de *Staphylococcus* e *Streptococcus* (Chinemerem Nwobodo, 2022, p.2). Enquanto os cientistas estavam buscando novos microrganismos produtores de antibióticos, foi descoberto um bolor capaz de matar o bacilo da tuberculose em 1943. A estreptomicina, um aminoglicosídeo, foi utilizada pela primeira vez para o tratamento da tuberculose pulmonar na clínica Mayo em Rochester, Minnesota, em 1944 (Khardori; Stevaux; Ripley, 2020, p.40).

A penicilina impede a síntese da parede celular bacteriana e a estreptomicina inibe a função dos ribossomos. Desde então, uma série de substâncias antibióticas foram identificadas e tornaram-se disponíveis para o uso médico (Wenzel, 2020, p. 1307). Atualmente os antibióticos são utilizados na assistência médica e na medicina veterinária, mas também são empregados em várias atividades humanas pelo mundo, como em viveiro de peixes, aquicultura, agricultura e na pecuária. Devido a sua complexidade química, muitos antibióticos são resistentes à degradação, facilitando a persistência no ambiente e exercendo uma pressão seletiva sobre bactérias resistentes à antibióticos. Por conta disso, essas bactérias podem entrar na cadeia alimentar e culminar na seleção de uma microbiota de bactérias resistentes à antibióticos (Alduina, 2020, p. 1).

Em 1994, o Grupo Consultivo Científico da Resistência Antimicrobiana da Organização Mundial da Saúde classificou os microrganismos resistentes a fármacos como um problema severo de saúde pública em países desenvolvidos e em desenvolvimento. Ademais, outro fator relevante para a criação de superbactérias resistentes à antibióticos provém do uso excessivo de antibióticos (Stachelek *et al.*, 2021, p. 72). Estima-se que as mortes globais por ano atribuídas à resistência antimicrobiana cheguem a 700 mil, com projeções de escalar rapidamente e atingir o número de 10 milhões de mortes por ano em 2050 (Chang *et al.*, 2022, p. 2).

Por fim, Urban-Chmiel *et al* (2022) destacam a necessidade de aumentar de pesquisas em áreas como o melhoramento genético em animais, com o intuito de identificar os marcadores associados à resistência inata dos patógenos, na busca por novos agentes antimicrobianos e na determinação do papel da bactéria na transmissão da resistência antibiótica para a flora microbiana dos humanos e animais. O extrato de *Psidium guajava* vem demonstrando ser um agente antimicrobiano natural promissor, pois Ilagan *et al* (2022) destacam que os extratos da goiaba, dependendo do método de extração e da parte utilizada na sua obtenção, fornecem atividade antimicrobiana *in vitro* notável contra bactérias resistentes à antibióticos. Porém, é imprescindível que haja mais estudos acerca da ação antimicrobiana do extrato de *Psidium guajava* para expandir a aplicação em inovações antibióticas, estudos sinérgicos e abrir a possibilidade para ensaios clínicos e estudos *in vivo*.

Metodologia

A metodologia escolhida para a elaboração deste trabalho de conclusão de curso (TCC) foi a revisão bibliográfica, também conhecida como revisão de literatura (RL). Brizola e Fantim (2016) ressaltam que a RL se constitui a partir da síntese e análise das ideias de diferentes autorias sobre um tema específico, obtidas por meio de leituras feitas pelo autor da revisão. Além disso, é importante salientar que a RL é um trabalho científico que geralmente não apresenta ideias inovadoras, tendo em vista que essa metodologia se baseia na junção das principais contribuições existentes e nas discussões críticas acerca dos resultados obtidos sobre a temática específica.

A revisão de literatura pode ser categorizada principalmente em três tipos diferentes: narrativa, sistemática e integrativa. No entanto, existem outros tipos de revisões de literatura como revisões rápidas, de escopo e de mapeamento (Galvão; Pereira, 2022, p.1). De acordo com Casarin *et al* (2020) a revisão narrativa tem como intuito destacar as principais novidades relacionadas ao tema abordado, podendo descrever o estado atual da temática utilizando a teoria ou o contexto em que o tema trabalhado está inserido. Por outro lado, a revisão sistemática busca realizar uma retrospectiva dos dados obtidos e consolidar descobertas sobre a temática abordada. Por fim, a revisão integrativa tem o objetivo de integrar atualizações provenientes de trabalhos empíricos ou teóricos, sumarizando os resultados adquiridos para auxiliar na compreensão sobre o tema abordado.

Para este TCC, optou-se por utilizar a revisão de literatura integrativa como metodologia norteadora. Alves *et al* (2022) salientam que esse tipo de revisão se estrutura por procedimentos claros, visando identificar as principais tendências, sintetizar os resultados obtidos e abranger trabalhos científicos de várias fontes. Ademais, a seleção dos trabalhos é orientada por uma questão norteadora mais ampla em comparação com a metodologia utilizada na revisão sistemática. Além disso, é importante ressaltar que a revisão de literatura integrativa fornece uma visão ampla sobre uma temática/problema específico, embasando-se em estudos científicos e propiciando uma conclusão generalista sobre o tema abordado na revisão.

- **IDENTIFICAÇÃO DO TEMA E SELEÇÃO DA QUESTÃO DE PESQUISA**

A elaboração desta revisão estruturou-se em torno da estratégia PICO, que consiste em um acrônimo separado em letras que representam respectivamente: P - corresponde à paciente, população ou problema, I - refere-se a intervenção, C - comparação e O - outcome/resultados (Ercole; De Melo; Alcoforado, 2014, p.13). Essa estratégia é utilizada para construir questões acerca de diversos temas como saúde humana, recursos humanos e gestão de materiais. A construção de uma pergunta bem elaborada permite a delimitação correta das informações obtidas para a resolução da questão norteadora, auxilia no processo de recuperação de evidências sobre a temática nas diversas bases de dados, além de evitar a fuga da temática proposta e de buscas ineficazes (Santos; Pimenta; Nobre, 2007).

Nessa revisão, o problema refere-se ao crescente aumento no número de bactérias resistentes à antibióticos. Nesse sentido, questões norteadoras foram levantadas: A intervenção corresponde à utilização de extratos obtidos através da planta *Psidium guajava* como agente antibiótico natural?; A comparação abrange a eficácia dos extratos comparados com alguns antibióticos utilizados para combater bactérias patógenas. O outcome foi a análise do uso dos extratos como base para a fabricação de antibióticos para combater a resistência antibiótica. Desse modo, o presente estudo surgiu a partir da seguinte questão: O uso dos extratos de *Psidium guajava* são promissores para serem utilizados na produção de novos antibióticos capazes de serem tão eficazes quanto os antibióticos convencionais?

O quadro 1 abaixo, demonstra a escolha dos descritores e palavras-chave, utilizando a estratégia PICO, para a posterior busca de trabalhos científicos.

Quadro 1: Escolha dos descritores.

ESTRATÉGIA PICO	DESCRIPTORES/PALAVRAS-CHAVE
P - Problema: bactérias resistentes à antibióticos	“Resistant Bacteria” OR “Bacteria”
I - Intervenção: Uso do extrato da <i>Psidium guajava</i>	“Guava”
C - Comparação: Antibióticos x extrato	“Antibiotics”
O - <i>Outcome</i> : efeito antimicrobiano e potencial do extrato como base para novos fármacos	“Antimicrobial Agent” OR “Antimicrobial Activity” (Palavra-chave)

Fonte: Elaborado pelo autor.

• ESTABELECIMENTO DAS BASES DE DADOS E BUSCA INICIAL DOS ARTIGOS

A pesquisa dos artigos científicos realizada entre os meses de maio a julho de 2024 foi conduzida através das seguintes bases de dados: *Publisher Medline* (PubMed), Google Acadêmico e o Scientific Electronic Library Online (SciELO). Para a realização da pesquisa dos trabalhos científicos foram utilizados uma palavra-chave e descritores previamente selecionados nos Descritores em Ciências da Saúde (DeCS) e sendo apresentados conforme o Quadro 2.

Quadro 2: Etapa de seleção dos artigos

BASE DE DADOS	ESTRATÉGIA DE BUSCA
PubMed	“Guava” [All Fields] AND “Antibiotics” [All Fields] OR “Antimicrobial Agent” [All Fields] AND (“2020:2024”[PDat])
Google Acadêmico	"Guava" AND "Antimicrobial Activity" AND "Bacteria" (2020-2024)
SciELO	“Guava” AND “Resistant Bacteria” OR “Bacteria”

Fonte: Elaborado pelo autor.

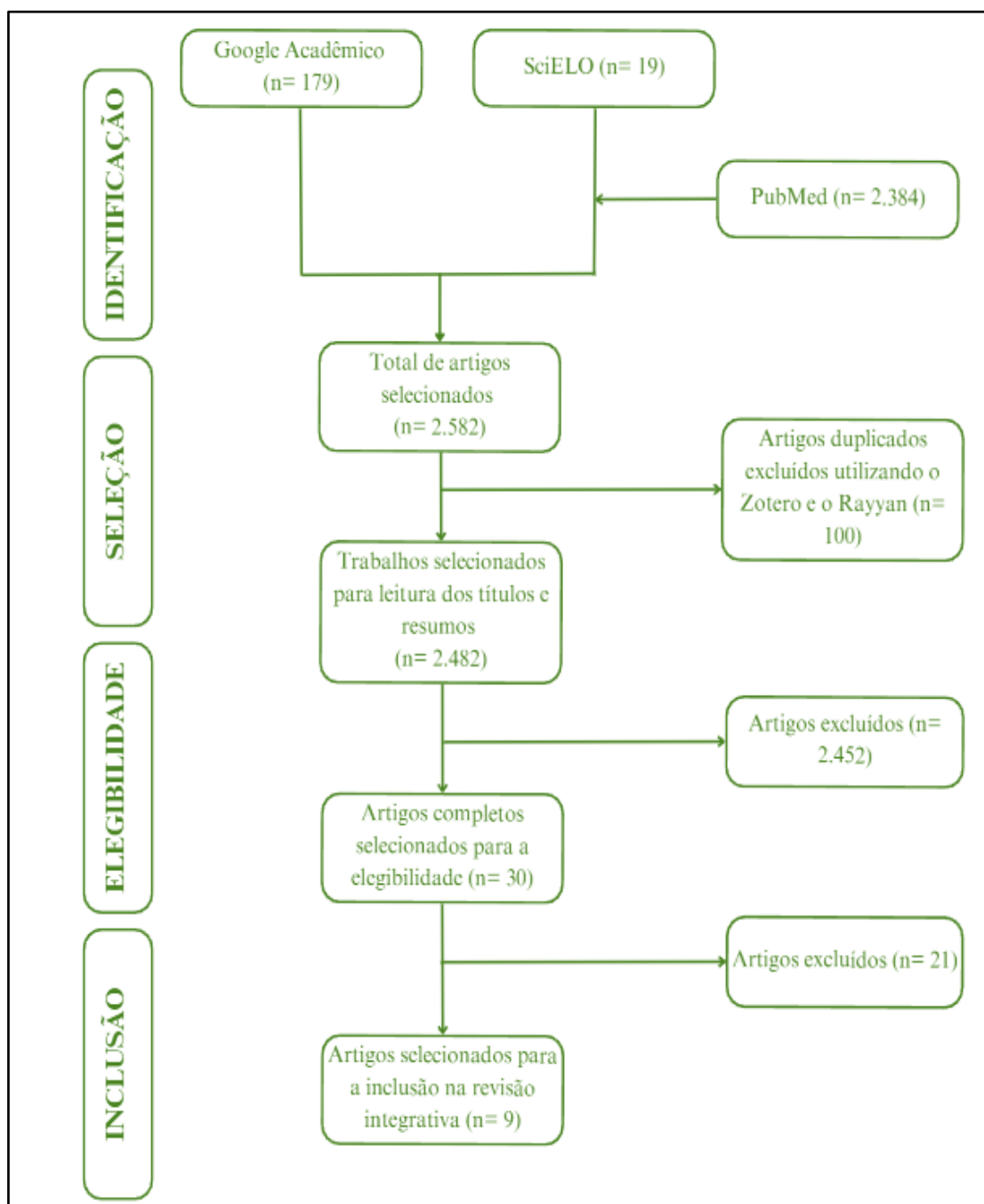
Após as buscas, 2.582 artigos foram encontrados. Ao juntar os artigos de todas as bases de dados, foi gerado um arquivo que foi exportado para o gerenciador de referências *Zotero*, para excluir os artigos duplicados. A seleção ocorreu através da leitura dos títulos e resumos pelo autor, por meio do programa de revisão gratuito *Rayyan Qatar Computing Research Institute* (Rayyan QCRI), resultando em 2.482 artigos para a etapa de elegibilidade. Destes, a partir da leitura dos títulos e resumos, 2.452 trabalhos científicos foram excluídos por não atenderem o intuito da revisão integrativa.

- **DELIMITAÇÃO DOS CRITÉRIOS E SELEÇÃO DOS ESTUDOS CIENTÍFICOS**

Na etapa de elegibilidade dos artigos para a revisão integrativa, foi realizada uma análise crítica na íntegra dos 30 artigos selecionados, pelo pesquisador, com o auxílio do *Rayyan QCRI*. Os critérios de inclusão estabelecidos foram: O uso de artigos completos em inglês ou português, disponibilizados de forma gratuita, publicados em revistas científicas nos últimos cinco anos (2020-2024). Além disso, também foram definidos critérios de exclusão: Artigos indisponíveis gratuitamente, trabalhos científicos em duplicatas, revisões de literatura, dissertações, teses e artigos que não correspondiam à questão norteadora da pesquisa. Dos artigos selecionados, 21 não se enquadraram com o objetivo proposto pela pesquisa e foram excluídos, resultando em 9 artigos para a elaboração da revisão integrativa. Todo o processo das etapas desde a identificação até a inclusão encontra-se na Figura 1.

A análise dos artigos incluídos para a revisão se iniciou com a tradução, leitura e interpretação dos resultados obtidos. Para a caracterização dos artigos foram extraídas as seguintes informações: título, país da realização do estudo, objetivo, resultado e delineamento metodológico do trabalho científico. Em seguida, foi realizada a síntese dos extratos e antibióticos utilizados nos experimentos científicos, bem como das principais bactérias usadas para testar a eficácia dos extratos e compará-los ao efeito observado dos antibióticos.

Figura 1. Fluxograma do processo de seleção dos artigos.

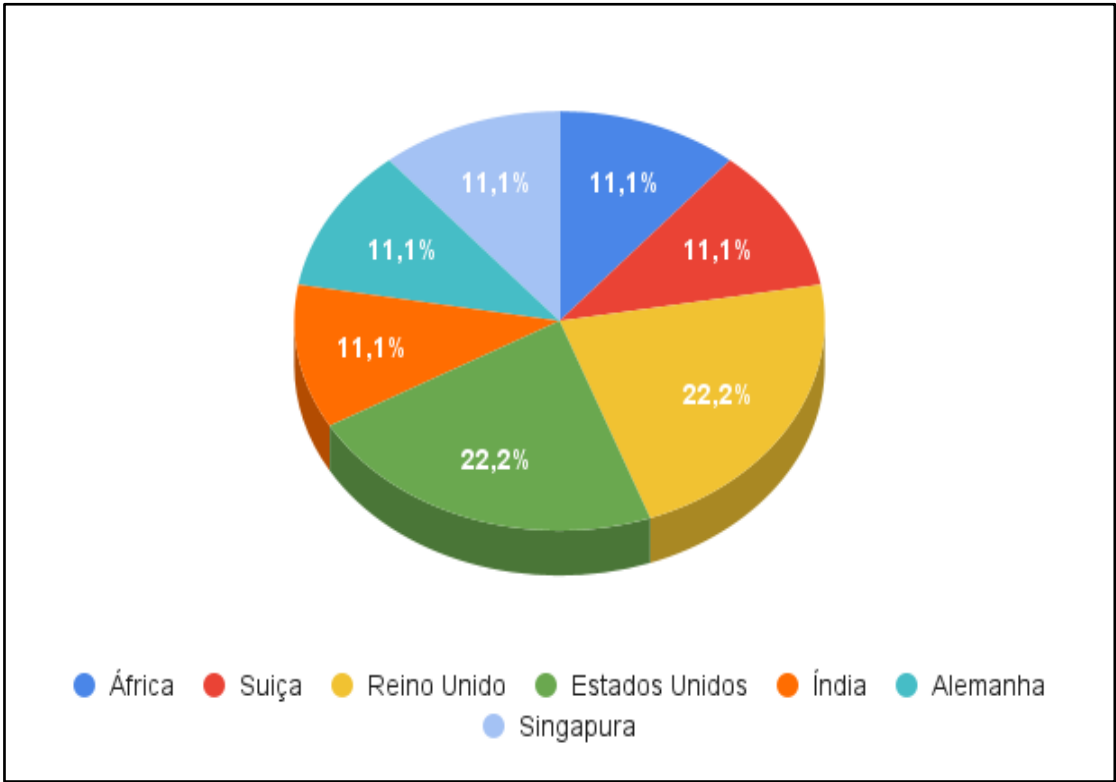


Fonte: Elaborado pelo autor.

Resultados

Com base na busca realizada nos portais de dados e de acordo com os critérios de inclusão e exclusão pré-estabelecidos, 9 (100%) artigos foram obtidos. Dentre eles, o Reino Unido e os Estados Unidos se destacam por serem os mais representativos em comparação com os demais, representando 22,22% respectivamente em cada país.

Figura 2. Publicações por país.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Em relação à tipologia da metodologia da pesquisa, notou-se que os 9 artigos (100%) escolhidos são estudos experimentais. Além disso, o quadro 3 dispõe de informações básicas sobre cada artigo: Nome dos autores, objetivo e método de pesquisa utilizado.

Quadro 3. Informações acerca da autoria, objetivo e método de cada artigo.

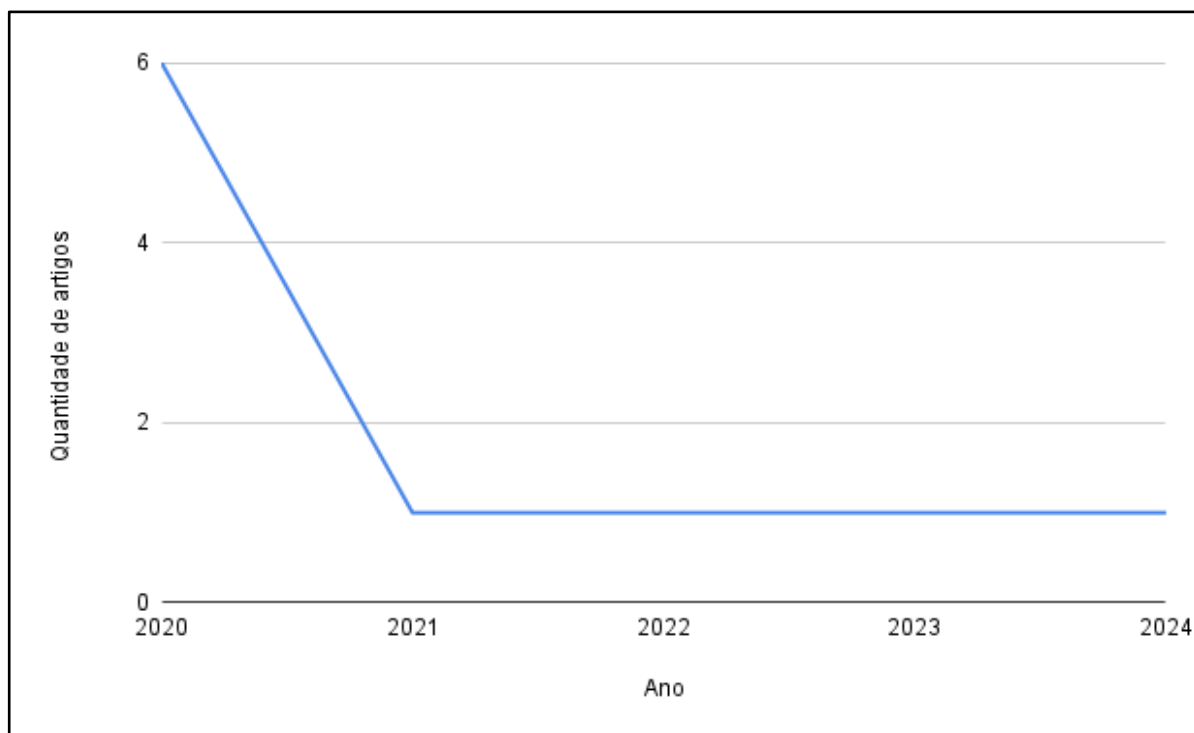
ID	Autores	Objetivo	Método
A1	Serunjogi D; Muwonge K.	Investigar a atividade antimicrobiana do extrato da folha da goiaba e de fármacos sintéticos comerciais selecionados no mercado contra bactérias isoladas no Hospital Kisubi, Uganda.	Estudo experimental
A2	Pereira G. A. <i>et al.</i>	Analisar a capacidade antimicrobiana de extratos aquosos de folhas de goiaba no combate às bactérias típicas e das cepas bacterianas resistentes.	Estudo experimental

A3	Azizan, N. A. <i>et al.</i>	Determinar a atividade antimicrobiana do extrato metanólico da <i>Psidium guajava</i> contra bactérias patogênicas de origem alimentar e delimitar a concentração mínima inibitória (CIM) da <i>P. guajava</i> .	Estudo experimental
A4	Sultana, C. <i>et al.</i>	Investigar a atividade antibacteriana, analgésica e antioxidante de diferentes frações do extrato metanólico da <i>P. guajava</i> .	Estudo experimental
A5	Festus F. I.; Goodness, O. O.; Temilade O. P.	Investigar o efeito de diferentes solventes utilizados para a extração na atividade antimicrobiana das folhas de <i>Psidium guajava</i> contra algumas bactérias multirresistentes em infecções nosocomiais.	Estudo experimental
A6	Ratnakaran, P. <i>et al.</i>	Avaliar a eficácia de extratos obtidos das folhas da <i>P. guajava</i> feitos com solventes aquosos (água destilada) e solventes orgânicos (metanol) na inibição do crescimento das bactérias <i>Escherichia coli</i> e <i>Staphylococcus aureus</i> .	Estudo experimental
A7	Oncho, D. A.; Ejigu, M. C.; Urgessa, O. E.	Exibir e quantificar os componentes secundários principais e avaliar a atividade antibacteriana das folhas e cascas da goiaba coletadas nos distritos de Gursum e Babile, em Oromia (Etiópia)	Estudo experimental
A8	Raj, A.; Menon, V.; Sharma N.	Avaliar a atividade fitoquímica, antimicrobiana, antioxidante e citotóxica dos extratos feitos de folhas de <i>P. guajava</i> com solventes distintos.	Estudo experimental
A9	Mitra, S.; Hodiwala, A. V. B.; Kar H.	Avaliar o sinergismo in vitro entre extratos obtidos de folhas de goiaba e antibióticos na <i>E. coli</i> uropatogênica (UPEC), utilizando a concentração mínima inibitória (CIM) e o método Kirby-Bauer.	Estudo experimental

Fonte: Elaborado pelo autor.

Considerando o ano de publicação dos artigos selecionados, 2020 se destaca por representar 66,67% dos artigos encontrados. Os 9 artigos selecionados estavam disponíveis em inglês, como pode ser observado na figura 3.

Figura 3. Ano de publicação dos artigos.



Fonte: Elaborado pelo autor.

A partir do quadro 4, pode-se observar informações relacionadas ao título, periódico, ano, país da publicação e idioma. Verifica-se que os artigos selecionados são diversificados em seus periódicos de publicação, visto que não houve a escolha de artigos diferentes de um mesmo periódico.

Quadro 4. Informações acerca dos autores, títulos, periódicos, ano da publicação, país e idioma dos artigos selecionados.

ID	Autores	Título	Periódico	Ano	País	Idioma
A1	Serunjogi D; Muwonge K.	Antimicrobial activity of Guava tree (<i>Psidium Guajava</i>) leaf extract and selected Commercial	Student's Journal of Health Research	2020	África	Inglês

		Antibiotics on Bacterial isolates from Kisubi Hospital	Africa			
A2	Pereira G. A. <i>et al</i>	Antimicrobial Activity of Psidium guajava Aqueous Extract against Sensitive and Resistant Bacterial Strains	Microorganism	2023	Suíça	Inglês
A3	Azizan, N. A. <i>et al.</i>	Antimicrobial activity of psidium guajava leaves extract against foodborne pathogens	International Journal of Psychosocial Rehabilitation	2020	Reino Unido	Inglês
A4	Sultana, C. <i>et al.</i>	Antioxidant, analgesic and antimicrobial activities of different fractions from methanolic extract of psidium guajava l. Leaves	International Journal of Pharmaceutical Sciences and Research	2020	Reino Unido	Inglês
A5	Festus F. I.; Goodness, O. O.; Temilade O. P.	Effect of different extraction solvents on the antimicrobial activity of psidium guajava (guava) leaves against multi-drug resistant bacteria implicated in nosocomial infections	The International Journal of Biotechnology	2020	Estados Unidos	Inglês
A6	Ratnakaran, P. <i>et al.</i>	Phytochemical and antimicrobial activities of leaf extract of Guava (Psidium guajava L.)	The International Journal of Applied Research	2020	Índia	Inglês

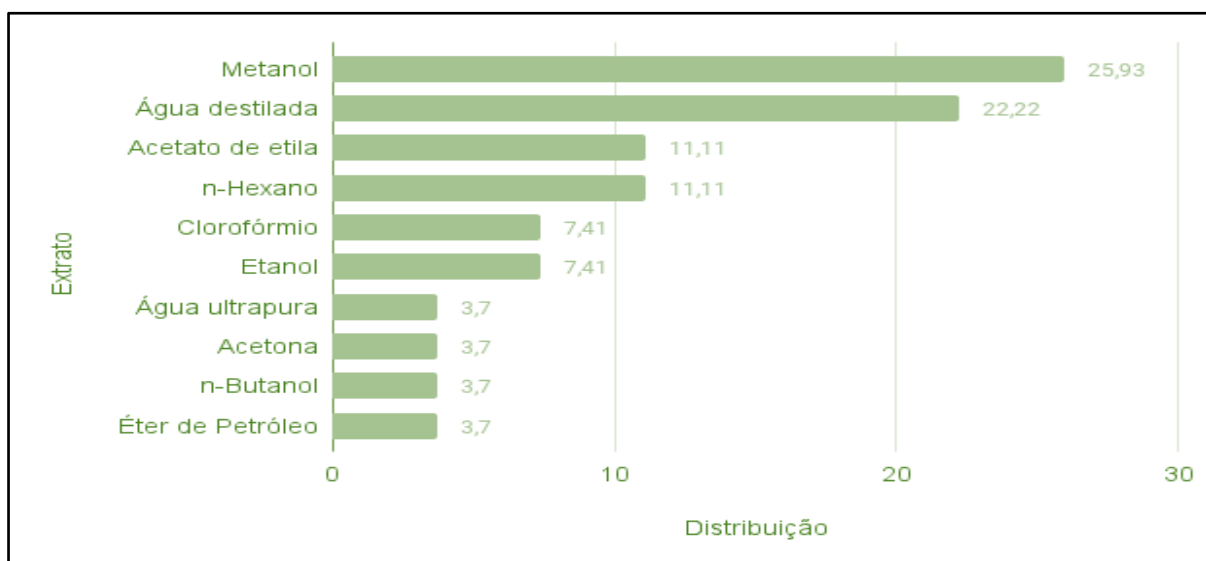
A7	Oncho, D. A.; Ejigu, M. C.; Urgessa, O. E.	Phytochemical constituent and antimicrobial properties of guava extracts of east Hararghe of Oromia, Ethiopia	Clinical Phytoscience	2021	Alemanha	Inglês
A8	Raj, A.; Menon, V.; Sharma N.	Phytochemical screening, antimicrobial, antioxidant and cytotoxic potential of different extracts of <i>Psidium guajava</i> leaves	Vegetos	2020	Singapura	Inglês
A9	Mitra, S.; Hodiwala, A. V. B.; Kar H.	Susceptibility and Synergistic Effects of Guava Plant Extract and Antimicrobial Drugs on <i>Escherichia coli</i>	Cureus	2024	Estados Unidos	Inglês

Fonte: Elaborado pelo autor.

A figura 4 contém os principais extratos usados nas pesquisas experimentais. Um total de vinte e sete extratos foram encontradas nos trabalhos científicos escolhidos, dentre os extratos, os que detinham maior frequência foram: Metanol (25,93%) e água destilada (22,22%).

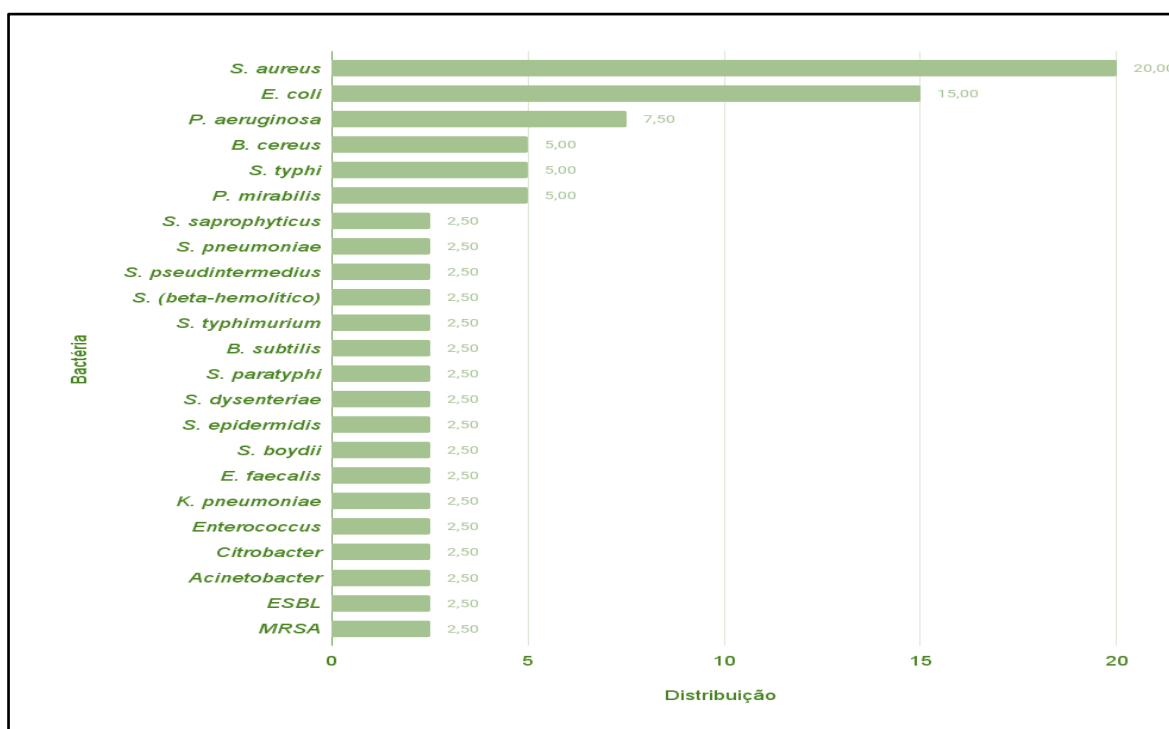
A figura 5 mostra a frequência das bactérias que foram utilizadas nos estudos. Um total de quarenta bactérias foram encontradas nas pesquisas que serviram de base para a revisão, dentre elas as que mais se destacaram foram: *Staphylococcus aureus* (22,85%), *Escherichia coli* (17,14%) e *Pseudomonas aeruginosa* (8%).

Figura 4. Distribuição dos extratos utilizados nos trabalhos selecionados.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Figura 5. Distribuição das bactérias utilizadas nos artigos selecionados.

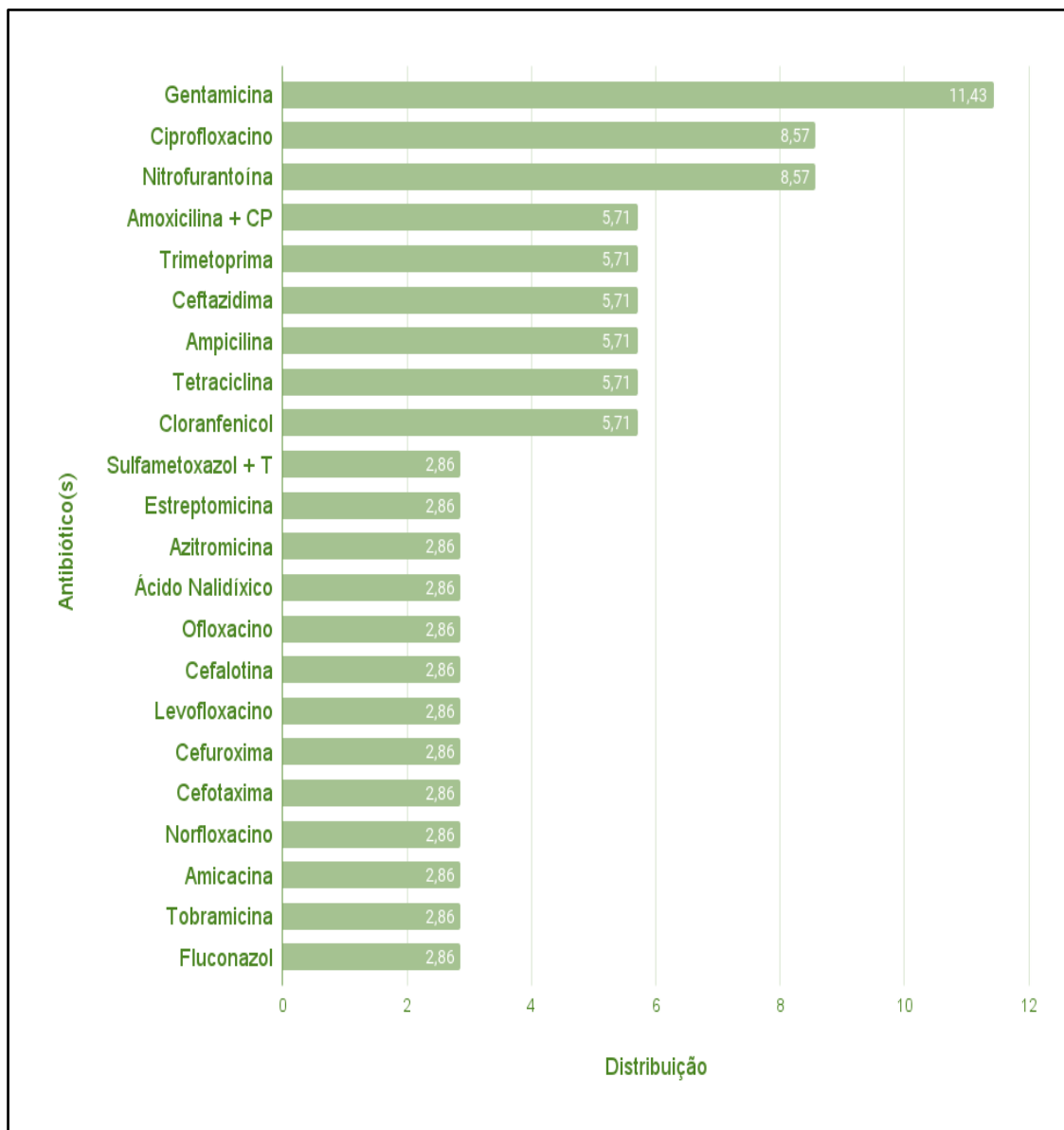


Fonte: Elaborado pelo autor.

Além disso, a partir da figura 6 pode-se observar os antibióticos que foram utilizados como controle positivo (comparação) nos artigos escolhidos para essa revisão. Trinta e cinco antibióticos foram utilizados nas pesquisas e os que obtiveram maior destaque foram: Gentamicina (11,43%), Ciprofloxacino (8,57%) e Nitrofurantoína

(8,57%). É importante ressaltar que nos trabalhos A1, A5 e A9 houve a utilização de combinações de antibióticos diferentes. Além disso, os autores do A2 não especificaram o grupo de controle positivo utilizado no experimento.

Figura 6. Distribuição dos antibióticos usados como controle positivo nos artigos selecionados.



Fonte: Elaborado pelo autor.

Legenda: Amoxilina + CP = Amoxicilina + Clavulanato de potássio; Sulfametoxazol + T = Sulfametoxazol + Trimetoprima

Discussão

Com os resultados obtidos, observa-se que o extrato metanólico demonstra ser o mais promissor e eficaz em relação ao efeito antimicrobiano quando comparado aos

outros extratos. Visto que, de acordo com Raj, Menon e Sharma (2020) o extrato metanólico apresentou zona inibitória máxima (12.5 ± 3.53 mm) contra a *P. aeruginosa* em relação a outros extratos utilizados no estudo. Corroborando para demonstrar a eficácia do uso do extrato metanólico, Serunjogi e Muwonge (2020) constataram que os extratos das folhas da goiaba com concentrações variáveis de metanol à 30%, 50% e 70% inibiram o crescimento bacteriano da *S. pneumoniae* com dois halos de inibição medindo 14mm, 16mm e 13mm respectivamente. Além disso, Ilesanmi, Opeyemi e Praise (2020) apontaram que os extratos metanólicos de *Psidium guajava* mostraram zona de inibição máxima ($10.0 \pm$ mm) contra *E. coli* em todas as concentrações testadas no estudo.

No entanto, outros extratos de *Psidium guajava* também demonstraram grande ação antimicrobiana. No estudo de Pereira *et al* (2023), evidenciou-se que o extrato aquoso, na concentração de 11.4 mg/mL, obtido a partir das folhas da goiaba tiveram efeito antimicrobiano contra *S. aureus* (16.0 ± 0 mm), *S. aureus* resistente à meticilina (18.0 ± 3.46 mm), *S. pseudintermedius* ($18 \text{ mm} \pm 0$) e *S. pseudintermedius* resistente ($17.3 \text{ mm} \pm 1.15$). Ademais, Oncho, Ejigu e Urgessa (2021) ressaltaram que os extratos etanólicos extraídos das folhas de goiaba em Babile mostraram zonas inibitórias máximas contra *S. Typhi* (8.7 ± 1.01 mm), *S. boydii* (13.0 ± 6.79 mm) e *E. faecalis* (10.7 ± 1.59 mm), enquanto os extratos obtidos da casca da goiabeira em Gursum demonstraram zona de inibição máxima contra *S. aureus* (10.0 ± 1.00 mm).

Com os resultados obtidos, observa-se que as bactérias gram-negativas apresentam maior resistência em comparação com as bactérias gram-positivas. Pois, Sultana *et al* (2020) salientaram que as frações HPG, CLPG e ET APG obtidas de MPG exibiram ação antimicrobiana com zonas de inibição medindo 13-18 mm em bactérias gram-positivas e 7-11 mm em bactérias gram-negativas, demonstrando serem mais eficazes no combate à bactérias gram-positivas. Corroborando para evidenciar a resistência encontradas nas bactérias gram-negativas, Azizan *et al*, (2020) enfatizaram que os extratos testados não mostraram inibição no crescimento de bactérias gram-negativas (*E. coli* ATCC 25922 e *S. typhimurium* ATCC 14028) na concentração de 500 mg/ml. Além disso, os resultados permaneceram idênticos, mesmo após o aumento da concentração dos extratos para 700 mg/ml e 1000 mg/ml. A resistência das bactérias gram-negativas pode ser causada por características relacionadas à cápsula, fatores genéticos ou a permeabilidade da membrana das células. As propriedades encontradas em superfícies bacterianas são determinadas pela composição de suas membranas

plasmáticas e paredes celulares e por estruturas localizadas na superfície que exercem funções como flagelos, fímbrias e cápsulas.

Em comparação com o uso de antibióticos no combate às bactérias, Oncho, Ejigu e Urgessa (2021) destacaram que os extratos de *Psidium guajava* foram menos eficazes em relação ao uso do antibiótico ciprofloxacino que demonstrou a maior zona inibitória contra todos os isolados do estudo. Em contrapartida, Ratnakara *et al* (2020) apontaram que os extratos metanólicos (50 mg/ml) e de água destilada (30 mg/ml) mostraram zonas de inibição de 16mm de diâmetro, enquanto o antibiótico Gentamicina (50 mg/ml) demonstrou zona inibitória de 20 mm de diâmetro, indicando que a ação inibitória dos extratos de *Psidium guajava* foi comparativamente maior do que o efeito observado com o uso da Gentamicina. Além disso, no estudo de Mitra, Hodiwala e Kar (2024) constatou-se que os antibióticos tobramicina, ofloxacino e amicacina demonstraram sensibilidade de 76% e 70% respectivamente contra a *E. coli* sem a combinação com os extratos de goiaba. Porém, a junção do extrato de *Psidium guajava* e do antibiótico ofloxacino demonstrou 100% de sensibilidade, apontando efeito sinérgico no uso desses dois agentes antimicrobianos.

Além da atividade antimicrobiana mostrada nos estudos anteriores, os extratos de *Psidium guajava* exibem outros efeitos relevantes para a medicina. Pois, no estudo de Raj, Menon e Sharma (2020) observou-se que em uma concentração de 100 ug/mL, os extratos de acetona (41%), clorofórmio (40%) e n-butanol (35.9%) apresentaram um alto nível de eliminação de radicais livres. Além disso, Sultana *et al* (2020) ressaltaram que as frações HPG, CLPG e ET APG numa dose de 400 mg/kg inibiram respectivamente, 56.1%, 60.51% e 70.12% aos efeitos causados por contusões, enquanto o diclofenaco sódico demonstrou 77.22% de inibição. Logo, percebe-se que as frações HPG, CLPG e ET APG exerceram redução significativa na dor induzida pelo ácido acético quando comparados ao grupo de controle.

Com isso, observa-se o potencial uso dos extratos de *Psidium guajava* para a produção de fármacos antibacterianos. Corroborando para destacar esse potencial, Oncho, Ejigu e Urgessa (2021) apontaram que a presença de fitoquímicos dos extratos da folha e da casca da *Psidium guajava* retiradas das regiões de Babile e Gursum pode ser responsável pelo efeito inibitório observado em bactérias patógenas entéricas gram-positivas e negativas testadas no estudo. Portanto, esses extratos podem servir como fonte para fármacos úteis ou serem aplicados na medicina alternativa no tratamento de doenças entéricas. Além disso, segundo Ratnakaran *et al* (2020), diversos estudos sugerem que

produtos isolados de plantas são mais adequados que produtos sintéticos. Portanto, na busca por um antimicrobiano natural para combater patógenos humanos, as folhas de *Psidium guajava* podem ser um excelente candidato. No entanto, é necessário que haja mais pesquisas para determinar o efeito da *Psidium guajava* em outras bactérias isoladas.

A respeito das limitações encontradas para elaboração do TCC, observa-se que existem obstáculos em relação à eficácia dos extratos contra bactérias gram-negativas e na aplicação desses extratos na produção de fármacos antibacterianos. Embora que os resultados apontem a eficácia antimicrobiana dos extratos de *Psidium guajava* e de outras ações de importância médica, faz-se necessário que haja investimentos em pesquisas que elucidem meios para ultrapassar a resistência encontrada em bactérias gram-negativas, bem como estudos que possibilitem a aplicação desses extratos para a construção de fármacos antimicrobianos que possam servir de alternativa aos antibióticos convencionais.

Considerações Finais

Conclui-se que os extratos de *Psidium guajava* podem ser utilizados como base para produzir novos fármacos antibacterianos, tendo em vista que os antibióticos convencionais se tornam cada vez menos eficazes no tratamento de infecções bacterianas.

Com os resultados dos estudos obtidos, verificou-se que o extrato metanólico foi o mais eficaz se comparado a alguns antibióticos, porém outros extratos foram menos eficazes que os fármacos antimicrobianos. Além disso, percebe-se que as bactérias gram-negativas foram as mais resistentes à ação dos extratos, isso ocorre por características estruturais e genéticas que dificultam o efeito antimicrobiano dos extratos. Logo, é imprescindível que sejam realizadas mais pesquisas para elucidar o potencial dos extratos de *Psidium guajava* em comparação aos antibióticos tradicionais.

De acordo com o exposto, este TCC serve como base, pois agrupa as principais informações sobre os extratos, seu uso e eficácia, norteando caminhos no grupo de pesquisa para trabalhos futuros visando a utilização desses extratos na fabricação de novos agentes antimicrobianos que sejam tão eficazes quanto os utilizados atualmente.

Referências

ALDUINA, Rosa. Antibiotics and environment. **Antibiotics**, v. 9, n. 4, p. 202, 2020.

ALVES, M. R. *et al.* Revisão da literatura e suas diferentes características. **Editora Científica Digitas**, v. 4, p. 46-53, 2022.

ANGULO-LÓPEZ, Jorge E. *et al.* Guava (*Psidium guajava* L.) fruit and valorization of industrialization by-products. **Processes**, v. 9, n. 6, p. 1075, 2021.

AZIZAN, Nurul Alia *et al.* Antimicrobial activity of *Psidium guajava* leaves extract against foodborne pathogens. **Int. J. Psychosoc. Rehabil**, v. 24, n. 7, p. 318-326, 2020.

BOGHA, T. T. *et al.* Studies on physical, chemical and mineral evaluation of guava (*Psidium Guajava* L.). **Pharma Innovation Journal**, v. 9, n. 3, p. 117-119, 2020.

BRIZOLA, J.; FANTIN, N. Revisão da literatura e revisão sistemática da literatura. **Revista de Educação do Vale do Arinos-RELVA**, v. 3, n. 2, 2016.

CASARIN, S. T. *et al.* Tipos de revisão de literatura: considerações das editoras do Journal of Nursing and Health/Types of literature review: considerations of the editors of the Journal of Nursing and Health. **Journal of nursing and health**, v. 10, n. 5, 2020.

CARVALHO, A. F. S. *et al.* Estudo da morfologia externa e interna das folhas de *Psidium guajava* L. Myrtaceae (goiabeira). **Revista Fitos**, v. 18, p. e1568-e1568, 2024.

CHANG, Rachel Yoon Kyung *et al.* Novel antimicrobial agents for combating antibiotic-resistant bacteria. **Advanced drug delivery reviews**, v. 187, p. 114378, 2022.

CHAVADA, Jay *et al.* Antibiotic resistance: challenges and strategies in combating infections. **Cureus**, v. 15, n. 9, 2023.

CHINEMEREM NWOBODO, David *et al.* Antibiotic resistance: The challenges and some emerging strategies for tackling a global menace. **Journal of clinical laboratory analysis**, v. 36, n. 9, p. e24655, 2022.

DANGE, S. S.; RAO, P. S.; JADHAV, R. S. Traditional uses of guava: a review. **World J Pharm Res**, v. 9, n. 5, p. 452-464, 2020.

DE BRITO, Guilherme Borges; TREVISAN, Márcio. O uso indevido de antibióticos e o eminente risco de resistência bacteriana. **Revista Artigos. Com**, v. 30, p. e7902-e7902, 2021.

DOS SANTOS GARCIA, Josefa Vancleide Alves; COMARELLA, Larissa. O uso indiscriminado de antibióticos e as resistências bacterianas. **Saúde e Desenvolvimento**, v. 10, n. 18, p. 78-87, 2021.

ERCOLE, Flávia Falci; DE MELO, Laís Samara; ALCOFORADO, Carla Lúcia Goulart Constant. Revisão integrativa versus revisão sistemática. **REME-Revista Mineira de Enfermagem**, v. 18, n. 1, 2014.

GALVÃO, Taís Freire; PEREIRA, Maurício Gomes. Revisões sistemáticas e outros tipos de síntese: comentários à série metodológica publicada na Epidemiologia e Serviços de Saúde. **Epidemiologia e Serviços de Saúde**, v. 31, n. 3, p. e2022422, 2022.

HUEMER, Markus et al. Antibiotic resistance and persistence—Implications for human health and treatment perspectives. **EMBO reports**, v. 21, n. 12, p. e51034, 2020.

ILAGAN, Cedrick Piolo M. et al. A Review of Bioactive Compounds of Guava: Biosynthesis and Mechanism Against Multidrug-Resistant (MDR) Bacteria. **Asian Journal of Biological and Life Sciences**, v. 11, n. 2, p. 295, 2022.

ILESANMI, Fadahunsi; OPEYEMI, Oyeniran; PRAISE, Ozabor. Effect of different extraction solvents on the antimicrobial activity of *Psidium guajava* (guava) leaves against multi-drug resistant bacteria implicated in nosocomial infections. **International Journal of Biotechnology**, v. 9, n. 1, p. 24-37, 2020.

JIANG, Li-Rong et al. Network pharmacology analysis of pharmacological mechanisms underlying the anti-type 2 diabetes mellitus effect of guava leaf. **Arabian Journal of Chemistry**, v. 14, n. 6, p. 103143, 2021.

JÚNIOR, F. G. B. F. F. et al. Uso de embalagem plástica e comestível para conservação de goiaba sob diferentes condições de armazenamento. **Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais**, v. 11, n. 4, p. 463-473, 2020.

KHARDORI, Nancy; STEVAUX, Cecilia; RIPLEY, Kathryn. Antibiotics: from the beginning to the future: Part 1. **The Indian Journal of Pediatrics**, v. 87, p. 39-42, 2020.

KUMAR, Manoj et al. Guava (*Psidium guajava* L.) leaves: Nutritional composition, phytochemical profile, and health-promoting bioactivities. **Foods**, v. 10, n. 4, p. 752, 2021.

KUMAR, Manoj et al. Guava (*Psidium guajava* L.) seed: A low-volume, high-value byproduct for human health and the food industry. *Food Chemistry*, v. 386, p. 132694, 2022.

LIU, Hsiao-Chun et al. Anti-cancer therapeutic benefit of red guava extracts as a potential therapy in combination with doxorubicin or targeted therapy for triple-negative breast cancer cells. **International Journal of Medical Sciences**, v. 17, n. 8, p. 1015, 2020.

MANCUSO, Giuseppe et al. Bacterial antibiotic resistance: the most critical pathogens. **Pathogens**, v. 10, n. 10, p. 1310, 2021.

MATHPAL, Deepti; RATHORE, Gulshan. An Analysis of Health Benefits of Guava. **International Journal of Innovative Research in Engineering & Management**, v. 9, n. 1, p. 239-242, 2022.

MILLONES-GÓMEZ, Pablo A. et al. Antimicrobial activity and antiadherent effect of peruvian *Psidium guajava* (Guava) leaves on a cariogenic biofilm model. **J Contemp Dent Pract**, v. 21, n. 7, p. 733-40, 2020.

MITRA, Sohini; HODIWALA, Anahita V. Bhesania; KAR, Harapriya. Susceptibility and Synergistic Effects of Guava Plant Extract and Antimicrobial Drugs on *Escherichia coli*. **Cureus**, v. 16, n. 1, 2024.

MOSTAFA, A. M. et al. Guava disease detection using deep convolutional neural networks: A case study of guava plants. **Applied Sciences**, v. 12, n. 1, p. 239, 2021.

ONCHO, Dereje A.; EJIGU, Meseret C.; URGESSA, Olyad E. Phytochemical constituent and antimicrobial properties of guava extracts of east Hararghe of Oromia, Ethiopia. **Clinical Phytoscience**, v. 7, p. 1-10, 2021.

OULAHAL, Nadia; DEGRAEVE, Pascal. Phenolic-rich plant extracts with antimicrobial activity: an alternative to food preservatives and biocides?. **Frontiers in Microbiology**, v. 12, p. 753518, 2022.

ORDÓÑEZ-SANTOS, L. E.; VÁZQUEZ-RIASCOS, A. Effect of processing and storage time on the vitamin C and lycopene contents of nectar of pink guava (*Psidium guajava* L.). **Archivos latinoamericanos de nutrición**, v. 60, n. 3, p. 280-284, 2010.

PATHMANABAN, P.; GNANAVEL, B. K.; ANANDAN, Shanmuga Sundaram. Comprehensive guava fruit data set: digital and thermal images for analysis and classification. **Data in Brief**, v. 50, p. 109486, 2023.

PEREIRA, Geraldo Augusto et al. Antimicrobial activity of *Psidium guajava* aqueous extract against sensitive and resistant bacterial strains. **Microorganisms**, v. 11, n. 7, p. 1784, 2023.

RAJ, Aarti; MENON, Vikas; SHARMA, Nitin. Phytochemical screening, antimicrobial, antioxidant and cytotoxic potential of different extracts of *Psidium guajava* leaves. **Vegetos**, v. 33, n. 4, p. 750-758, 2020.

RATNAKARAN, Pooja et al. Phytochemical and antimicrobial activities of leaf extract of Guava (*Psidium guajava* L.). **IJAR**, v. 6, n. 5, p. 106-110, 2020.

REHMAN, Muhammad Anees Ur; KHAN, Idrees. Medicinal and pharmacological potential of Guava leaf powder, A Review. **International Journal of Natural Medicine and Health Sciences**, v. 1, n. 2, 2022.

RIBEIRO, B. B. Aspectos comerciais da cultura da goiaba no Brasil. 2021.

RUKSIRIWANICH, Warintorn et al. Guava (*Psidium guajava* L.) leaf extract as bioactive substances for anti-androgen and antioxidant activities. **Plants**, v. 11, n. 24, p. 3514, 2022.

SARKINGOBIR, Yusuf et al. Antibacterial study of guava leaves on some enteric bacteria (*E. coli* and *Shigella dysenteriae*) from Sokoto, Nigeria. **International Research Journal of Science, Technology, Education, and Management**, v. 2, n. 4, p. 1-7, 2022.

SERUNJOI, David; MUWONGE, Kizito. Antimicrobial activity of Guava tree (*Psidium Guajava*) leaf extract and selected Commercial Antibiotics on Bacterial isolates from Kisubi Hospital. **Student's Journal of Health Research Africa**, v. 1, n. 12, p. 10-10, 2020.

SHARMA, Shivani; BORAH, Anjan. Bioactive compounds present in different parts of Guava and their significance: A review. **The Pharma Innovation**, v. 10, n. 5, p. 163-171, 2021.

SHETTY, Y. Sunaina et al. Evaluation of the efficacy of guava extract as an antimicrobial agent on periodontal pathogens. **J Contemp Dent Pract**, v. 19, n. 6, p. 690-7, 2018.

STACHELEK, Magdalena et al. Overcoming bacterial resistance to antibiotics: the urgent need—a review. **Annals of Animal Science**, v. 21, n. 1, p. 63-87, 2021.

SULTANA, Chand et al. Antioxidant, analgesic and antimicrobial activities of different fractions from methanolic extract of *Psidium guajava* L. Leaves. **International Journal of Pharmaceutical Sciences and Research**, v. 11, p. 2733, 2020.

URBAN-CHMIEL, Renata et al. Antibiotic resistance in bacteria—A review. **Antibiotics**, v. 11, n. 8, p. 1079, 2022.

VAOU, Natalia et al. Towards advances in medicinal plant antimicrobial activity: A review study on challenges and future perspectives. **Microorganisms**, v. 9, n. 10, p. 2041, 2021.

VIANA, E. D. L. Efeitos da aplicação de diferentes revestimentos comestíveis na conservação pós-colheita de goiaba: uma revisão de literatura. 2021.

CAPÍTULO 14

PUBLIQUE COM A SCIENCE EM FLUXO CONTÍNUO

PUBLISH WITH SCIENCE IN CONTINUOUS FLOW

DOI: <https://doi.org/10.56001/22.9786500495669.14>

Submetido em: 15/04/2025

Revisado em: 24/04/2025

Publicado em: 25/04/2025

AUTORES

Universidade Federal do Brasil, Faculdade de Ciências, Localidade-PE

<http://lattes.cnpq.br/>

AUTORES

Universidade Estadual do Brasil, Centro de Ciências, Localidade-PB

<https://orcid.org/>

AUTORES

Instituto Federal do Brasil, Departamento de Ciências, Localidade-SE

<http://lattes.cnpq.br/>

Resumo

Texto

Palavras-chave: Words.

Abstract

Texto

Keywords: Words.

Introdução

Aqui começa sua publicação e história de sucesso.

SOBRE OS ORGANIZADORES DO LIVRO DADOS CNPQ:

Dr. Igor Luiz Vieira de Lima Santos



Possui Graduação em Bacharelado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal Rural de Pernambuco (2003) e Mestrado em Genética e Biologia Molecular pela Universidade Federal do Rio Grande do Norte (2006). Doutor em Biotecnologia pela RENORBIO (Rede Nordeste de Biotecnologia (2013), Área de Concentração Biotecnologia em Saúde atuando principalmente com pesquisa relacionada a genética do câncer de mama. Participou como Bolsista de Desenvolvimento Tecnológico Industrial Nível 3 de relevantes projetos tais como: Projeto Genoma *Anopheles darlingi* (de 02/2008 a 02/2009); e Isolamento de genes de interesse biotecnológico para a agricultura (de 08/2009 a 12/2009). Atualmente é Professor Adjunto III da Universidade Federal de Campina Grande-UFCG, do Centro de Educação e Saúde onde é Líder do Grupo de Pesquisa BASE (Biotecnologia Aplicada à Saúde e Educação) e colaborador em ensino e pesquisa da UFRPE, UFRN e EMBRAPA-CNPQ. Tem experiência nas diversas áreas da Genética, Fisiologia Molecular, Microbiologia e Bioquímica com ênfase em Genética Molecular e de Microrganismos, Plantas e Animais, Biologia Molecular e Biotecnologia Industrial. Atua em projetos versando principalmente sobre os seguintes temas: Metagenômica, Carcinogênese, Monitoramento Ambiental e Genética Molecular, Marcadores Moleculares Genéticos, Polimorfismos Genéticos, Bioinformática, Biodegradação, Biotecnologia Industrial e Aplicada, Sequenciamento de DNA, Nutrigenômica, Farmacogenômica, Genética na Enfermagem e Educação.

Dra. Fernanda Miguel de Andrade



Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade Federal Rural de Pernambuco (2013), especialização em Análises Clínicas pela Faculdade Frassinette do Recife - FAFIRE (2015), mestrado em Ciências Biológicas (2016) e doutorado em Bioquímica e Fisiologia (2020) pela Universidade Federal de Pernambuco. Atualmente faz parte do corpo docente do curso de Medicina da Faculdade de Medicina do Sertão - FMS; está como professora substituta da Universidade Federal de Campina Grande - UFCG, junto a Unidade Acadêmica de Medicina do Centro de Ciências Biológicas e da Saúde. Atua como professora colaboradora do programa de Pós-graduação em Morfotecnologia da Universidade Federal de Pernambuco. Tem experiência na área de Biotecnologia, com ênfase em Citologia, Histologia, Embriologia, Bioquímica e Biologia Molecular, atuando principalmente nos seguintes temas: Purificação e Aplicação Biológica de Biomoléculas de Origem Vegetal, Aplicação de Lectinas e Polissacarídeos em Feridas de Animais Diabéticos e Hipertensos, Processo Cicatricial, Alternativas Terapêuticas para a Criptococose e Fibrose Pulmonar.

Pós-Dra. Carliane Rebeca Coelho da Silva



Possui Graduação em Bacharelado em Ciências Biológicas pela Universidade Federal Rural de Pernambuco apresentando monografia na área de genética com enfoque em transgenia. Mestrado em Melhoramento Genético de Plantas pela Universidade Federal do Rural de Pernambuco com dissertação na área de melhoramento genético com enfoque em técnicas de imunodeteção. Doutora em Biotecnologia pela RENORBIO (Rede Nordeste de Biotecnologia, Área de Concentração Biotecnologia em Agropecuária) atuando principalmente com tema relacionado a transgenia de plantas. Pós-doutorado em Biotecnologia com concentração na

SOBRE OS ORGANIZADORES DO LIVRO

área de Biotecnologia em Agropecuária. Atua com linhas de pesquisa focalizadas nas áreas de defesa de plantas contra estresses bióticos e abióticos, com suporte de ferramentas biotecnológicas e do melhoramento genético. Tem experiência na área de Engenharia Genética, com ênfase em isolamento de genes, expressão em plantas, melhoramento genético de plantas via transgenia, marcadores moleculares e com práticas de transformação de plantas via "ovary drip". Tem experiência na área de genética molecular, com ênfase nos estudos de transcritos, expressão diferencial e expressão gênica. Integra uma equipe com pesquisadores de diferentes instituições como Embrapa Algodão, UFRPE, UEPB e UFPB, participando de diversos projetos com enfoque no melhoramento de plantas.

Biotecnologia de Plantas

“Esperamos que tenham aproveitado todos os trabalhos disponíveis na íntegra e gratuitos para seu conhecimento e consulta.

Esta obra objetivou ampliar os seus horizontes sobre a temática proposta além dos muros acadêmicos, proporcionando uma visão mais realista, ampla e multidisciplinar desta área de estudo seus impactos e descobertas.

Os livros da Science compreendem do conhecimento mais simples ao mais complexo, do mais acadêmico ao mais aplicado, procurando sempre a socialização global com conhecimento científico respaldado e de qualidade, para que a sociedade possa se beneficiar em todos os sentidos.

Agradecemos o seu interesse em chegar até o final deste livro na busca por conhecimento. Aguardem novos títulos e eventos da Editora Science sempre comprometida com a qualidade e o sucesso da sua publicação.”

PARA MAIS INFORMAÇÕES E OBRAS DA EDITORA SCIENCE ACESSE:

www.editorascience.com.br

Siga nossas redes sociais e amplie o alcance dos nossos livros:

Facebook: <http://www.facebook.com/editorascience>

Instagram: <https://www.instagram.com/editorascience>



Todos os Direitos Reservados

