

UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ

SILMARA RODRIGUES PIETROBELLI

**ASPECTOS AGRONÔMICOS, METABÓLICOS E MOLECULARES
ASSOCIADOS ÀS RESPOSTAS DE GENÓTIPOS DE MANDIOQUINHA-SALSA
AO CALOR**

TESE

**PATO BRANCO
2024**

SILMARA RODRIGUES PIETROBELLI

**ASPECTOS AGRONÔMICOS, METABÓLICOS E MOLECULARES
ASSOCIADOS ÀS RESPOSTAS DE GENÓTIPOS DE MANDIOQUINHA-SALSA
AO CALOR**

AGRONOMIC, METABOLIC AND MOLECULAR ASPECTS ASSOCIATED WITH
THE RESPONSES OF FARRACACHA GENOTYPES TO HEAT

Tese apresentada como requisito à obtenção do
título de Doutora em Agronomia – Área de
Produção Vegetal da Universidade
Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).

Orientador: Thiago de Oliveira Vargas

Coorientadora: Taciane Finatto

PATO BRANCO
2024



[4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/)

Esta licença permite compartilhamento, remixe, adaptação e criação a partir do trabalho, mesmo para fins comerciais, desde que sejam atribuídos créditos ao(s) autor(es). Conteúdos elaborados por terceiros, citados e referenciados nesta obra não são cobertos pela licença.



Ministério da Educação
Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Campus Pato Branco



SILMARA RODRIGUES PIETROBELLI

**ASPECTOS AGRÔNOMICOS, METABÓLICOS E MOLECULARES ASSOCIADOS ÀS RESPOSTAS DE
GENÓTIPOS DE MANDIOQUINHA-SALSA AO CALOR.**

Trabalho de pesquisa de doutorado apresentado como
requisito para obtenção do título de Doutor Em Agronomia
da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).
Área de concentração: Produção Vegetal.

Data de aprovação: 19 de Dezembro de 2023

Dr. Thiago De Oliveira Vargas, Doutorado - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Anelise Tessari Perboni, - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Dr. Giovani Olegario Da Silva, Doutorado - Embrapa

Dr. Nuno Rodrigo Madeira, Doutorado - Embrapa

Paula Fernandes Montanher, - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Documento gerado pelo Sistema Acadêmico da UTFPR a partir dos dados da Ata de Defesa em 21/12/2023.

A minha avó, Oliva Durante
(*in memoriam*).

AGRADECIMENTOS

Meus sinceros agradecimentos, a minha família, em especial aos meus pais, Francisca Rodrigues e Itelvino Pietrobelli, minha irmã Simone Pietrobelli, e ao meu noivo Lucas Irineu da Silva, que nunca soltaram a minha mão, durante todos esses anos do Curso de Doutorado. Sem o apoio de vocês não seria possível concluir esse trabalho. Agradeço também a minha sogra Silvana Paulino Irineu e minha cunhada Luana Irineu, por sempre acolherem minhas angústias e me apoiarem no processo.

Agradeço ao meu orientador Prof. Thiago de Oliveira Vargas e a minha coorientadora Prof.^a Taciane Finatto por serem sempre mais que orientadores, estarem sempre dispostos a acolherem minhas dúvidas, problemas e preocupações. Obrigada pelo carinho, amizade e atenção durante todos esses anos. Com toda certeza fui muito abençoada por Deus, por estar sob a orientação de vocês.

Aos meus colegas um agradecimento com muito carinho e gratidão, principalmente a Jessica Cardoso, por dividir comigo as alegrias e as tristezas desses anos, e hoje ser uma amiga especial. Patrícia Bortolanza por inúmeras vezes fazer da sua casa a minha, obrigada pelo acolhimento e amizade sincera. Aos demais amigos e colegas do grupo de pesquisa NEA_Sudoeste_PR (em especial Matheus Hermann), GeBiotec, e UCP – unidade de crescimento de plantas da UFV, por toda ajuda e apoio durante os experimentos e análises.

Agradecemos ao LABSOLOS pelo auxílio na construção do conhecimento e nas análises efetuadas para esse trabalho.

O presente trabalho foi realizado com apoio do CNPq, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - Brasil, por meio da Chamada CNPq nº 01/2019 - Apoio à Formação de Doutores em Áreas Estratégicas (Processo: 401061/2019-1).

A todos que de alguma forma contribuíram, meus sinceros agradecimentos.

RESUMO

A mandioquinha-salsa é uma espécie de origem Andina cujas raízes apresentam elevado interesse econômico e qualidade nutricional. Por se tratar de uma hortaliça de ciclo longo, alguns fatores de ordem climática apresentam grande influência sobre o seu desenvolvimento, sendo a produtividade altamente sensível às temperaturas elevadas. Como consequência do aumento de temperatura em decorrência das mudanças climáticas, a produção de mandioquinha-salsa encontra-se abaixo da demanda no Brasil. Os plantios realizados em épocas quentes e chuvosas apresentam alto índice de apodrecimento de mudas e raízes, o qual propicia elevadas perdas causadas por bacterioses. Atualmente estima-se que pelos padrões de aumento de temperatura em decorrência das mudanças climáticas pode acarretar a redução da produção, inviabilizando o plantio em determinadas regiões. Desta forma, identificar constituições genéticas potenciais, adaptadas a estas condições climáticas, até então desfavoráveis para a cultura, é uma forma de garantir a sua produção. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi analisar o desempenho agrônomo, as respostas metabólicas e a prospecção *in silico* de genes de tolerância ao calor de genótipos de mandioquinha-salsa cultivados no município de Pato Branco – Paraná. Foram conduzidos dois experimentos (duas épocas de cultivos), na área experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, UTFPR, Campus Pato Branco, simulando cultivo comercial a campo, e um terceiro experimento em vasos em ambiente protegido, onde as plantas foram expostas às duas condições de temperatura (30 °C e 20 °C, em câmaras de fitotron). As plantas do cultivo comercial foram analisadas quanto ao crescimento, incidência de pragas e doenças, desempenho agrônomo, qualidade de raízes, trocas gasosas e análises metabólicas. As plantas cultivadas em ambiente protegido foram avaliadas quanto aos parâmetros metabólicos e de trocas gasosas. Por fim, foi realizado um estudo *in silico*, para a prospecção de genes envolvidos no processo de resposta ao estresse causado por altas temperaturas em espécies de plantas, visando identificar sequências homólogas em espécies da ordem Apiales. Analisando o desempenho agrônomo, crescimento, incidência de pragas e doenças e qualidade de raiz, dos genótipos estudados no período de condução dos experimentos, Amarela de Senador Amaral, Branca Comum Amarela Comum obtiveram desempenhos insatisfatórios. Em contrapartida, os genótipos SCS380 Inca e SCS381 Coqueiral, de forma geral, foram os que expressaram os melhores resultados, mostrando adaptabilidade às condições edafoclimáticas da região. De forma geral os genótipos BRS Rubia 41, primeira época de cultivo, e SCS380 Inca, segunda época de cultivo, apresentaram os melhores resultados para as avaliações de trocas gasosas, tendo as maiores taxas de assimilação de CO₂, maiores concentrações internas de CO₂ na folha e

consequentemente, uma sugerida maior capacidade fotossintética quando cultivadas a campo. Para o experimento em ambiente controlado, os genótipos BRS Acarijó 56 e SCS380 Inca obtiveram destaque, apresentando plantas sobreviventes até o fim do experimento. Além disso, as plantas sobreviventes e estressadas apresentaram maiores médias para os parâmetros de condutância estomática e concentração interna de CO₂ quando comparadas com as plantas acondicionadas no ambiente controle. Em relação aos dados bioquímicos, observa-se que para a análise da primeira época de cultivo, houve um destaque dos genótipos BRS Rubia 41 e BRS Catarina 64 em relação ao acúmulo de pigmentos, proteínas totais e aminoácidos livres, tanto na parte aérea quanto no sistema radicular. Em contrapartida, o conteúdo de açúcares exibiu um padrão oposto, com maiores teores de amido e sacarose nos genótipos BRS Acarijó 56 e SCS380 Inca, com destaque também para o genótipo BRS Acarijó 56 acumular também maiores níveis de açúcares redutores (glicose e frutose) em relação aos demais genótipos. As análises relativas à segunda época de cultivo, evidenciam que o genótipo BRS Acarijó 56 apresentou maior conteúdo de pigmentos e proteínas totais no seu sistema radicular. Tal acúmulo destes metabólitos foi observado em folhas para os genótipos SCS381 Coqueiral e SCS380 Inca. A análise de fenóis totais indicou maiores níveis nas folhas de BRS Acarijó 56, e nas raízes de SCS381 Coqueiral e SCS380 Inca. Por fim, ao avaliar a extensão dos efeitos sobre o metabolismo primário de genótipos de *A. xanthorrhiza*, observa-se destaque para o genótipo BRS Rubia 41, cujas plantas sob estresse térmico apresentaram maior conteúdo de clorofilas a e b, clorofilas totais, proteínas, amido (glicose equivalente) e frutose; ao passo que o genótipo SCS380 Inca, apresentou maior conteúdo do osmorregulador prolina, bem como de aminoácidos livres, em comparação aos demais. Com o estudo *in silico*, foram identificados 29 genes associados à tolerância ao estresse térmico causado por altas temperaturas em várias espécies, destacando-se a espécie modelo *Arabidopsis thaliana*, que foi amplamente utilizada nos estudos. Notavelmente, os resultados indicaram que a família das Proteínas de Choque Térmico (HSPs) desempenhou um papel preponderante, demonstrando sua essencialidade na preservação da integridade celular, especialmente em condições de estresse térmico provocado por elevadas temperaturas. Além disso, por meio do alinhamento das sequências nucleotídicas contra sequências da ordem Apiales foi possível identificar 19 espécies com sequências similares. Apesar do número significativo de espécies similares houve destaque para cenoura (*Daucus carota*) que retornou maior quantidade de resultados.

Palavras-chave: *Arracacia xanthorrhiza* Bancroft. Estresse térmico. Genótipos tolerantes.

ABSTRACT

The mandioquinha-salsa, originating from the Andes, boasts roots of high economic value and nutritional quality. As a long-cycle vegetable, its development is significantly influenced by climatic factors, with productivity highly sensitive to elevated temperatures. Due to climate change-induced temperature increases, mandioquinha-salsa production in Brazil falls below demand. Plantings during hot and rainy seasons often result in high rates of seedling and root rot, leading to substantial losses from bacterial diseases. Current projections suggest that the anticipated temperature rise due to climate change may further reduce production, rendering cultivation unfeasible in certain regions. Thus, identifying genotypic variations adapted to these unfavorable climatic conditions becomes crucial for ensuring sustainable production. Against this backdrop, this study aimed to analyze the agronomic performance, metabolic responses, and *in silico* exploration of heat tolerance genes in mandioquinha-salsa genotypes cultivated in Pato Branco, Paraná. Two experiments, simulating commercial field cultivation, were conducted at the Experimental Area of the Federal Technological University of Paraná (UTFPR), Campus Pato Branco. Additionally, a third experiment in pots, within a controlled environment, exposed plants to two temperature conditions (30°C and 20°C in phytotron chambers). Commercially cultivated plants underwent analysis for growth, pest and disease incidence, agronomic performance, root quality, gas exchange, and metabolic profiling. Plants grown in a controlled environment were evaluated for metabolic parameters and gas exchange. Lastly, an *in silico* study was performed to prospect genes involved in the response to heat stress in plants, aiming to identify homologous sequences in *Apiales* order species. Analyzing the agronomic performance, growth, incidence of pests and diseases, and root quality of the genotypes studied during the experimental period, Amarela de Senador Amaral, Branca Comum, and Amarela Comum obtained unsatisfactory performances. Conversely, the genotypes SCS380 Inca and SCS381 Coqueiral generally demonstrated the best results, showing adaptability to the region's soil and climatic conditions. Overall, the genotypes BRS Rubia 41 (first cultivation period) and SCS380 Inca (second cultivation period) showed the best results for gas exchange evaluations, with the highest rates of CO₂ assimilation, higher internal CO₂ concentrations in the leaves, and consequently, a suggested higher photosynthetic capacity when cultivated in the field. In the controlled environment experiment, the genotypes BRS Acarijó 56 and SCS380 Inca stood out, with surviving plants until the end of the experiment. Additionally, surviving and stressed plants exhibited higher average stomatal conductance and internal CO₂ concentration compared to

plants in the control environment. Regarding biochemical data, analysis of the first cultivation period highlighted genotypes BRS Rubia 41 and BRS Catarina 64 for the accumulation of pigments, total proteins, and free amino acids in both the aerial and root systems. Conversely, the sugar content exhibited an opposite pattern, with higher levels of starch and sucrose in genotypes BRS Acarij3 56 and SCS380 Inca, with the added distinction of BRS Acarij3 56 accumulating higher levels of reducing sugars (glucose and fructose) compared to other genotypes. Analyses for the second cultivation period indicated that genotype BRS Acarij3 56 had a higher content of pigments and total proteins in its root system, while these metabolites accumulated in leaves for genotypes SCS381 Coqueiral and SCS380 Inca. Total phenol analysis indicated higher levels in the leaves of BRS Acarij3 56, while the roots of SCS381 Coqueiral and SCS380 Inca exhibited higher accumulation. In assessing the impact on the primary metabolism of *A. xanthorrhiza* genotypes under thermal stress, genotype BRS Rubia 41 stood out, with plants under thermal stress exhibiting higher contents of chlorophylls a and b, total chlorophylls, proteins, starch (glucose equivalent), and fructose. In contrast, genotype SCS380 Inca showed a higher content of the osmoregulator proline, as well as free amino acids, compared to others. The in silico study identified 29 genes associated with heat stress tolerance caused by high temperatures in various species, with the model species *Arabidopsis thaliana* playing a prominent role in these studies. Notably, the results indicated a crucial role for the Heat Shock Proteins (HSPs) family, underscoring their essentiality in preserving cellular integrity, especially under thermal stress conditions induced by high temperatures. Furthermore, aligning nucleotide sequences against Apiales order sequences identified 19 species with similar sequences, with carrot (*Daucus carota*) standing out for returning a higher quantity of results.

Keywords: *Arracacia xanthorrhiza* Bancroft. Thermal stress. Heat-tolerant genotypes.

LISTA DE FIGURAS

- 1 Dados de temperatura e precipitação pluviométrica média, no período de condução dos experimentos a campo - maio de 2020 a abril de 2021, da região sudoeste do Paraná. UTFPR, Pato Branco, 2023. 41
- 2 Porcentagem de falha e altura de planta de sete genótipos de mandioquinha-salsa avaliados do transplantio a colheita durante a primeira época de cultivo. A. Porcentagem de falha; B. Crescimento da planta. UTFPR, Pato Branco, 2023. 47
- 3 Porcentagem de falha e altura de planta de sete genótipos de mandioquinha-salsa avaliados do transplantio a colheita durante a segunda época de cultivo. A. Porcentagem de falha; B. Crescimento da planta. UTFPR, Pato Branco, 2023. 48
- 4 Incidência de ataque de *Hiadaphis foeniculi* em plantas de mandioquinha-salsa. UTFPR, Pato Branco, 2023. 51
- 5 Incidência de ataque do complexo de pulgões em genótipos de mandioquinha-salsa. A. Primeira época de cultivo; B. Segunda época de cultivo. UTFPR, Pato Branco, 2023. 52
- 6 Sintoma de queima das folhas (A) e podridão (B) em plantas de mandioquinha-salsa. UTFPR, Pato Branco, 2023. 54
- 7 Área abaixo da curva de progresso da doença (complexo de doenças foliares e podridões) – AACPD em genótipos de mandioquinha-salsa. A. Primeira época de cultivo – Foliares; B. Primeira época de cultivo – Podridões; C. Segunda época de cultivo – Foliares; D. Segunda época de cultivo – Podridões. UTFPR, Pato Branco, 2023. 55
- 8 Nematoides causadores das galhas (*Meloidogyne* spp.) presentes em raízes de mandioquinha-salsa, genótipo BRS Acarijó 56 durante a primeira época de cultivo. UTFPR, Pato Branco, 2023. 57
- 9 Agrupamento hierárquico de genótipos de mandioquinha-salsa cultivados em duas épocas de cultivo, baseado em resultados de dissimilaridade entre caracteres de pós-colheita em raízes comerciais. UTFPR, Pato Branco, 2023. 64
- 10 Dados de temperatura e precipitação pluviométrica média, no período de condução dos experimentos a campo - maio de 2020 a abril de 2021, da região sudoeste do Paraná. UTFPR, Pato Branco, 2023. 75
- 11 Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade de *A. xanthorrhiza* primeira época de cultivo. A. Eficiência do uso da água ($EUA \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Concentração interna de CO_2 ($\text{CiCO}_2, \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Taxa de assimilação líquida do carbono ($\text{TAsCO}_2, \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Transpiração ($\text{TR, mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Condutância estomática ($\text{CE mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$). UTFPR, Pato Branco, 2023. 81

- 12 Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade 82
A. xanthorrhiza segunda época de cultivo. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Concentração interna de CO_2 (CiCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Taxa de assimilação líquida do carbono (TAsCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$). UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 13 Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade 86
A. xanthorrhiza acondicionadas no Fitotron® na primeira avaliação. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Concentração interna de CO_2 (CiCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Taxa de assimilação líquida do carbono (TAsCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$). UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 14 Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade 88
A. xanthorrhiza acondicionadas no Fitotron® na segunda avaliação. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Concentração interna de CO_2 (CiCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Taxa de assimilação líquida do carbono (TAsCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$). UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 15 Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade 88
A. xanthorrhiza acondicionadas no Fitotron® na terceira avaliação. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Concentração interna de CO_2 (CiCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Taxa de assimilação líquida do carbono (TAsCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$). UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 16 Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade 89
A. xanthorrhiza acondicionadas no Fitotron® na quarta avaliação. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Concentração interna de CO_2 (CiCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Taxa de assimilação líquida do carbono (TAsCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$). UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 17 Níveis de pigmentos extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E e F) 92
e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C, D, G e H) de A. xanthorrhiza com oito meses de idade, primeira época de cultivo. A e C. Clorofila a; B e D. Clorofila b; E e G. Clorofila a+b; F e H. Razão entre Clorofilas a/b. UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 18 Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E e F) 93
e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C, D, G e H) de A. xanthorrhiza com oito meses de idade, primeira época de cultivo. A e C. Carotenoide; B e D. Proteínas solúveis totais; E e G. Aminoácidos livres totais; F e H. Prolina. UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 19 Níveis de açúcares redutores (glicose e frutose), sacarose e amido extraídos de 95
discos foliares do folíolo central (A, B, E e F) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C, D, G e H) de A. xanthorrhiza com oito

meses de idade, primeira época de cultivo. A e C. Glicose equivalente; B e D. Glicose; E e G. Frutose; F e H. Sacarose. UTFPR, Pato Branco, 2023.

- 20 Níveis de fenóis totais e malato extraídos de discos foliares do folíolo central (A, 97
B, E e F) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C,
D, G e H) de *A. xanthorrhiza* com oito meses de idade, primeira época de
cultivo. A e C. Fenóis totais; B e D. Malato. UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 21 Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E, F, 98
I, J, M e N) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C,
D, G, H, K, L, O e P) *A. xanthorrhiza*, com oito meses de idade, segunda época
de cultivo. A e C. Clorofila a; B e D. Clorofila b; E e G. Clorofila a+b; F e H.
Razão entre Clorofilas a/b; I e K. Carotenoides; J e L. Proteínas solúveis totais;
M e O. Aminoácidos livres totais; N e P. Prolina. UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 22 Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E, F, 100
I, J, M e N) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C,
D, G, H, K, L, O e P) de *A. xanthorrhiza*, com oito meses de idade, segunda
época de cultivo. A e C. Glicose equivalente; B e D. Glicose; E e G. Frutose; F e
H. Sacarose; I e K. Fenóis totais; J e L. Malato. UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 23 Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central de plantas de 102
A. xanthorrhiza com oito meses de idade acondicionadas no Fitotron®. A.
Clorofila a; B. Clorofila b; C. Clorofila a+b; D. Razão entre Clorofilas a/b; E.
Carotenoides; F. Proteínas solúveis totais; G. Aminoácidos livres totais; H.
Prolina. UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 24 Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central de plantas de 104
A. xanthorrhiza com oito meses de idade acondicionadas no Fitotron®. A.
Glicose equivalente; B. Glicose; C. Frutose; D. Sacarose; E. Fenóis totais; F.
Malato. UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 25 Genes de resposta ao estresse térmico por altas temperaturas em plantas. 116
UTFPR, Pato Branco, 2023.
- 26 Alinhamento das sequências nucleotídicas da ordem Apiales para os genes de 123
tolerância às altas temperaturas. UTFPR, Pato Branco, 2023.

LISTA DE TABELAS

1	Comparação de médias, para a altura de planta, de sete genótipos de mandioquinha-salsa avaliados do transplântio a colheita durante a primeira época de cultivo. UTFPR, Pato Branco, 2023.	482
2	Comparação de médias, para a altura de planta de sete genótipos de mandioquinha-salsa avaliados do transplântio a colheita durante a segunda época de cultivo. UTFPR, Pato Branco, 2023.	49
3	Valores médios de altura de planta (AP - cm), diâmetro de copa (DC – cm), massa total de planta (MTP – kg), massa total de raízes (MTR - kg), massa de raízes comerciais (MRC), massa da cepa central (MCC - kg), número de rebentos viáveis (NRV), número total de raízes (NTR), número de raízes comerciais (NRC), de plantas de mandioquinha-salsa cultivadas no município de Pato Branco. UTFPR, Pato Branco, 2023.	58
4	Valores médios de sólidos solúveis (°Brix), pH e acidez titulável de raízes de mandioquinha-salsa, cultivadas no município de Pato Branco. UTFPR, Pato Branco, 2023.	62
5	Formato e cor externa de raízes de mandioquinha-salsa cultivadas no município de Pato Branco. UTFPR, Pato Branco, Paraná, 2023.	63
6	Resultados do agrupamento hierárquico pelo método de UPGMA com base na matriz de dissimilaridade de Gower entre genótipos de mandioquinha- salsa cultivadas em duas épocas distintas. UTFPR, Pato Branco, 2023.	65

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AP	Altura de planta
AR	Açúcar Redutor
ASA	Amarela de Senador Amaral
AT	Açúcar Total
ATP	Adenosina Trifosfato
ATT	Acidez Titulável
CE	Condutância Estomática
CiCO ₂	Concentração Interna de CO ₂
CNPq	Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico
CRT	Carotenóides
DC	Diâmetro da copa
Dr.	Doutor
Dra.	Doutora
EMBRAPA	Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
<i>Et al.</i>	E colaboradores
EUA	Eficiência do Uso da Água
HSE	Elemento de Choque Térmico
HSFs	Heat Stress Transcription Factors
HSP70	Heat Shock Protein 70
HSP90	Heat Shock Protein 90
HSPs	Heat Shock Proteins
IRGA	Infrared Gas Analyzer
MAP2K	Mitogen-activated Protein 2 Kinases
MAP3K	Mitogen-activated Protein 3 Kinases
MAPKs	Mitogen-activated Protein Kinases
MCC	Massa da cepa central
MTP	Massa total de planta
MTR	Massa total de raízes
NRC	Número de raízes comerciais
NRV	Número de rebentos viáveis
NTR	Número total de raízes
pv.	Patovar
sp	Espécie
spp.	Espécies
SS	Sólidos Solúveis
TA	Teor de Amido
TAsCO ₂	Taxa de Assimilação de CO ₂
TR	Transpiração
UTFPR	Universidade Tecnológica Federal do Paraná

LISTA DE SÍMBOLOS

°	Grau
°C	Grau Celsius
'	Minuto
”	Segundo
&	e
µl	Microlitro
µg	Micrograma
µM	Micromolar
nm	Nanômêtro
n°	Número
%	Porcentagem
®	Marca registrada
>	Maior
S	Sul
W	Oeste
T	Tonelada
t/ha ⁻¹	Tonelada por Hectare
m cm	Metro
mm	Centímetro
kg	Milímetro
g	Quilograma
L	Gramma Litro
ml	Mililitros
Hrs	Horas
min	Minutos
O ₂	Fórmula Química do Oxigênio Fórmula
CO ₂	Química do Gás CarbônicoConstante
KC	de Equilíbrio
MgCl ₂	Cloreto de Magnésio Tampão
Tris-HCl	de Ácido ClorídricoUNI-TAQ
U da Taq	Polimerase
dNTPs	Desoxirribonucleotídeos Fosfatados

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	18
2	OBJETIVOS	20
3	REFERENCIAL TEÓRICO	21
3.1	A cultura da mandioquinha-salsa (<i>Arracacia xanthorrhiza</i> Bancroft).....	21
3.1.1	Cultivares e genótipos.....	24
3.2	Mudanças climáticas e o aquecimento global.....	26
3.2.1	Estresse térmico por calor em plantas	29
3.2.2	Respostas das plantas ao estresse térmico por calor.....	32
	REFERÊNCIAS.....	32
4	ASSUNTO I: DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE MANDIOQUINHA-SALSA	43
4.1	Introdução	43
4.2	Material e métodos	44
4.2.1	Avaliações de altura de planta, porcentagem de falha e incidência de pragas e doenças.....	46
4.2.2	Avaliações de desempenho agrônômico	47
4.2.3	Avaliações de qualidade de raízes	48
4.2.4	Procedimentos estatísticos e análise dos dados	48
4.3	Resultados e discussão.....	49
4.3.1	Altura de planta e porcentagem de falha.....	49
4.3.2	Incidência de ataque de pragas e doenças	54
4.3.3	Desempenho agrônômico	61
4.3.4	Qualidade de raiz.....	64
4.4	Conclusão	69
	REFERÊNCIAS.....	70
5	ASSUNTO II: ASPECTOS METABÓLICOS DE GENÓTIPOS DE MANDIOQUINHA-SALSA EM RESPOSTA AO CALOR.....	76
5.1	Introdução	76
5.2	Material e métodos	78
5.2.1	Experimento simulando cultivo comercial	78
5.2.2	Experimento em ambiente protegido.....	80
5.2.3	Avaliações de trocas gasosas	80
5.2.4	Análises bioquímicas	81
5.2.5	Procedimentos estatísticos e análise dos dados	83
5.3	Resultados e discussão.....	83

5.3.1	Avaliações de trocas gasosas	83
5.3.2	Análises bioquímicas	94
5.4	Conclusão	109
	REFERÊNCIAS.....	111
6	ASSUNTO III - PROSPECÇÃO <i>IN SÍLICO</i> DE GENES PARA TOLERÂNCIA AO CALOR DE ESPÉCIES DA ORDEM APIALES.....	117
6.1	Introdução	117
6.2	Material e métodos	118
6.3	Resultados e discussão.....	119
6.3.1	Genes de resposta (termotolerância) ao estresse por altas temperaturas: revisão bibliográfica	119
6.3.2	Genes de resposta (termotolerância) ao estresse por altas temperaturas: alinhamento de sequências nucleotídicas.....	125
6.4	Conclusão	131
	REFERÊNCIAS.....	132
	CONSIDERAÇÕES FINAIS	135

1. INTRODUÇÃO

A mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) é uma espécie de origem Andina cujas raízes apresentam grande interesse econômico e qualidade nutritiva (Alvarado *et al.*, 2017). Além disso, é uma hortaliça não-convencional, com plantas rústicas, cultivada principalmente por famílias agricultoras de pequenos e médios portes (Biesdorf *et al.*, 2017), cuja domesticação provavelmente ocorreu anteriormente às da batata e do milho (Morillo *et al.*, 2020).

A mandioquinha-salsa é produzida geralmente em ambientes de clima ameno a frio, principalmente em regiões de elevada altitude, em razão de ser originária dos vales situados na parte norte da Cordilheira dos Andes, onde a altitude varia de 1700 a 2500 m, e as temperaturas oscilam entre 15 e 18 °C (Pinheiro *et al.*, 2013). Apesar disso, seu plantio tem sido expandido para regiões com altitudes inferiores a 1.000 m como na Zona da Mata mineira, Distrito Federal e Goiás, onde a média anual supera os 20 °C, e com inverno pouco rigoroso comparado aos Estados do Sul (Torales *et al.*, 2014).

Os aspectos associados às condições climáticas para o cultivo de mandioquinha-salsa são baseados nas condições referentes à sua região de origem. O sucesso da produção é diretamente influenciado pela temperatura que é a principal variável climática que exerce influência sobre a produção das raízes tuberosas, sendo a produtividade altamente sensível às altas temperaturas (Balbino; Borel, 2018).

Segundo dados do Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas (IPCC, 2022), as mudanças climáticas causadas pelos seres humanos são irrefutáveis, irreversíveis e vão se agravar nas próximas décadas. Os últimos 8 anos foram os mais quentes já registrados e a temperatura do planeta já aumentou entre 0,85 °C e 1,09 °C em relação ao período pré-industrial (1850-1900). O aquecimento de 1,5° C a 2° C será ultrapassado ainda nas próximas décadas se não houver forte e profunda redução nas emissões de dióxido de carbono (CO₂) e outros gases de efeito estufa. Os impactos desse aumento seriam generalizados e potencialmente irreversíveis, com adaptação considerada baixa (IPCC, 2021).

A temperatura global da superfície foi 1,09 °C (0,95 a 1,20) mais alta em 2011–2020 do que em 1850–1906 com aumentos maiores na terra (1,59 °C [1,34 a 1,83]) do que no oceano (0,88 °C [0,68 a 1,01]). A temperatura global da superfície nas duas primeiras décadas do século 21 (2001–2020) foi 0,99 °C (0,84 a 1,10) superior à de 1850–1900. A temperatura da superfície global aumentou mais rapidamente desde 1970 do que em qualquer outro período de 50 anos,

pelo menos nos últimos 2.000 anos (IPCC, 2023).

Atualmente, pelos padrões de aumento de temperatura citados, e em decorrência às mudanças climáticas, a produção de mandioquinha-salsa encontra-se abaixo da demanda. Os plantios realizados em épocas quentes ($>25\text{ }^{\circ}\text{C}$), chuvosas e com alta umidade apresentam alto índice de apodrecimento de mudas e raízes causadas por bacterioses (Ventura *et al.*, 2018). Nesse contexto, a redução do ciclo e da permanência da cultura no campo também é um dos objetivos do melhoramento desta cultura para gerar ganhos em produtividade e rentabilidade para o produtor (Granate *et al.*, 2009). Desta forma, identificar constituições genéticas potenciais adaptados a estas condições climáticas até então desfavoráveis para a cultura é uma forma de garantir a sua produção, já que a espécie dispõe de escassas informações acerca de seu genoma funcional disponível nas bases de dados.

Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi analisar o desempenho agrônômico, as respostas metabólicas e a prospecção *in silico* de genes de tolerância ao calor de genótipos de mandioquinha-salsa cultivados no município de Pato Branco – Paraná.

2. OBJETIVOS

2.1 Geral

Avaliou-se o desempenho agronômico, as respostas metabólicas e a prospecção in sílico de genes de tolerância ao calor de genótipos de mandioquinha-salsa cultivados no município de Pato Branco – Paraná.

2.2 Específicos

Avaliou-se o desempenho agronômico de oito genótipos de mandioquinha-salsa em duas épocas de cultivo.

Verificou-se as alterações metabólicas e de trocas gasosas em oito genótipos de mandioquinha-salsa em resposta ao calor.

Realizou-se in sílico, a prospecção de genes envolvidos no processo de resposta ao estresse causado por altas temperaturas em espécies de plantas, visando identificar sequências homólogas em espécies da ordem Apiales.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 A cultura da mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft)

A mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) é originária da região Andina da América do Sul, mais especificamente da Colômbia, Bolívia, Peru e Equador (Madeira, 2008). É conhecida também por mandioquinha, batata-salsa, batata-baroa, batata-fiuza, batata-aipo, cenoura-amarela entre outros nomes (Pedroso, 2020), sendo classificada como uma espécie dicotiledônea, da ordem Umbellales, família Apiaceae, gênero *Arracacia* e espécie *Arracacia xanthorrhiza*. A raiz é um alimento comum na mesa dos brasileiros e cada vez mais valorizado pela gastronomia devido ao seu paladar característico e qualidade nutricional (Madeira *et al.*, 2017). As raízes são ricas em minerais, vitaminas A e C, e carboidratos (Pádua, 2010), bem como apresentam alto teor de amido de alta digestibilidade (Carmo; Leonel, 2012).

Apesar de apresentar grande importância na alimentação de populações sul-americanas, os estudos moleculares desta espécie têm se restringido a caracterização e desenvolvimento de marcadores moleculares e estudos filogenéticos (BLAS *et al.*, 2008). É uma espécie tipicamente diploide, com 22 pares de cromossomos ($2n=4x=44$), sem alterações de ploidia no genoma segundo dados de uma pesquisa em que foi efetuada no Jardim Botânico de Praga, República Tcheca e detectada a variação soma clonal de um clone proveniente do cultivo em casa de vegetação climatizada (Vitamvas *et al.*, 2019). Recentemente foi divulgado o sequenciamento e montagem de novo do genoma do cloroplasto o qual apresenta 143.989 pares de bases e foram identificados 106 genes, sendo 71 codificadores de proteínas, sete genes que codificam rRNA e 28 genes os tRNAs (Alvarado *et al.*, 2017).

É uma espécie perene, no entanto, após sua domesticação, vem sendo cultivada como anual, uma vez que seu cultivo comercial objetiva a colheita de raízes para consumo e comercialização (Atencio Solano *et al.*, 2019). O cultivo desta espécie assume importância comercial em países, como a Colômbia e o Brasil principalmente pelo seu potencial de uso na alta gastronomia. Além disso, seu cultivo está diretamente relacionado à segurança alimentar e à subsistência de algumas comunidades situadas na Bolívia, Peru entre outros países (Morillo *et al.*, 2020).

Na última década a cultura da mandioquinha-salsa passou a ser cultivada em estabelecimentos de porte físico e econômico elevado, com irrigação por pivô central e em regiões com altitude inferior a 1.000 m. Porém, nem sempre foi assim, até a década de 1990, a mandioquinha-salsa era exclusivamente cultivada em estabelecimentos agropecuários de

pequeno porte físico e econômico, com baixo uso de tecnologias (adubos e defensivos) e localizada em regiões de montanha, em sucessão ao cultivo de batata-inglesa (Pedroso, 2020).

As maiores áreas de cultivos de mandioquinha-salsa são representadas pelas lavouras brasileiras, que ocupam uma área equivalente a 8.168 hectares, com produção de 109.217 toneladas (Nunes; Zanela; Koerich, 2022) e movimentam cerca de R\$ 2 bilhões anuais, sendo as regiões Sul e Sudeste as que respondem por quase a totalidade da produção. Minas Gerais lidera o ranking de estados produtores, com uma produção estimada em mais de 67 mil toneladas, em uma área que totaliza mais de 4 mil hectares (EMBRAPA, 2019). Na região sul do Paraná, aproximadamente 12 mil pessoas vivem da renda desta cultura e aproximadamente 3 mil agricultores cultivam mandioquinha-salsa. Além disso, a área cultivada no estado remete a 3,5 mil hectares, o que representa metade da área cultivada no país (Hortibrasil, 2019).

O estudo de Marjotta-Maistro *et al.* (2022), mostra que no período de 2016 a 2020, foram comercializadas cerca de 55.167 t de raízes de mandioquinha-salsa, com destaque para o ano de 2017, com o maior percentual de volume comercializado no período (23%). A taxa geométrica de crescimento da quantidade produzida de mandioquinha-salsa no período foi de 3,14% a.a. Em termos regionais, a região Sudeste se destaca na comercialização de mandioquinha-salsa em todo o período analisado. Em média, considerando todo o período, essa região teve participação no total comercializado por região de 66,68%, seguido da região Sul, com 32,50%, da região Nordeste, com 2,23% e, por fim, da região Centro-Oeste, com 0,8% de participação. Os resultados também apontaram que as Ceasas de Minas Gerais, São Paulo e Paraná representaram os maiores mercados atacadistas para a mandioquinha-salsa, sendo os principais estados fornecedores do produto, com destaque para Minas Gerais. Segundo Madeira *et al.* (2017), a média de produtividade de mandioquinha-salsa no país vem oscilando de 10 t ha⁻¹ e 18 t ha⁻¹, o que ainda é muito inferior ao potencial produtivo, que é de 1,0 kg por planta, ou números próximos de 40 t ha⁻¹.

Quanto à morfologia de plantas de mandioquinha-salsa, estas apresentam altura variando de 40 a 80 cm, coloração das folhas verde à roxa, caule vertical, rizomatoso que perfilha na parte superior, ramificando-se e formando rebentos, também chamados de “dedos”, “filhotes” ou propágulos, de onde saem as folhas. A parte aérea denomina-se coroa. Os rebentos variam de 10 a 60 por coroa e são utilizados para a produção de mudas, na reprodução vegetativa. A parte subterrânea é constituída pelas raízes de reserva em número que varia de 3 a 15 por coroa. As raízes podem ser brancas, cremes ou amarelas, de formato cilíndrico, cônico ou ovoides, com comprimento de até 25 cm e diâmetro de até 8 cm. A inflorescência é composta por um conjunto de umbelas, que podem ser formadas em épocas distintas (Madeira *et al.*, 2017;

Ohland, 2014; Ribeiro, 2018).

A mandioquinha-salsa é cultivada em ambientes com condições climáticas extremamente variáveis. Na sua região de origem, onde há o seu cultivo, as altitudes variam de 900 m a 3.300 m, com precipitação anual de 30 mm a 5.000 mm aproximadamente. De acordo com as condições climáticas dos locais aonde a cultura vem sendo cultivada, considera-se temperaturas mínimas diárias no período do inverno acima de 5°C (Balbino *et al.*, 2018; Zárate; Vieira, 2018).

Nesse sentido, a ocorrência de geadas e consecutivas geadas pode matar a planta, tornando as plantações no Sul do Brasil, em altitudes acima de 1.000 m, um empreendimento de alto risco. Porém a cultura também não tolera altas temperaturas nos períodos mais quentes do ano, sendo a temperatura ideal para a cultura entre 15°C e 18°C, devendo a planta dispor de temperaturas baixas durante todo o período de crescimento. Em regiões com temperatura acima de 22°C há deficiência no acúmulo de carboidratos e produção de raízes pouco espessas. Além disso, altas temperaturas somadas com alta incidência de chuvas apresentam alto índice de apodrecimento de mudas e raízes causadas por bacterioses (Balbino *et al.*, 2018; Ventura *et al.*, 2018).

A mandioquinha-salsa é acidófila, exigente em quantidades de micronutrientes e pouco responsiva a altas quantidades de macronutrientes, desenvolvendo-se com mais vigor em solos com pH ácido, numa faixa de 5,5 a 5,8 (Fayad *et al.*, 2018). No que tange o aspecto nutricional, as pesquisas ainda não são muito precisas, o que se torna um problema no momento de elaborações de recomendações acerca da adubação nos diferentes locais de cultivo e condições de manejo da cultura. Isso se dá na maioria das vezes, porque a mandioquinha-salsa é considerada rústica em termos de nutrição; ou seja, uma planta que requer pouco uso de fertilizantes e insumos (Nunes *et al.*, 2016; Zárate; Vieira, 2018). O nitrogênio (N) é um dos nutrientes mais absorvidos pelas raízes de mandioquinha-salsa e responsável pelo crescimento das plantas. Porém quando fornecido em excesso diminuem o crescimento das raízes favorecendo o crescimento da parte vegetativa, prolongando o ciclo da cultura (Faquin; Andrade, 2004).

São diversos os fatores que afetam negativamente a cultura da mandioquinha-salsa, entre eles as doenças e as injúrias causadas por pragas. Os principais patógenos causadores de doenças são podridão mole (*Pectobacterium* spp.), podridão de esclerotínia (*Sclerotinia sclerotiorum*), cretamento bacteriano (*Xanthomonas campestris* pv. *Arracaciae*), e septoríose (*Septoria* spp.) (Henz, 2002; Madeira *et al.*, 2017). As injúrias são causadas principalmente por nematoides-das-galhas (*Meloidogyne* spp.), nematoides-das-lesões-radiculares (*Pratylenchus*

spp), pulgões-da-parte-aérea (*Hiadaphis foeniculi*), pulgão da base do pecíolo (*Anuraphis* sp. e *Aphis* sp.), ácaro rajado (*Tetranychus urticae*), ácaro vermelho (*Tetranychus* sp.) e broca (*Conotrachelus cristatus*) (Madeira *et al.*, 2017).

A colheita de raízes de mandioquinha-salsa pode ocorrer de forma manual, o que é comum em pequenas áreas e em terrenos de topografia acidentada, ou semi- mecanizada, em áreas maiores e onde a topografia permite tal técnica. A colheita manual consiste do arranquio das plantas com auxílio de enxadão ou cavadeira quando as plantas estão mais presas ao solo, seguindo-se o destaque das raízes. Já na colheita semi-mecanizada faz-se uso de um arado de aiveca, subsolador ou lâmina (chapa) abaixo das raízes para soltá-las, facilitando a colheita (Fayad *et al.*, 2018).

Considera-se que a vida de prateleira das raízes de mandioquinha – salsa é de apenas 2-3 dias, quando mantidas sem refrigeração e sem embalagem. Dentre os principais fatores que limitam a conservação e a comercialização pós-colheita de mandioquinha-salsa, estão a incidência de doenças que corresponde a aproximadamente 94%, desidratação excessiva com cerca de 3,5% e danos mecânicos com 2,5% de perdas (Buso *et al.*, 2014; Ribeiro *et al.*, 2007).

Atualmente o cultivo de mandioquinha-salsa não está totalmente difundido no Brasil e as pesquisas dedicadas a essa hortaliça são escassas. As informações restringem-se, na maioria das vezes, à descrição da planta e, por isso, a carência de pesquisas é comum em muitos aspectos agrônômicos e fisiológicos da cultura, inclusive naqueles para comprovar e melhorar os sistemas de produção (Zárate;Vieira, 2018).

3.1.1 Cultivares e genótipos

Os materiais genéticos de mandioquinha-salsa cultivados no Brasil se restringem a poucos clones e cultivares registradas, decorrente do reduzido número de materiais introduzidos no País e do fato de a cultura ser reproduzida por via vegetativa (Balbino *et al.*, 2018; Ribeiro, 2018). Essa uniformidade genética traz riscos com relação a pragas e doenças e limita a expansão do cultivo a regiões que apresentam condições climáticas diferentes das tradicionais (Madeira *et al.*, 2021).

A Embrapa Hortaliças possui um programa de melhoramento de mandioquinha-salsa desde 1987, com objetivo de desenvolver cultivares mais produtivas e com ciclo precoce. Como resultados deste trabalho foram obtidas até o momento quatro cultivares registradas, sendo a Amarela de Senador Amaral, BRS Rubia 41, BRS Catarina 64 e BRS Acarijó 56 (Fayad *et al.*, 2018; Madeira; Carvalho, 2013). Ainda há três genótipos não registrados, com alguns poucos campos cultivados e mantidas pelos agricultores de forma pontual em meio a campos das

cultivares melhoradas nas regiões produtoras, sendo elas a Amarela de Carandaí, Branca Comum e Roxinha (EMBRAPA, 2016). Recentemente foram apresentados em um diade campo no município de Campo Alegre (Norte Catarinense), o desempenho de sete cultivares de mandioquinha-salsa, sendo dois deles lançamentos da Epagri: SCS380Inca e SCS381 Coqueiral. A seguir serão descritos os materiais utilizados no presente estudo.

O primeiro genótipo cultivado de forma comercial de mandioquinha-salsa, no Brasil foi a Amarela de Carandaí, popularmente conhecida como amarela comum (Fayad *et al.*, 2018). Suas raízes apresentam elevado teor de matéria seca, com ciclo aproximado de 10 a 12 meses, cor amarela intensa e formato cônico-cilíndricas (Madeira *et al.*, 2017).

Recomendada para cultivo no Distrito Federal, em Goiás e em todos os estados das regiões Sudeste e Sul, as plantas da variedade Amarela de Senador Amaral lançada em 1998, apresentam arquitetura ereta e altura mediana. As raízes são de formato retilíneo e ponta oblonga, com coloração amarela intensa e comprimento médio variando entre 15 e 20 cm. Cada planta apresenta, em média, de 5 a 7 raízes comerciais, que começam a ser colhidas cerca de 8 meses após o plantio, com produtividade variando entre 25 e 30 t/ha. Esse material também apresenta resistência moderada a nematoides (EMBRAPA, 2021; Portz *et al.*, 2003).

A BRS Acarijó 56 lançada em 2019, apresenta plantas de grande porte, folhas eretas, raízes graúdas, maior porcentagem de matéria seca e sabor intenso, o que confere melhor qualidade culinária. Outra peculiaridade da cultivar, e que deu origem ao seu nome, são as raízes levemente manchadas. A produtividade de até 100 t/ha e a coloração interna das raízes amarela intensa, inclusive com anel alaranjado, são destaques dessa cultivar (Fayad *et al.*, 2018; Madeira, 2019; Madeira; Carvalho, 2013).

As plantas da cultivar BRS Catarina 64 lançada em 2015, possuem arquitetura ereta e porte médio. O número de propágulos por planta varia de 30 a 50. As raízes ficam em torno de oito a 15 por planta e apresentam poucas reentrâncias ao longo de seu comprimento, que varia de 15 a 20 cm. A produtividade média é de 30 a 40 t/ha e apresenta resistência moderada a nematoides (Madeira, 2015; Madeira; Carvalho, 2016).

As plantas de BRS Rubia 41 possuem arquitetura ereta, porte médio e altura entre 40 e 50 cm. O pecíolo é de coloração vermelha-violácea, com a região da base púrpura e a da inserção dos folíolos, verde. Essa característica de coloração do pecíolo ajuda a distingui-la da BRS Catarina 64 e Amarela de Senador Amaral. O número de propágulos por planta varia entre 40 e 60 ou até mais. Cada planta produz aproximadamente cinco a 12 raízes comerciais, que possuem formato cônico- cilíndrico, comprimento médio entre 15 a 20 cm com algumas reentrâncias, coloração externa amarela intensa e internamente predomina a cor amarela pouco saliente

(Madeira *et al.*, 2014; Madeira; Carvalho, 2016).

Os dois materiais lançados recentemente pela Epagri, chamam muito a atenção dos agricultores em relação à produtividade. SCS381 Coqueiral e SCS380 Inca, registraram 88 e 63 t/há respectivamente, bem acima da variedade Senador Amaral, usada como referência por ser a cultivar mais plantada no Brasil, que é de 18t/ha. Ambos os materiais se destacam também pela rusticidade apresentada frente as variações climáticas, resistência a patógenos e pragas e pela maior quantidade de mudas produzidas por planta. Além disso, apresentam maior adaptação em regiões de clima ameno com altitudes superiores a 600 metros, bem como excelente adaptação ao sistema de plantio direto de hortaliças (Epagri, 2022).

A cv. INCA, desde o início das avaliações, sempre se destacou como um material genético com excelentes características agrônômicas, atingindo altas produtividades e com qualidade de raízes, tanto para comercialização in natura quanto para processamento na indústria alimentícia, além disso apresenta elevado potencial de produzir mudas por planta. Já a cv. coqueiral sempre se destacou pelo grande potencial produtivo, bem como por outras características, tais como, excelente adaptabilidade e rusticidade às variações climáticas, tendo inclusive demonstrado em avaliações preliminares mais recentes que pode se adaptar a condições de cultivo em locais de menor altitude (≈ 300 metros) e temperaturas mais elevadas. Além disso, possui adequada resistência às principais pragas e doenças, maior vigor vegetativo e maior taxa de multiplicação (Nunes; Zanela; Koerich, 2022).

Além dos materiais de raízes com coloração amarela, há também os materiais de raízes com coloração branca, que são do genótipo Branca Comum. Se apresentam de forma bastante vigorosa em relação às variedades de raízes amarelas, tendo porte alto, raízes compridas, cônicas, com produção próxima de até 7 kg por planta. Porém seu cultivo é restrito, pois suas raízes têm pouca aceitação no mercado, devido ao seu sabor altamente suave e ausência de aroma (Carmo, 2011; Madeira *et al.*, 2014).

3.2 Mudanças climáticas e o aquecimento global

As mudanças climáticas causadas por atividades humanas estão ocorrendo em diversos ecossistemas continentais e marinhos do planeta, o que vem sendo um consenso científico de que a humanidade está mal preparada e extremamente vulnerável para enfrentar as consequências dessas alterações no clima (Martinez *et al.*, 2015).

As mudanças climáticas foram identificadas como um dos maiores desafios que a humanidade enfrenta nas últimas cinco décadas e diversos estudos demonstram que essa situação é consequência do aumento de gases de efeito estufa, com destaque para óxido nitroso, dióxido de

carbono e ozônio (Huang *et al.*, 2011; Anderson *et al.*, 2016). Os relatórios mais recentes do Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas (IPCC) apresentaram evidências crescentes de aumentadas temperaturas médias no planeta, alteração dos padrões de precipitação, aumento da frequência de eventos meteorológicos extremos decorrentes do aumento da concentração atmosférica de gases de efeito estufa (IPCC, 2014).

O efeito estufa é responsável por manter a temperatura adequada a manutenção da vida na Terra; porém, a intensificação das atividades humanas, principalmente após a revolução industrial, fez aumentar a concentração de gases antrópicos de efeito estufa, principalmente CO₂ e CH₄, na atmosfera, dessa forma, acentuado o efeito estufa, elevando a temperatura média do planeta e ocasionando diversas mudanças climáticas (Martinez *et al.*, 2015; IPCC, 2014).

O planeta aqueceu aproximadamente 1,09 °C desde o século XIX e num período futuro de 30 anos o agravamento dos impactos climáticos são imensuráveis (IPCC, 2022). Além disso, as atuais secas extremas, ondas de calor severas, incêndios, chuvas e inundações catastróficas continuarão a piorar nos próximos anos (Li *et al.*, 2013). Outros impactos continuarão por muito mais tempo, tais como as camadas de gelo situadas na Groenlândia e na Antártida Ocidental que continuarão aderreter pelo menos até o final do século. O nível do mar continuará a subir por pelo menos dois mil anos (Ferreira *et al.*, 2021; IPCC 2021).

O intervalo provável do aumento total da temperatura da superfície global causado pelo homem entre 1850–1900 e 2010–2019 é de 0,8 °C a 1,3 °C, com uma melhor estimativa de 1,07 °C. Durante este período, é provável que os gases com efeito de estufa (GEE) tenham contribuído para um aquecimento de 1,0 °C a 2,0 °C. Os aumentos observados nas concentrações de GEE desde 1750 são causados pelas emissões provenientes de atividades humanas durante este período. As emissões líquidas acumuladas históricas de CO₂ de 1850 a 2019 foram de 2.400 ± 240 GtCO₂ com aumentos maiores na terra do que no oceano (IPCC, 2023).

Na maioria dos cenários discutidos no Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas (2021) o aquecimento continuará muito além de 2040, até o restante do século. No cenário do pior dos casos, onde o mundo faz pouco para reduzir as emissões, as temperaturas em 2100 podem alcançar um aumento de 3° a 6 °C acima dos níveis pré-industriais. Essa realidade traria consequências catastróficas cuja extensão não pode ser prevista com exatidão (IPCC 2021).

As mudanças climáticas já causaram danos irreversíveis em áreas terrestres, costeiras e de água doce. As extensões dos impactos oriundos das mudanças climáticas são maiores do que o estimado nas últimas avaliações. Como consequência é notória uma deterioração generalizada da estrutura e das funções do ecossistema, resiliência e capacidade de adaptação natural, bem

como mudanças socioeconômicas adversas. Estima-se que metade das espécies avaliadas globalmente mudaram para os polos ou, em terra para áreas de altitudes mais elevadas. Diversas perdas de espécies locais foram aumentadas pela magnitude de extremos de calor, bem como eventos de mortalidade em massa em terra e no oceano e perda de florestas de algas. Alguns danos já são irreversíveis, como as primeiras espécies extintas e recuo das geleiras (IPCC, 2022).

As mudanças climáticas já alteraram os ecossistemas terrestres, de água doce e oceânicos em escala global, com múltiplos impactos evidentes em escalas regionais e locais onde há literatura suficiente para fazer uma avaliação. Os impactos são evidentes na estrutura do ecossistema, faixas geográficas das espécies e tempos dos ciclos de vida sazonais (fenologia). No caso da América do Sul, a alteração na estrutura do ecossistema e na faixa geográfica das espécies é considerada alta ou muito alta, para as espécies terrestres, de água doce e oceânicas. A alteração da fenologia das espécies apresenta alterações consideradas baixas quanto a espécies oceânicas, e para as espécies terrestres e de água doce os dados ainda são limitados e insuficientes (IPCC, 2022).

Na América Latina, os impactos sobre a agricultura e a produção agrícola, são considerados médios, porém com aumento adverso. O mesmo ocorre para a pesca e atividades referentes a aquicultura. No que diz respeito a escassez de água o impacto é considerado baixo, com aumento adverso e positivo dos impactos. A produção animal foi impactada de forma moderada, com aumento adverso e positivo dos impactos. Um aumento adverso e positivo dos impactos, significa que dentro de uma região ou globalmente, ambos impactos adversos e positivos foram observados (IPCC, 2022).

O setor agrícola é altamente dependente das condições ambientais, principalmente da temperatura e precipitação, e muitas vezes é identificado como o mais vulnerável a mudanças nos padrões climáticos (Zhai *et al.*, 2009). Como resultado, os impactos potenciais na agricultura têm sido um dos mais estudados tópicos da literatura sobre mudanças climáticas nos últimos anos (Chalise *et al.*, 2017).

Alguns estudos mostram que o aumento da temperatura isolada ou somada ao incremento de CO₂ e a deficiência hídrica podem resultar em efeitos diferentes, seja na expressão gênica, nas respostas moleculares, bioquímicas e fisiológicas das plantas, bem como podem alterar a forma com que as plantas capturam e alocam compostos secundários e utilizam a água, ou lidam com os diversos estresses abióticos (Martinez *et al.*, 2015).

O Relatório do IPCC (2023), sugere medidas que visem a mudança para dietas saudáveis e sustentáveis e a redução de perdas/desperdício de alimentos, e a intensificação agrícola sustentável que podem levar a conversão de ecossistemas, bem como a diminuição das

emissões de metano e óxido nitroso, e liberar áreas/terras para reflorestamento e restauração de ecossistemas. Produtos agrícolas e florestais obtidos de forma sustentável, incluindo produtos de madeira de longa duração, podem ser usados em vez de produtos mais intensivos em gases de efeito estufa em outros setores. Opções eficazes de adaptação incluem melhorias no uso de variedades adaptadas, reflorestamento, diversificação de fazendas e paisagens, e agricultura urbana. Essas opções exigem a integração de fatores biológicos, socioeconômicos e outros facilitadores. Algumas opções, como a conservação de ecossistemas ricos em carbono (por exemplo, turfeiras, áreas úmidas, pastagens, manguezais e florestas), oferecem benefícios imediatos, enquanto outras, como a restauração de ecossistemas ricos em carbono, levam décadas para apresentar resultados mensuráveis.

3.2.1 Estresse térmico por calor em plantas

Com a perspectiva de aquecimento global, há previsão de muitas mudanças climáticas nos próximos anos e regiões onde atualmente a temperatura é favorável e em áreas onde já ocorrem problemas de calor e/ou seca os riscos serão extremamente prejudiciais às plantas (Okuyama, 2013). Com isso, a tendência é de que o extremo climático, causado por altas temperaturas, ocorra de forma abrupta, influenciando diretamente a produção agrícola, pois as plantas necessitaram de tempo para adaptação natural a essa determinada condição climática (Juras, 2013).

Ainda não se sabe ao certo qual o comportamento das plantas em seu crescimento, desenvolvimento, fisiologia e bioquímica diante das mudanças climáticas previstas para as próximas décadas e isso provavelmente irá depender do metabolismo fotossintético e da plasticidade das espécies aos fatores ambientais envolvidos com as elevadas temperaturas (Assad; Pinto; 2008; Carvalho, 2015).

O estresse por calor ocorre quando há elevação de temperatura acima do valor crítico por período de tempo suficiente para causar danos ao crescimento e ao desenvolvimento das plantas. No Brasil, os extremos de temperatura variam entre temperaturas abaixo de 0 e 35°C, ocorrendo maiores oscilações de temperatura entre as estações do ano devido as maiores latitudes em relação ao Andes setentrionais (centro de origem da mandioca-salsa), onde há pequenas variações de temperatura entre as estações quentes e frias, fato esse que faz com que o clima permaneça semelhante o ano todo e, portanto, ideal para o desenvolvimento da cultura (Madeira *et al.*, 2021).

Como ainda não existe um quadro definitivo das bases fisiológicas que reduzem a taxa de crescimento sob condições de estresse de calor, muitos dos caracteres adaptativos podem ser

úteis para estas condições (Cossani; Reynolds, 2012). O estresse térmico por altas temperaturas pode ser observado através de sintomas morfológicos e fisiológicos em plantas, sendo que os primeiros a serem alterados são os processos fisiológicos e posteriormente os morfológicos.

Os primeiros reflexos dos efeitos do estresse por altas temperaturas em plantas, começam a ser observados já na germinação e emergência de plântulas. Nessa fase inicial, quando as temperaturas ultrapassam os 35°C, ocorre alterações na mobilização das reservas, afetando as enzimas responsáveis pela hidrólise do amido, suprimindo os nutrientes no embrião e afetando a capacidade, a velocidade de germinação e o estabelecimento das plântulas. Logo após a emergência, as altas temperaturas do solo podem afetar o potencial de crescimento de raízes e dos perfilhos (Essemine *et al.*, 2010).

Dentre os sintomas fisiológicos, encontram-se as alterações nas taxas fotossintéticas. A fotossíntese é um dos processos fisiológicos mais sensíveis ao calor, principalmente por causa da sensibilidade da membrana do tilacoide e da redução da produção de clorofila (Souza; Buckeridge, 2010). Nessas condições alguns sintomas morfológicos podem ser observados, tais como, diminuição da biomassa, mudança de coloração das folhas e redução da área foliar. Alterações na fotossíntese também podem levar há um aumento da respiração e, conseqüentemente, redução do ciclo, da percentagem de fecundação das flores, aceleração do período de enchimento de grãos e à senescência (Souza *et al.*, 2011). Valor de temperatura acima da faixa ótima implica em alterações nos diversos processos metabólicos, que em casos extremos culminam com a morte prematura das plantas (Mollo, 2009).

Embora possam ocorrer reduções nas taxas da fotossíntese com um aumento na temperatura da folha acima de 30°C (a depender do metabolismo do carbono, C3 ou C4), essas reduções são causadas pelo aumento na respiração, e redução da condutância estomática em resposta ao alto déficit de pressão de vapor das folhas (Grandis *et al.*, 2010). Nesse sentido, as plantas consomem mais energia na respiração, reduzindo os fotoassimilados disponíveis para os órgãos de reserva da planta (Walter *et al.*, 2010).

Como consequência desse processo ocorre redução na síntese de amido e na deposição do mesmo nos órgãos de reserva, como grãos ou raízes, afetando negativamente a produtividade. A tolerância ao estresse por calor está diretamente associada à capacidade dos genótipos em manter as taxas fotossintéticas estáveis sob altas temperaturas (Ribeiro *et al.*, 2012).

As altas temperaturas promovem a diminuição da estabilidade das membranas celulares e, com isso, há modificação da composição e suas estruturas, podendo levar à perda de íons. A excessiva fluidez de lipídeos da membrana faz com que as mesmas percam a sua função (Cossani; Reynolds, 2012). A fluidez é diretamente influenciada pela temperatura. Uma vez que

os vegetais não podem regular a temperatura de seus corpos, eles enfrentam, com frequência, o problema de manter a fluidez da membrana sob altas temperaturas (Souza; Buckeridge, 2010). Assim, para manter a fluidez da membrana em temperaturas altas, os vegetais podem produzir uma porcentagem mais alta de ácidos graxos saturados (carbonos estão conectados por ligações simples) em relação a ácidos graxos insaturados (carbonos conectados por ligações duplas) (Griffing, 2017). Estudando a termo estabilidade de membrana Dias *et al.* (2010) identificaram genótipos tolerantes ao estresse térmico através da alteração de alguns ácidos graxos.

Segundo Leonardos e Grodzinski (2011), em plantas C3 como é o caso da mandioquinha-salsa, o desenvolvimento de todas as culturas depende do carbono ganho diariamente, principalmente devido ao balanço entre a fotossíntese e as perdas respiratórias, influenciadas diretamente pelas altas temperaturas. Sendo assim, altas temperaturas podem alterar a razão O_2/CO_2 , favorecendo a fotorrespiração e o desbalanço na absorção e liberação de CO_2 pelas plantas. Além disso, ambientes com temperaturas mais elevadas, tem o efeito de reduzir a abertura estomática para conservar água, reduzindo consequentemente a absorção de CO_2 atmosférico, diminuindo o CO_2 no sítio ativo da rubisco. Em geral, ambientes mais quentes limitam significativamente a eficácia da assimilação fotossintética do carbono porque o aumento progressivo da temperatura inclina o equilíbrio para longe da fotossíntese (carboxilação) e em direção à fotorrespiração (oxigenação) (Buchanan, 2017; Souza; Buckeridge, 2010).

Para o caso específico de plantas que apresentam órgão de reserva subterrâneo, tais como raízes tuberosas, que é o caso da mandioquinha-salsa a temperatura acima da faixa ideal afeta diretamente o metabolismo e interage com outros fatores ambientais provocando reduções no seu desenvolvimento. As temperaturas altas não só reduzem a síntese de fotoassimilados essenciais ao desenvolvimento da planta como também a sua partição as raízes tuberosas. O estresse por calor, ainda pode causar redução de produtividade, e afetar negativamente a aparência da raiz devido à ocorrência de doenças e distúrbios fisiológicos tais como rachaduras, podridões e manchas internas, acompanhados ou não de crescimento exuberante da parte aérea e senescência precoce das folhas, com redução no crescimento de raízes pelo encurtamento do período de acúmulo de reserva (Lopes *et al.*, 2011).

Outro ponto a ser considerado sobre o impacto das mudanças climáticas, é de como o aumento da temperatura afetará a interação entre os patógenos, os insetos-pragas, insetos-vetores e as plantas. Embora não seja válido para todos os casos, pode-se afirmar que de modo geral a tendência é que aumentarão os problemas com pragas e doenças pelo aumento de temperatura, por proporcionar maior quantidade de ciclos de multiplicação de patógenos. Além disso, provocará alterações no nível de resistência das plantas a doenças e na patogenicidade dos

agentes etiológicos, bem como nas interações hospedeira – patógeno (Lopes *et al.*, 2011).

3.2.2 Respostas das plantas ao estresse térmico por calor

O estresse térmico causado por altas temperaturas é um problema agrícola mundial. A primeira resposta de um organismo a qualquer estresse ambiental acontece bioquimicamente, a qual subjaz todos os efeitos de maior nível organizacional (Araújo *et al.*, 1998). Para lidar com o excesso de calor, as plantas ativam várias vias metabólicas envolvidas com a percepção, a tradução de sinal e a síntese de proteínas responsivas ao estresse. As proteínas de choque térmico (HSPs) estão entre as principais proteínas sintetizadas sob condições de estresses por calor (Castro *et al.*, 2013; Lima, 2009). Nesse sentido, a compreensão e avaliação de respostas moleculares constituem alternativas para seleção de genótipos tolerantes ao estresse de plantas por calor (Souza *et al.*, 2011).

O estresse térmico por altas temperaturas redireciona a síntese proteica em plantas e resulta em síntese de proteínas de estresse, particularmente as proteínas de choque térmico (HSPs), que são proteínas que atuam regulando e mantendo a conformação estrutural de uma série de outras proteínas, possibilitando assim a sobrevivência da planta sob estresse (Wang *et al.*, 2014). Em condições adversas, tais como o aumento de temperatura, os níveis de HSPs são aumentados, auxiliando desta forma a síntese e maturação de novas proteínas que irão substituir aquelas afetadas pelo estresse metabólico. De forma geral, as HSPs fornecem subsídio às células para identificar e facilitar o redobramento de proteínas danificadas ou destiná-las a um sistema proteolítico adequado, facilitando a eliminação de proteínas cujos danos não são passíveis de restauração (Castro *et al.*, 2013).

Uma classe de proteínas HSPs são as HSP90 que são chaperonas moleculares essenciais nas células eucarióticas com funções importantes no dobramento de proteínas, degradação de proteínas e ativação de proteínas envolvidas na transdução de sinais e controle do ciclo celular (Araújo *et al.*, 1998; Wang *et al.*, 2014). Além das HSP90, as HSP70 também compõem uma grande família de proteínas comumente associadas ao início e duração da tolerância a altas temperaturas. Essas proteínas atuam na montagem, transporte e regulação da atividade de proteínas através de sua interação com os segmentos peptídicos das proteínas num processo regulado por ATP (Freitas *et al.*, 2012). O mecanismo de reparo proteico promovido pela HSP70 envolve ciclos de dobramento, similar ao que ocorre em cadeias peptídicas recém-sintetizadas, sendo imprescindível para o restabelecimento da homeostasia celular (Castro *et al.*, 2013).

Além das reconhecidas HSP90 e HSP70, as classes de HSP17, e HSP18, merecem

destaque, estas se associam com a membrana, formando lipídeos de choque térmico capazes de estabilizar as membranas durante o estresse térmico. Em batata, por exemplo, a introdução do gene de cenoura sHSP17.7 incrementou a tolerância ao calor aumentando a estabilidade das membranas (Hu *et al.*, 2010).

A transcrição de genes HSPs é controlada principalmente pelas proteínas chamadas HSFs (do inglês Heat Stress Transcription Factors), um grupo de fatores transcricionais amplamente presente em plantas (Mittler *et al.*, 2012). A ativação dos genes codificantes das HSPs requer um controle por parte de proteínas transregulatórias denominado fator de choque térmico (HSF), cuja ativação e translocação são responsáveis pelo reconhecimento do elemento de choque térmico (HSE) (Hsu *et al.*, 2010). O HSF está presente normalmente na célula em formato de um monômero inativo. Em resposta ao acúmulo de proteínas incorretamente dobradas decorrente de algum tipo de estresse abiótico ocorre uma rápida trimerização dos monômeros HSF (Hsu *et al.*, 2010).

O trímero formado então é translocado para o núcleo, onde é capaz de reconhecer e ligar-se imediatamente a uma sequência de nucleotídeos específica, o HSE, que está localizada na região promotora dos genes que codificam as HSPs, resultando desta forma, num alto nível de transcrição dos genes do choque térmico (Hu *et al.*, 2009).

Além do fator de transcrição citado acima, no contexto do estudo molecular de genes responsivos ao estresse abiótico, os fatores de transcrição da família DREB também se destacam. Esses reguladores têm o potencial de regular vários genes e fatores de transcrição. Entre todos os membros da família do fator de transcrição apenas alguns deles tem domínio de ligação único que funciona como um domínio de proteína de ligação ao estresse (Joshi *et al.*, 2016). O gene DREB2B foi expresso na condição abiótica de seca e calor, em *Eremosparton songoricum* (Litv.) Vass., (Li *et al.*, 2014), sob estresse salino, hídrico e de alta temperatura DREB2B foi identificado e expresso em capim-búfalo (*Buchloe dactyloides* (Nutt.) Engelm) (Zhang *et al.*, 2014). Uma das principais vias envolvidas na sinalização ao estresse por temperatura elevada é a cascata de sinalização MAP Kinases (MAPK) (Figura 3), uma resposta observada em inúmeras espécies de plantas (Araújo *et al.*, 1998). A cascata de sinalização da MAPK consiste de fosforilações sequenciais através das proteínas MAP3K e MAP2K; as quais fosforilam proteínas alvo e modulam vários processos fisiológicos (Keshet; Seger, 2010).

Cada espécie vegetal apresenta múltiplas cascatas de MAP Kinases, que intermediam a transmissão intracelular e à amplificação do estímulo extracelular, resultando na indução de respostas bioquímicas e fisiológicas (Sinha *et al.*, 2011). As MAPKs se organizam hierarquicamente em três módulos capazes de transmitir e amplificar sinais na célula. A cascata

que elas formam consiste na ação consecutiva de três componentes enzimáticos: MAP3K, MAP2K e MAPK. As MAPKs estão ativadas quando resíduos de treonina e tirosina de seu sítio de regulação estão fosforilados. Esta fosforilação das MAPKs é feita por MAP2K, que são, por sua vez, ativadas por fosforilação de seus resíduos de serina ou treonina em uma reação catalisada por MP3Ks (Borges, 2014; Smékalová *et al.*, 2013).

A regulação transcricional dos genes MAPKs em vegetais é uma ferramenta importante de estudo pois sua expressão pode ajudar a melhor entender a sinalização de processos celulares e respostas a estresses abióticos tais como altas temperaturas. Acredita-se que mudanças na expressão gênica em nível transcricional e/ou traducional sejam um mecanismo fundamental na resposta das plantas a estresses ambientais (Blas *et al.*, 2008; Borges, 2014; Smékalová *et al.*, 2013).

REFERÊNCIAS

- ALVARADO, J. S.; LÓPEZ, D. H.; TORRES, M. I.; MELÉNDEZ, M. M. BATISTA, R. A.; RAXWAL, V.; BERRÍOS, J. A. N.; ARUN, A. Sequencing and De Novo Assembly of the Complete Chloroplast Genome of the Peruvian Carrot (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft). **Genome Announc**, v.5, n.7, 2017. DOI: 10.1128/genomeA.01519-16.
- ANDERSON, T. R.; HAWKINS, ED.; JONES, P. D. CO₂, the greenhouse effect and global warming: from the pioneering work of Arrhenius and Callendar to today's earthsystem models. **Endeavour**, v. 40, n. 3, p. 178-187. 2016. DOI: 10.1016/j.endeavour.2016.07.002.
- ARAÚJO, J. L. S.; MARGIS-PINHEIRO, M.; RUMJANEK, N. G. **Proteínas de Choque Térmico e Tolerância a Altas Temperaturas em Plantas**. Seropédica:Embrapa Agrobiologia. 27p. (Embrapa-CNPAB. Documentos, 80). 1998.
- ASSAD, E.; PINTO, H. S. **Aquecimento Global e a nova Geografia da Produção agrícola no Brasil**. São Paulo. 2008.
- ATENCIO SOLANO, L.M.; GARNICA MONTAÑA, J.P.; VARGAS BERDUGO, A.M.; VILLAMIL CARVAJAL, J.E.; CAÑAR SERNA, D.Y. **Manual técnico para la producción de colinos de Arracacha bajo condiciones agroecológicas del municipio de cajamarca, tolima**. Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA). Mosquera, Colombia. 2019. 116p. Doi: <https://doi.org/10.21930/agrosavia.manual-19>.
- BALBINO, J. M. S.; BOREL, R. M. A. **Cultura da batata-baroa (mandioquinha-salsa): práticas da produção à pós-colheita**. [Recurso eletrônico]. Vitória, ES: Incaper, 126p. 2018.
- BALBINO, J. M.; KROHLING, C. A.; MOREIRA, S. O.; FAVARATO, L. F. **Manejo da cultura da batata-baroa: Implantação e condução**. Cap. 3, p.42-44. In: A cultura da batata-baroa (mandioquinha-salsa): práticas da produção à pós-colheita.[Recurso eletrônico]. Vitória, ES: Incaper, 126p. 2018.
- BIESDORF, E. M.; BIESDORF, E. M.; ARAÚJO, E. M.; COSTA, E. J. O.; OLIVEIRA, O. J. Produção de mandioquinha salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) submetida a quatro épocas de plantio. **Revista de Agricultura Neotropical**, v. 4, n. 1, p. 43-48.2017.
- BLAS, R.; GHISLAIN, M.; HERRERA, M. R.; BAUDOIN, JP. Genetic diversity analysis of wild *Arracacia* species according to morphological and molecular markers. **Genetic resources and crop evolution**, v.55, n.5, p.625-642, 2008. DOI:10.1007/s10722-007-9269-7.
- BORGES, J. D. K. **O gene codificador da “Proteína-cinase Ativada por Motógenos” 5 (MPK5) de *Eucalyptus grandis***. 2014. 118f. Dissertação (Mestrado em Biologia Celular e Molecular) – Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre. 2014.

BUCHANAN, B. B. **Fotossíntese: Reações de Carboxilação**. Cap. 8. 215-220. In:TAIZ, L. et al. Fisiologia e desenvolvimento vegetal [recurso eletrônico]. 6. ed. – Porto Alegre: Artmed, 2017.

BUSO, E. K. R. P. M.; CLEMENTE, E.; SCWAN-ESTRADA, K. R. F.; HEREDIA ZÁRATE, N. A.; OLIVEIRA, J. S. B. Comportamento pós-colheita de mandioquinha-salsa revestida com quitosana. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 4, p. 850- 855. 2014.

CARMO, E. L. **Potencialidades da mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Brancroft) para processamento industrial**. 2011. 115 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista, Botucatu, SP, 2011.

CARMO, E. L.; LEONEL, M. Composição físico-química e cor de clones de mandioquinha-salsa. **Energia na Agricultura**, v.27, n.1, p.62-81, 2012. DOI: 10.17224/EnergAgric.2012v27n1p62-81.

CARVALHO, C. A. C. **Impacto do estresse térmico e de CO_2 no crescimento inicial e na fisiologia do meloeiro**. 2015. 142f. Tese (Doutorado em Agronomia:Fitotecnia). Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró. 142p. 2015.

CASTRO, S. V.; LOBO, C. H.; FIGUEIREDO, J. R.; RODRIGUES, A. P. R. Proteínas de choque térmico hsp70: estrutura e atuação em resposta ao estresse celular. **ActaVeterinaria Brasilica**, v.7, n.4, p.261-271, 2013. DOI: 10.21708/avb.2013.7.4.3273.

CHALISE, S.; NARANPANAWA, A.; BANDARA, J. S.; SARKER, T. A general equilibrium assessment of climate change–induced loss of agricultural productivity inNepal. **Economic Modelling**, v.62, p. 43-50. 2017.

COSSANI, C. M.; REYNOLDS, M. P. Physiological traits for improving heat tolerancein wheat. **Plant Physiology**, v.160, n1, p.1710-1718, 2012.

COSTA, G. P.; LORENZI, V. J.; KRIECK, R. S. **Classificação da Mandioquinha-Salsa. Programa Brasileiro para a modernização da horticultura**. Elaboração Técnica: CEAGESP. 8f. 2002.

DIAS, A.S.; BARREIRO, M.G.; CAMPOS, P.S. et al. Wheat cellular membrane thermotolerance under heat stress. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v.196, p.100-108, 2010.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Mandioquinha-salsa: novas cultivares são validadas em MG. 2016**. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/busca-de-noticias/-/noticia/11908962/mandioquinha-salsa-novas-cultivares-sao-validadas-em-mg>>. Acesso em: 25 jul. 2021.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sul de Minas é destaque na produção de mandioquinha-salsa**. 2019. Disponível em <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-noticias/-/noticia/33936378/sul-de-minas-e-destaque-na-producao-de-mandioquinha-salsa>>. Acesso em: 25 jul. 2021.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Mandioquinha-salsa Amarela de Senador Amaral**. 2021. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/en/busca-de-solucoes-tecnologicas/-/produto-servico/1583/mandioquinha-salsa-amarela-de-senador-amaral>>. Acesso em: 25 jul.2021.

EPAGRI - Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina.SC: **Epagri mostra desempenho de novos cultivares de mandioquinha-salsa em Campo Alegre**. 2022. Disponível em: <https://www.paginarural.com.br/noticia/300674/epagri-mostra-desempenho-de-novos-cultivares-de-mandioquinha-salsa-em-ceo-alegre>. Acesso em 10 ago. 2022.

ESSEMINE, J.; AMMAR, S.; BOUZID, S. Impact of heat stress on germination and growth in higher plants: physiological, biochemical and molecular repercussions and mechanisms of defence. **Journal of Biological Sciences**, v.10, n.6, p.565-572, 2010. DOI: 10.3923/jbs.2010.565.572.

FAYAD, J. A.; COMIN, J. J.; KURTZ, C.; MAFRA, A.; MADEIRA, N. R. **Sistema de Plantio Direto de Hortalças (SPDH): O cultivo da Mandioquinha-salsa**. Florianópolis, SC: Epagri, (Boletim Didático 147). 68p. 2018.

FAQUIN, V.; ANDRADE, A. T. **Nutrição mineral e diagnose do estado nutricional das hortalças**. Lavras: UFLA/FAEPE, 2004. 88p.

FERREIRA, F. L. C.; SILVA, F. L.; BUENO, P. E.; LABAKI, L. C. Fatores associados à distribuição da temperatura das superfícies em áreas urbanas: zonas climáticas locais e características espectrais. **Ambiente Construído**, v. 21, n. 1, p. 237-262. 2021. DOI: 10.1590/s1678-86212021000100504.

FREITAS, W. E. S.; FERNANDES, P. L. O.; LEITE, G. A.; DANTAS, J. I. A.; PONTES, C. A.; CARVALHO, C. A. C. Ação das Proteínas de Choque Térmico em frutos. **Agropecuária Científico Semi-Árido**, v. 8, n.4, p.1-6. 2012. DOI: 10.30969/acsa.v8i2.245.

GRANATE M. J.; SILVA, D.; SINVAL, W. N.; PINTO, F. AS.; SEDIYAMA, M. A. M.; PUIATTI, M. Competição de clones de mandioquinha-salsa em quatro épocas de colheita. **Horticultura Brasileira**, v.27, n.4. 414-419. 2009. DOI: 10.1590/S0102-05362009000400003.

GRANDIS, A.; GODOI, S.; BUCKERIDGE, M. S. Respostas fisiológicas de plantas amazônicas de regiões alagadas às mudanças climáticas globais. **Revista Brasileira Botânica**, v.33, n.1, p.1-12. 2010.

GRIFFING, L. **Arquitetura da Célula e do Vegetal**. Cap, 1. p. 13. In: TAIZ, L. *et al.* Fisiologia e desenvolvimento vegetal [recurso eletrônico]. 6. ed. – Porto Alegre: Artmed, 2017.

HENZ, G. P. Doenças da mandioquinha-salsa e sua situação atual no Brasil. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 2, p. 135-144. 2002.

HEREDIA ZÁRATE, N. A.; VIEIRA, M. C. (Org.). **Hortas: conhecimento básicos**. Dourados: Seriema, 298p. 2018.

HORTIBRASIL. **Mandioquinha-salsa**. 2019. Disponível em:
<<https://www.hortibrasil.org.br/classificacao/mandioquinha/mandioquinha.html>>. Acesso em:
01 jun. 2021.

HU, W.; HU, G.; HAN, B. Genome-wide survey and expression profiling of heat shock proteins and heat shock factors revealed overlapped and stress specific response under abiotic stresses in rice. **Plant Science**, v. 176, p. 583-590. 2009. DOI: 10.1016/j.plantsci.2009.01.016.

HU, X., LI, Y., LI, C., YANG, H., WANG, W., LU, M. Characterization of small heat shock proteins associated with maize tolerance to combined drought and heat stress. **Journal of Plant Growth Regulation**, v. 29, p.455–464. 2010.

HUANG, J.; ZHANG, J.; ZHANG, Z.; XU, CY.; WANG, B.; YAO, J. Estimation of future precipitation change in the Yangtze River basin by using statistical downscaling method. **Stochastic Environmental Research and Risk Assessment**, v. 25, n. 6, p. 781-792, 2011. DOI: 10.1007/s00477-010-0441-9.

HSU, S. F.; LAI, H.C.; JINN, T.L. Cytosol-localized heat shock factor-binding protein, AtHSBP, functions as a negative regulator of heat shock response by translocation to the nucleus and is required for seed development in Arabidopsis. **Plant Physiology** v.153, p.773-784. 2010. DOI: 10.1104/pp.109.151225.

IPCC – INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE
Intergovernmental panel on climate change. 2014. Disponível em:
<<http://www.ipcc.ch/>>. Acesso em: 25 Maio. 2021.

IPCC – INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE. **Climate Change 2021, the Physical Science Basis. 2021**. Disponível em:<https://www.ipcc.ch/report/ar6/wg1/downloads/report/IPCC_AR6_WGI_Full_Report.pdf>. Acesso em: 10 jun. 2021.

IPCC – INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE 2022: **Summary for Policymakers** [H.-O. Pörtner, D.C. Roberts, E.S. Poloczanska, K. Mintenbeck, M. Tignor, A. Alegría, M. Craig, S. Langsdorf, S. Löschke, V. Möller, A. Okem (eds.)]. In: *Climate Change 2022: Impacts, Adaptation and Vulnerability. Contribution of Working Group II to the Sixth Assessment Report of the Intergovernmental Panel on Climate Change* [H.-O. Pörtner, D.C. Roberts, M. Tignor, E.S. Poloczanska, K. Mintenbeck, A. Alegría, M. Craig, S. Langsdorf, S. Löschke, V. Möller, A. Okem, B. Rama (eds.)]. Cambridge University Press, Cambridge, UK and New York, NY, USA, pp. 3–33, DOI:10.1017/9781009325844.001.

IPCC – INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE: **Climate Change 2023, Synthesis Reports**. 2023. Disponível em:<
file:///C:/Users/Silmaria/Downloads/IPCC_AR6_SYR_SPM.pdf. > Acesso em: 12 out.2023.

JURAS, I. A. G. M. **Mudança do clima: Principais conclusões do 5º Relatório do IPCC**. Nota técnica. Consultora Legislativa da Área XI Meio Ambiente e Direito Ambiental, Organização Territorial, Desenvolvimento Urbano e Regional. 2013. Disponível em:
http://bd.camara.leg.br/bd/bitstream/handle/bdcamara/16940/mudanca_clima_juras.pdf?sequence=1. Acesso em: 10 jun. 2021.

KESHET, Y.; SEGER, R. The MAP kinase signaling cascades: a system of hundredsof components regulates a diverse array of physiological functions. In MAP Kinase Signaling Protocols. **Humana Press**, v.1, p. 3-38, 2010. DOI: 10.1007/978-1-60761-795-2_1.

LEONARDOS, E. D.; GRODZINSKI, B. **Plant systems/photosynthesis and productivity of vascular plants in controlled and field environments**. In: MurrayMoo-Young (ed.), *Comprehensive Biotechnology*, Second Edition, v.4, p. 177–189, 2011.

LI, C.; STORCH, J. S. V.; MAROTZKE, J. Deep-ocean heat uptake and equilibriumclimate response. **Climate Dynamics**, v. 40, n. 5-6, p. 1071-1086, 2013. DOI: 10.1007/s00382-012-1350-z.

LI, X., ZHANG, D., LI, H., WANG, Y., ZHANG, Y. and WOOD, A.J. EsDREB2B, a novel truncated DREB2-type transcription fator in the desert legume *Eremosparton songoricum*, enhance tolerance to multiple abiotic stresses in yeast and transgenictobacco. **BMC Plant Biology**, v.14, n.1, p.1-16. 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.1186/1471-2229-14-44>. PMID:24506952.

LIMA, C. S. **Mudanças na expressão de proteínas induzidas por estresses isolados e combinados de seca e temperatura elevada em folhas de cajueiro**.2009. 92f. Dissertação (Mestrado em Bioquímica) – Universidade Federal do Ceará. Fortaleza. 2009.

LOPES, C. A.; SILVA, G. O.; CRUZ, E. M.; ASSAD, E.; PEREIRA, A. S. Uma análise do efeito do aquecimento global na produção de batata no Brasil. *Horticultura Brasileira*, v.29, n.1, p.7-15. 2011.

MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. Mandioquinha-salsa: alternativa de renda garantida. **Campo e Negócios HF**, v.8, n. 103, p. 32-39, 2013.

MADEIRA, N. R. **Mandioquinha-salsa BRS Catarina 64**. 2015. Disponível em <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-solucoes-tecnologicas/-/produto-servico/2206/mandioquinha-salsa-brs-catarina-64>>. Acesso em: 30 jun. 2021.

MADEIRA, N. R. **Nova cultivar de mandioquinha-salsa será lançada na 26ª Hortitec**. 2019. Disponível em <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-noticias/-/noticia/44038011/nova-cultivar-de-mandioquinha-salsa-sera-lancada-na-26-hortitec>>. Acesso em: 20 jun. 2021.

MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. D. F. **Produção de mudas de mandioquinha-salsa**. Cap. 4, p.130-149. In: Hortaliças de propagação vegetativa: tecnologia de multiplicação. Brasília, DF: Embrapa, 228 p. 2016.

MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. D. F.; SILVA, G. O.; BOTREL, N.; BORTOLETTO, A. S. **Como plantar mandioquinha-salsa- produção de mudas**. Embrapa Hortaliças. Sistemas de Produção, 4. Versão Eletrônica. 2008.

MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. D. F.; SILVA, G. O.; BOTREL, N.; PINHEIRO, J. B.; GUEDES, E. P.; SILVA, M. L.; SANTOS, F. F. S. **BRS Rúbia 41: Mandioquinha-salsa**. 2014. Disponível em:

<<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/128806/1/BRS-Rubia-41.pdf>>. Acesso em: 10 jul. 2021.

MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. D. F.; SILVA, G. O.; BOTREL, N.; BORTOLETTO, A. S. **Mandioquinha-salsa Arracacia Xanthorrhiza Bancroft**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2021. 51p. (Sistemas de Produção nº 1/Embrapa Hortaliças).

MADEIRA, N. R.; MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. D. F. de; SILVA, G. O. da; PINHEIRO, J. B.; PEREIRA, R. B.; MICHEREFF FILHO, M.; FELDBERG, N. P.; MOREIRA, S. O.; SILVEIRA, G. S. R.; CÁSSIA, R. M. **Proposição de um Sistema de Produção de Mudanças de Mandioquinha-salsa**. Circular Técnica 161. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. 25f. Brasília, 2017.

MARTINEZ, C. A.; OLIVEIRA, E. E.; MELLO, T. R. P.; MARIN, A. L. A. Respostas das plantas ao incremento atmosférico de dióxido de carbono e da temperatura. **Revista Brasileira de Geografia Física**, v.8, número especial, VI SMUD, p. 635-650. 2015. DOI: 10.26848/rbgf.v8.0.p635-650.

MITTLER, R.; FINKA, A.; GOLOUBINOFF, P. How do plants feel the heat? **Trends Biochemical Science.**, v. 37, p. 118-125, 2012. DOI: 10.1016/j.tibs.2011.11.007.

MOLLO, L. **Efeito da temperatura no crescimento, no conteúdo e na composição de carboidratos não-estruturais de plantas de Alcantarea imperialis (Carrière) Harms (Bromeliaceae) cultivadas in vitro**. 2009. 90f. Dissertação (Mestrado) -- Instituto de Botânica da Secretaria de Estado do MeioAmbiente. São Paulo. 2009.

MORILLO, E.; MADEIRA, N.; JAIMEZ, R. **Arracacha**. In: Geoffriau, E.; Simon, P. W.(eds.), Carrots and related Apiaceae crops (2nd ed.) (pp. 245–253). CAB International. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1079/9781789240955.0000>.

NUNES, A. R. A. N.; FERNANDES, A. M.; LEONEL, M.; GARCIA, E. L.; MAGOLBO, L. A.; CARMO, E. L. Nitrogênio no crescimento da planta e na qualidade de raízes da mandioquinha-salsa. **Ciência Rural**, v.46, n.2, p.242-247. 2016. DOI: 10.1590/0103-8478cr20150339.

NUNES, E. C.; ZANELLA, M.; KOERICH, C. A. INCA e COQUEIRAL: primeiros cultivares catarinenses de mandioquinha-salsa. **Agropecuária Catarinense**, Florianópolis, 2022. Disponível em: <https://publicacoes.epagri.sc.gov.br/rac/article/view/1542/1468>. Acesso em: 28março. 2023.

OHLAND, R. A. A. **Produtividade agroeconômica da mandioquinha-salsa cultivada com cama de frango em diferentes doses, incorporada e em cobertura**. 2014. 44f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Federal da Grande Dourados. Dourados, Mato Grosso do Sul. 2014.

OKUYAMA, L. A. **Estresses de altas temperaturas e deficiência hídrica em trigo (Triticum aestivum L.)**. 2020. Disponível em: <http://www.iapar.br/arquivos/File/zip_pdf/agrometeorologia/20131099-Calor-A.pdf>. Acesso em: 05 jul. 2021.

PÁDUA, J. G. Produção de batata e mandioquinha-salsa visando o processamento industrial. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v.6, n.1, p.147-161, 2010.

PEDROSO, M. T. M. **A cadeia produtiva da mandioquinha-salsa: implicações para a agenda tecnológica e a pesquisa agrônômica**. Brasília, DF: Embrapa Hortaliças, 2020. 24 p. (Documentos / Embrapa Hortaliças, ISSN 1677-2229; 179).

PINHEIRO, J. B.; CARVALHO, A. D. F.; MADEIRA, N. R.; PEREIRA, R. B.; AGUIAR, F. M. **Nematoides na cultura da mandioquinha-salsa**. Brasília - DF: Embrapa Hortaliças, 2013 (Circular Técnica 123).

PORTZ, A.; MARTINS, C. A. C.; LIMA, E.; ZONTA, E. Avaliação de clones de mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) na região de Nova Friburgo- RJ. **Revista Universidade Rural. Série Ciências da Vida**, v. 23, n. 1, p. 9-14, 2003.

RIBEIRO, K. S. **Produtividade de Mandioquinha-salsa originadas de mudas propagadas em bandejas preenchidas com diferentes substratos**. 2018. 30 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados. Dourados. 2018.

RIBEIRO, R. A.; FINGER, F. L.; PUIATTI, M.; CASALI, V. W. D. Vida útil e metabolismo de carboidratos em raízes de mandioquinha-salsa sob refrigeração e filme de PVC. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 4, p. 453- 458. 2007.

RIBEIRO, G.; PIMENTE, A. J. B.; SOUZA, M. A.; ROCHA, J. R. A. S.; FONSECA, W. B. **Revista Brasileira Agrociência**, Pelotas, v.18 n. 2-4, p.133-142. 2012.

SINHA, A.; JAGGI, M.; RAGHURAM, B.; TUJETA, N. Mitogen-activated protein kinase signaling in plants under abiotic stress. **Plant Signaling & Behavior**, v. 6, p.196-203, 2011. DOI: 10.4161/psb.6.2.14701.

SMÉKALOVÁ, V.; DOSKOCILOVA, A.; KOMIS, G.; SAMAJ, J. Crosstalk between secondary messengers, hormones and MAPK modules abiotic stress signaling in plants. **Biotechnol Advances**, v. 32, p.2-11. 2013. DOI: 10.1016/j.biotechadv.2013.07.009.

SOUZA, A. P.; BUCKERIDGE, M. S. A. **Fotossíntese em cana-de-açúcar e sua importância estratégica para enfrentar as mudanças climáticas globais**. In: CORTEZ, L. A. B. (Coord.). Bioetanol de cana-de-açúcar. P&D para produtividade e sustentabilidade, São Paulo: Blucher, p.359-363. Blucher.

SOUZA, M. A.; PIMENTEL, A. J. B.; RIBEIRO, G. **Melhoramento para tolerância ao calor**. In: FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A. (Eds.) Melhoramento de plantas para condições de estresses abióticos. Visconde do Rio Branco: Suprema, cap.9. p.199-226. 2011.

TORALES, E.; HEREDIA ZÁRATE, N.; VIEIRA, M do C.; GASSI, R. P.; SALLAES, N. A.; PINTO, J. V. da C. Influência da cama de frango e de espaçamentos entre plantas na produtividade agroeconômica de mandioquinha-salsa. **Revista Ceres**, v.61, n.2, p. 162-171. 2014. DOI: 10.1590/S0034-737X2014000200002.

VENTURA, J. A.; COSTA, H.; LIMA, I. de M. **Doenças da batata-baroa e estratégias de manejo**. Cap. 6, P.92. In: Cultura da batata-baroa (mandioquinha-

salsa): práticas da produção à pós-colheita. [Recurso eletrônico]. Vitória, ES:Incaper, 126p. 2018.

VITAMVAS, J.; VIEHMANNOVA, I.; CEPKOVA, P. H. C.; MRHALOVAK, H.; ELIASOVA, K. Assessment of somaclonal variation in indirect morphogenesis- derived plants of *Arracacia xanthorrhiza*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 54,2019. DOI: 10.1590/S1678-3921.pab2019.v54.00301.

WANG, W.; ZHANG, X.; GOATLEY, M.; ERVIN, E. Heat shock proteins in relation to heat stress tolerance of creeping bentgrass at different N levels. **PLoS One**, v.9, n.7. 2014. DOI: 10.1371/journal.pone.0102914.

WALTER, L. L.; STRECK, A. N.; ROSA, H. T.; MENEGASSI, C.M.; KUGER, B. Climate change and its effects on rice. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.40, n.11,p.2411-2418. 2010.

ZHAI, F.; LIN, T.; BYAMBADORJ, E. A general equilibrium analysis of the impact of climate change on agriculture in the People's Republic of China. **Asian Development Review**, v. 26, n.1, p.206-225. 2009.

ZHANG, P.; YANG, P.; ZHANG, Z.; HAN, B.; WANG, W.; WANG, Y.; CAO, Y.; HU, T.; Isolation and characterization of a buffalograss (*Buchloe dactyloides*) dehydration responsive element binding transcription factor, BbDREB2. **Gene**, v.536, n.1, p.123- 128. 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.1016/j.gene.2013.11.060>. PMID:24333268.

4. ASSUNTO I: DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE MANDIOQUINHA-SALSA

4.1 Introdução

A mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) é originária da região dos Andes da América Latina, numa área compreendida entre Colômbia Equador, Peru e Bolívia (Nunes; Zanela; Koerich, 2022). Foi introduzida no Brasil no ano de 1907 e logo o país se tornou o maior produtor mundial dessa hortaliça (Ecole *et al.*, 2015). Atualmente se configura como uma opção interessante de cultivo para a agricultura familiar, por ser um agente diversificador de renda, e pelo plantio não exigir alta complexidade e nem grandes áreas (Heid *et al.*, 2015; Oliveira *et al.*, 2017).

Suas raízes de reserva apresentam elevado valor nutricional, sendo um alimento energético, ricos em vitaminas A e C, nutrientes, como o zinco, manganês, cálcio, potássio, fósforo e ferro, além de carboidratos e amido de alta digestibilidade (Acarapi, 2014; Carmo; Leonel, 2012; Fayad *et al.*, 2018). Para a indústria de processamento e para os consumidores as características de qualidade das raízes são extremamente importantes e exigidas, entre elas estão, o tamanho, a uniformidade, e a ausência de danos e defeitos.

Essas características podem ser diretamente influenciadas por diversos fatores, como o clima, o genótipo, o preparo das mudas, e a ocorrência de injúrias causadas por pragas e doenças (Pádua, 2015). É uma cultura tradicionalmente cultivada em regiões com altitude superior a 800 m na região Sudeste e 650 m na região Sul, exigente em clima ameno (ideal entre 10 e 25 °C) o ano inteiro, sugerindo-se a implantação da cultura entre os meses de março e junho, no Sudeste em função do maior risco de perdas em épocas quentes e chuvosas e de junho a agosto na região Sul de modo a assegurar o estabelecimento da cultura com temperaturas mais baixas na fase inicial, até 90 - 120 dias após o plantio (Ecole *et al.*, 2015; Madeira; Carvalho, 2016).

As plantas de mandioquinha-salsa são tolerantes a geadas brandas, porém pode haver esgotamento das reservas e morte das plantas no caso da ocorrência de geadas fortes e consecutivas, especialmente no estágio inicial, quando ainda não possui grande quantidade de reservas (Fayad *et al.*, 2018). Em contrapartida, os plantios realizados em locais ou em épocas muito quentes, com temperaturas frequentemente acima dos 30 °C, apresentam elevado índice de apodrecimento de plantas, devido à ação de bactérias e fungos associada à exposição do córtex das mudas pela ação do corte realizado no ato do plantio. Em consequência disso, verifica-se a redução da taxa de pegamento e, consequentemente, da produtividade (Madeira *et al.*, 2017).

Logo, verifica-se, anecessidade de avaliar o comportamento da espécie ao longo do ano agrícola, buscando estabelecer a melhor época para o cultivo.

O Estado do Paraná caracteriza-se pela grande diversidade de condições climáticas, pelo fato de estar em uma região de transição do clima tropical para o temperado e por apresentar relevo acidentado (Loos *et al.*, 2017). A região sudoeste do Paraná, apresenta solo do tipo, latossolo vermelho distroférico, textura argilosa, álico e relevo ondulado (Bhering *et al.*, 2008). O clima da região é do tipo Cfa (Classificação de Köppen) com média de 224 horas de frio abaixo de 7,2 °C (maio a agosto) ou 166 horas (maio a julho). No entanto, apresenta verões quentes, com tendência de concentração de chuvas e temperaturas que ultrapassam os 22 °C (Scariotto *et al.*, 2013), principalmente quando há a influência de fenômenos climáticos, como em anos de *El nino*, por exemplo, onde as temperaturas podem ultrapassar a casa dos 30 °C. O solo de textura argilosa e em algumas áreas com a presença de alumínio, somado as altas temperaturas caracterizam a região como marginal para o desenvolvimento da cultura.

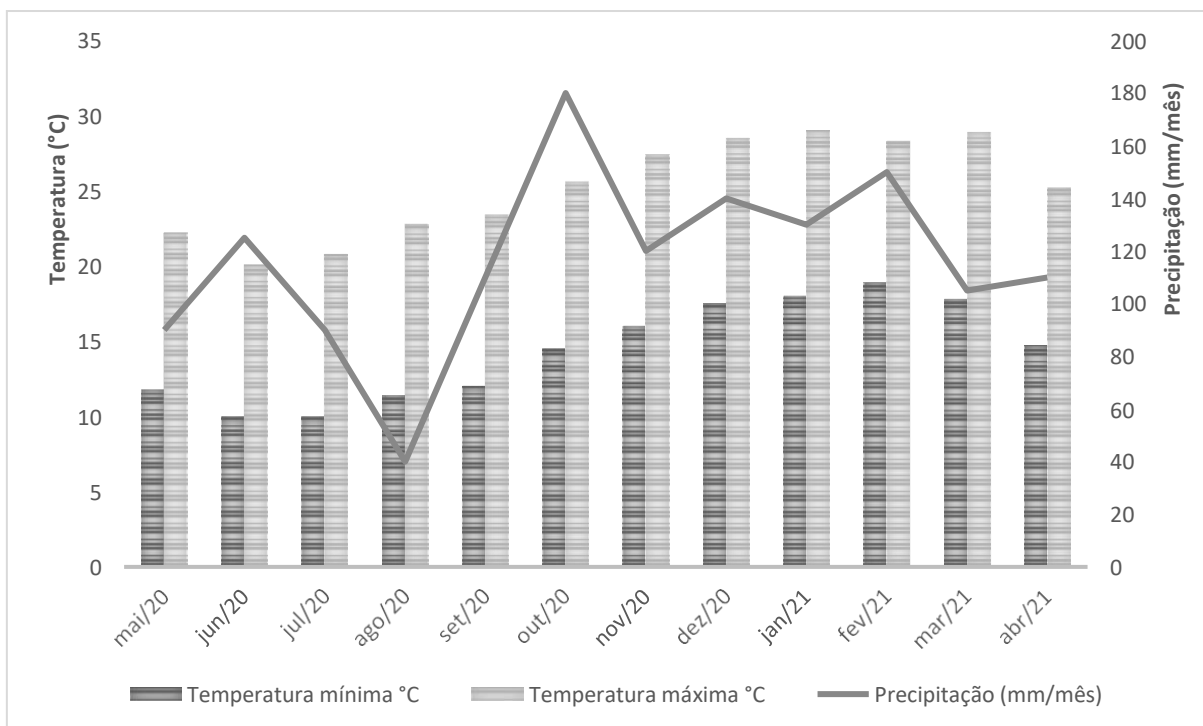
Além dos fatores de ordem climática, para se obter elevada produtividade da mandioquinha-salsa, com raízes longas e cilíndricas, se faz necessária maior atenção na escolha do genótipo a ser utilizado, já que ainda estão disponíveis no mercado poucos clones e com características semelhantes, o que pode interferir negativamente a cultura pela homogeneidade genética dos materiais cultivados (Nunes *et al.*, 2016). A busca por genótipos com adaptabilidade ao ambiente de cultivo é um entrave ainda a ser superado, já que embora apresente características favoráveis, o cultivo e a pesquisa de mandioquinha-salsa apresentam-se pouco difundida no Brasil (Heid *et al.*, 2015). Assim, o objetivo do estudo foi avaliar o desempenho agrônomo de genótipos de mandioquinha-salsa na região Sudoeste do Paraná em duas épocas de cultivo.

4.2 Material e métodos

Foram realizados dois experimentos simulando cultivo comercial de mandioquinha-salda, nos anos de 2020 a 2021, ambos conduzidos na área experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), localizada na cidade de Pato Branco-PR, 26° 06' 59"S, 52° 40' 59"W e altitude de 721,80 m.

Os dados referentes a temperatura e precipitação pluviométrica, ao longo do período de condução dos experimentos, estão apresentados na Figura 1.

Figura 1 - Dados de temperatura e precipitação pluviométrica média, no período de condução dos experimentos a campo - maio de 2020 a abril de 2021, da região sudoeste do Paraná. UTFPR, Pato Branco, 2023.



Fonte: SIMEPAR (2023), adaptado pela autora.

Anterior à implantação dos experimentos, coroas dos genótipos demandioquina-salsa foram adquiridas de agricultores da região, para a ocasião dos plantios de maio e agosto, respectivamente. Foi realizado o preparo das mudas, individualizando os rebentos e efetuando-se a lavagem em água corrente para retirada do excesso de impurezas. Em seguida foi realizado o tratamento fitossanitário por imersão de 10 minutos em solução de água sanitária comercial (teor médio de 2,2% de cloro ativo) a 5% de diluição (Madeira; Carvalho, 2017). Após o tratamento com cloro, foi realizado o enxágue rápido dos rebentos com água pura, seguido de secagem à sombra. Depois dos rebentos secos, foi efetuado o corte basal, em bisel, e, quando necessário, realizado o corte dos pecíolos (iniciação das folhas). Preparadas as mudas, estas passaram pelo processo de pré-brotação em serragem (Madeira; Carvalho, 2016), e posterior transplantio no lugar definitivo dos experimentos.

Anterior ao transplante das mudas, foi realizada coleta e análise de solo com as seguintes características químicas na camada de 0 a 0,20 m: pH em CaCl₂= 5,2; P= 7,53 mg dm⁻³; K= 0,47 cmolc dm⁻³; Ca= 6,10 cmolc dm⁻³; Mg= 3,0 cmolc dm⁻³; H+Al = 3,52 cmolc dm⁻³; SB= 9,57 cmolc dm⁻³; CTC= 13,09 cmolc dm⁻³; V%= 73,11; MO= 50,93 g dm⁻³.

Aos 90, 135 e 190 dias após o transplantio, foi realizada adubação de cobertura das

plantas com adubo orgânico (cama de aviário). As quantidades (128; 224; 288 g planta⁻¹) referentes a cada uma dessas fases foram estimadas conforme a necessidade da cultura e da análise química do solo.

Os genótipos de mandioquinha-salsa foram conduzidos sob manejo orgânico de produção, por um período de oito meses, com duas épocas de cultivo, transplantadas nos meses de maio e agosto. Para o transplântio de maio (primeira época de cultivo) foram utilizados os seguintes genótipos: BRS Acarijó 56 (Carijó) BRS Rúbia 41 (Rúbia), BRS Catarina 64 (Catarina), SCS380 Inca (Inca - anteriormente denominada Gigante de Angelina), Amarela de Senador Amaral (ASA), Amarela de Carandaí/Comum (Amarela Comum) e Branca comum. Para o transplântio de agosto(segunda época de cultivo) foram utilizados os genótipos: BRS Acarijó 56, SCS380 Inca, Amarela de Senador Amaral e SCS381 Coqueiral.

Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos casualizados (DBC) com três repetições e parcelas experimentais de 25 plantas, dispostas no espaçamento de 0,80 x 0,40 m, sendo a parcela útil composta por 10 plantas.

A irrigação foi realizada por aspersão, seguindo a necessidade da cultura paracada fase de desenvolvimento e as condições climáticas as quais foram submetidas. Os tratos culturais para eliminação de plantas indesejáveis no cultivo se deram através de capina manual/arranque realizada sempre que necessário, e pela utilização de cobertura morta – palhada com podas de grama.

O manejo de pragas e doenças foi realizado de forma preventiva e curativa quando necessário, fazendo uso de produtos permitidos para a produção orgânica, sendo: Bordasul® (3g/L - doenças fúngicas e foliares), Sulfocal® (3 a 4g/L – ácaros), Fitoneem® (4 a 12ml/L – pulgões), Boveril® (6g/L - pulgões e ácaros), Trichodermil®(1L p.c/ha – podridões).

4.2.1 Avaliações de altura de planta, porcentagem de falha e incidência de pragas e doenças

A altura de planta foi avaliada com o auxílio de uma trena graduada, em milímetros, medindo-se desde a inserção do colo da planta até o ápice, com intervalo de 60 dias, e o resultado expresso em cm. Concomitante à avaliação da altura foi determinada a porcentagem de falha no estande de plantas, com intervalo de 60 dias, até o momento da colheita contabilizando as plantas sobreviventes e o resultado expresso em %.

Foram realizadas vistorias de monitoramento a partir da identificação de problemas fitossanitários levando em consideração a % de plantas atacadas na parcela. O ataque de pragas foi determinado pela presença do inseto na área sendo o resultado expresso em %, e avaliações

realizadas a cada 15 dias ou até o desaparecimento da praga (Madeira *et al.*, 2017).

As avaliações da incidência de doenças foliares e de podridões foram realizadas na parcela útil, em intervalos de 15 dias a partir do aparecimento dos primeiros sintomas. Para as avaliações foram contabilizadas as plantas que apresentavam sintoma de doença foliar e podridão de raízes. Com base nos dados obtidos, foi calculada a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), segundo metodologia proposta por Shaner e Finney (1977), com modificações utilizando-se a seguinte fórmula:

$$AACPD = \sum [(Y_i + Y_{i+1}) \cdot 0.5 \cdot (T_{i+1} - T_i)], \text{ onde:}$$

AACPD = área abaixo da curva de progresso da doença;

Y_i = incidência na época da avaliação, e

T_i = idade da planta na época da avaliação.

4.2.2 Avaliações de desempenho agrônômico

Por ocasião da colheita (aspectos visuais de coloração das folhas) as plantas de mandioquinha-salsa foram avaliadas quanto à altura de planta e o diâmetro da copa, com auxílio de uma trena graduada, em milímetros, e os resultados expressos em cm. Posteriormente as plantas foram submetidas a colheita manual e imediatamente determinados, massa total de planta (MTP), massa total de raízes (MTR), massa da cepa central (MCC), número de raízes por planta (NRP), número de rebentos viáveis (NRV). Em seguida foi determinado o número de raízes comerciais (NRC) e estas submetidas a avaliações quanto a classe (C), diâmetro (D), massa (M) e comprimento (cm) (Costa *et al.*, 2002).

A MTP foi determinada pesando-se a planta toda. A MTR foi determinada pesando-se todas as raízes de cada planta. A massa de raízes comerciais (MRC) foi determinada pesando todas as raízes consideradas comerciais de cada planta. A MCC foi determinada pesando-se a cepa central de cada planta avaliada. Todas as variáveis de massa foram determinadas com auxílio de balança digital de 0,01 g de precisão e o resultado foi expresso em quilogramas por planta (kg planta^{-1}). O NRV foi determinado contando-se o número de rebentos viáveis para produção de mudas. O NRP foi determinado através da contagem do número de raízes por planta.

O NRC foi determinado pela contagem de raízes com comprimento acima de 6 cm de comprimento. A classe das raízes comerciais foi determinada de acordo com o comprimento e, em escala de notas, sendo, (6) maior ou igual a 6 e menor que 9 cm; (9) maior ou igual a 9 e menor que 12 cm; (12) maior ou igual a 12 e menor que 18 cm; (18) maior ou igual a 18 cm (Costa *et al.*, 2002). O diâmetro foi determinado com auxílio de um paquímetro, medindo-se o terço médio de cada raiz comercial e o resultado expresso em cm.

4.2.3 Avaliações de qualidade de raízes

Ainda por ocasião da colheita foram determinados os defeitos com escala de notas sendo, 1) lenhosa; 2) podridão; 3) rachadura; 4) injúria; 5) murcha; 6) deformação; 7) raiz imatura. A cor externa foi determinada de forma visual, e escala de notas, sendo, 1) amarelo intenso; 2) amarelo claro; 3) branca. O formato (Fo) foi determinado de acordo com a classificação: cônico, cilíndrico e cônico-cilíndrico (Costa *et al.*, 2002). A firmeza (Fi), determinada utilizando-se um penetrômetro com ponteira de 3 mm realizando-se 3 medições no terço médio das raízes com casca, com velocidades pré-teste, teste e pós-teste de 10, 5 e 10 mm s⁻¹, respectivamente. Posteriormente, as raízes foram lavadas e secas à sombra para visualização de cor interna (Ci). Ainda foram determinados os sólidos solúveis totais (SST), pH, e acidez titulável (AT).

Para a quantificação dos sólidos solúveis totais, algumas fatias da polpa das raízes de reserva foram maceradas, e duas gotas do suco colocadas no prisma do refratômetro eletrônico e após um minuto, realizada a leitura direta. O resultado expresso em °Brix (Fernandes *et al.*, 2018).

A determinação do pH foi aferida utilizando-se 10g de amostra, adicionadas em 100 ml de água destilada. A solução foi agitada por 30 minutos e posteriormente deixada em repouso por 10 minutos para que as partículas decantassem. A determinação do pH foi efetuada no líquido sobrenadante em pHmetro (Menegassi; Leonel, 2006; Zenebom; Pascuet, 2005).

Para determinação da acidez titulável, 10 g de polpa triturada foram diluídos em 100 mL de água destilada e a mistura filtrada e titulada com solução de hidróxido de sódio a 0,1 N, tendo-se como indicador a fenolftaleína (Menegassi; Leonel, 2006; Zenebom; Pascuet, 2005). Em seguida, o resultado foi convertido em % de ácido málico e o resultado expresso em g de ácido málico/100 g de amostra (Nunes *et al.*, 2009).

4.2.4 Procedimentos estatísticos e análise dos dados

Para os dados de porcentagem de falha, altura de planta, incidência de pragas e doenças foram realizados gráficos agrupando todos os genótipos e em separado para cada época de cultivo, avaliada ao longo dos meses até o momento da colheita. As confecções das figuras foram realizadas no software R (R Core Team, 2022).

Os dados de altura de planta (intervalo de 60 dias), produtividade e de qualidade de raiz para as duas épocas de cultivo foram submetidos separadamente à análise de variância e quando

significantes pelo teste F ($\leq 0,05$), realizado o teste de comparação de médias de Tukey a 5% de probabilidade.

Com os dados de raízes comerciais (classe, diâmetro, peso, comprimento, defeitos, firmeza e cor interna) das duas épocas de cultivo foram obtidas as médias de cada caractere para cada genótipo estudado. Através desses dados foi obtida a matriz de distância genética entre os genótipos pelo algoritmo de Gower (Gower, 1971). Com a distância genética foi realizado o agrupamento hierárquico dos genótipos através do método UPGMA (Unweighted Pair-Group Method Using an Arithmetic Average) e o ajuste entre a matriz de distância original e a matriz gráfica foi estabelecido pelo coeficiente de correlação cofenética (Sokal; Rohlf, 1962) com teste de mantel de 1000 permutações (Mantel, 1967).

Os testes de médias e a obtenção da matriz de distância de Gower foram realizadas com o software genes (Cruz, 2013). A correlação cofenética e o dendograma hierárquico foi realizado no software NTSYS-PC (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System for personal computers, Version 2.1, Applied Biostatistics, Inc.) (Rohlf, 2007). A contribuição relativa para cada caractere para a diversidade dos genótipos foi executada através do programa R (R Core Team, 2022).

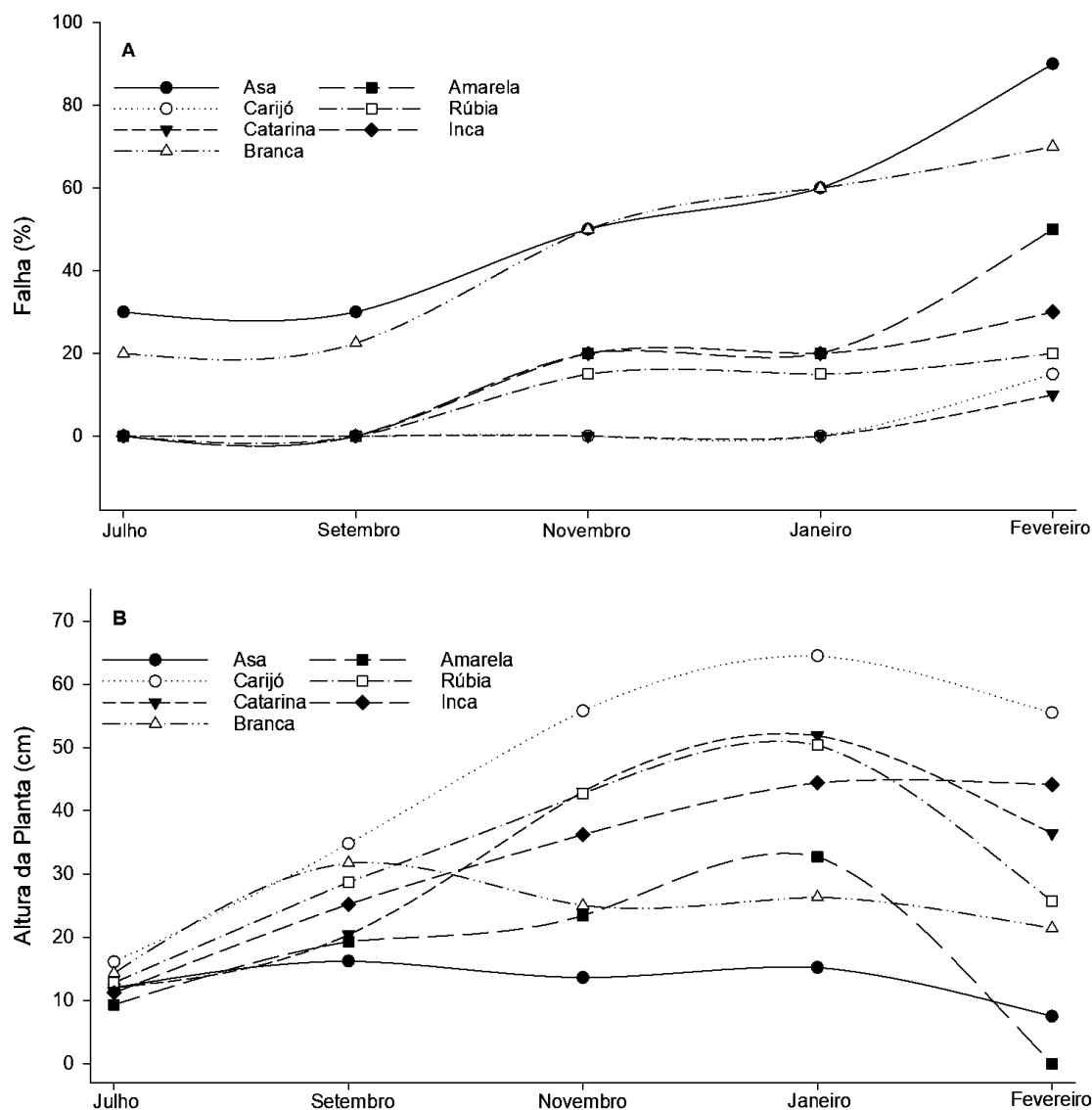
4.3 Resultados e discussão

4.3.1 Altura de planta e porcentagem de falha

Os dados de falha para a primeira época de cultivo indicam falhas de 90, 70, 50, 30, 20, 15 e 10% no momento da colheita para os genótipos ASA, Branca, Amarela, Inca, Rúbia, Carijó e Catarina, respectivamente. Observa-se que com o decorrer dos meses há um aumento da mortalidade de plantas, principalmente a partir do mês de setembro.

Exceção para o genótipo Inca, primeira época de cultivo que apresentou aumento da altura de plantas até o momento da colheita. O genótipo Branca primeira época de cultivo teve o pico de altura de planta quatro meses após o transplante, devido à sua elevada mortalidade de planta nos meses decorrentes. Carijó apresentou a maior altura de planta, e ASA apresentou a menor altura de plantas para a primeira época de cultivo (Figura 2).

Figura 2 – Porcentagem de falha e altura de planta de sete genótipos de mandioquinha-salsa avaliados do transplântio a colheita durante a primeira época de cultivo. A. Porcentagem de falha; B. Altura de planta. UTFPR, Pato Branco, 2023.



Fonte: Autoria própria (2023).

O teste de média para os dados de altura de planta (Tabela 1) mostram que de forma geral o pico de altura das plantas ocorreu no oitavo mês após o transplante (janeiro). Após esse período, a altura de planta tendeu a diminuir (fevereiro) quanto mais próximo da colheita menor foi altura de planta.

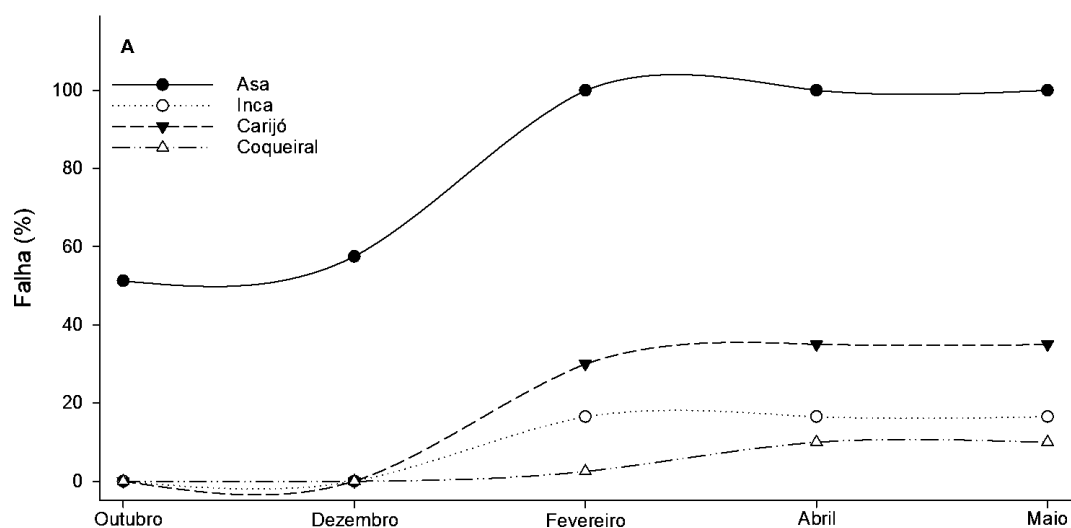
Tabela 1 – Comparação de médias, para a altura de planta, de sete genótipos de mandioquinha-salsa avaliados do transplântio a colheita durante a primeira época de cultivo. UTFPR, Pato Branco, 2023.

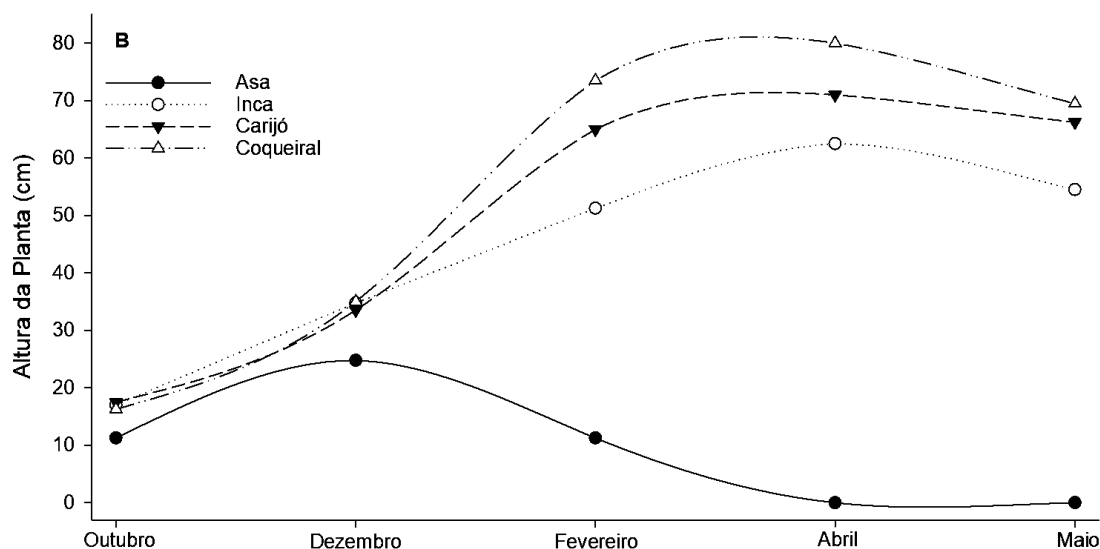
Genótipos	Julho	Setembro	Novembro	Janeiro	Fevereiro
Asa	12±0,63 abC	16,2±0,98 aD	13,6±2,97 abE	15,2±3,38 aF	7,5±3,81 cE
Carijó	16,1±0,76 dA	34,8±1,25 cA	55,8±0,90 bA	64,5±1,10 aA	55,5±1,57 bA
Catarina	12±0,88 eC	20,4±0,81 dC	43±0,81 bB	51,9±1,08 aB	36,4±2,93 dC
Branca	14,3±1,70 cB	31,7±2,53 aA	25±2,33 bD	26,3±1,78 bE	21,4±2,73 bD
Amarela	9,3±0,7 cD	19,3±1,39 bC	23,4±1,05 bD	32,7±0,84 aD	0±0 dF
Rúbia	12,8±0,61 dC	28,7±1,19 cB	42,7±1,22 bB	50,4±1,78 aB	25,7±1,51 cD
Inca	11,2±0,29 dC	25,2±0,82 cB	36,2±0,91 bC	44,4±1,51 aC	44,1±5,12 aB

As letras maiúsculas denotam diferenças significativas entre os genótipos dentro de um mesmo mês e, as letras minúsculas denotam diferenças significativas do genótipo entre os meses pelo teste Tukey ($P \leq 0,05$).

Para a segunda época de cultivo, os índices de falha ficaram abaixo de 27% para os genótipos, Carijó, Inca e Coqueiral. As plantas do genótipo ASA em meados do mês de fevereiro apresentaram mortalidade de 100%, seis meses após o transplante (Figura 3).

Figura 3 – Porcentagem de falha e altura de planta de sete genótipos de mandioquinha-salsa avaliados do transplântio a colheita durante a segunda época de cultivo. A. Porcentagem de falha; B. Crescimento da planta. UTFPR, Pato Branco, 2023.





Fonte: Autoria própria (2022).

Para a segunda época de cultivo o genótipo Coqueiral apresentou maior altura de planta. Devido à alta mortalidade de plantas o genótipo ASA apresentou menor altura de planta, apresentando pico de crescimento antecipado em relação aos demais genótipos, aproximadamente quatro meses após o transplante das mudas (dezembro). Além disso, Inca, Carijó e Coqueiral apresentaram altura de planta semelhante, nos meses de outubro a dezembro. Igual ao cultivo do plantio de maio, próximo a colheita (maio) as plantas tiveram uma diminuição na altura de planta em relação à avaliação anterior (abril) (Figura 3, Tabela 2).

Tabela 2 - Comparação de médias, para a altura de planta de sete genótipos de mandioquinha-salsa avaliados do transplante a colheita durante a segunda época de cultivo. UTFPR, Pato Branco, 2023.

Genótipos	Outubro	Dezembro	Fevereiro	Abril	Maio
Asa	11,25±0,75 bB	24,75±1,70 aB	11,25±11,2 bD	0±0 cD	0±0 cC
Inca	17±1,08 dA	34,75±2,62 cA	51,25±1,25 bC	61,44±1,44 aC	54,5±1,65 bB
Carijó	17,5±1,04 dA	33,5±1,55 cA	65±2,88 bB	70,55±3,55 aB	66,25±2,39 bA
Coqueiral	16,25±0,75 dA	35±1,77 cA	73,5±2,72 bA	80±0,47 aA	69,5±2,90 bA

As letras maiúsculas denotam diferenças significativas entre os genótipos dentro de um mesmo mês e, as letras minúsculas denotam diferenças significativas do genótipo entre os meses pelo teste Tukey ($P \leq 0,05$).

Corroborando com os resultados do estudo, Prezotti *et al.* (2018) verificaram que após a fase de estabelecimento, houve um crescimento acentuado, com leve decréscimo após o sétimo mês até o momento da colheita. Há um maior crescimento da parte aérea até o quinto mês após o

transplântio, estabilizando e declinando até o final do ciclo produtivo, o que ocasiona o início da senescência da parte aérea antes do sétimo mês do transplântio, quando esta se aproxima do final do ciclo vegetativo.

Resultados semelhantes foram obtidos, em estudo conduzido em Ituporanga no estado de Santa Catarina, onde as taxas máximas de crescimento de plantas de mandioquinha-salsa foram na passagem do nono para o décimo mês após o plantio. Nas folhas, as maiores taxas ocorreram com dois picos, sendo o maior do sétimo para o oitavo mês e do oitavo para o nono mês (Fayad *et al.*, 2018).

Os resultados indicam menores alturas e maior mortalidade de plantas, de forma geral para os genótipos ASA, Branca Comum e Amarela Comum. Isso se deve principalmente à dificuldade dos genótipos em sobreviver nas condições climáticas do município. A maior incidência de falha coincidiu com os meses (outubro de 2020 a abril de 2021) de maior temperatura e pluviosidade registrados no período de condução dos experimentos. Na fase final de cultivo, a excessiva precipitação pluvial, associada com temperaturas elevadas, contribuíram para a continuidade das perdas de plantas, pois a mandioquinha-salsa é uma espécie que não tolera excesso de umidade do solo, somada a altas temperaturas (Santos; Madeira, 2008).

Assim como outras hortaliças, a mandioquinha-salsa está sujeita às doenças provocadas por bactérias, fungos, nematoides e vírus. O ciclo relativamente longo para uma hortaliça, variando de 8 a 14 meses, expõe a cultura a períodos de clima muito favoráveis à incidência de doenças, como verões quentes e chuvosos, o que pode levar a diversos focos de podridões. Algumas bactérias são responsáveis pelo apodrecimento das raízes, gerando severas perdas de qualidade. Sob condições de temperatura e umidade adequadas (elevada temperatura e alta umidade) a bactéria penetra nos tecidos da planta através de ferimentos e causa encharcamento, apodrecendo ligeiramente o órgão afetado (Ventura; Costa; Lima, 2018).

De acordo com os dados da Tabela 1, nos meses de setembro a dezembro de 2020, e janeiro a março de 2021, que compreendem a primavera e o verão respectivamente, é observado um aumento natural na quantidade de eventos e no volume das chuvas, somada a altas temperaturas. As chuvas foram causadas principalmente pela passagem de sistemas frontais – frentes frias ou quentes, e de outras formas de instabilidade de curta duração que se desenvolveram no Estado, em função das temperaturas altas e da maior quantidade de umidade no ar (SIMEPAR, 2022).

O aumento na pluviosidade pode ser resultado do El Niño que ocorreu no ano de 2019, e que conforme dados do Instituto Nacional de Meteorologia (Inmet) tem duração de dois anos. No Brasil esse efeito pode causar chuvas mais intensas e volumosas no Sul do país, e médias

observadas de temperatura 1° ou 2° acima da média esperada para o período. O El Nino é um fenômeno conhecido por aumentar as temperaturas médias do globo, além de causar secas intensas na faixa norte do país e provocar tempestades no Sul do Brasil (INMET, 2023). Essas oscilações na pluviosidade e na temperatura, causadas pelos sistemas frontais podem ter contribuído para com as maiores perdas de plantas, devido as condições mais adversas do campo, no período dos experimentos.

Em trabalho de Leblanc *et al.* (2017), utilizando-se de mudas pré-enraizadas do genótipo Roxa de Viçosa, estas chegaram no final do ciclo (250 DAT) com 89% da população inicial. Divergindo desses resultados, Leblanc *et al.* (2008) que encontraram, com esse mesmo clone em plantio de primavera, perdas de cerca de 69% e de 47% da população inicial para os sistemas com e sem pré-enraizamento, respectivamente. Para o estudo, os dados mostram que ao final do ciclo as perdas foram bem variadas, ficando entre 10 e 90% para a primeira época de cultivo e entre 10 e 100% para a segunda época de cultivo. Esses resultados indicam que a sobrevivência das plantas de mandioquinha-salsa é determinada por diversos fatores como o genótipo e clima.

4.3.2 Incidência de ataque de pragas e doenças

A redução do tamanho de planta, e consequente morte das mesmas, além do agravante do clima, podem ter sido consequências também da incidência de ataque de pragas nas plantas durante o período de execução dos experimentos. Foi observada principalmente a presença de *Hiadaphis foeniculi* (pulgão-das-folhas) durante as duas épocas de plantio (Figura 4).

Figura 4 - Incidência de ataque de *Hiadaphis foeniculi* em plantas de mandioquinha-salsa. UTFPR, Pato Branco, 2023.

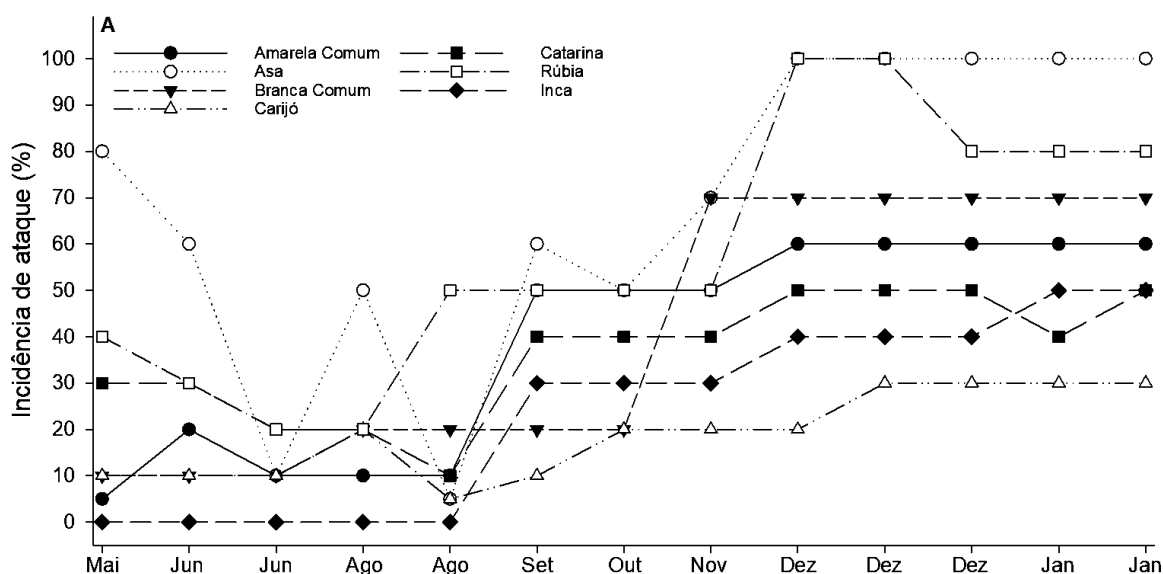


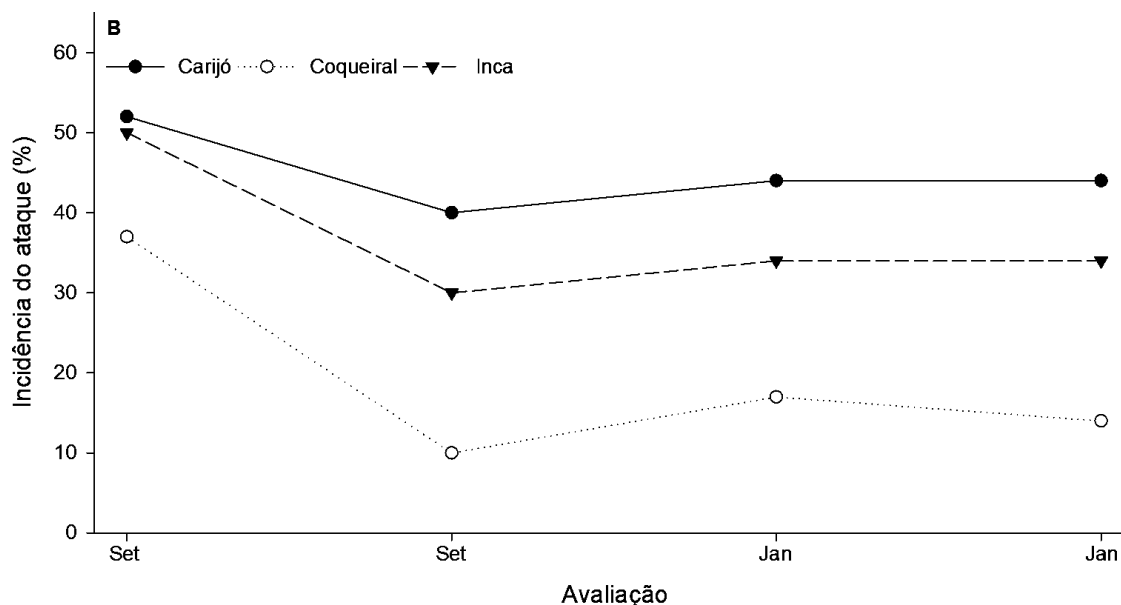
Fonte: Autoria própria (2020).

De forma geral a incidência de pulgões foi alta e flutuante para a grande maioria dos genótipos durante a primeira época de cultivo, com várias fases de surgimento e desaparecimentos dos insetos (Figura 5). A partir da sexta avaliação (cinco meses após o transplântio) a incidência tendeu a crescer. Da décima avaliação até o momento da colheita, que indicam o final do ciclo do cultivo foram registrados os maiores índices de pragas na área. O genótipo ASA já na primeira avaliação apresentou 80% de incidência de ataque, finalizando o período avaliativo com todas as plantas atacadas por pulgões.

Os genótipos Inca, Branca e Amarela, apresentaram próximo da colheita incidências de ataque de pulgão próximas a 80%, 75% e 60%, respectivamente. Menor incidência foi observada para o genótipo Carijó chegando ao fim do ciclo com menos de 40% de incidência de ataque por pulgões. Já para a segunda época de cultivo a incidência de ataque de pulgões foi menor se comparada com a primeira época. O genótipo ASA, nem chegou a ser avaliado pois quando surgiram os primeiros insetos nas plantas dos outros genótipos já não haviam plantas sobreviventes. Menores incidências de ataque foram observadas em plantas do genótipo Coqueiral, que variou de 38 a 15% do início ao fim do ciclo, respectivamente. Para as plantas dos genótipos Inca e Carijó, a incidência de ataque não ultrapassou os 55% durante todo o período de cultivo.

Figura 5 - Incidência de ataque do complexo de pulgões em genótipos de mandioquinha-salsa. A. Primeira época de cultivo; B. Segunda época de cultivo. UTFPR, Pato Branco, 2023.





Fonte: Autoria própria (2023).

O pulgão das folhas (*Hiadaphis foeniculi*) apresenta coloração esverdeada, quando em fase de ninfas, e preta quando adultos, vivem em colônias e infestam principalmente a face inferior das folhas. A grande infestação dos pulgões nas áreas de cultivo, se deve principalmente à forma de reprodução desses insetos (partenogênese) que ocorre de forma muito rápida, na qual os insetos adultos fêmeas geram outras fêmeas. Além disso, outro fator que contribuiu para a alta infestação os insetos foram as temperaturas elevadas combinadas a alguns períodos de estiagem, que são condições favoráveis para o desenvolvimento do inseto. Além disso, desequilíbrios nutricionais, ou nitrogênio excessivo podem favorecer o desenvolvimento populacional da espécie. Os danos causados pelos insetos são devido a sucção da seiva, e a injeção de toxinas que podem causar severo definhamento das plantas e perdas de até 100% da produção em ataque na fase inicial de desenvolvimento das plantas. Há relatos de perdas significativas no estado do Paraná, onde lavouras foram praticamente eliminadas (Fornazier *et al.*, 2018, Malaquias *et al.*, 2014).

No que diz respeito a incidência de doenças, ocorreram para as duas épocas de cultivo, sintomas de queima das folhas, denominado no estudo de complexo de doenças foliares, e podridões de coroa e de raízes, denominado como complexo de podridões (Figura 6). Foram assim denominados devido os sintomas apresentarem-se associados e sem possibilidade de quantificação unitária.

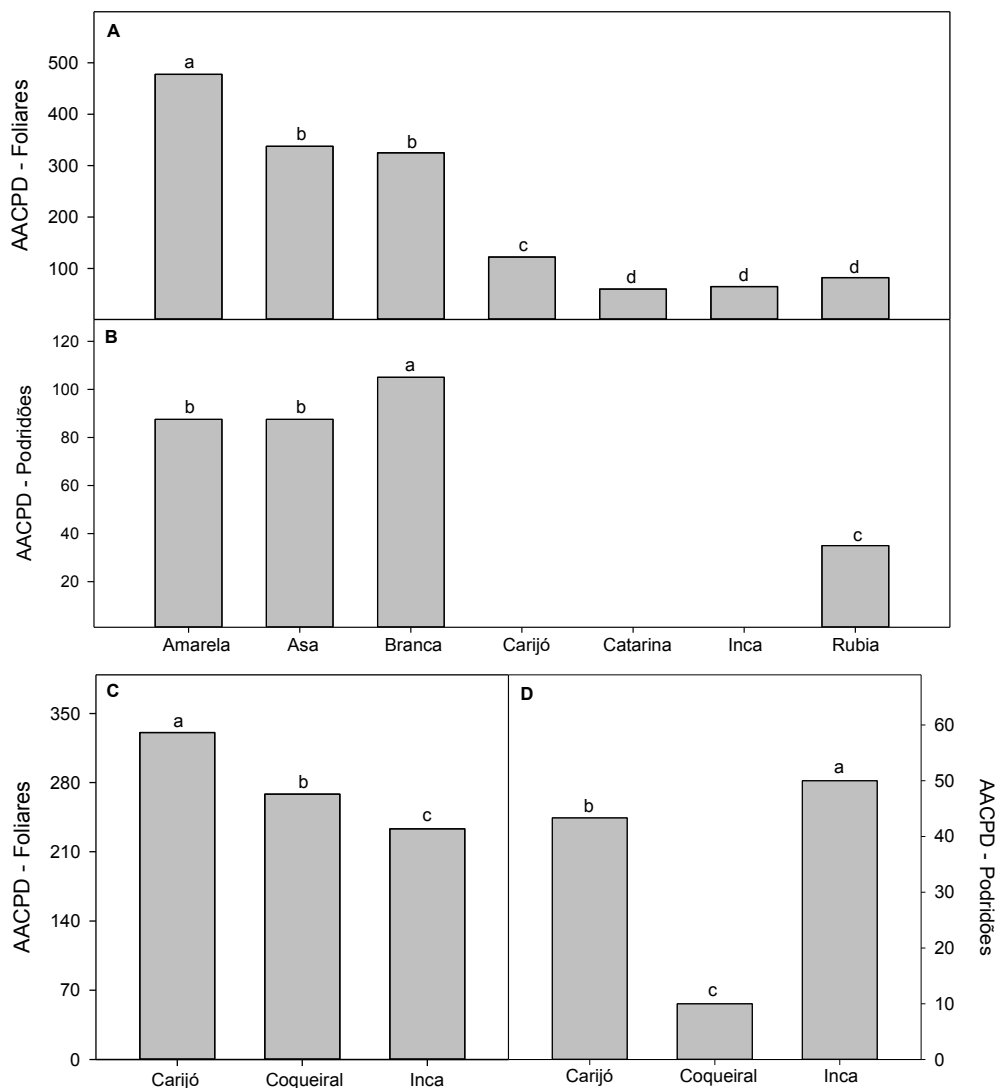
Figura 6 - Sintoma de queima das folhas (A) e podridão (B) em plantas de mandioquinha-salsa. UTFPR, Pato Branco, 2023.



Fonte: Autoria própria (2021).

Para a primeira época de cultivo, foi observada maior AACDP – área abaixo da curva de progresso da doença para o complexo de doenças foliares, para os genótipos Amarela, ASA e Branca, respectivamente. Os genótipos Catarina, Inca e Rubia apresentaram as menores AACPD, não apresentando diferença significativa entre si. Já para o complexo de podridões maior AACPD foi verificada para o genótipo Branca, seguido de Amarela, Asa e Inca, respectivamente. Rubia, Carijó e Catarina apresentaram a menor AACPD, não se diferenciando entre si. Os genótipos Branca, Asa e Amarela apresentaram maiores AACPD tanto de doenças foliares, quanto de podridões de coroa e raízes, se mostrando mais suscetíveis ao ataque desses patógenos. Para a segunda época de cultivo, maior AACPD para a incidência de podridões, foi observada para o genótipo Carijó, seguido de Coqueiral e Inca, respectivamente. Para o complexo de doenças foliares, não houve diferença significativa para os genótipos Inca e Carijó, sendo o menor valor de AACPD encontrado para o genótipo Coqueiral (Figura 7).

Figura 7 - Área abaixo da curva de progresso da doença (complexo de doenças foliares e podridões) – AACPD em genótipos de mandioquinha-salsa. A. Primeira época de cultivo – Foliares; B. Primeira época de cultivo – Podridões; C. Segunda época de cultivo – Foliares; D. Segunda época de cultivo – Podridões. UTFPR, Pato Branco, 2023.



As letras minúsculas denotam diferenças significativas entre os genótipos pelo teste Tukey ($P \leq 0,05$) Fonte: Autoria própria (2023).

Corroborando com os dados do estudo, Heredia Zárate *et al.* (2019), verificaram que os sintomas de queima nas folhas e de podridões das coroas e rebentos das plantas de mandioquinha-salsa (Amarela de Carandaí), foram observados com maior severidade e incidência, respectivamente, nas épocas em que a temperatura e a pluviosidade aumentaram. Foram observados sintomas de queimadas folhas, com avaliações aos 114, 147 e 183 DAP e de podridões das coroas e dos rebentos, entre 182 e 223 DAP.

Segundo Henz (2002) as doenças foliares em plantas de mandioquinha-salsa são causadas por vários fungos e bactérias. Entre os fungos, destacam-se como mais importantes os

gêneros *Septoria* e *Cercospora*. Entre as bactérias, o crestamento bacteriano causado por *Xanthomonas campestris* pv. *Arracaciae* afeta a folhagem das plantas em praticamente todas as regiões produtoras de mandioquinha-salsa no Brasil.

As podridões das raízes em pós-colheita ou ainda no campo, são muito comuns em mandioquinha-salsa, sendo geralmente causadas por bactérias do gênero *Erwinia* spp. (*Pectobacterium*, *Dickeya*) ou associadas com alguns fungos (*Fusarium* sp., *Rhizoctonia* sp., *Rhizopus* sp., *Rosellinia* sp., *Sclerotinia* sp.), o que dificulta a identificação e que podem levar as raízes a apodrecer rapidamente e consequentemente a morte das plantas (Henz, 2002). *Sclerotinia sclerotiorum*, *Rosellinia* sp. e *Pectobacterium* (sin: *Erwinia*) são os principais agentes causadores de danos e perdas.

Rosellinia sp., tem como sintomas iniciais a formação de um crescimento micelial de coloração branca observados nos rizomas, que pode ser confundido com a podridão-de-esclerotínia. O sintoma mais característico da doença é observado ao realizar o corte do rizoma, onde aparecem estrias de cor negra e, com o desenvolvimento da doença, ocorre a podridão-das-raízes. *Sclerotinia* sp. apresenta como principais sintomas o amarelecimento das folhas, com posterior murcha e morte da planta, que apresenta apodrecimento da coroa e das raízes, onde é visível a presença de micélio branco do fungo. Bactérias do gênero *Pectobacterium* apresentam sintomas iniciais com pequenas depressões nas raízes, de aspecto encharcado, que posteriormente se expandem, tornando-se liquefeitas em decorrência da decomposição dos tecidos (podridões-moles). Geralmente, exalam cheiro desagradável e causam elevadas perdas durante o armazenamento e comercialização das raízes (Ventura *et al.*, 2018).

As podridões citadas acima são favorecidas principalmente por solos com alta umidade e temperatura elevada, principalmente em fase final do ciclo da cultura. Como já relatado anteriormente os meses de dezembro e janeiro apresentaram elevada precipitação, combinada a altas temperaturas, o que favoreceu o surgimento das podridões e dificultou o controle. Além disso, a Figura 9 demonstra a menor susceptibilidade ao ataque de patógenos causadores de podridões aos genótipos Carijó, Catarina e Inca (primeira época de cultivo) e Coqueiral (segunda época de cultivo) que apresentaram valores mínimos de AACPD mesmo em condições favoráveis de desenvolvimento das doenças.

Por ser uma cultura rústica, as plantas de mandioquinha-salsa, geralmente não apresentam ou apresentam pouco ataque de pragas e doenças em condições ideais. Já em áreas de cultivo onde as condições de altitude, temperatura e umidade, não são favoráveis, seu cultivo necessita de grande quantidade de mão de obra, em especial nos meses finais de cultivo onde o cuidado fitossanitário deve ser redobrado, devido aos altos índices de ataque de pulgões e

podridões de raízes (Silva, 2020). Além da incidência de pulgões, doenças foliares e podridões, as plantas do genótipo Carijó, sofreram também ataques de nematoides (Figura 8).

Figura 8 – Nematoides causadores das galhas (*Meloidogyne* spp.) presentes em raízes de mandioquinha-salsa, genótipo BRS Acarijó 56 durante a primeira época de cultivo. UTFPR, Pato Branco, 2023.



Fonte: Autoria própria (2021).

Os nematoides causadores das galhas (*Meloidogyne* spp.) foram o primeiro problema fitopatológico detectado em plantas de mandioquinha-salsa no Brasil (Henz, 2002). Os sintomas típicos são caracterizados por galhas nas raízes principais e laterais, conhecidas popularmente como “pipocas”. Além disso, ocorre a deformação e alteração na superfície das raízes que ficam depreciadas qualitativamente para o consumo (Pinheiro *et al.*, 2013b). Os nematoides das galhas podem apresentar vários ciclos reprodutivos em um único ciclo da cultura, fazendo com que as plantas de mandioquinha-salsa infectadas na fase inicial do ciclo tenham, consequentemente, seu desenvolvimento reduzido (Pinheiro *et al.*, 2013a).

Em alguns casos a presença do patógeno só é percebida no momento da colheita (Ventura *et al.*, 2018) como o ocorrido no estudo. Cabe ressaltar que apenas o genótipo Carijó apresentou lesões causadas por nematoides, levando a acreditar em uma possível susceptibilidade da cultura ao patógeno, já que na mesma área de cultivo nenhum outro genótipo apresentou aparentemente os sintomas.

4.3.3 Desempenho agrônômico

Para os caracteres de desempenho agrônômico os genótipos ASA, Amarela e Branca não foram incluídos nas avaliações, devido não apresentarem o número desejado de repetições e/ou por não apresentarem formação de raízes.

Para a primeira época de cultivo maior média de altura de planta foi obtida para os genótipos Carijó e Inca respectivamente. Para o diâmetro de copa, massa total de planta, massa total de raízes, massa de raízes comerciais, massa da cepa central, número de rebentos e número de raízes comerciais, as maiores médias foram para o genótipo Inca. Menores médias foram encontradas para o genótipo Rubia para os caracteres altura de planta e diâmetro da copa. Já o genótipo Catarina apresentou menores médias para o peso total de planta, peso total de raízes, peso da cepa central, número de rebentos viáveis e número de raízes comerciais. Já para a segunda época de cultivo, maior média para altura de planta foi obtida para o genótipo Inca. Para as variáveis massa total de planta, número de rebentos e número total de raízes, o genótipo Coqueiral apresentou maiores médias. Para a massa de raízes comerciais os genótipos Inca e Coqueiral apresentaram maiores médias. Diâmetro da copa, peso total de raízes, peso da cepa central e número de raízes comerciais não apresentaram diferença significativa entre os materiais estudados (Tabela 3).

Tabela 3 - Valores médios de altura de planta (AP - cm), diâmetro de copa (DC - cm), massa total de planta (MTP - kg), massa total de raízes (MTR - kg), massa de raízes comerciais (MRC), massa da cepa central (MCC - kg), número de rebentos viáveis (NRV), número total de raízes (NTR), número de raízes comerciais (NRC), de plantas de mandioquinha-salsa cultivadas no município de Pato Branco. UTFPR, Pato Branco, 2023.

Primeira época de cultivo									
Genóti pos	AP (cm)	DC (cm)	MTP (kg)	MTR (kg)	MRC (kg)	MCC (kg)	NRV	NTR	NR C
Carijó	56,5a	36,5b	1,924b	0,604b	0,108b	0,804b	18,3c	6,1b	1,1c
Inca	50,1a	47a	2,775a	0,844a	0,334a	1,122a	42,6a	6,3ab	2,5a
Catarina	37,4b	23,9c	1,187c	0,292d	0,044c	0,508c	17,7b	6,5a	1c
Rubia	25,7c	23,8c	1,685b	0,405c	0,139b	0,758ab	23,5b	6,1b	2,1b
CV(%)	1,68	2,95	1,51	2,21	2,75	1,63	5,12	6,36	6,12
Segunda época de cultivo									
Inca	73,33a	60a	1,66c	0,433a	0,152a	0,703a	23,05a	5,40ab	1,9a
Coqueiral	66,66ab	65a	2,44a	0,530a	0,126a	0,763a	24,30a	7,066a	1,6a

Carijó	53,33b	60a	1,94b	0,366a	0,089b	0,620a	17,25b	4,50b	1,1a
CV(%)	9,32	4,68	3,59	15,68	2,38	9,45	3,07	14,59	9,89

* Médias seguidas pela mesma letra na coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

Em estudo de Oliveira *et al.* (2017), a média para a altura das plantas foi de 44,15 cm. Para o diâmetro da copa não houve diferença significativa entre os genótipos estudados (BRS Catarina 64, BRS Rubia 41, ASA). A altura de plantas do estudo de Oliveira *et al.* (2017) e o do presente trabalho para a primeira época de cultivo ficaram bem abaixo das relatadas por Leblanc *et al.* (2014), que obtiveram alturas médias de 76 cm, porém semelhante aos resultados obtidos para a segunda época de cultivo do estudo em questão. O mesmo foi observado com relação ao diâmetro da copa.

Silva (2022) avaliando plantas de mandioquinha-salsa, cv. Amarela Comum, em diferentes arranjos espaciais encontrou um crescimento linear em função das épocas de avaliação, sendo o maior valor de 40,29 cm observado aos 180 DAP. Resultado inferior aos encontrados por Amarila (2019), que, ao estudar a produção da mandioquinha-salsa com diferentes formas de adição ao solo de cama de frango e arranjo espacial, obteve um valor máximo de altura de 33,01 cm.

Diferentemente da altura de planta encontrada nos experimentos, e dos resultados relatados na literatura, Melchor Rojas e Tineo Falcón (2019), avaliando três genótipos de mandioquinha-salsa com fins industriais na comunidade de Mayobamba, no Peru, obtiveram alturas de 155; 165 e 207 cm, para os genótipos amarelo, branco e roxo, respectivamente. Para o número de rebentos, os genótipos Branco e Roxo obtiveram 65 rebentos por planta, seguidos por Amarelo com 64 rebentos, o que fica bem distante do encontrado no estudo onde a maior média foi 42, porém esse número é de rebento viáveis e não o total. Essa diferença de resultados, pode ser devido à região ser próxima ao centro de origem da cultura, favorecendo o crescimento e desenvolvimento da planta e consequentemente dos seus rebentos.

A gama de resultados distintos, mostram que a altura de planta de mandioquinha-salsa depende de diversos fatores relacionados principalmente ao genótipo utilizado, ao clima, e origem de cultivo. Porém o manejo da cultura, principalmente arranjo espacial, e a adubação empregada podem afetar o desenvolvimento da cultura, no entanto não há trabalhos na literatura que abordem espaçamento e adubação da cultura, e seus efeitos no crescimento e no desenvolvimento de planta, apenas seu efeito sob produtividade e conservação pós-colheita.

Para a primeira época de cultivo os genótipos Carijó, Inca, Catarina e Rubia,

apresentaram produtividades médias (considerando massa total de raízes) de 18,75 t ha⁻¹; 26,37 t ha⁻¹; 9,12 t ha⁻¹; 12,6 t ha⁻¹, respectivamente. Para a segunda época de cultivo, Inca, Coqueiral e Carijó obtiveram produtividade média de 13,53 t ha⁻¹; 16,56 t ha⁻¹; e 11,43 t ha⁻¹.

Ficou abaixo da média nacional apenas o genótipo Catarina, para a primeira época de cultivo, isto porque a média de produtividade de mandioquinha-salsa no Brasil tem oscilado entre 10 t ha⁻¹ e 18 t ha⁻¹, muito aquém do potencial produtivo. Considerando estande de, pelo menos, 40 mil plantas úteis por hectare remanescentes até a colheita e produção média de 1,0 kg por planta, é esperada uma produtividade próxima a 40 t ha⁻¹. Entretanto, há relatos de estande de 50 mil plantas por hectare, com menos de 2% de falhas e produção média por planta de 1,2 kg, o que corresponde a aproximadamente 60 t ha⁻¹ (Madeira *et al.*, 2017).

Em estudo de Nunes, Zanela, Koerich (2022), os genótipos Inca e Coqueiral apresentaram produtividade média potencial de 30 e 40 t ha⁻¹, respectivamente, mais que o dobro do obtido no presente estudo.

A cultura da mandioquinha-salsa é cultivada da Venezuela a Bolívia, com área de plantio no Brasil, Colômbia, Equador e Peru, e com menor escala de produção no nordeste da Argentina, Costa Rica, Porto Rico, República Dominicana e Haiti (Morillo *et al.*, 2020). O principal produtor mundial de mandioquinha-salsa é o Brasil com 8.168 ha plantados e uma produção de 109.217 t, seguido pela Colômbia com 8.037 ha e 74.586 t (Garnica *et al.*, 2021).

Ganoa e Ochoa (2010) estudando as tecnologias de produção local de mandioquinha-salsa, no município de Boyacá – Colômbia, observaram que 67% dos pesquisados, responderam que a produtividade variou entre 2 e 3 kg planta⁻¹ (peso da raiz); 14% indicaram que variou entre 4 e 5 kg planta⁻¹ e os produtores restantes (29%) desconhecem completamente os retornos médios ou potenciais. Segundo dados do Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural - MADR (2008), Colômbia, os dados médios do município de Boyacá, ficam em torno de 12 t ha⁻¹, sendo a média nacional de 11,9 t ha⁻¹, levando em conta uma densidade de 21.000 a 41.000 plantas ha⁻¹ aproximadamente.

Portz *et al.* (2003) observaram que clones de maiores produções de raízes tiveram maior crescimento da parte aérea. Divergindo dessa informação o número expressivamente baixo de raízes comerciais observados para as duas épocas de cultivo do presente estudo. Empiricamente, alguns produtores de mandioquinha-salsa relatam que plantas de alto vigor vegetativo são pouco produtivas.

Fernandes *et al.* (2018) avaliando o efeito da adubação NPK na produtividade de plantas de mandioquinha, genótipo ASA, verificaram que o número de raízes de tamanho comercializável foi o dobro daquele obtido no tratamento sem adubação e 1,5 vezes maior que

no tratamento com 50% da adubação recomendada, sendo 2,3; 3,1 e 4,5, respectivamente. O número total de raízes por planta foi semelhante ao encontrado no presente estudo, com valores médios de 4,7 a 6,3. Em média, o tratamento com 100% da adubação NPK recomendada apresentou 6,3 raízes de reserva por planta, sendo que destas cerca de 4,5 raízes eram de tamanho comercializável.

Nunes *et al.* (2016) obtiveram em média 5,6 raízes de reserva por planta, genótipo ASA. Porém, em estudo com nove clones de mandioquinha-salsa o número médio de raízes de tamanho comercial por planta variou de 0,5 a 6,8 (Sediyama *et al.*, 2009). Nunes, Zanela, Koerich (2022) encontraram nos genótipos Inca e Coqueiral número de raízes médio por planta de 6 a 15. De acordo com Sediyama *et al.* (2005) a mandioquinha-salsa produz um número variável de raízes de reserva por planta, geralmente, em número de 4 a 10 raízes, o que condiz com os resultados encontrados no presente trabalho, exceção apenas para o genótipo Amarela Comum (2,1 raízes). Os níveis de produtividade não foram maiores provavelmente por causa das elevadas temperaturas ocorridas principalmente nos últimos 3,5 meses do ciclo da cultura. Nos meses de novembro a janeiro a temperatura no sudoeste paranaense oscilou entre 27 a 29°C, o que diminui a produtividade e o tamanho de raízes, já que na fase de maturação das raízes da mandioquinha-salsa quando expostas a altas temperaturas reduzem a alocação de massa da matéria seca neste órgão da planta (Pádua, 2010).

Somado a isso, nesse período, o solo de textura argilosa característico da região de estudo, em constante encharcamento devido as altas pluviosidades, dificultou a maturação das raízes. Solos argilosos dificultam o desenvolvimento de raízes comerciais e reduzem o rendimento total da planta. Solos com boa drenagem, alto teor de matéria orgânica, pH moderadamente ácido 5,6 a 6,0, textura franco- argilosa ou arenosa com boa estrutura e bem-dotado de nutrientes é a condição ideal para o desenvolvimento das raízes de mandioquinha-salsa (Melchor Rojas; Tineo Falcón, 2022).

4.3.4 Qualidade de raiz

Os resultados médios das análises químicas realizadas nas amostras de mandioquinha-salsa in natura, para a primeira época de cultivo, são apresentados na Tabela 4. Para todos os parâmetros houve diferença significativa para os genótipos estudados. O genótipo Catarina apresentou maior acidez titulável. Para a segunda época de cultivo também houve diferença entre os genótipos para todas as características avaliadas. O pH apresentou menor variação e teores médios mais elevados em comparação a primeira época de cultivo. Os sólidos solúveis (SS) e a acidez titulável apresentaram maiores médias para o genótipo Coqueiral.

Tabela 4 - Valores médios de pH, sólidos solúveis (°Brix), e acidez titulável de raízes de mandioquinha-salsa, cultivadas no município de Pato Branco. UTFPR, Pato Branco, 2023.

Genótipos	pH	Sólidos Solúveis (°Brix)	Acidez Titulável (°D)
Primeira época de cultivo			
Carijó	6,7a*	7,64a	1,072b
Inca	5,5c	6,84b	1,276a
Catarina	5,5c	5,93c	1,304a
Rubia	6,3b	7,62a	0,526c
CV (%)	0,99	0,47	4,55
Segunda época de cultivo			
Inca	7,11a	3,26b	1,06a
Coqueiral	7,00b	3,77a	1,38a
Carijó	7,17a	2,7c	0,51b
CV (%)	0,46	2,79	8,44

* Médias seguidas pelas mesmas letras na coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro.

Segundo Pacheco *et al.* (2020), as raízes de mandioquinha-salsa apresentam 11% de sacarose, 3,5% de frutose e 3,7% de glicose. Uma vez sintetizadas (glicose e frutose), são degradadas em sacarose no citosol das folhas e finalmente exportadas para tecidos como raízes. Quando ocorre a degradação do amido em glicose, no período pós-colheita há um aumento correspondente no teor de sólidos solúveis. Para o presente estudo, acredita-se que os resultados foram indicativos da elevada presença de açúcares nas raízes de mandioquinha-salsa, já que existe correlação entre os sólidos solúveis e a concentração de açúcares redutores. (Yahia *et al.*, 2019).

Barreira *et al.* (2004) encontraram o SS variando de 6,1 a 9,60, enquanto Buso *et al.* (2014) obtiveram valores entre 5,5 e 10,8 e Rincón *et al.* (2021) valores médios de 3,25 a 13 °Brix. Bessa *et al.* (2016) encontraram valores médios de SS de 2,17 em amostras in natura de mandioquinha-salsa (Amarela comum). Fernandes *et al.* (2018) estudando o efeito da adubação em plantas de mandioquinha, genótipo Amarela de Senador Amaral, encontraram valores médios de SS de 8,4 e 10. Como visto os valores de sólidos solúveis para mandioquinha-salsa são muito variáveis, o que foi observado também no estudo onde os teores médios reduziram pela metade para a segunda época de cultivo, se comparada a primeira, muito provavelmente devido as condições climáticas, pois, temperatura e umidade durante o crescimento, podem

afetar a acumulação de açúcares e outros sólidos solúveis nas raízes. Por exemplo, um clima mais quente e seco pode favorecer a produção de açúcares, enquanto condições mais frias ou úmidas podem ter o efeito oposto.

Em estudo de Bessa *et al.* (2016) os teores médios de pH e acidez titulável, foram 6,64 e 0,01 respectivamente. Já Fernandes *et al.* (2018), observaram teores médios de pH de 6,8 e acidez titulável entre 1,32 e 1,66. Rincón *et al.* (2021), avaliaram a qualidade pós-colheita de sete clones de mandioquinha-salsa, colhidas nos municípios de Ramiriquí, Boyacá, Turmequé e Nuevo Colón, Colômbia, os autores encontraram diferenças significativas para pH, com valores variando entre 5,2 e 6,9. Assim como para os teores de SS, pH e acidez titulável também apresentam variação.

Em estudo de Nunes (2007) os valores médios de pH, acidez titulável, sólidos solúveis encontrados foram 6,79, 0,13%, 4,04 °Brix, respectivamente para amostras de mandioquinha-salsa minimamente processadas e armazenadas em atmosfera modificada.

Os teores mais elevados nos valores dos sólidos solúveis e da acidez titulável do presente estudo pode ser resultado do tamanho e da produtividade de raízes, tendo em vista que a massa média das raízes de reserva se apresentou inversamente proporcional com sua acidez titulável e sólidos solúveis, quanto menores as raízes maiores os teores de SS e AT.

As diferenças encontradas na literatura acerca da composição química de amostras de raízes de mandioquinha-salsa podem ter origem em diversos fatores, como o manejo da adubação, a escolha do genótipo, o clima da região de cultivo, o método escolhido na formação de mudas, entre outros (Fernandes *et al.*, 2010).

Além da avaliação de qualidade, as raízes de mandioquinha-salsa foram analisadas quanto ao seu formato e cor externa (Tabela 5) apresentadas de forma descritiva a seguir. As diferenças, eventualmente observadas, quanto à coloração e ao formato das raízes, certamente são resultantes de condições climáticas ou pedológicas dos locais de cultivo e intrínsecas de cada genótipo.

Tabela 5 - Formato e cor externa de raízes de mandioquinha-salsa cultivadas no município de Pato Branco. UTFPR, Pato Branco, Paraná, 2023.

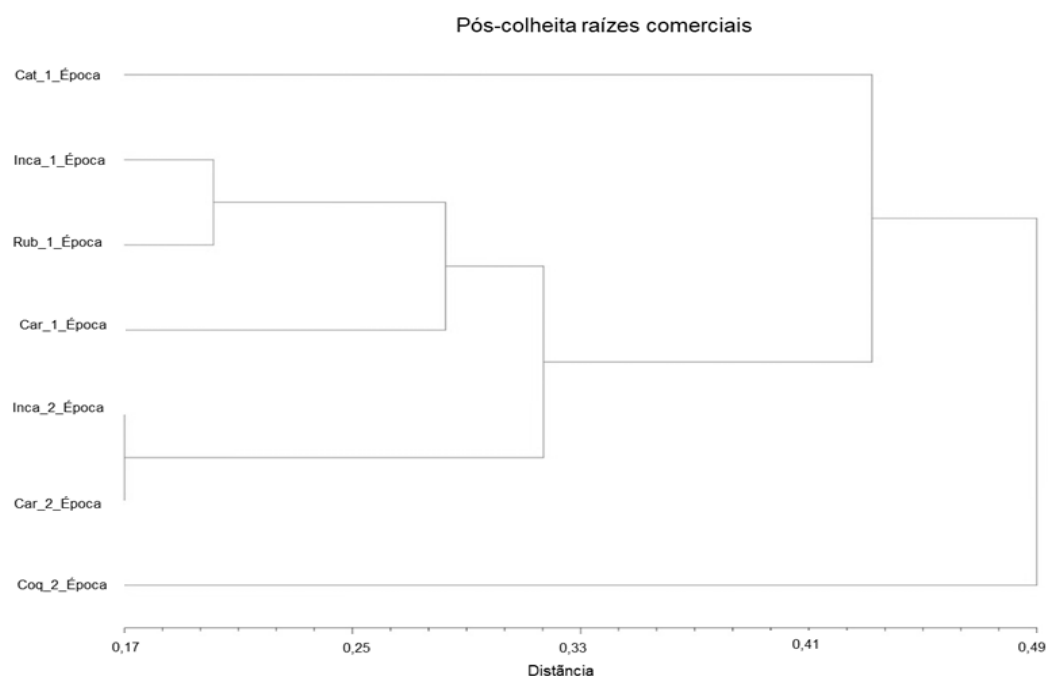
Genótipos	Formato	Cor Externa
Carijó	Cilíndrica e alongada	Amarelo com anel alaranjado
Inca	Cônico-Cilíndrica e muito alongadas	Amarelo
Catarina	Cilíndrico	Amarelo intenso

Rubia	Cônico – Cilíndrica	Amarelo claro a Intenso
Coqueiral	Cônico -Cilíndrica e alongadas	Amarelo intenso

Fonte: Autoria própria (2023).

As variáveis classe, peso, diâmetro, comprimento, firmeza e defeitos das raízes comerciais foram utilizadas para realização do dendograma de agrupamento hierárquico (Figura 9).

Figura 9 - Agrupamento hierárquico de genótipos de mandioquinha-salsa cultivados em duas épocas de cultivo, baseado em resultados de dissimilaridade entre caracteres de pós-colheita em raízes comerciais. UTFPR, Pato Branco, 2023.



Fonte: Autoria própria (2023).

* 1_época: primeira época de plantio (maio) / 2_época: segunda época de plantio (agosto).

De acordo com a análise de agrupamento, os genótipos foram classificados em três grandes grupos. O primeiro grupo inclui o genótipo Catarina (primeira época de cultivo), o segundo grupo, é formado pelos genótipos Inca, Rubia, Carijó (primeira época de cultivo) e Inca e Carijó (segunda época de cultivo). Foi criado um subgrupo para os genótipos da primeira época de cultivo e um segundo subgrupo para os genótipos da segunda época de cultivo, que apresentaram valores para classe, peso, diâmetro, comprimento, firmeza e defeitos, semelhantes e apresentaram diferença com os demais genótipos. Além destes ainda foi formado um terceiro

grupo, com apenas o genótipo Coqueiral da segunda época de cultivo.

Analisando o dendograma e os dados da Tabela 6 é possível verificar que os genótipos 5 e 7 (Inca e Carijó segunda época de cultivo) foram os mais similares geneticamente, possuindo a menor distância (34,46%); entre os acessos 1 e 6 (Catarina plantio de maio e Coqueiral plantio de agosto) houve a maior magnitude (100%), sendo, portanto, os genótipos mais dissimilares.

Tabela 6 - Resultados do agrupamento hierárquico pelo método de UPGMA com base na matriz de dissimilaridade de Gower entre genótipos de mandioquinha-salsa cultivadas em duas épocas distintas. UTFPR, Pato Branco, 2023.

Estágio	Genótipo A	Genótipo B	Distância (%)	Corte 1	Corte 2
1	5	7	34.46	-	-
2	2	4	40.87	0.2103 ^{ns}	0.2268 ^{ns}
3	2	3	57.53	0.2873 ^{ns}	0.3306 ^{ns}
4	2	5	64.57	0.3249 ^{ns}	0.376 ^{ns}
5	1	2	88.16	0.4059*	0.4831 ^{ns}
6	1	6	100	0.4686*	0.5625 ^{ns}

* Significativo a 5% de probabilidade de erro pelo teste F.

Obs: Genótipo 1: Catarina primeira época de cultivo. Genótipo 2: Inca primeira época de cultivo. Genótipo 3: Carijó primeira época de cultivo. Genótipo 4: Rúbia primeira época de cultivo. Genótipo 5: Inca segunda época de cultivo. Genótipo 6: Coqueiral segunda época de cultivo. Genótipo 7: Carijó segunda época de cultivo.

Foi possível detectar diferenças significativas entre os genótipos Catarina e Inca (primeira época de cultivo) e Catarina (primeira época de cultivo) e Coqueiral (segunda época de cultivo) para o corte 1, para todas as características avaliadas, indicando a presença de variabilidade genética.

O corte 1 refere-se ao $K=1,25$ e o corte 2 refere-se ao $K=2,00$ dentro da fórmula $X: \text{média} + kDP$ para definição do ponto de corte da árvore. A média da matriz de dissimilaridade foi 0,312 e o desvio padrão foi 0,1253. Entretanto de acordo com Mojena (1977), baseada em uma fórmula matemática, o gráfico deve ser cortado na altura de 0,4686 ($K:1,25$ mais usual), se significativo, o que foi considerado no presente estudo, isto porque o ponto de corte da árvore hierárquica deve ser definido de acordo com as constatações observadas durante a condução dos experimentos (diferenças entre genótipos) para os caracteres utilizados na formação do agrupamento e as diferenças conhecidas entre os genótipos.

No presente estudo, o genótipo Catarina, primeira época de plantio, formou um agrupamento isolado devido o comprimento das raízes comerciais (26 cm) terem sido superiores

à média dos demais genótipos, que foi de aproximadamente 21 cm. Outro aspecto relevante para tal diferença foi devido as raízes comerciais do genótipo Catarina não apresentarem defeitos, sendo que as demais apresentaram rachadura, raiz imatura e raízes lenhosas. A firmeza também foi uma variável que causou distinção para o genótipo Catarina, onde a média encontrada foi de 5,5 N e para os demais genótipos do primeiro plantio 7,0 N.

A dissimilaridade do genótipo Coqueiral, segunda época de cultivo, em relação aos demais da mesma época, pode ser devido aos valores médios de comprimento de raiz que foi de 12,7 cm e de 15 cm para os genótipos Inca e Carijó. Os defeitos também foram muito semelhantes para Inca e Carijó segunda época de cultivo, onde os principais observados foram podridão, deformação e raiz imatura. Já para o genótipo Coqueiral segunda época de cultivo além destes foram observados rachadura e injúria, no entanto em menor proporção.

Considerando todo o exposto, esta pesquisa torna-se um importante estudo para a região Sudoeste do Paraná. Como já citado anteriormente, a mandioquinha-salsa adapta-se às regiões climáticas muito parecidas com aquelas de características da região Norte da Cordilheira Andina, onde as altitudes variam de 1.700 a 2.500m, e temperaturas entre 15°C e 20°C, durante todo o ciclo. Nesse contexto é considerada marginal, para cultivo na região Sudoeste do Paraná, em especial na cidade de Pato Branco (altitude de 765m e temperaturas acima de 22°C).

No entanto alguns genótipos têm se mostrado adaptados a locais de menor altitude e clima mais quente, áreas até então consideradas desfavoráveis ao cultivo de mandioquinha-salsa e semelhantes a região Sudoeste do Paraná, como é o caso de todas as cidades dos estados de Santa Catarina, Paraná e Rio Grande do Sul, que apresentam altitudes entre 700 e 950m. Além disso, os resultados do estudo podem fornecer ferramentas para a tomada de decisões no campo por agricultores e assistentes técnicos, e nas recomendações de manejo para a cultura.

4.4 Conclusão

Analisando o desempenho agrônomo dos genótipos estudados no período de condução dos experimentos, observa-se que Amarela de Senador Amaral, Branca Comum e Amarela Comum, apresentaram piores desempenhos, principalmente devido à alta porcentagem de falha, mortalidade de plantas, e baixas produtividades, causadas principalmente pela incidência de pulgões, doenças foliares, podridões, somadas a altas temperaturas e índice pluviométrico, nos meses de novembro a fevereiro. Em contrapartida, os genótipos SCS380 Inca e SCS381 Coqueiral, de forma geral, foram os que expressaram os melhores resultados, mostrando adaptabilidade às condições edafoclimáticas da região. Além disso BRS Acarijó 56 apresentou maiores médias de produtividade para a primeira época de cultivo.

REFERÊNCIAS

- ACARAPI, M. C. P. **Efecto de dos medios de cultivo en la introducción de ápices vegetativos de tres morfotipos de Arracacha (*Arracia xanthorrhiza* BANCROFT) en condiciones de in vitro**. 2014. 89 f. Trabalho de conclusão de Curso (Graduação) - Curso de Ingeniería Agronómica, Universidad Mayor de San Andrés, La Paz, 2014.
- AMARILA, R. I. **Crescimento e produtividade de mandioquinha-salsa em resposta a formas de adição ao solo de cama de frango e do arranjo de plantas**. 2019. 45 f. Dissertação (Mestrado em Biologia) - Universidade Federal da Grande Dourados - UFGD, Dourados-MS. 2019.
- BARRERA, V.; ESPINOSA, P.; TAPIA, C.; MONTEROS, A.; VALVERDE, F. **Caracterización de las raíces y los tubérculos andinos en la ecoregión andina del Ecuador**. pp.3-30. 2004. In: Barrera, V. H.; Tapia, C. G.; Monteros, A. R. (eds.). Raíces y tubérculos andinos: alternativas para la conservación y el uso sostenible en el Ecuador. 1st. Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias INIAP. Disponível em: <http://repositorio.iniap.gob.ec/handle/41000/3261>. Acesso em 27 out. 2022.
- BESSA, L. A. S., JARDIM, F. B. B., DIAS, L. C. F. C., COSTA, L. L. Avaliação físico-química e sensorial de chips de mandioquinha-salsa. **Revista Raízes e AmidosTropicais**, v. 12, n.1, p. 83-95, 2016.
- BUSO, E. K. R. P. M.; CLEMENTE, E.; ESTRADA, K. R. F. S.; ZÁRATE, N. A. H.; OLIVEIRA, J. B. S. Comportamento pós-colheita de mandioquinha-salsa revestida com Quitosana. **Revista Ciencia Agronomica**, v.45, n.4, p. 850-855. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000400024>.
- CARMO, E. L.; LEONEL, M. Composição físico-química e cor de clones de mandioquinha-salsa. **Energia na Agricultura**, v.27, n.1, p.62-81, 2012. DOI: 10.17224/EnergAgric.2012v27n1p62-81.
- COSTA, G. P.; LORENZI, V. J.; KRIECK, R. S. **Classificação da Mandioquinha-Salsa. Programa Brasileiro para a modernização da horticultura**. Elaboração Técnica: CEAGESP. 8f. 2002.
- CRUZ, C.D. GENES – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v.35, n.3, p.271–276, 2013.
- ECOLE, C. C.; MALIA, H. A.; MADEIRA, N. R.; RESENDE, F. V. **Avaliação agrônoma de variedades de mandioquinha-salsa**. Cap. 9. p. 201-206. 2015. in: HABER, L. L.; ECOLE, C. C.; BOWEN, W.; RESENDE, F. V. Horticultura em Moçambique: características, tecnologias de produção e de pós-colheita / editores técnicos – Brasília, DF: Embrapa, 280p. 2015.

FAYAD, J. A.; COMIN, J. J.; KURTZ, C.; MAFRA, A.; MADEIRA, N. R. **Sistema de Plantio Direto de Hortalças (SPDH): O cultivo da Mandioquinha-salsa.** Florianópolis, SC: Epagri, (Boletim Didático 147). 68p. 2018.

FERNANDES, A. M.; GARCIA, E. L.; LEONEL, M.; MOTA, L. H. S. O. Produtividade e qualidade de raízes da mandioquinha-salsa em diferentes níveis de adubação NPK. **Colloquium Agrariae**, v. 14, n.3, p. 194-203. 2018.

FORNAZIER, J. M.; MARTINS, D. S.; FORNAZIER, D. L.; JUNIOR, J. S. Z.; FORNAZIER, M. L.; QUEIROZ, R. B. **Manejo fitossanitário de pragas em batata-baroa.** Cap. 5. p.72-84. In: BALBINO, J. M. S. Cultura da batata-baroa (mandioquinha-salsa): práticas da produção à pós-colheita [recurso eletrônico]/– Vitória, ES: Incaper, 126.p. 2018.

GANOVA, A. A.; UCHOA, L. Tecnologías locales de producción de Arracacha (*Arracacia xanthorrhiza* bancroft) En el municipio de Boyacá, Departamento de Boyacá. **Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica**, v.13, n.1, p.125-133. 2010.

GARNICA, J. P.; VILLAMIL, J. E.; VARGAS, A. M.; RODRÍGUEZ, O. J. Y.; ATENCIO, L. M. **Modelo productivo de arracacha (*Arracacia xanthorrhiza* Bancr.): Agrosavia la 22 para la region andina de Colombia.** Corporación Colombiana de Investigación Agropecuária AGROSAVI. 2021. DOI: <https://doi.org/10.21930/agrosavia.nbook.7404500>.

GOWER J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, p.857-874. 1971.

HEID, D. M.; HEREDIA ZÁRATE, N. A.; VIEIRA, M. C.; TORALES, E. P.; CARNEVALI, T. O.; MARAFIGA, B. G. Produtividade agroeconômica de mandioquinha-salsa em resposta à adição de cama-de-frango no solo. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 36, n. 3, suplemento 1, p. 1835-1850, 2015. DOI:10.5433/1679-0359.2015v36n3Supl1p1835.

HENZ, G. P. Doenças da mandioquinha-salsa e sua situação atual no Brasil. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n. 2, p. 135-144. 2002.

HEREDIA ZÁRATE, N. A.; SCHWAN-ESTRADA, K. R. F.; VIEIRA, M. C.; HEREDIA VIEIRA, S. C.; TORALES, P. E.; GRACIANO, J. D. (*in memoriam*). Desinfecção de mudas e do solo com óleo de eucalipto na produção de mandioquinha-salsa. **Revista de la Facultad de Agronomía**, v. 118, n.1, p. 19-23. 2019.

LEBLANC, R. E. G.; PUIATTI, M.; SEDIYAMA, M. A. N.; FINGER, F. L.; MIRANDA, G. L. Produção da batata-baroa 'Roxa de Viçosa' em função de tipo de muda e de pré-enraizamento. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, v. 4, n. 2, p.121-130, 2014.

MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. D. F. **Produção de mudas de mandioquinha-salsa.** Cap. 4, p.130-149. In: Hortalças de propagação vegetativa: tecnologia de multiplicação. Brasília, DF: Embrapa, 228 p. 2016.

MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. D. F. de; SILVA, G. O. da; PINHEIRO, J. B.; PEREIRA, R. B.; MICHEREFF FILHO, M.; FELDBERG, N. P.; MOREIRA, S. O.; SILVEIRA, G. S. R.; CÁSSIA, R. M. **Proposição de um Sistema de Produção de Mudanças de Mandioquinha-salsa**. Circular Técnica 161. Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento. 25f. Brasília, 2017.

MANTON, N. The detection of disease clustering and generalized regression approach. **Cancer Research**, v.27, p.209-220, 1967.

MEDEIROS, J. G.; PEREIRA, W.; MIRANDA, J. E. C. Análise de crescimento em duas cultivares de batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam). **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, v. 2, n. 2, p. 23-29, 1990.

MELCHOR ROJAS, Y. I.; TINEO FALCÃO, Y. M. **Caracterização de três ecótipos de Arracacha (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) para fins agroindustriais em condições agroclimáticas da comunidade de Mayobamba – Chinchao**. 2022. 178f. Tesis (Ingeniería Agronómica) – Universidad Nacional Hermilio Valdizán Unheval, Huanuco, Peru. 2022. Disponível em: <https://repositorio.unheval.edu.pe/handle/20.500.13080/7461?show=full>. Acesso em: 13 out. 2022.

MENEGASSI, B.; LEONEL, M. Análises de qualidade de uma massa alimentícia mista de mandioquinha- salsa. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v.2, p 27-36, 2006.

MINISTERIO DE AGRICULTURA Y DESARROLLO RURAL MADR. Secretarías de Agricultura Departamentales, Umatas. 2008. **Arracacha: superficie cosechada, producción y rendimiento obtenido por departamento, años agrícolas 1997 –2008**. Disponível em: www.dnp.gov.co/PortalWeb/LinkClick.aspx?fileticket=...tabid=437. Acesso em 20 out. 2022.

MORILLO, E.; MADEIRA, N.; JAIMEZ, R. **Arracacha**. In: Geoffriau, E.; Simon, P. W.(eds.), Carrots and related Apiaceae crops (2nd ed.) (pp. 245–253). CAB International. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1079/9781789240955.0000>.

MUÑOZ, A. L.; ALVARADO, A.; MERCHÁN-ALMANZA, P.J. Caracterización preliminar del cultivo de arracacha *Arracacia xanthorrhiza* Bancroft en el departamento de Boyacá. **Revista de Ciencias agrícolas**, v.32, n.1. p.3-11. 2015.

NUNES, E. E.; BOAS, E. B. V.; XISTO, A. L. R.; BOAS, B. M. V. Qualidade de mandioquinha-salsa minimamente processada e armazenada sob atmosfera modificada. **Ciência Rural**, v. 39, n.7, p. 2009.

NUNES, A. R. A. N.; FERNANDES, A. M.; LEONEL, M.; GARCIA, E. L.; MAGOLBO, L. A.; CARMO, E. L. **Nitrogênio no crescimento da planta e na qualidade de raízes da mandioquinha-salsa**. **Ciência Rural**, v.46, n.2, p.242-247. 2016. DOI:10.1590/0103-8478cr20150339.

NUNES, E. E. **Qualidade de mandioquinha-salsa minimamente processada**. 2007. 141f. Tese (doutorado em Ciência dos alimentos), Universidade Federal de Lavras. Lavras, 2007. Disponível em: http://repositorio.ufla.br/jspui/bitstream/1/2841/1/TESE_Qualidade%20da%20mandioquinha%20salsa%20minimamente%20processada.pdf. Acesso em: 27 de out. 2022.

NUNES, E. C.; ZANELLA, M.; KOERICH, C. A. INCA e COQUEIRAL: primeiros cultivares catarinenses de mandioquinha-salsa. **Agropecuária Catarinense**, Florianópolis, 2023. Disponível em: <https://publicacoes.epagri.sc.gov.br/rac/article/view/1542/1468>. Acesso em: 28março. 2023.

OLIVEIRA, S. B.; GODINHO, T. O.; MOREIRA, S. O. **Crescimento vegetativo de cultivares de mandioquinha-salsa na região serrana do espírito santo**. XXI Encontro Latino Americano de Iniciação Científica, XVII Encontro Latino Americano de Pós-Graduação e VII Encontro de Iniciação à Docência – Universidade do Vale do Paraíba. 2017. Disponível em: <https://biblioteca.incaper.es.gov.br/digital/bitstream/123456789/2865/1/BRT-crescimentovegetativodecultivaresdemandioquinhasalsa-oliveira.pdf>. Acesso em: 12jul. 2022.

PACHECO, M. T.; HERNÁNDEZ-HERNÁNDEZ, O.; MORENO, F.; VILLAMIEL, M. Andean tubers grown in Ecuador: New sources of functional ingredients. **Food Bioscience**, v.35, n.100601. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fbio.2020.100601>.

PÁDUA, J. G. Produção de batata e mandioquinha-salsa visando o processamento industrial. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v.6, p.147-161, 2010.

PINHEIRO, J. B.; MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. D. F.; PEREIRA, R. B.; AGUIAR, F. M. **Nematoides na cultura da mandioquinha-salsa**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2013a. 11 p. (Circular Técnica, 123).

PINHEIRO, J. B.; MADEIRA, N. R.; DOSS, C. R.; CARVALHO, A. D. F.; PEREIRA, R. B. **Seleção de clones de mandioquinha-salsa em áreas naturalmente infestadas pelo nematoide-das-galhas por meio de escala de notas**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2013b. 18 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 93).

PORTZ, A.; MARTINS, C. A. C.; LIMA, E.; ZONTA, E. Avaliação de clones de mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) na região de Nova Friburgo-RJ. **Revista Universidade Rural**, v. 23, n. 1, p. 9-14. 2003.

PREZOTTI, L. C.; GUARÇONI, A.; BALBINO, J. M. S. **Nutrição, calagem e adubação da batata-baroa**. Cap. 5. p. 59-70. In: BALBINO, J. M. S. Cultura da batata-baroa (mandioquinha-salsa): práticas da produção à pós-colheita [recurso eletrônico] – Vitória, ES: Incaper, 126.p. 2018.

R CORE TEAM. **A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2022.

RINCÓN, M.; RUIZ, H.; MOLANO, J.; ÁLVAREZ-HERRERA, J.; PINTO, L.
Postharvest characterization of seven Arracacha cultivars (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft). **Revista Facultad Nacional Agronomía**, v. 74, n.3, p.9745-9756. 2021.

ROHLF, R. NTSYS pc version 2.21m. **Numerical taxonomy analysis system for windows**. New York, Exeter Software's, 2007.

SANTOS, F. **Producción de arracacha en Brasil**. 2004. En: Seminario, J. (ed.). Raíces andinas: Contribuciones al conocimiento y a la capacitación. Serie: Conservación y uso de la biodiversidad de raíces y tubérculos andinos: Una década de investigación para el desarrollo (1993-2003), n. 6. Universidad Nacional de Cajamarca, Centro Internacional de la Papa, Agencia Suiza para el Desarrollo y la Cooperación. Lima, Perú. p.285- 287.

SANTOS, F. F. dos., MADEIRA, N. R. **Mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza*): clima**. Embrapa Hortaliças - Sistemas de Produção, 4, ISSN 1678- 880X Versão Eletrônica. Jun./2008. Disponível em:

<https://sistemasdeproducao.cnptia.embrapa.br/FontesHTML/Mandioquinha/MandioquinhaSalsa/clima.html>, acesso em 19 set. 2023.

SEDIYAMA, M. A. N.; SANTOS, M. R.; ALBANEZ, A. C. M. P.; RIBEIRO, J. M. O.; GRANATE, M. J.; VIDIGAL, S. M. Agrosilício na produção de clones de mandioquinha-salsa. **Acta Scientiarum Agronomy**, v.31, p.427-432, 2009.

SEDIYAMA, M.A.N.; VIDIGAL, S.M.; GRANATE, M.J.; SANTOS, M.R.; MASCARENHAS, M.H.T. **Cultura da mandioquinha-salsa ou batata-baroa**. Belo Horizonte: EPAMIG, 2005. 28p. (Boletim Técnico, 77).

SHANER, G.; FINNEY, R. The effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox wheat. **Phytopathology**, v. 67, n. 8, p. 1051-1056, 1977.

SILVA, E. S. **Produtividade agroeconômica de mandioquinha-salsa ‘Amarela de Carandaí’ em resposta ao arranjo espacial das Plantas e a épocas de colheita**. 2020. 45p. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Federal da Grande Dourados. Dourados. 2020.

SIMEPAR – Sistema de Tecnologia e Monitoramento Ambiental do Paraná. **Boletim climatológico**. Disponível em:

http://www.simepar.br/prognozweb/simepar/timeline/boletim_climatologico. Acesso em: 13 de out. 2022.

SINGH, K. On the asymptotic accuracy of Efron's bootstrap. **The Annals of Statistics**, p. 1187-1195, 1981.

SOKAL, R. R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon Berlin**, v.11, n.1, p.30-40, 1962.

RIVERA VARÓN, J. J.; GERNICA MONTAÑA, J. P.; BONILLA, S. L.; LOZANO TOVAR, M. D.; ROSERO ERAZO, J. A.; TRUJILLO, C. L. Y.; SÁNCHEZ, Y. A. **Recomendaciones tecnológicas para la producción de semilla de calidad de**

arracacha (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft): manejo fitosanitario de la semilla vegetativa de arracacha. Bogotá (Colombia): Corpoica, 2015. 72 p. Disponível em: https://repository.agrosavia.co/bitstream/handle/20.500.12324/1955/77625_66487.pdf?sequence=1. Acesso em: 10. Out. 2022.

VENTURA, J. A.; COSTA, H.; LIMA, I. M. **Doenças da batata-baroa e estratégias de manejo.** Cap. 6, P.92. In: Cultura da batata-baroa (mandioquinha-salsa): práticas da produção à pós-colheita. [recurso eletrônico]. Vitória, ES: Incaper, 126p. 2018.

VIEIRA, M. C. K. R. F.; SCHWAN-ESTRADA, N. A.; HEREDIA ZÁRATE, N.; PELISSON, C. M. S.; SANGALLI, M. F. S. PAULA. Desinfecção das mudas com óleo de eucalipto na produção e controle de doenças da mandioquinha-salsa. **Semina: Ciências Agrárias**, v.32, p.421-432. 2011.

VILLORDON, A.; SOLIS, J.; LABONTE, D.; CLARK, C. Development of a prototype Bayesian network model representing the relationship between fresh market yield and some agroclimatic variables known to influence storage root initiation in sweet potato. **Hort Science**, v. 45, n. 8, p. 1167-1177, 2010.

YAHIA, E. M.; CARRILLO-LÓPEZ, A.; BELLO-PÉREZ, L. A. Chapter 9- **Carbohydrates**. pp. 175-205. 2019. In: Yahia, E. M.; Carrillo-López, A. (eds.). Postharvest physiology and biochemistry of fruits and Vegetables. 1st ed. Elsevier, Kidlington. DOI: <https://doi.org/10.1016/b978-0-12-813278-4.00009-9>.

ZENEBOM, O.; PASCUET, N. S. **Métodos físico-químicos para análise de alimentos.** 4. ed. Brasília: Ministério da Saúde, 2005. 1018p.

5. ASSUNTO II: ASPECTOS METABÓLICOS DE GENÓTIPOS DE MANDIOQUINHA-SALSA EM RESPOSTA AO CALOR

5.1 Introdução

As alterações globais de origem antrópica e as consequentes mudanças climáticas estão entre os principais desafios para a humanidade nas próximas décadas. Essas alterações já estão afetando tanto os ecossistemas naturais, quanto os ecossistemas manejados, visto que as plantas são intimamente dependentes das condições edafoclimáticas para seu crescimento e sobrevivência. Essas alterações climáticas influenciam fortemente a vida humana, a biodiversidade e a produção de alimentos (Habermann *et al.*, 2020).

De forma geral, o aumento da concentração de dióxido de carbono na atmosfera, resulta em efeitos positivos na fotossíntese e no crescimento das plantas. Já o aumento da temperatura, pode aumentar a demanda evaporativa das plantas, e como consequência, intensificar efeitos de déficit hídrico, que por sua vez é reconhecida como um dos principais fatores abióticos que mais limita a produtividade vegetal. Além disso, altas temperaturas atuam sobre a fotossíntese de forma direta através de alterações nas taxas de reações bioquímicas, atividades de enzimas, transporte de elétrons, abertura de estômatos e estabilidade da membrana (Martinez *et al.*, 2015).

As atividades humanas, principalmente através das emissões de gases com efeito estufa, causaram o aquecimento global, com a temperatura da superfície global atingindo 1,1°C acima dos níveis em relação aos anos 1850-1900 em 2011-2020. As emissões globais de gases com efeito estufa continuaram a aumentar, com contribuições históricas e contínuas desiguais decorrentes do uso insustentável de energia, do uso do solo, dos estilos de vida e dos padrões de consumo e produção entre regiões, entre e dentro dos países, e entre indivíduos (IPCC, 2023).

Os efeitos das altas temperaturas nas plantas podem ser diversos, desde desidratação pela perda de água, estresse térmico, alterações no crescimento, redução da fotossíntese, floração e frutificação prejudicadas, mortalidade de polinizadores, etc. Além disso, o calor excessivo, especialmente quando combinado com períodos de seca, pode representar uma ameaça significativa à sobrevivência das plantas, principalmente quando estas se tratam de culturas marginais em relação às condições habituais de cultivo (Silva *et al.*, 2021; Taiz; Zeiger, 2013). Essas culturas são cultivadas em locais que não são ideais para o seu crescimento e pleno desenvolvimento, tendo a temperatura como principal limitante. Para evitar o risco de extinção de culturas marginais, é importante considerar estratégias de adaptação, como o desenvolvimento de variedades resistentes, práticas agrícolas sustentáveis, acesso a recursos hídricos adequados e apoio financeiro aos agricultores que cultivam essas culturas.

Uma cultura marginal (em termos agrícolas, "cultura marginal" pode se referir a práticas agrícolas em terras marginais, ou seja, em áreas que possuem condições de solo ou clima desfavoráveis. Essas áreas podem ser menos produtivas e mais desafiadoras para a agricultura convencional) cultivada no Brasil, que é bastante influenciada pelas condições climáticas, sendo as principais características exigidas a uniformidade das raízes tuberosas e os teores de amido e açúcares redutores, é a mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) (Pádua, 2010).

É uma hortaliça originária dos países andinos, introduzida no Brasil no início do século XX, provavelmente a partir da Colômbia, ainda é considerada recente em termos de exploração agrícola e consumo (Ribeiro, 2018). Pela boa aceitação do consumidor brasileiro, alto valor de mercado e baixo custo de produção, a mandioquinha-salsa é uma ótima alternativa de emprego e renda para pequenos e médios produtores, em especial para a agricultura familiar, dada a baixa necessidade de mão de obra para a atividade (Vilela *et al.*, 2018).

As condições climáticas com curtos períodos de seca, poucos dias de frio e calor excessivo afetam a produção da mandioquinha-salsa causando elevadas perdas, mas pouco se sabe sobre as respostas fisiológicas das plantas a essas condições climáticas, em especial as altas temperaturas. Isso se dá, pela cultura se tratar de uma espécie de propagação vegetativa, isto é, sem o uso de sementes botânicas, e pelo seu sistema produtivo não utilizar grande quantidade de insumos, consequentemente, o interesse por parte das empresas privadas é praticamente nulo e da comunidade científica é ainda bastante incipiente (Vilela *et al.*, 2018).

Ela se mostra com boa adaptação em áreas de elevada altitude, com clima subtropical e tropical ameno, especialmente nas regiões Centro-Sul (Gomes *et al.*, 2011), porém com significativa expansão às demais regiões do país, tal como o Sul. Assume grande importância socioeconômica nas regiões onde seu cultivo é intenso. Atinge elevadas cotações e a oscilação de preços é relativamente pequena durante o ano, quando comparada a outras hortaliças, minimizando o risco de insucesso (Buso, 2012).

Apesar de sua grande importância para a agroindústria e de suas boas propriedades nutricionais, não tem recebido importância suficiente nos planos de desenvolvimento agrícola e há carência de literatura sobre a cultura. É ainda considerada uma raiz pouco explorada, com informações fisiológicas muito limitadas (Castanha *et al.*, 2018), de fato, a maior parte da literatura disponível está voltada principalmente para alguns aspectos da produção agrônômica (Chaali *et al.*, 2018).

Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi verificar as alterações metabólicas em genótipos de mandioquinha-salsa em resposta ao calor, cultivadas no município de Pato Branco, Paraná.

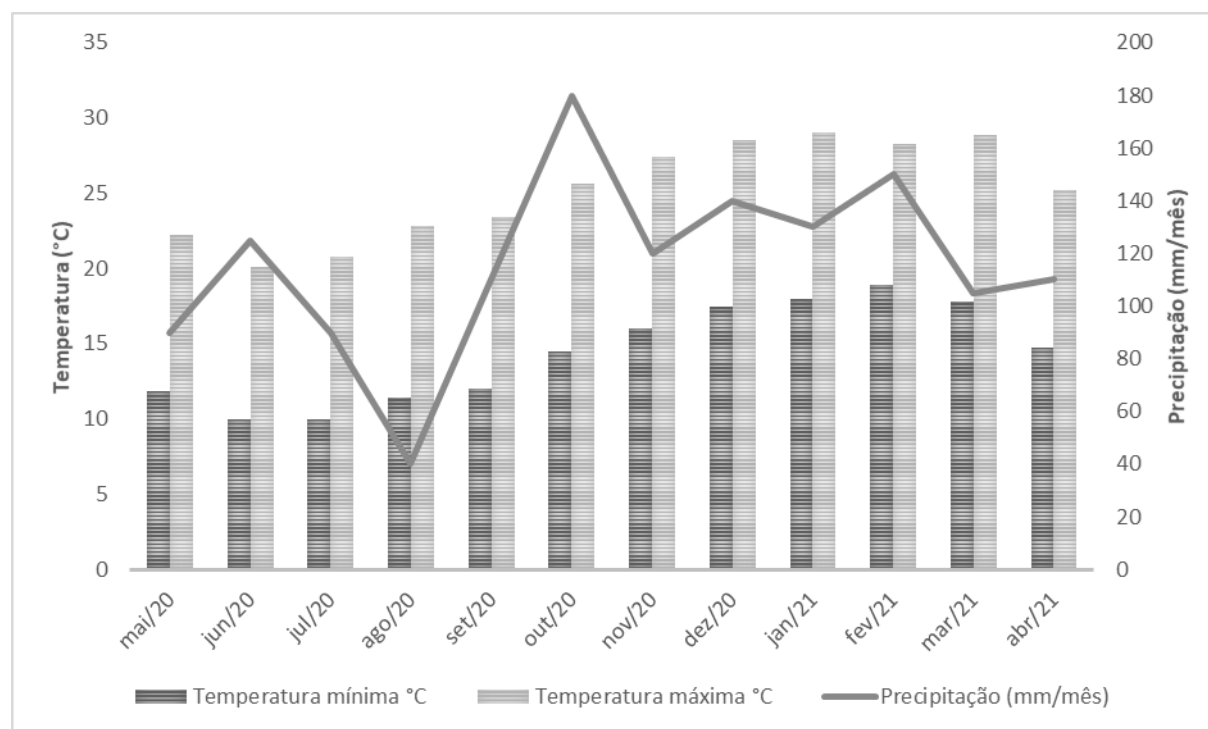
5.2 Material e métodos

5.2.1 Experimento simulando cultivo comercial

Foram realizados dois experimentos simulando cultivo comercial de mandioquinha-salsa, no ano de 2020/21, ambos conduzidos na Área Experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), localizada na cidade de Pato Branco-PR, 26° 06' 59"S, 52° 40' 59"W e altitude de 721, 80 m.

Os dados referentes a temperatura e precipitação pluviométrica, ao longo do período de condução dos experimentos estão apresentados na figura 10.

Figura 10 - Dados de temperatura e precipitação pluviométrica média, no período de condução dos experimentos a campo - maio de 2020 a abril de 2021, da região sudoeste do Paraná. UTFPR, Pato Branco, 2023.



Fonte: SIMEPAR (2023), adaptado pela autora.

Anterior a implantação dos experimentos, coroas dos genótipos de mandioquinha-salsa foram adquiridas de agricultores licenciados, para a ocasião dos plantios de maio e agosto, denominados no estudo como primeira época de cultivo e segunda época de cultivo, respectivamente. Foi realizado o preparo das mudas, individualizando os rebentos e efetuando-se a lavagem em água corrente para retirada do excesso de impurezas. Em seguida foi realizado o tratamento fitossanitário por imersão de 10 minutos em solução de água sanitária comercial (teor

médio de 2,2% de cloro ativo) a 5% de diluição (Madeira; Carvalho, 2017). Após o tratamento com cloro, foi realizado o enxágue rápido dos rebentos com água pura, seguido de secagem à sombra. Depois dos rebentos secos, foi efetuado o corte basal, em bisel, e, quando necessário, realizado o corte dos pecíolos (iniciação das folhas). Preparadas as mudas, estas passaram pelo processo de pré-brotação em serragem (Madeira; Carvalho, 2016), e posterior transplântio no lugar definitivo dos experimentos.

Anterior ao transplântio das mudas, foi realizada coleta e análise de solo com as seguintes características químicas na camada de 0 a 0,20 m: pH em CaCl₂= 5,2; P= 7,53 mg dm⁻³; K= 0,47 cmolc dm⁻³; Ca= 6,10 cmolc dm⁻³; Mg= 3,0 cmolc dm⁻³; H+Al = 3,52 cmolc dm⁻³; SB= 9,57 cmolc dm⁻³; CTC= 13,09 cmolc dm⁻³; V%= 73,11; MO= 50,93 g dm⁻³.

Aos 90, 135 e 190 dias após o transplântio, foi realizada adubação de cobertura das plantas com adubo orgânico. As quantidades de 128; 224; 288 g planta⁻¹ do adubo orgânico a base de cama de aviário, referentes a cada uma dessas fases foram estimadas conforme a necessidade da cultura e da análise química do solo.

Os genótipos de mandioquinha-salsa foram conduzidos sob manejo orgânico de produção, por um período de oito meses, com duas épocas de cultivo, transplantadas nos meses de maio e agosto. Para o transplântio da primeira época de cultivo foram utilizados os seguintes genótipos: BRS Acarijó 56 (Carijó) BRS Rúbia 41 (Rúbia), BRS Catarina 64 (Catarina), SCS380 Inca (Inca - anteriormente denominada Gigante de Angelina), Amarela de Senador Amaral (ASA), Amarela de Carandaí/Comum (Amarela Comum) e Branca comum. Para o transplântio da segunda época de cultivo foram utilizados os genótipos: BRS Acarijó 56, SCS380 Inca, Amarela de Senador Amaral e SCS381 Coqueiral.

Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos casualizados (DBC) com três repetições e parcelas experimentais de 25 plantas, dispostas no espaçamento de 0,80 x 0,40 m, sendo a parcela útil composta por 10 plantas.

A irrigação foi realizada por aspersão, seguindo a necessidade da cultura paracada fase de desenvolvimento e as condições climáticas as quais foram submetidas. Os tratos culturais para eliminação de plantas indesejáveis no cultivo se deram através de capina manual/arranque realizada sempre que necessário, e pela utilização de cobertura morta – palhada com podas de grama.

O manejo de pragas e doenças foi realizado de forma preventiva e curativa quando necessário, fazendo uso de produtos permitidos para a produção orgânica, sendo: Bordasul® (3 g/L - doenças fúngicas e foliares), Sulfocal® (3 a 4 g/L – ácaros), Fitoneem® (4 a 12 mL/L – pulgões), Boveril® (6 g/L - pulgões e ácaros), Trichodermil® (1L p.c/ha – podridões).

5.2.2 Experimento em ambiente protegido

Anterior a implantação dos experimentos, foi realizado o preparo das mudas, conforme citado anteriormente, seguindo metodologia proposta por Madeira, Carvalho(2016). Em seguida, as mudas de cada genótipo, todos com procedência única, foram cultivadas em vasos com capacidade para 10 L, contendo uma mistura de substrato, vermiculita e cama de aviário, com proporção de 3:2:1, respectivamente.

As cultivares foram mantidas na condição de 60-80% da capacidade de campo por um período de oito meses, quando as plantas foram transferidas para câmaras de Fitotron® localizadas na área experimental da UTFPR, Campus Pato Branco e submetidas a duas condições de temperaturas, sendo o controle: mínima 20°C e máxima 22 °C (fotoperíodo de 13 h diárias e umidade de 80%); condição estressante: mínima 30 °C e máxima 32 °C (fotoperíodo de 13 h diárias e umidade de 80%). As plantas permaneceram nessas condições por 16 dias. Foram utilizadas quatro plantas/cultivar para cada condição. Cada vaso contendo uma planta foi considerado uma repetição, totalizando 20 vasos.

5.2.3 Avaliações de trocas gasosas

As avaliações de trocas gasosas foram realizadas quando as plantas completaram oito meses. Para as plantas cultivadas a campo, foi realizada apenas uma verificação, já para as plantas acondicionadas nas Câmaras de Fitotron® as avaliações foram realizadas em intervalo de quatro dias.

Parâmetros de fluorescência foram quantificados no período da manhã entre 10 e 12 horas (Yin *et al.*, 2009). As avaliações foram realizadas utilizando-se, um analisador de gases a infravermelho em sistema aberto, acoplado um fluorômetro (IRGA, Li-cor Inc. LI-6400XT, Lincoln, EUA). A taxa de assimilação líquida do carbono ($TAsCO_2$, $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), condutância estomática ($CE \text{ mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$), concentração interna de CO_2 ($CiCO_2$, $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) e transpiração (TR , $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$), foram determinados sob concentração controlada de CO_2 ($400 \mu\text{mol CO}_2 \text{mol}^{-1}$), irradiância ($1000 \mu\text{mol f\acute{o}tons m}^{-2} \text{s}^{-1}$ com 10% de luz azul) e temperatura e vapor de água ambiente (Verrissimo *et al.*, 2010). Todas as medidas foram realizadas usando uma câmara foliar de 2 cm^2 a 25°C . O déficit de pressão de vapor folha/ar foi mantido em $1, 2-2, 0 \text{ kPa}$, e a quantidade de luz azul foi definida para 10% da densidade do fluxo de fótons fotossintético (PPFD) para otimizar a abertura estomática.

5.2.4 Análises bioquímicas

Para as análises bioquímicas realizadas em amostras de tecido vegetal foram coletados discos foliares do folíolo central, sem conter nervuras, entre 07:30 e 8:00 da manhã, imediatamente congelados em nitrogênio líquido e, em seguida, armazenados a $-80\text{ }^{\circ}\text{C}$ para ambos os experimentos (campo simulando cultivo comercial e em ambiente protegido).

Foram realizadas também análises bioquímicas em discos do terço médio central das raízes obtidas das plantas que simularam cultivo comercial. Estas passaram inicialmente pelo processo de lavagem e posterior corte em fatias de aproximadamente 1 cm. O material do tecido vegetal e das raízes, foram então submetidas ao processo de liofilização e em seguida realizada a extração dos metabólitos pela adição de extratores apropriados.

Seguindo a metodologia proposta por Lisec *et al.* (2006), com algumas modificações, aproximadamente 10 mg da matéria foliar e de raízes liofilizadas foram submetidas a extração metanólica. O processo ocorreu fazendo uso de 700 μL de metanol 100% e agitação em vortex por 15 segundos. Posteriormente as amostras foram levadas ao termomixer por 20 minutos a $80\text{ }^{\circ}\text{C}$ e 750 rpm. As amostras foram então centrifugadas por 15 minutos a $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ e 13300 rpm. O material sobrenadante foi coletado e transferido para um tubo eppendorf de 2 mL, do qual foi realizada a quantificação de clorofilas e carotenoides.

Ao restante do sobrenadante, foram adicionados 375 μL de clorofórmio 100% e agitou-se em vortex por 15 segundos. Após, foi adicionado 750 μL de água, agitado em vortex e centrifugado por 10 minutos a $4\text{ }^{\circ}\text{C}$ e 13300 rpm. A fase superior (hidrofílica/transparente) foi recolhida e transferida para outro eppendorf e armazenado a temperatura de $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ para quantificação de diversos metabólitos e a fase inferior (hidrofóbica) descartada. Com o uso do sobrenadante foram determinados os teores de pigmentos, aminoácidos, prolina, fenóis, açúcares solúveis e malato. O pellet lavado com etanol 70% e utilizado para quantificação de proteínas solúveis totais e amido.

Para a quantificação de pigmentos foi adicionado 100 μL de extrato e completados para 200 μL . A análise das amostras foi realizada em 470, 653 e 666 nm (Wellburn, 1994).

Os aminoácidos foram quantificados usando de 50 μL de extrato, 50 μL de tampão citrato de sódio 1M, pH 5,2 contendo 0,2% de ácido ascórbico e 100 μL de niidrina 1% em etanol 70%. O material foi vedado em placa com fita alumínica termo resistente e levada ao termomixer por 20 minutos a $95\text{ }^{\circ}\text{C}$. A análise das amostras foi realizada em 570 nm (Yemn; Cocking, 1995). A equação utilizada foi gerada pela curva padrão de leucina 1 mM ($y = 0,2238x + 0,4752$. $R^2 = 0,09981$).

Para quantificação da prolina adicionou-se em 50 µL de extrato em 100 µL do mix de nihidrina 1%, etanol 20% e ácido acético 60%. O material foi vedado em placa com plástico de vedação de placas para RT-PCR e levado ao termomixer por 20 minutos a 95 °C. A análise das amostras foi realizada em 520 nm (Carillo, Gibon, 2016). A equação utilizada foi gerada pela curva padrão de prolina 1 mM ($y = 0,0216x + 0,0246$. $R^2 = 0,9864$).

Para quantificação dos fenóis totais a reação constituiu de 5 µL de extrato, 45 µL de H₂O miliQ, 25 µL de folin 1 N e 125 µL de NaCO₃ 20% em H₂O. O material foi vedado em placa com fita alumínica e levado ao termomixer por 40 minutos a 25 °C, sem rotação. A análise das amostras foi realizada em 725 nm (Sun *et al.*, 2002). A equação utilizada foi gerada pela curva padrão de ácido tânico 0,1 mg mL⁻¹ ($y = 0,2074x + 0,0505$. $R^2 = 0,9879$).

Para quantificação de açúcares solúveis (glicose, sacarose e frutose) foram adicionados em 50 µL de extrato, 160 µL de mix (150 µL de tampão Hepes/KOH 0,1M + 3 mM MgCl₂ pH 7,0; 4,65 µL de ATP 109 mM (60 mg mL⁻¹); 4,65 µL de NADP⁺ 48,4 mM (36 mg mL⁻¹); 0,77 µL de Glicose-6P desidrogenase (G6-PDH) (700 U mL⁻¹)), 1,5U de Hexocinase (HK: 1,5 U/5 µL), 0,7 U de Phosphoglucose isomerase (PGI: 0,7 U/5 µL), 5 U de Invertase (5 U/5 µL). O A análise das amostras foi realizada em 340 nm (Fernie *et al.*, 2001).

Para a quantificação de malato foram adicionados em 50 µL de extrato, 50 µL de mix (25 µL de tampão tricine 0,4M + MgCl₂ 20mM, pH 9); 10 µL de MTT (Thiazolyl Blue Tetrazolium Bromide) 10 mM; 2 µL de PES (Phenazine ethosulfate) 20 mM; 5 µL NAD⁺ 30 mM; 5 µL de Triton X100 10%; 3 µL de H₂O MiliQ); 1 U de malato desidrogenase (MDH: 1 U mL⁻¹). A análise das amostras foi realizada em 570 nm. A equação utilizada foi gerada pela curva padrão de malato 1mM (Fernie *et al.*, 2001) ($y = 0,0097x + 0,0354$. $R^2 = 0,9959$).

Para a extração e quantificação de proteínas, após a lavagem do pellet, ao mesmo foram adicionados 400 µL de NaOH 0,1 M. Em seguida, as amostras foram aquecidas a 95 °C por 60 minutos a 750 rpm. Para a quantificação de proteínas, em 5 µL desse extrato foram adicionados a 25 µL de reagente de Bradford. A análise das amostras foi realizada em 595 nm. A equação utilizada foi gerada pela curva padrão de BSA 1 mg mL⁻¹ (Fernie *et al.*, 2001) ($y = 0,0512x + 0,3771$. $R^2 = 0,09865$).

Após a quantificação de proteínas, foram adicionados 75 µL de ácido acético 1 mM para neutralização. Para degradação de amido foram adicionados 40 µL de extrato neutralizado em 60 µL de mix (59 µL de tampão acetato de sódio 50 mM, pH 4,9; 1 µL de amiloglucosidase (170 U mL⁻¹); 0,012 µL α-amilase (325 U mL⁻¹)). Para quantificação de glicose, gerada pela degradação,

foram adicionados em 50 µL de extrato, 160 µL de mix (150 µL de tampão Hepes/KOH 1 M, 30 mM MgCl₂ pH 7,0; 4,65 µL de ATP 109 mM (60 mg/mL)); 4,65 µL de NADP⁺ 48,4 mM (36 mg/mL); 0,77 µL de Glicose-6P desidrogenase (G6-PDH) (700 U/mL); 1,5U de Hexocinase (HK: 2 U/5 µL). A análise das amostras foi realizada em 340 nm (Ferne *et al.*, 2001).

5.2.5 Procedimentos estatísticos e análise dos dados

Os experimentos simulando cultivo comercial foram instalados em delineamento de blocos casualizados (DBC) com três repetições. Os experimentos em ambiente protegido foram instalados em delineamento inteiramente casualizado (DIC) com quatro repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) por meio do teste F ($P \leq 0,05$). Quando significativas, os resultados foram submetidos ao teste de *Tukey* ($P < 0,05$). Toda a análise estatística dos dados foi realizada utilizando-se protocolos desenvolvidos no *software R* (R CORE TEAM, 2022) e os gráficos foram realizados com o *SigmaPlot* (v. 14.0, Systat Software). Todos os dados são expressos como a média $\pm$ desvio padrão (DP).

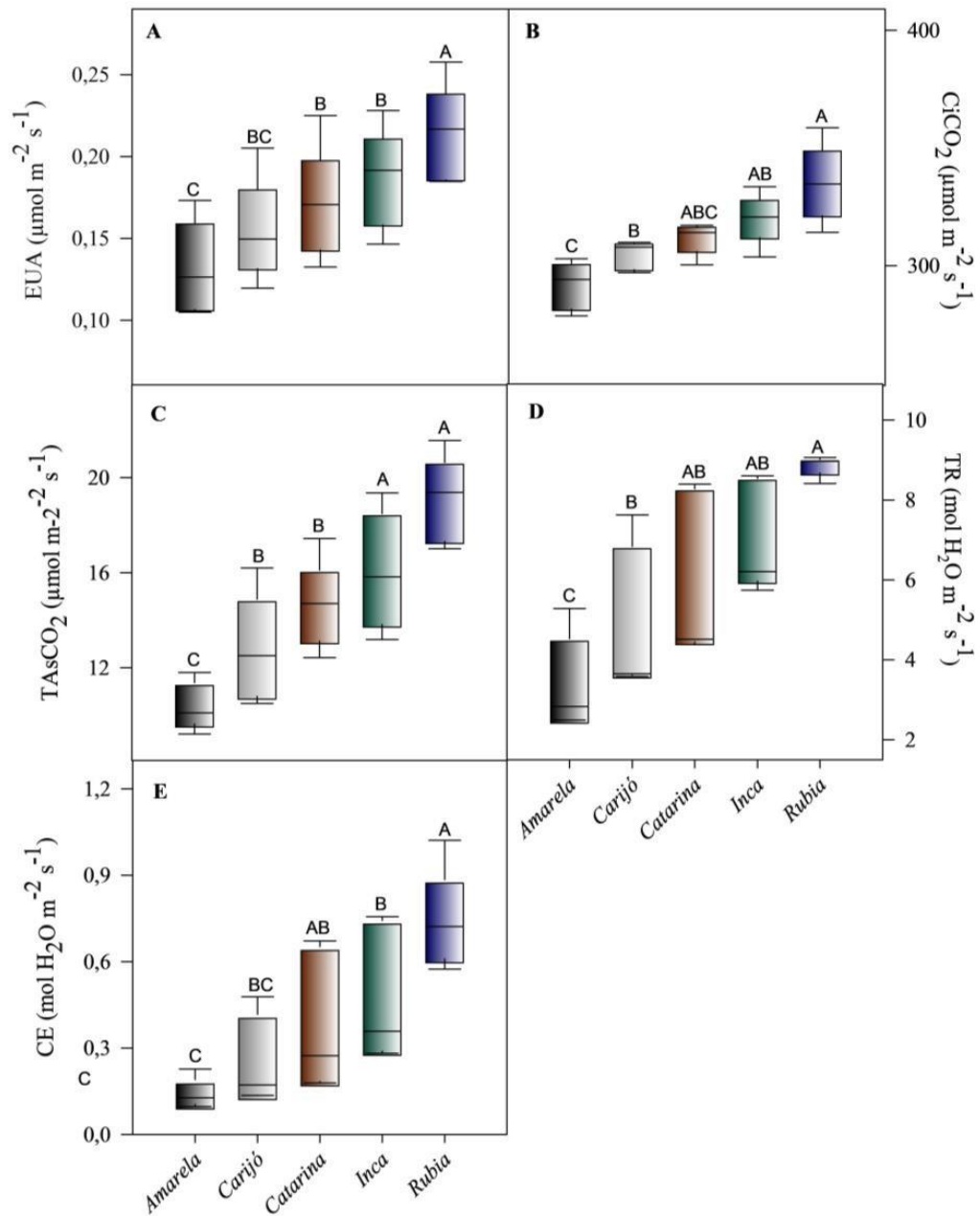
5.3 Resultados e discussão

5.3.1 Avaliações de trocas gasosas

Com o objetivo de compreender as variações entre os genótipos de *A.xanthorrhiza*, em resposta às condições climáticas da região Sudoeste do Paraná, foram avaliados alguns parâmetros de trocas gasosas e fluorescência (Figura 11).

Os resultados de trocas gasosas e fluorescência em folhas de *A. xanthorrhiza* para a primeira época de cultivo indicam uma tendência de maior eficiência fotossintética para o genótipo Rubia, associado a maiores médias para todos os parâmetros avaliados em comparação com os demais genótipos (Figura 11). Em contrapartida, o genótipo Amarela apresentou um padrão oposto, alcançando menores médias para os parâmetros de eficiência do uso da água (EUA), concentração interna de CO₂ (CiCO₂), taxa de assimilação de carbono (TAsCO₂), transpiração (TR) e condutância estomática (CE), enquanto os genótipos Carijó, Catarina e Inca se mantiveram com médias intermediárias (Figura 11A-E). Os genótipos ASA e Branca Comum não foram avaliados devido a ausência de biomassa foliar adequada.

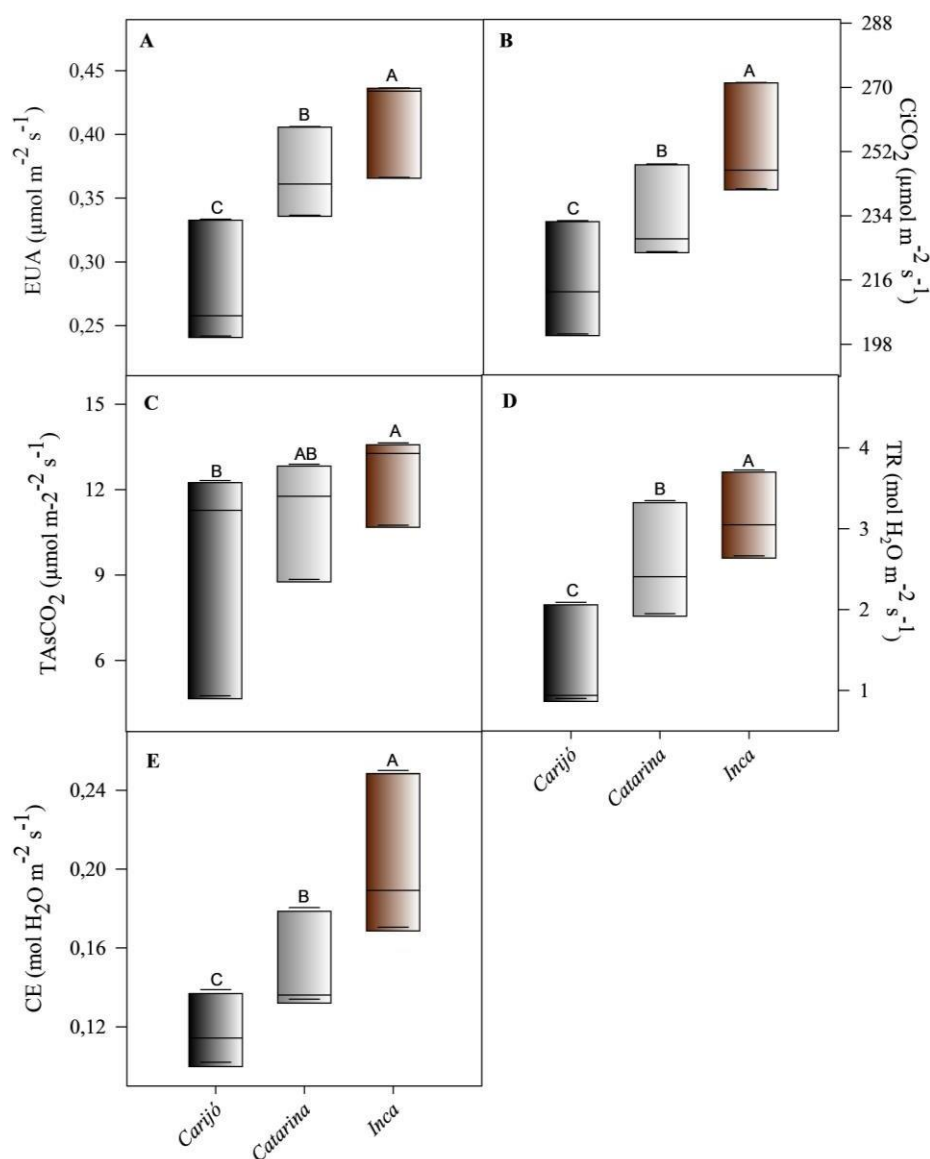
Figura 11 - Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade de *A. xanthorrhiza* primeira época de cultivo. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Concentração interna de CO_2 (CiCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Taxa de assimilação líquida do carbono (TAsCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$). UTFPR, Pato Branco, 2023.



*Letras acima da dispersão de caixas individuais indicam agrupamentos significativos de acordo com o Teste de *Tukey* ($P < 0,05$). A mediana é indicada por linhas sólidas em cada caixa, a dispersão de dados é representada pelo intervalo interquartílico. Fonte: Autoria própria (2023).

Os resultados de trocas gasosas e fluorescência de *A. xanthorrhiza*, referentes a segunda época de cultivo, demonstram um padrão similar ao observado na Figura 12, onde dentre os genótipos avaliados, o genótipo Inca apresentou maior eficiência fotossintética e médias superiores para EUA, C_iCO_2 , $TAsCO_2$ TR e CE respectivamente (Figura 12 A-E). O genótipo Carijó apresentou as menores médias para todos os parâmetros analisados, com o genótipo Catarina se mantendo como intermediário (Figura 12). Assim como observado para a primeira época de cultivo, o genótipo ASA não foi avaliado por ausência de biomassa foliar adequada.

Figura 12 - Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade *A. xanthorrhiza* segunda época de cultivo. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Concentração interna de CO_2 (C_iCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Taxa de assimilação líquida do carbono ($TAsCO_2$, $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$). UTFPR, Pato Branco, 2023.



* Letras acima da dispersão de caixas individuais indicam agrupamentos significativos de acordo com o Teste de *Tukey* ($P < 0,05$). A mediana é indicada por linhas sólidas em cada caixa, a dispersão de dados é representada pelo intervalo interquartilico. Fonte: Autoria própria (2023).

A análise das trocas gasosas é uma ferramenta essencial para avaliar a adaptação das plantas a ambientes específicos de cultivo. A diminuição na produtividade das plantas pode estar vinculada à redução na atividade fotossintética, sendo essa limitação influenciada por fatores inerentes ao local de cultivo (Paiva *et al.*, 2005; Peixoto *et al.*, 2002). A temperatura desempenha um papel crucial nessas trocas gasosas, sobretudo devido aos seus efeitos adversos na eficiência fotossintética e na alocação de assimilados, com impacto direto na produtividade (Agnolucci *et al.*, 2020; Kerbler e Wigge, 2023).

Para os dados do presente estudo destacam-se os resultados observados para os genótipos Rubia, referente a análise da primeira época de cultivo, e Inca, englobando a segunda época de cultivo. Ambos os genótipos apresentaram maiores médias para a eficiência do uso da água (EUA), concentração interna de CO_2 (CiCO_2), e taxa de assimilação de carbono (TAsCO_2) foliares, indicando uma maior eficiência fotossintética. Adicionalmente, observou-se que os valores de taxa de transpiração (TR) e condutância estomática (CE) foram elevados para ambos os genótipos. Isso sugere uma maior abertura estomática para a assimilação de CO_2 , resultando em uma concentração interna mais elevada de CO_2 , acompanhada simultaneamente pela saída de água no processo transpiratório.

Apesar das taxas transpiratórias mais elevadas, em resposta às altas temperaturas registradas, a eficiência do uso da água (EUA) nesses genótipos se mostrou superior em comparação aos demais genótipos avaliados nas respectivas épocas de cultivo. Assim, embora as plantas dos genótipos Rubia, durante a primeira época de cultivo, e Inca, na segunda época, tenham apresentado uma transpiração mais elevada, tal incremento não teve impacto no fechamento estomático.

A manutenção positiva nas taxas de assimilação de CO_2 (TasCO_2) observada para os genótipos Rúbia (Figura 11C) e Inca (Figura 12C), na primeira e segunda épocas de cultivo, respectivamente, se mostrou diretamente associada a uma maior concentração de CO_2 (CiCO_2) no interior das folhas (Figura 11B e Figura 12B). Tal resposta pode ser desencadeada frente a estresses abióticos, principalmente por altas temperaturas e estresses hídricos, na tentativa de manter o processo fotossintético e preservar a homeostase metabólica (Jadoski *et al.* 2005; Taiz; Geizer, 2017).

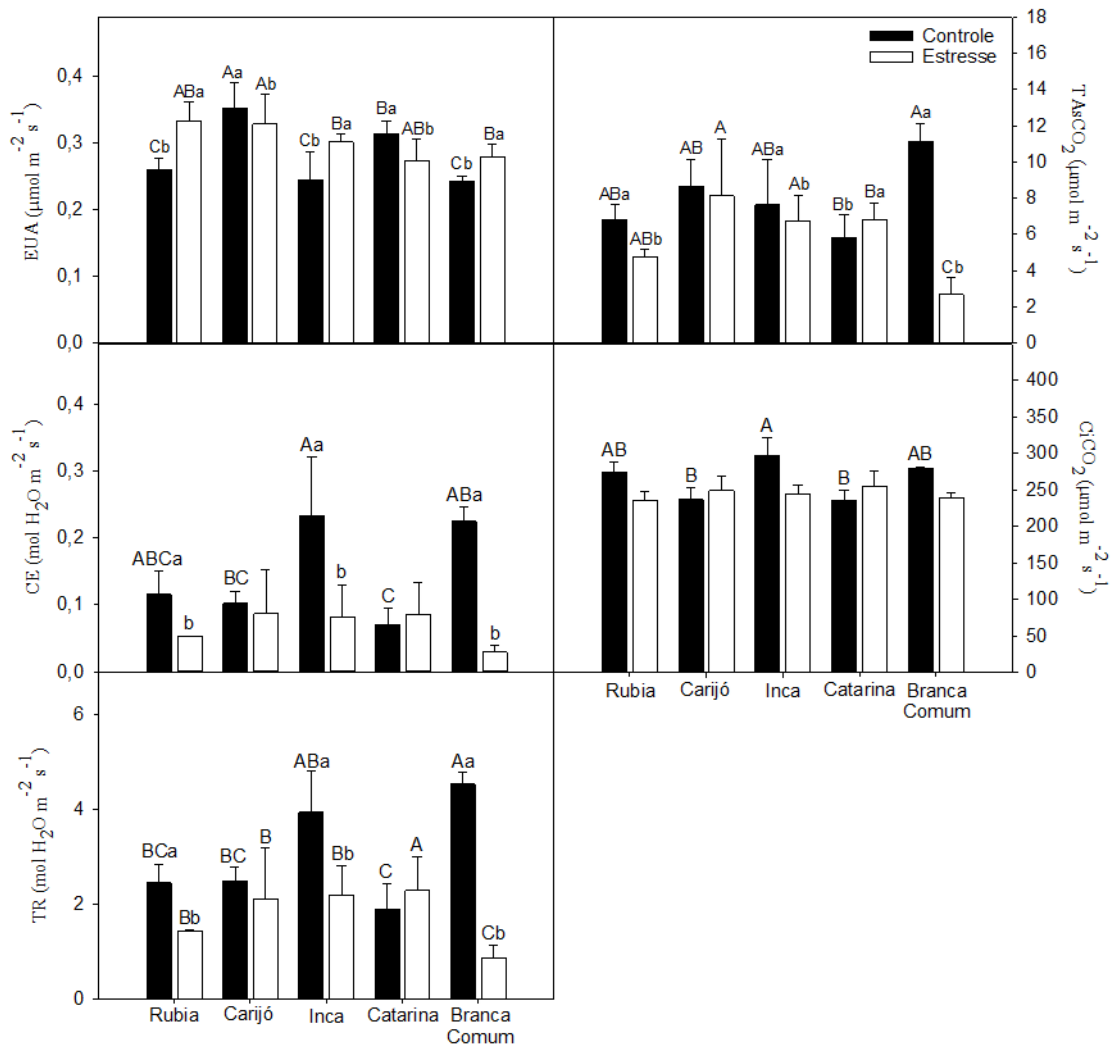
Fraga (2015) destaca que a condutância estomática (CE) é influenciada pelas condições

de evapotranspiração ambiental e é independente da taxa de transpiração (TR), embora possa ser afetada pela mesma. Como mencionado por Bucci *et al.* (2008), Canizares *et al.* (2004) e Silva *et al.* (2021), a transpiração é primariamente influenciada pela temperatura e pela saturação de vapor de água. Em condições semelhantes, variações na transpiração podem indicar um mecanismo estomático com maior ou menor eficiência, sugerindo uma capacidade da planta em economizar água.

Com os resultados da primeira avaliação (18/02) das plantas acondicionadas nas Câmaras de Fitotron® (Figura 13), é possível observar uma tendência de melhor eficiência do uso da água (EUA) no tratamento controle, para os genótipos Carijó e Catarina, enquanto que para os demais genótipos, incrementos no parâmetro foram observados para as plantas submetidas ao estresse térmico (30 °C). Em contrapartida, ambos os genótipos Carijó e Catarina apresentaram um padrão de incremento na concentração interna de CO₂ (CiCO₂) foliar quando estes genótipos foram submetidos ao estresse térmico, padrão oposto ao observado para os demais genótipos avaliados.

A avaliação das taxas transpiratórias (TR) sugere uma tendência de aumento para as plantas do genótipo Catarina quando submetidas ao estresse, que também apresentou uma tendência de incremento para as taxas de assimilação líquida de CO₂ (TAsCO₂), e condutância estomática (CE) sob estresse térmico, quando comparadas as plantas mantidas em condição controle. Dessa forma, os resultados sugerem que plantas do genótipo Catarina quando submetidas a elevadas temperaturas se mostram com uma melhor capacidade de lidar com o estresse, em comparação aos demais genótipos analisados, evidenciado pela tendência de um menor efeito do estresse térmico sobre o fechamento estomático, e manutenção das taxas de assimilação de CO₂ e transpiratórias.

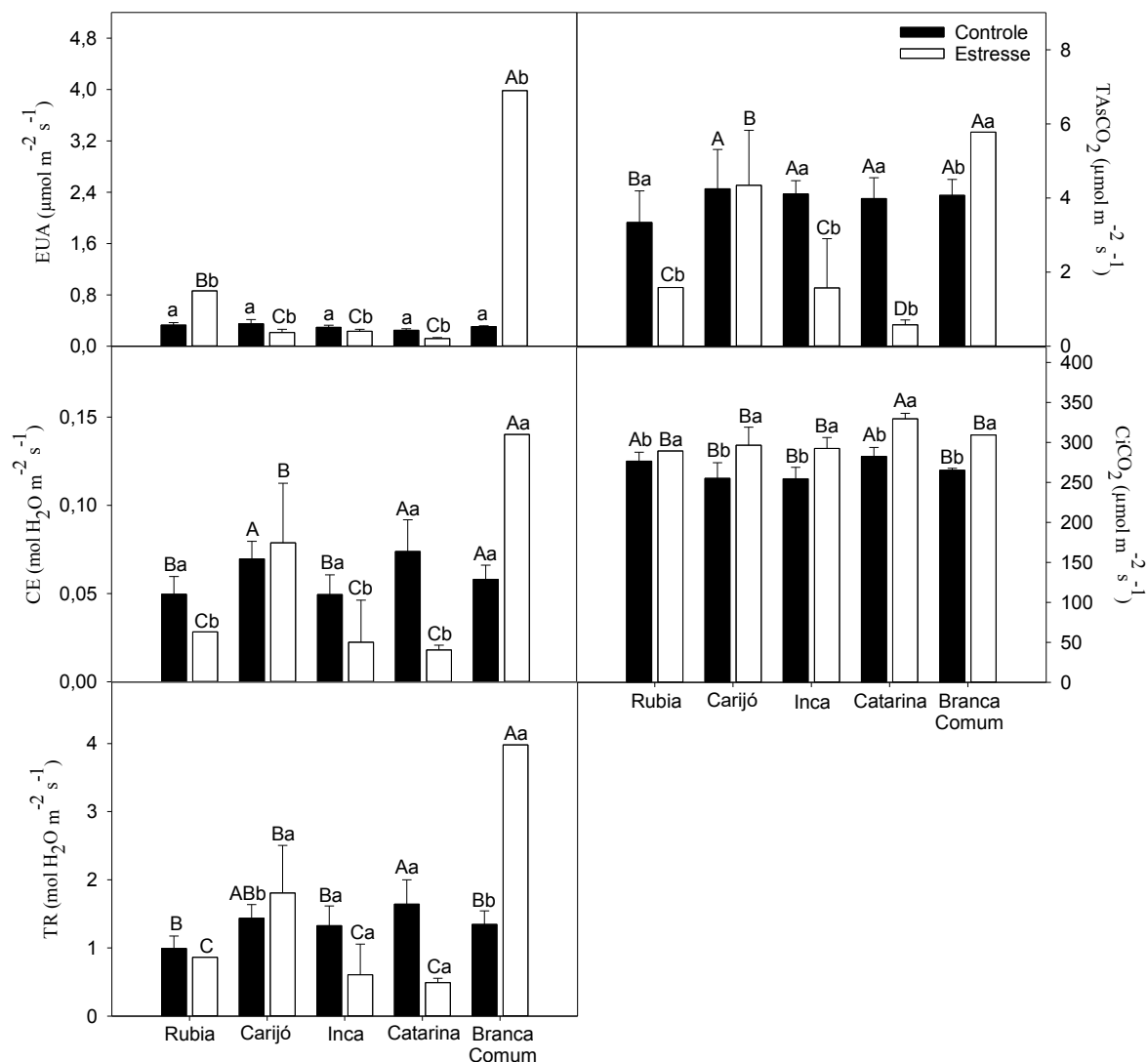
Figura 13 - Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade *A. xanthorrhiza* acondicionadas no Fitotron® na primeira avaliação. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Taxa de assimilação líquida do carbono (TAsCO₂, $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Concentração interna de CO₂ (CiCO₂, $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); UTFPR, Pato Branco, 2023.



Letras acima da dispersão de caixas individuais indicam agrupamentos significativos de acordo com o Teste de *Tukey* ($P < 0,05$). Letras maiúsculas indicam diferença significativa entre os genótipos. Letras minúsculas indicam diferença significativa entre o estresse e o controle.
Fonte: Autoria própria (2023).

Para a segunda avaliação (22/02), observou-se que não houve diferenças marcantes entre os genótipos analisados, com exceção para as plantas do genótipo Branca Comum, que sob condições de estresse apresentaram valores superiores as plantas controle em todos os parâmetros analisados (Figura 14).

Figura 14 - Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade *A. xanthorrhiza* acondicionadas no Fitotron® na segunda avaliação. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Concentração interna de CO_2 (CiCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2}\text{s}^{-1}$); C. Taxa de assimilação líquida do carbono (TAsCO_2 , $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$). UTFPR, Pato Branco, 2023.

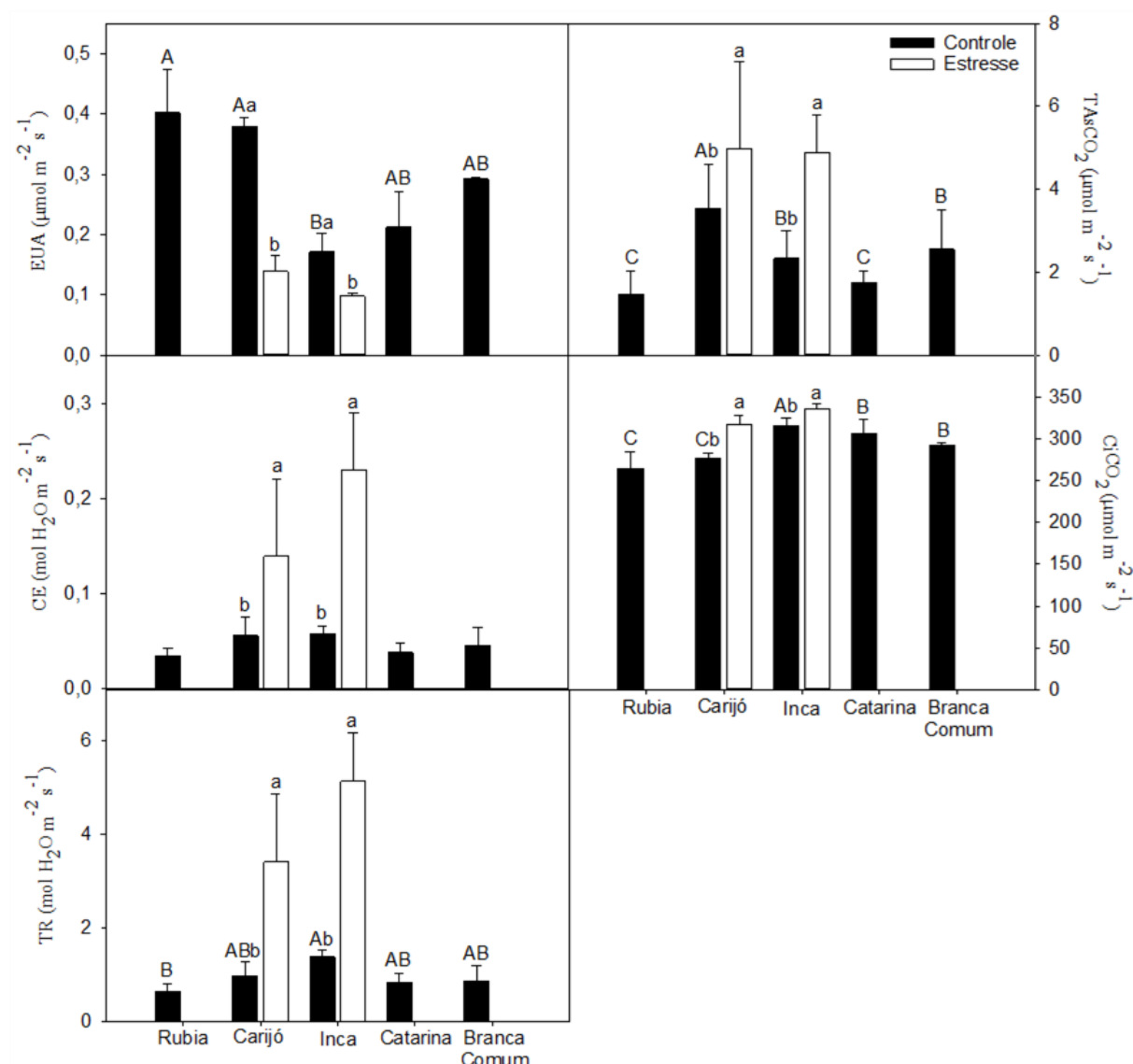


Letras acima da dispersão de caixas individuais indicam agrupamentos significativos de acordo com o Teste de *Tukey* ($P < 0,05$). Letras maiúsculas indicam diferença significativa entre os genótipos. Letras minúsculas indicam diferença significativa entre o estresse e o controle.

Fonte: Autoria própria (2023).

No terceiro ponto de avaliação (26/02), observa-se que a elevada temperatura induzida no grupo de plantas sob estresse comprometeu a sobrevivência de todos os genótipos. Importante mencionar que, neste ponto de análise, apenas as cultivares Carijó e Inca apresentaram plantas para a realização das avaliações de trocas gasosas e fluorescência, o que sugere o potencial desses genótipos em suportar condições climáticas com altas temperaturas. Com exceção do parâmetro de eficiência do uso da água (Figura 15), todos os demais parâmetros analisados evidenciam que as plantas sob estresse se apresentam superiores às plantas mantidas sob condição controle, com destaque para condutância estomática, onde a eficiência em plantas sob estresse se destaca sob as demais, muito provavelmente devido à mudança na relação fonte dreno, ocasionada pela morte de folhas que consequentemente tornou as folhas restantes mais eficientes.

Figura 15 - Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade *A. xanthorrhiza* acondicionadas no Fitotron® na terceira avaliação. A. Eficiência do uso da água ($\text{EUA } \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Taxa de assimilação líquida do ($\text{TAsCO}_2, \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Condutância estomática ($\text{CE mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Concentração interna de CO_2 ($\text{CiCO}_2, \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Transpiração ($\text{TR, mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); UTFPR, Pato Branco, 2023.

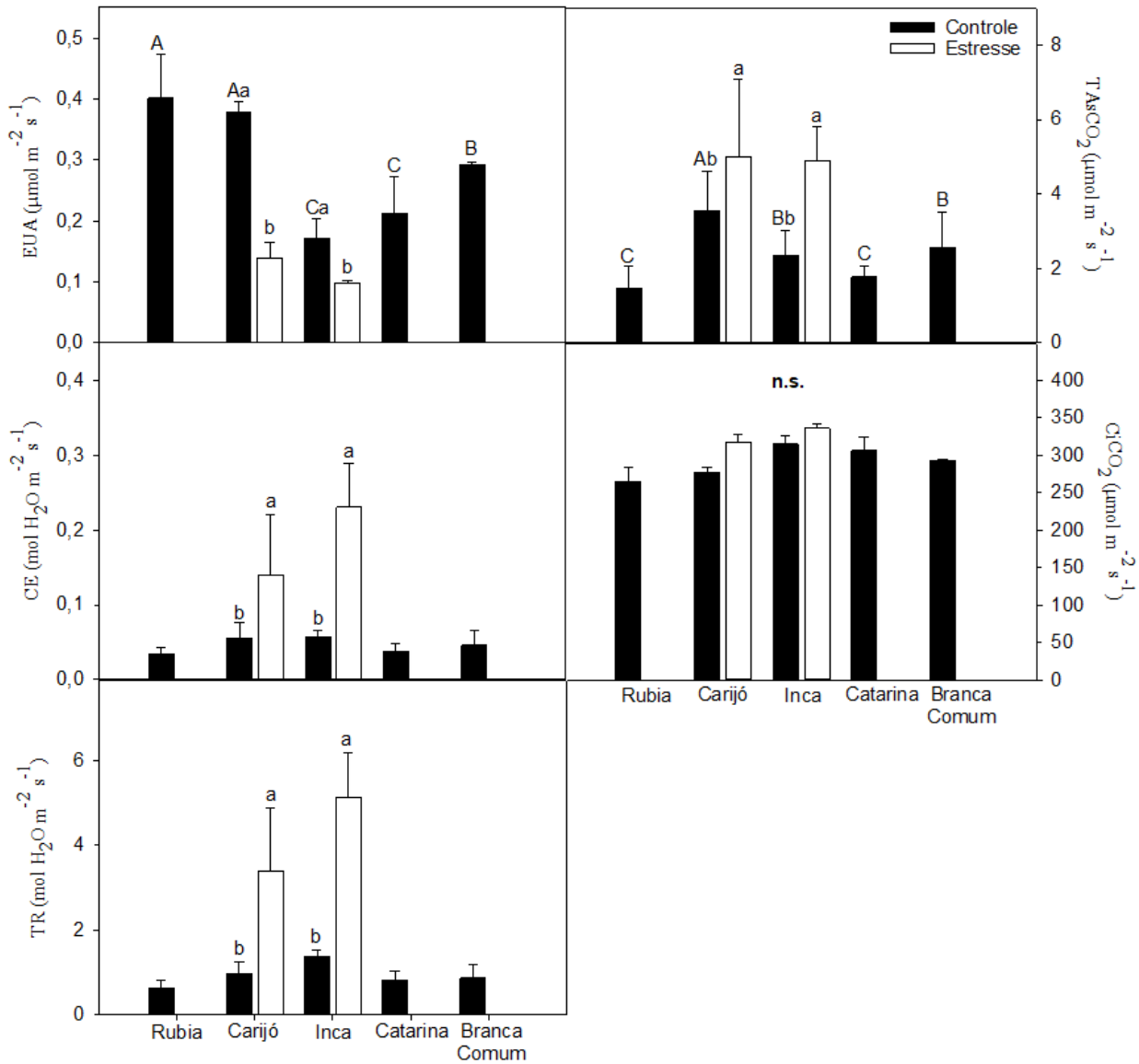


Letras acima da dispersão de caixas individuais indicam agrupamentos significativos de acordo com o Teste de *Tukey* ($P < 0,05$). Letras maiúsculas indicam diferença significativa entre os genótipos. Letras minúsculas indicam diferença significativa entre o estresse e o controle.
 Fonte: Autoria própria (2023).

Para a quarta e última avaliação (03/03) (Figura 16) as plantas sob estresse seguiram o mesmo padrão observado no terceiro ponto de avaliação. Destaque para os valores obtidos taxa de assimilação líquida do carbono, condutância estomática e transpiração, onde as plantas sob estresse apresentaram maiores taxas sendo superiores as plantas controle. Ao fim do experimento que simulou o estresse térmico por altas temperaturas, observa-se que os genótipos Carijó e Inca foram os que maistoleraram os efeitos do estresse, já que ao fim do experimento ainda haviam

plantas para serem avaliadas no ambiente com temperatura de 30 °C.

Figura 16 - Parâmetros de trocas gasosas e fluorescência em folhas com oito meses de idade *A. xanthorrhiza* acondicionadas no Fitotron® na quarta avaliação. A. Eficiência do uso da água (EUA $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); B. Taxa de assimilação líquida do (TAsCO₂, $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); C. Condutância estomática (CE $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); D. Concentração interna de CO₂ (CiCO₂, $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$); E. Transpiração (TR, $\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}$); UTFPR, Pato Branco, 2023.



Letras acima da dispersão de caixas individuais indicam agrupamentos significativos de acordo com o Teste de *Tukey* ($P < 0,05$). Letras maiúsculas indicam diferença significativa entre os genótipos. Letras minúsculas indicam diferença significativa entre o estresse e o controle.

Fonte: Autoria própria (2023).

Pontes *et al.* (2014) observaram que após a avaliação de trocas gasosas, parâmetros como fotossíntese, condutância estomática e transpiração não foram influenciados pelo incremento de temperatura, o que contrasta com os resultados do presente estudo, onde a temperatura foi o principal fator de influência no estabelecimento das trocas gasosas e da capacidade de sobrevivência das plantas analisadas.

As plantas quando estão sob algum tipo de estresse de modo geral, reduzem sua condutância estomática e taxas de transpiração, de modo a otimizar a eficiência do uso da água e a manutenção da sua sobrevivência. Quando não há falta de água o aumento da condutância estomática e da transpiração são mecanismos importantes para o resfriamento foliar (Guihur *et al.*, 2022). Nessas condições, a taxa de fotossíntese também acaba sendo negativamente impactada (Ferraz *et al.*, 2012), o que não foi observado com os genótipos sobreviventes, Carijó e Inca, acondicionados no ambiente sob estresse térmico, que apresentaram ao final da avaliação, maiores EUA, CE e TR (Figura 16). Além disso, não foi observada redução da taxa de assimilação líquida de CO₂. Tais respostas podem estar associadas a uma melhor reprogramação desses genótipos frente ao estresse induzido, permitindo a manutenção da capacidade fotossintética, mesmo com uma menor abertura estomática e com menor conteúdo de CO₂ nos espaços intercelulares, sem, contudo, comprometer a sobrevivência dos mesmos.

De forma geral, para os dados de trocas gasosas, os genótipos Rúbia, primeira época de cultivo, Inca, segunda época de cultivo, e Carijó e Inca, acondicionadas no ambiente estressante nas câmaras de Fitotron®, apresentaram elevadas taxas transpiratórias (TR) e alta condutância estomática (CE), características estas, que permitem que uma planta assimile mais CO₂ da atmosfera através dos estômatos, impactando positivamente o processo fotossintético. No entanto, é importante ressaltar que a maior abertura estomática também resulta em maior perda de água na forma de vapor d'água, conhecida como transpiração, limitando a eficiência no uso da água. Contudo, vale ressaltar que plantas adaptadas a ambientes secos e quentes frequentemente desenvolvem ajustes metabólicos regulatórios de modo a utilizar água de forma eficiente e otimizar este parâmetro, permitindo a manutenção e maximização das taxas de fotossíntese, associadas a uma maior concentração de CO₂ foliar (Martinez *et al.*, 2015).

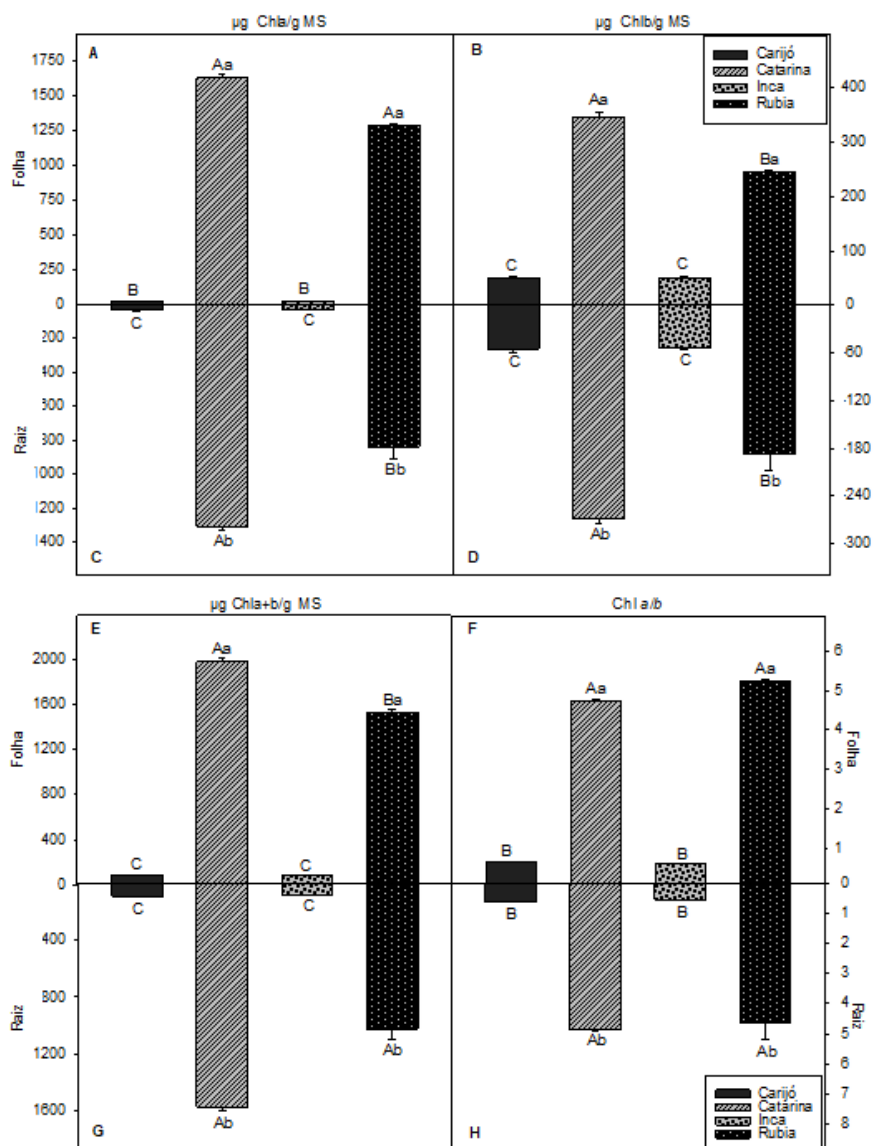
Dessa forma, com base em todos os resultados observados, os padrões exibidos pelos genótipos sobreviventes, Carijó e Inca, sugerem um indicativo de uma melhor capacidade

adaptativa destas plantas a ambientes quentes e secos, onde a disponibilidade de água é limitada. Essas características são estratégias cruciais para otimizar a captação de CO₂ para o processo fotossintético, ao mesmo tempo em que minimiza a perda de água nos momentos de maiores flutuações de temperatura (Broetto, Gomes, Joca, 2022; Mendoza, 2002).

5.3.2 Análises bioquímicas

A fim de melhor compreender a extensão das respostas metabólicas dos genótipos frente a condição de elevada temperatura, avaliou-se os níveis de metabólitos relacionados aos metabolismos do carbono e nitrogênio da parte aérea e sistema radicular de plantas cultivadas a campo. Para o conteúdo de pigmentos como clorofila a, clorofila b, clorofila a+b, razão clorofila a/b, os genótipos Carijó e Inca exibiram conteúdo inferiores as cultivares Catarina e Rúbia, tanto para a parte aérea folhas quanto para o sistema radicular (Figura 17).

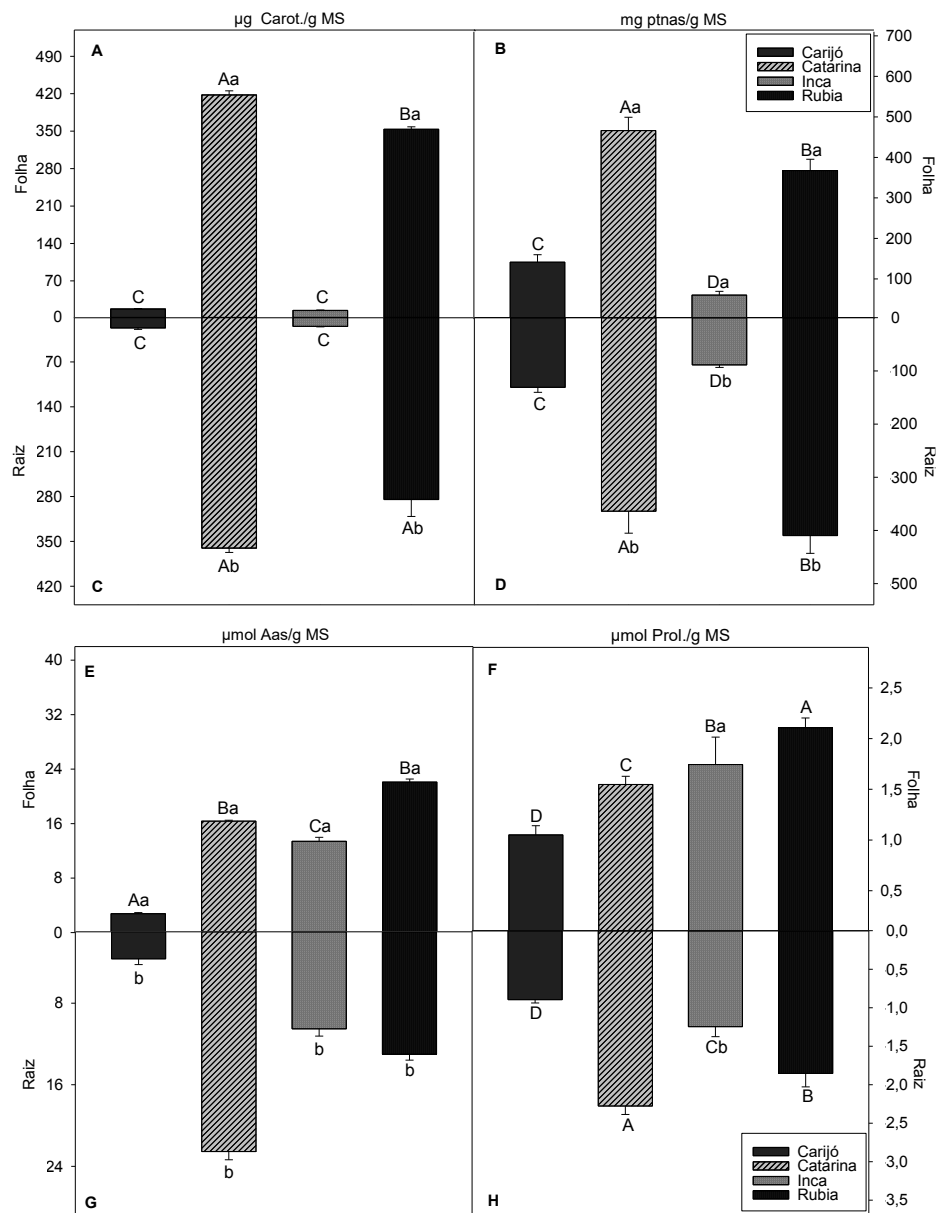
Figura 17 - Níveis de pigmentos extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E e F) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C, D, G e H) de *A. xanthorrhiza* com oito meses de idade, primeira época de cultivo. A e C. Clorofila a; B e D. Clorofila b; E e G. Clorofila a+b; F e H. Razão entre Clorofilas a/b. UTFPR, Pato Branco, 2023.



As barras representam a média + EP. As letras maiúsculas denotam diferenças significativas entre os genótipos e, as letras minúsculas denotam diferenças significativas entre folha e raiz pelo teste *Tukey* ($P \leq 0,05$). Fonte: Autoria própria (2023).

Em relação ao conteúdo de carotenóides, proteínas e aminoácidos, observa-se um mesmo padrão de níveis mais elevados nas plantas dos genótipos Catarina e Rubia, em comparação aos demais genótipos avaliados (Figura 18). Houve destaque para o conteúdo do aminoácido prolina, que exibiu um aumento progressivo e expressivo nos genótipos Carijó, Catarina, Inca e Rubia, respectivamente. O conteúdo de prolina livre acumulada nas plantas pode variar de acordo com o estágio vegetativo, o tipo de órgão/tecido e, principalmente, entre os genótipos/espécies avaliados (Queiroz, 2006).

Figura 18 - Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E e F) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C, D, G e H) de *A. xanthorrhiza* com oito meses de idade, primeira época de cultivo. A e C. Carotenoide; B e D. Proteínas solúveis totais; E e G. Aminoácidos livres totais; F e H. Prolina. UTFPR, Pato Branco, 2023.



As barras representam a média + EP. As letras maiúsculas denotam diferenças significativas entre os genótipos e, as letras minúsculas denotam diferenças significativas entre folha e raiz pelo teste *Tukey* ($P \leq 0,05$). Fonte: Autoria própria (2023).

Lima (2014) avaliou a produção de clorofilas em duas variedades de mandioca cultivadas sob diferentes manejos e em competição com plantas daninhas. Os resultados do estudo sugerem que o tipo de manejo teve um impacto significativo nos conteúdos de clorofila a, clorofila b e consequentemente no conteúdo total. O período de competição avaliado teve efeitos significativos no conteúdo de clorofila a, clorofila b, total e também no conteúdo de

carotenoides; com diferenças observadas nas interações entre variedade e período avaliado, para o conteúdo global de pigmentos. Esses resultados sugerem que os pigmentos fotossintéticos, especialmente as clorofilas, podem ser influenciados pelo manejo, pelos períodos de convivência com plantas daninhas e pela exposição das folhas a luz. No entanto, é importante ressaltar que o conteúdo superior de pigmentos não implica necessariamente em plantas mais produtivas quando cultivadas em sistema de cultivo, uma vez que é preciso considerar também a área foliar que cada genótipo pode atingir, bem como outros fatores fisiológicos e nutricionais (Veríssimo *et al.*, 2010).

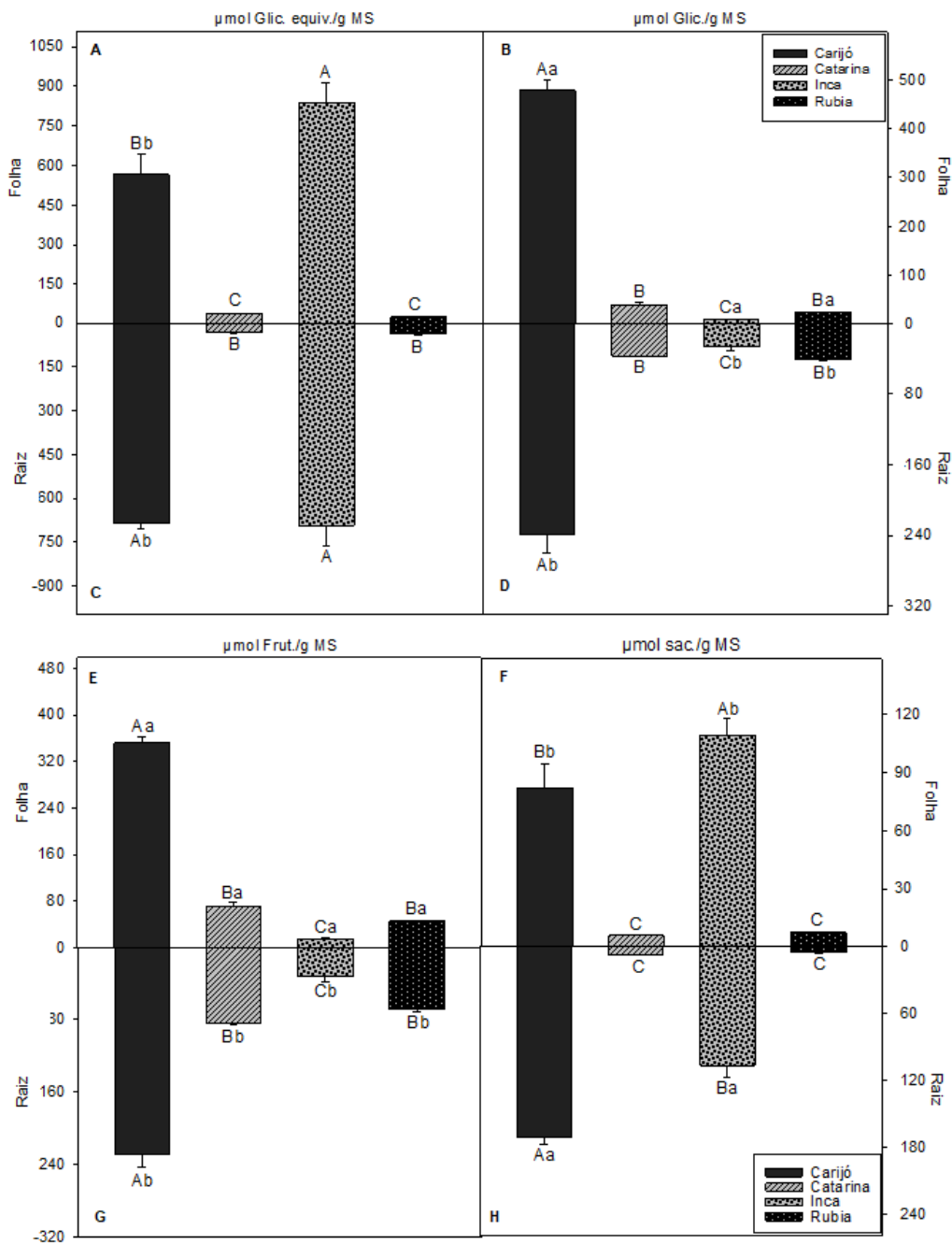
Do Carmo e Leonel (2012) em avaliação da composição físico-química de clones de mandioquinha-salsa, verificaram que as concentrações de proteína bruta encontradas nas amostras de mandioquinha-salsa foram significativamente maiores para o clone BGH 4560 (0,68 g 100 g⁻¹ de raiz), em comparação com os clones BGH5744 (0,39 g 100 g⁻¹ de raiz) e BGH 5746 (0,41 g 100g⁻¹ de raiz), que apresentaram resultados inferiores, sem diferença significativa entre si. Além disso, esses clones mostraram-se inferiores em comparação aos resultados apresentados por Chiebao (2008), que obteve um resultado semelhante ao do genótipo 'Amarela de Senador Amaral' (0,67 g 100g⁻¹ de raiz), o cultivar de mandioquinha-salsa mais comercializado no Brasil. O conteúdo protéico é um fator associado ao fortalecimento da estrutura das massas fabricadas a base de amido (Cereda; Vilpoux, 2003). Sendo assim, BGH 4560 e 'Amarela de Senador Amaral' poderiam ser os melhores materiais indicados para essa finalidade. Contudo, as proteínas acumuladas contêm baixos teores de diversos aminoácidos essenciais, condição comum para raízes e tubérculos (Nunes *et al.*, 2010).

Dessa forma, com base nos resultados do presente estudo, os genótipos Rubia e Catarina seriam os mais indicados para tal finalidade, sugerido pelos maiores conteúdos de proteínas e aminoácidos totais observados para tais genótipos. Contudo, vale mencionar que os níveis muito baixos de alguns aminoácidos essenciais como lisina e leucina nas raízes de tuberosas, tal qual as mandioquinha-salsa, podem limitar o valor biológico e nutricional protéico desse alimento, considerados aminoácidos limitantes em diversas culturas (Gomes, 2010; Galili *et al.*, 2013) e alvos de inúmeras tentativas de fortificação via ferramentas de melhoramento genético (Wang *et al.*, 2017).

A avaliação do conteúdo de açúcares de plantas de *A. xanthorrhiza* na primeira época de cultivo, demonstrou que o conteúdo de amido (glicose equivalente), se mostrou incrementado nos genótipos Carijó e Inca, em comparação aos genótipos Catarina e Rubia. O conteúdo de glicose apresentou um valor alto e marcante para o genótipo Carijó, atingindo valores superiores a 400 µmol/g nas folhas e 240 µmol/g no sistema radicular. Já sacarose apresentou valores mais

altos nos genótipos Inca e Carijó, sendo este último também acumulando mais frutose em comparação aos demais genótipos (Figura 19).

Figura 19 - Níveis de açúcares redutores (glicose e frutose), sacarose e amido extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E e F) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C, D, G e H) de *A. xanthorrhiza* com oito meses de idade, primeira época de cultivo. A e C. Glicose equivalente; B e D. Glicose; E e G. Frutose; F e H. Sacarose. UTFPR, Pato Branco, 2023.



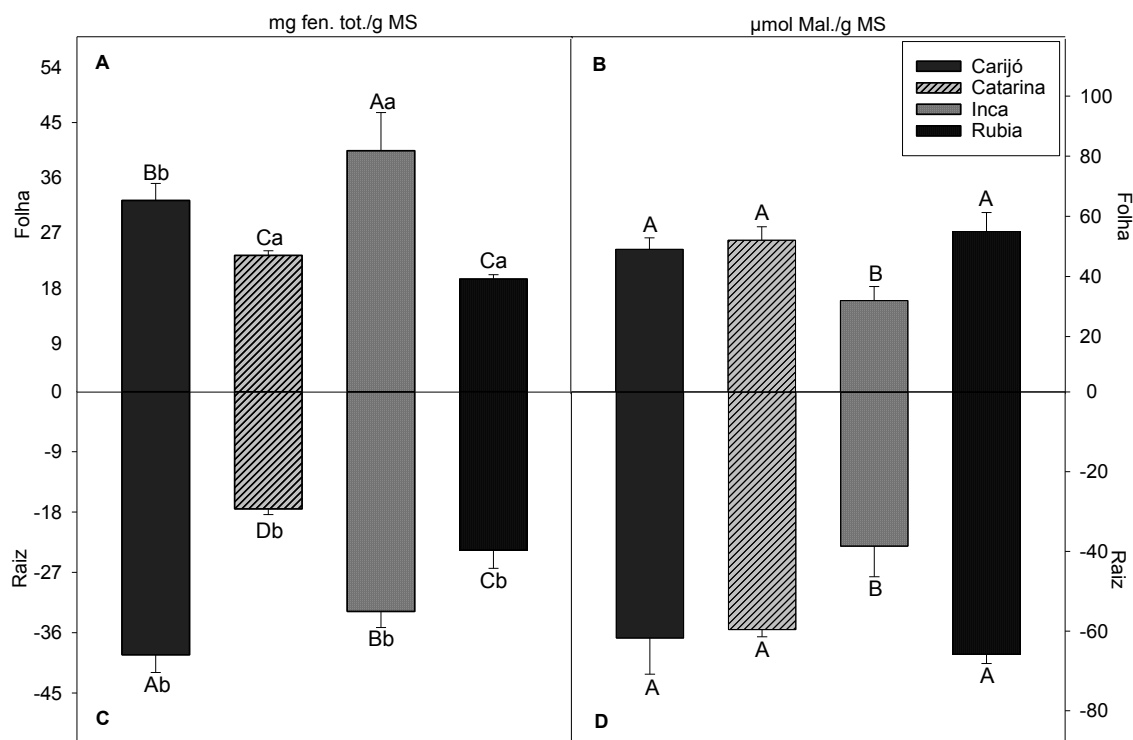
As barras representam a média + EP. As letras maiúsculas denotam diferenças significativas entre os genótipos e, as letras minúsculas denotam diferenças significativas entre folha e raiz pelo teste *Tukey* ($P \leq 0,05$). Fonte: Autoria própria (2023).

O conteúdo de açúcares redutores (glicose e frutose) impactam significativamente as características organolépticas dos produtos, alterando principalmente a aparência e o sabor dos alimentos. Contudo, é um tema pouco abordado para mandioquinha-salsa em literatura. No estudo de Carmo e Leonel (2012), os teores de açúcares redutores variaram de 0,30 g 100g⁻¹ (ASA) a 1,17 g 100g⁻¹ (BGH 5746), diferindo entre os cultivares. Em um estudo anterior, o conteúdo de açúcares redutores em mandioquinha-salsa observado por Leonel e Sarmiento (2008) apresentou resultado mais próximo ao descrito para ‘Amarela de Senador Amaral’ (0,30 g 100g⁻¹). Importante mencionar que alimentos contendo alto conteúdo de açúcares redutores e proteínas podem sofrer escurecimento via reação de Maillard, com formação de compostos voláteis como CO₂ e compostos carbonílicos, além de produtos intermediários como furaldeído e hidroximetilfurfural (Finot, 2005; Shibao e Bastos, 2011). Sendo assim, para o estudo em questão, o genótipo Carijó teria uma maior sugestão de interferência em suas características de mercado, demandando futuros estudos em relação ao impacto em suas características organolépticas frente ao seu conteúdo metabólico.

A mandioquinha-salsa é uma fonte de amido com características especiais de digestibilidade para humanos, se mostrando interessante para animais domésticos; além de ser matéria-prima para indústrias processadoras de diferentes produtos. Pereira (1997) encontrou valores de amido entre 16,91-25,49 g 100g⁻¹, enquanto que Carmo e Leonel (2012) observaram variações no conteúdo de amido na faixa de 14,96 g 100g⁻¹ (BGH 7609) a 21,41 g 100g⁻¹ (BGH 5741). Nos vegetais, os principais fotoassimilados acumulados como reserva energética são a sacarose e o amido. A partir disso, os resultados do estudo demonstram um maior acúmulo de amido para os genótipos Carijó e Inca (Figura 20), sugerindo uma maior capacidade de acúmulo desses açúcares (primário nas folhas e de reserva nas raízes).

Para fenóis totais, observou-se valores mais altos para os genótipos Carijó e Inca, tanto para as folhas quanto para o sistema radicular (Figura 20). Enquanto que o conteúdo de malato apresentou-se com padrões similares entre os genótipos, com exceção do genótipo Inca, que obteve valores baixos deste ácido orgânico tanto para folhas, quanto o sistema radicular (Figura 20). O papel do malato em plantas C3 se dá na forma de soluto que reduz potencial osmótico e contribui para abertura/fechamento estomático (Taiz; Zeiger, 2013). O malato é um ácido orgânico que sob condições de estresse abiótico age como um intermediário da respiração celular, por essa razão é que talvez seus maiores teores se encontram nas raízes das plantas avaliadas no estudo (Liang *et al.*, 2013; Song *et al.*, 2021).

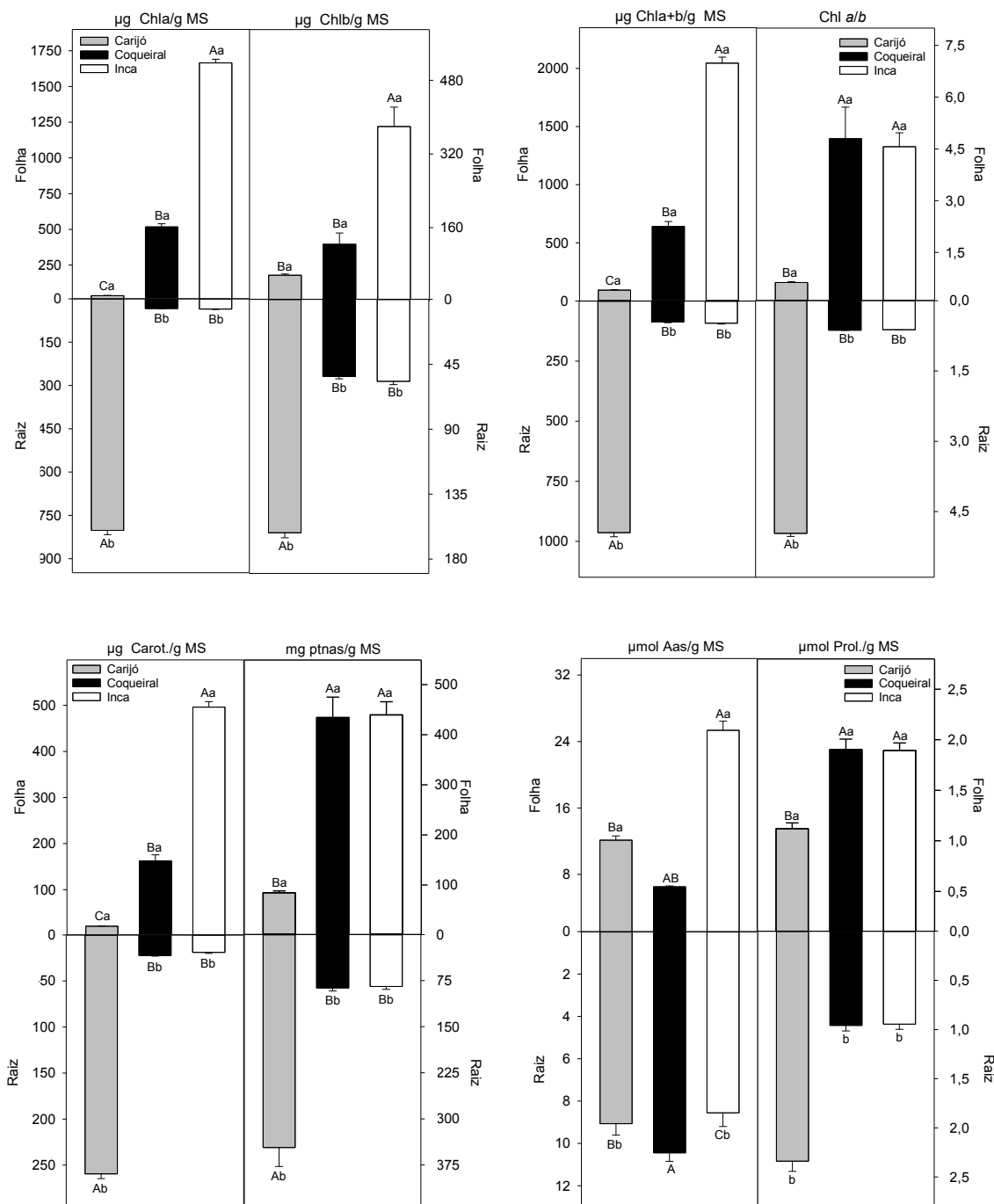
Figura 20 - Níveis de fenóis totais e malato extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E e F) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C, D, G e H) de *A. xanthorrhiza* com oito meses de idade, primeira época de cultivo. A e C. Fenóis totais; B e D. Malato. UTFPR, Pato Branco, 2023.



As barras representam a média + EP. As letras maiúsculas denotam diferenças significativas entre os genótipos e, as letras minúsculas denotam diferenças significativas entre folha e raiz pelo teste *Tukey* ($P \leq 0,05$). Fonte: Autoria própria (2023).

As quantificações de metabólitos para a segunda época de cultivo mostraram que o genótipo Carijó apresentou maiores conteúdos de clorofila a, clorofila b, clorofila a+b, razão clorofila a/b, carotenóides e proteínas totais no sistema radicular em relação as folhas. De maneira oposta, os genótipos Coqueiral e Inca apresentaram maiores concentrações dos mesmos metabólitos nas folhas, em comparação com as raízes. Os aminoácidos tiveram maior conteúdo nas raízes, com destaque como exceção, para o conteúdo superior de aminoácidos foliar para o genótipo Carijó (Figura 21), enquanto que para o mesmo genótipo, a concentração de prolina foi maior no sistema radicular. Para os genótipos Coqueiral e Inca, prolina se apresentou incrementada na parte aérea, em comparação com os demais genótipos (Figura 22).

Figura 21 - Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E, F, I, J, M e N) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C, D, G, H, K, L, O e P) *A. xanthorrhiza*, com oito meses de idade, segunda época de cultivo. A e C. Clorofila a; B e D. Clorofila b; E e G. Clorofila a+b; F e H. Razão entre Clorofilas a/b; I e K. Carotenoides; J e L. Proteínas solúveis totais; M e O. Aminoácidos livres totais; N e P. Prolina. UTFPR, Pato Branco, 2023.



As barras representam a média + EP. As letras maiúsculas denotam diferenças significativas entre os genótipos e, as letras minúsculas denotam diferenças significativas entre folha e raiz pelo teste *Tukey* ($P \leq 0,05$). Fonte: Autoria própria (2023).

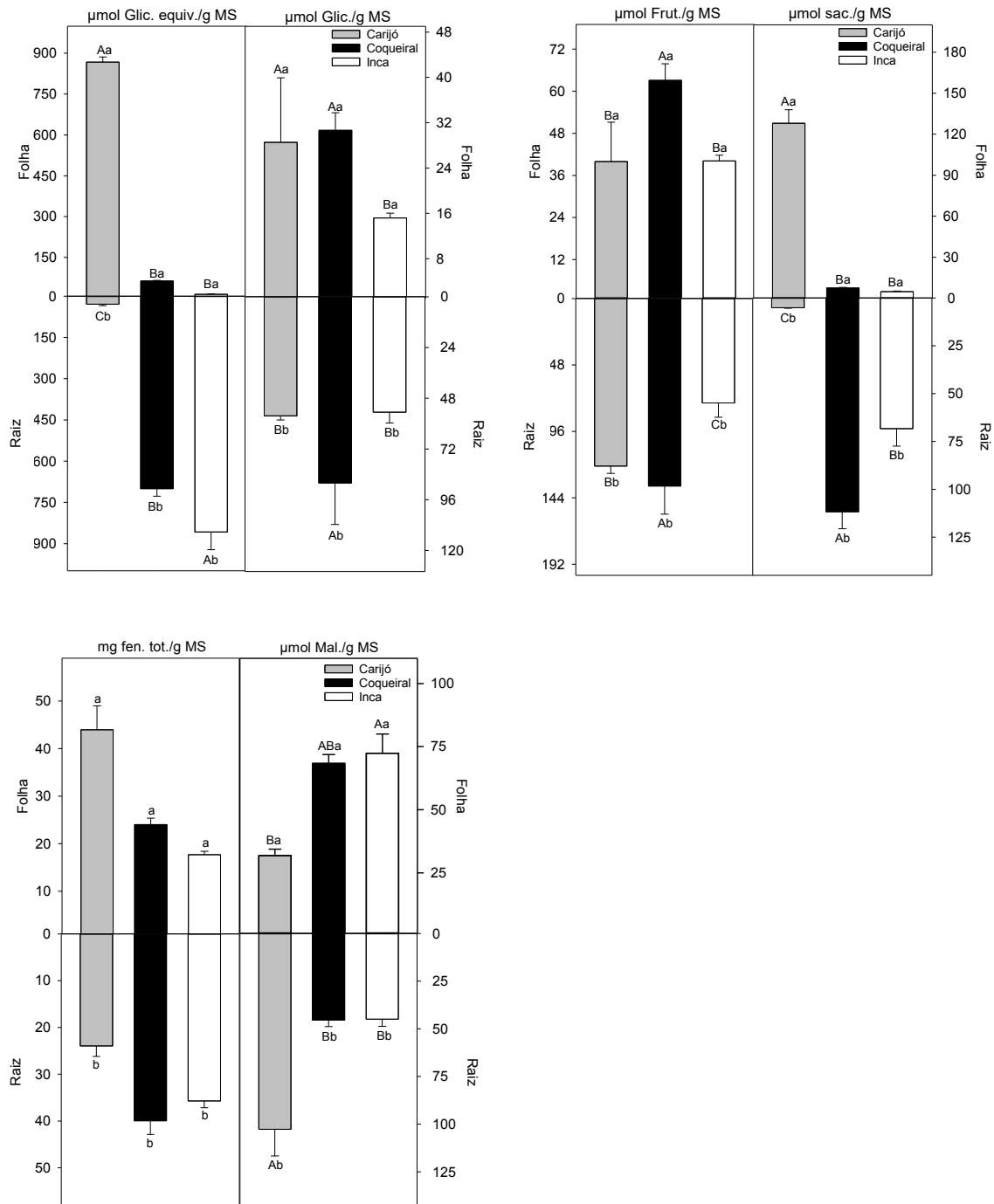
A preferência de alocação de pigmentos no sistema radicular nas plantas de Carijó, pode indicar uma estratégia de sobrevivência deste genótipo e, maximizando a produção de energia via captação de luz, nas condições específicas em que está crescendo. É importante observar que essas adaptações podem variar dependendo do ambiente, e as plantas têm a capacidade de ajustar a alocação de pigmentos foliares de acordo com as condições de crescimento predominantes, onde a exposição a luz pode ser limitada (Croft *et al.*, 2021).

Os carotenóides são pigmentos acessórios que desempenham um papel importante na proteção contra o estresse oxidativo e na absorção de luz em diferentes partes do espectro, incluindo cores como o amarelo e o laranja. A presença de carotenóides nas raízes em elevado conteúdo pode estar associada à mecanismos de proteção contra danos causados pela luz, especialmente em ambientes em que as raízes podem ser mais expostas e suscetíveis a tais condições nocivas (Zulfiqar *et al.*, 2021; Stra *et al.*, 2023).

Em relação ao conteúdo de açúcares, o amido (glicose equivalente) apresentou-se com maiores teores em folhas do genótipo Carijó e maior teor nas raízes de Coqueiral e Inca. Os açúcares redutores glicose e frutose apresentaram padrões similares entre os genótipos, com destaque para o genótipo Coqueiral, que apresentou maior incremento destes metabólitos tanto para folhas quanto sistema radicular. Em contrapartida, a sacarose se apresentou com maiores conteúdos nas folhas do genótipo Carijó e nas raízes de Coqueiral e Inca (Figura 22).

Os valores de fenóis totais apresentam-se mais elevados nas folhas do genótipo Carijó, assim como observado para a primeira época de cultivo (Figura 20) e nas raízes dos genótipos Coqueiral e Inca (Figura 22). Padrão oposto foi observado para os níveis de malato nas raízes do genótipo Carijó, com níveis elevados; enquanto que os genótipos Coqueiral e Inca acumularam este ácido orgânico preferencialmente nas folhas (Figura 22).

Figura 22 - Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central (A, B, E, F, I, J, M e N) e extraídos de discos do terço médio central das raízes de plantas (C, D, G, H, K, L, O e P) de *A. xanthorrhiza*, com oito meses de idade, segunda época de cultivo. A e C. Glicose equivalente; B e D. Glicose; E e G. Frutose; F e H. Sacarose; I e K. Fenóis totais; J e L. Malato. UTFPR, Pato Branco, 2023.



As barras representam a média + EP. As letras maiúsculas denotam diferenças significativas entre os genótipos e, as letras minúsculas denotam diferenças significativas entre folha e raiz pelo teste *Tukey* ($P \leq 0,05$). Fonte: Autoria própria (2023).

A mandioquinha-salsa é uma cultura produzida em diversos estados brasileiros, porém, como é comercializada para consumo direto, não existem estudos sobre a seleção de variedades, condições de plantio e época de colheita que visem obter um melhor rendimento em conteúdo de amido. No entanto, é importante considerar o processamento dessa matéria-prima para a obtenção deste metabólito, sobretudo devido ao mercado de alimentos infantis, visto que seu acúmulo depende da constituição morfológica e fisiológica da planta, bem como de fatores ambientais, como a disponibilidade de nutrientes no solo (Rocha *et al.*, 2008).

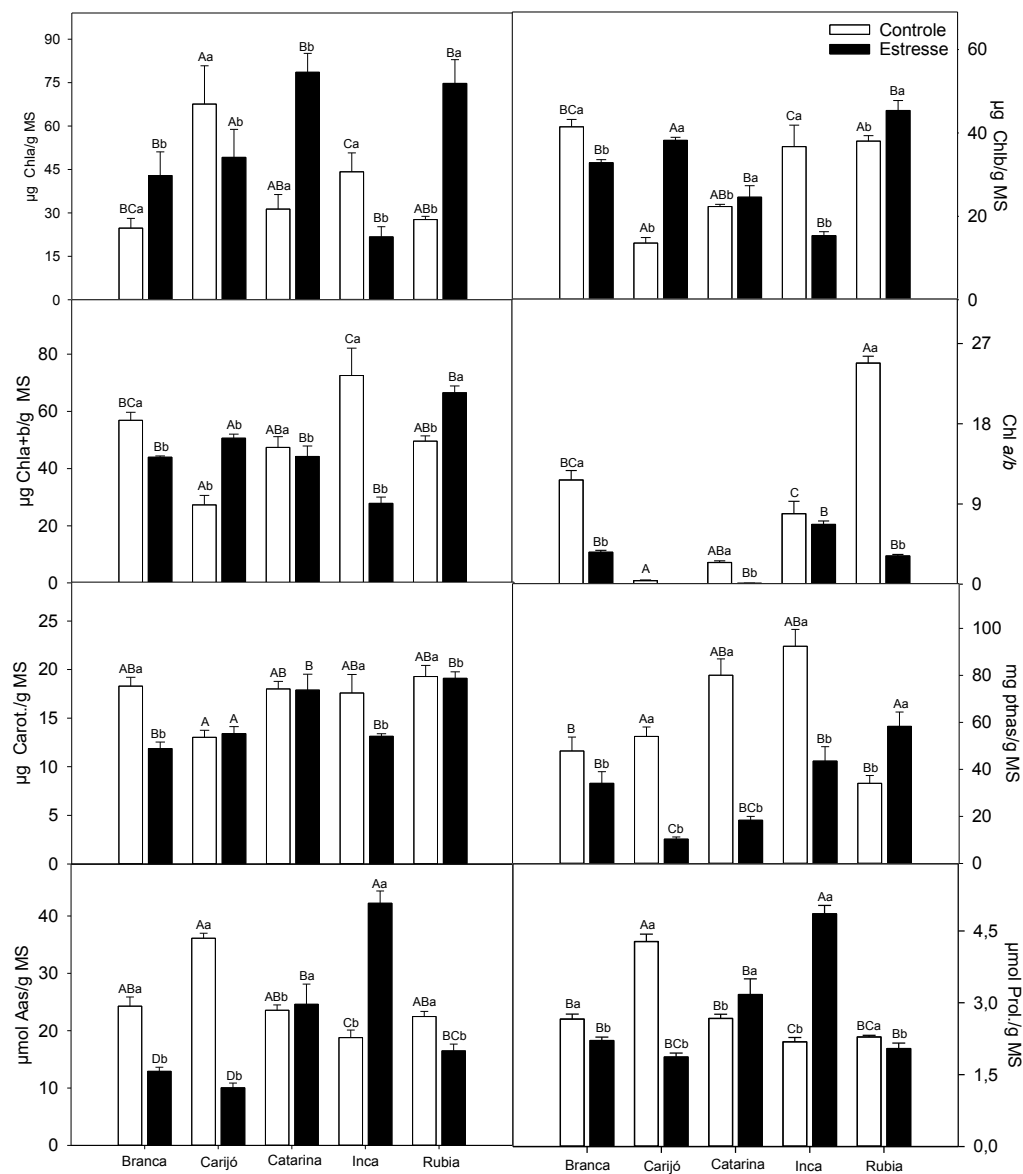
Para o estudo em questão observa-se que o genótipo Carijó, apresentou maior acúmulo de amido e sacarose nas folhas do que no seu sistema radicular, sugerindo uma alocação atípica de recursos na planta, normalmente associada a condições de estresse ambiental. Neste cenário, o acúmulo preferencial de amido na parte aérea pode indicar uma estratégia da planta para garantir a manutenção da obtenção de recursos necessários para a sua sobrevivência frente a condições adversas. Sendo assim, a planta acumula amido foliar para assegurar um suprimento de energia localizado, possivelmente para sustentar a produção de energia e nutrientes na raiz quando as condições ótimas forem restabelecidas. É importante lembrar que esse acúmulo atípico de amido nas folhas não é a situação ideal para a planta, pois o amido nas raízes é mais facilmente acessível como fonte energética.

A análise de metabólitos para as plantas cultivadas no Fitotron®, evidenciou que os teores de clorofila nos genótipos Branca, Catarina e Rubia apresentaram-se mais elevados nas plantas sob estresse térmico (Figura 23), enquanto para a clorofila b, as mesmas apresentaram valores mais altos nas plantas controle, com exceção do genótipo Rubia. Clorofila a+b, para os genótipos Branca e Inca apresentaram maiores concentrações nas plantas sob condição controle, enquanto que o genótipo Catarina se apresentou praticamente em igual conteúdo tanto no controle quanto em plantas sob estresse. Para os genótipos Carijó e Rubia, as plantas sob estresse apresentaram maiores concentrações de clorofilas totais. Na relação clorofila a/b, em todas os genótipos houve maiores conteúdos nas plantas controle, com destaque para os genótipos Branca e Rubia. Os carotenóides nos genótipos Branca e Inca apresentaram-se mais elevados nas plantas controle, enquanto que para os demais genótipos, apresentaram níveis similares.

As plantas do genótipo Rubia sob estresse térmico exibiram elevada concentração de proteínas totais, enquanto que para os demais genótipos, as plantas sob condição controle tiveram seu conteúdo mais elevado, com destaque para os genótipos Catarina e Inca. A concentração de aminoácidos livres também teve destaques para as plantas controle – Branca, Carijó (maior concentração dentre os genótipos controle) e Rúbia – o genótipo Catarina apresentou-se com

níveis similares entre controle e estresse. Já o genótipo Inca apresentou conteúdo de aminoácidos livres bastante incrementado nas plantas submetidas ao estresse térmico.

Figura 23 - Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central de plantas de *A. xanthorrhiza* com oito meses de idade acondicionadas no Fitotron®. A. Clorofila a; B. Clorofila b; C. Clorofila a+b; D. Razão entre Clorofilas a/b; E. Carotenoides; F. Proteínas solúveis totais; G. Aminoácidos livres totais; H. Prolina. UTFPR, Pato Branco, 2023.



Letras acima da dispersão de caixas individuais indicam agrupamentos significativos de acordo com o Teste de *Tukey* ($P < 0,05$). Letras maiúsculas indicam diferença significativa entre os genótipos. Letras minúsculas indicam diferença significativa entre o estresse e o controle.

Fonte: Autoria própria (2023).

Quando submetidas a condições de estresse, o conteúdo de proteínas totais foliar tende a reduzir com a progressão e severidade da condição, diretamente relacionado ao maior turnover destes compostos nitrogenados. Em estresses por elevadas temperaturas há ainda o impacto da temperatura na estabilidade e função das mesmas, onde a desnaturação protéica acaba favorecendo a sua marcação para degradação (Silva *et al.*, 2010; Araújo *et al.*, 2011), em concordância com os resultados observados, onde as plantas sob condição controle apresentaram maior conteúdo de proteínas totais, em comparação com as plantas submetidas ao estresse (Figura 23).

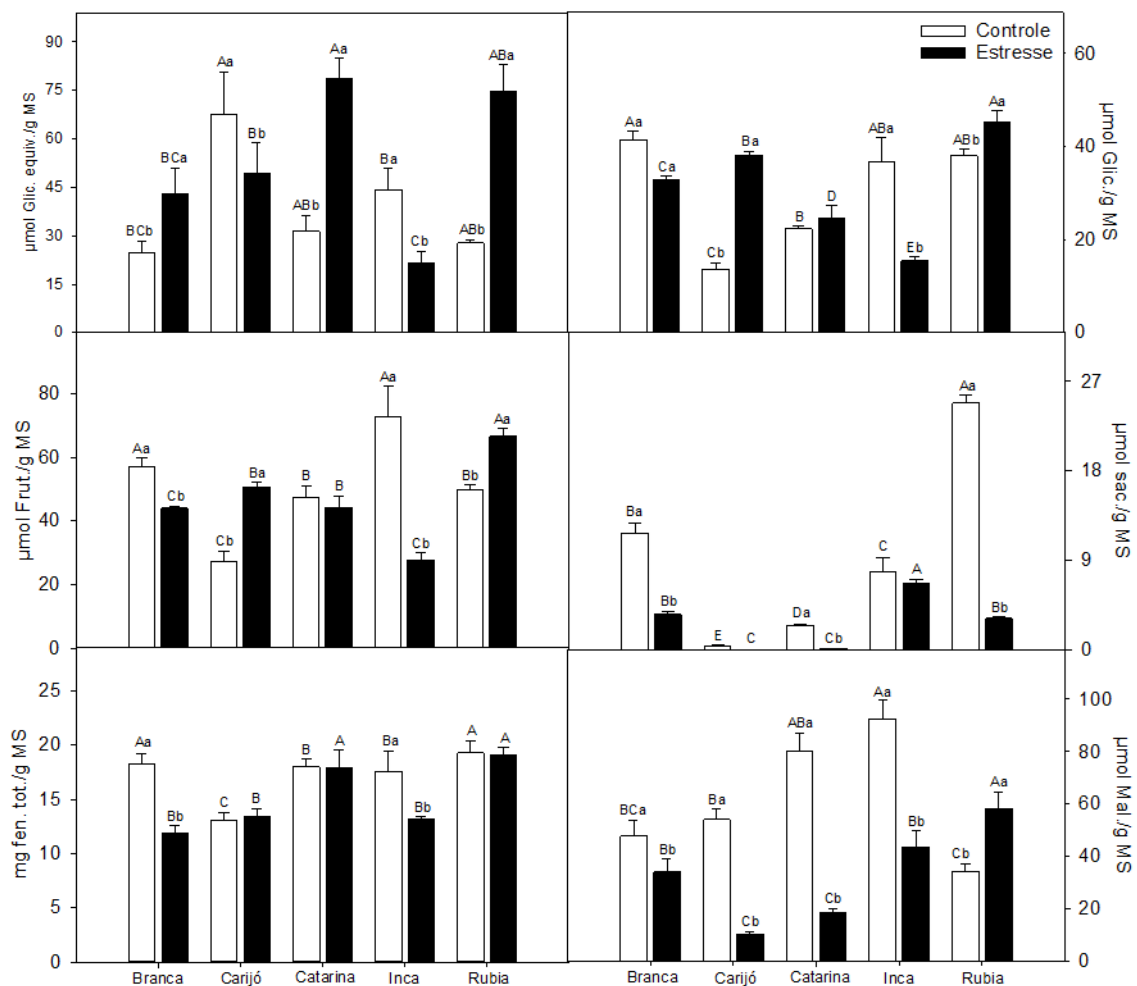
Os aminoácidos (como a prolina) são metabólitos primários importantes e diretamente relacionados com o estresse térmico em plantas. As plantas acumulam prolina em resposta a vários estresses abióticos, desempenhando um papel fundamental no aumento da tolerância ao estresse a altas temperaturas, impactando o ajuste osmótico em plantas e proteção de estruturas celulares contra danos oxidativos (Silva *et al.*, 2009). A acumulação deste aminoácido pode resultar tanto de processos como a síntese de novo, a diminuição da sua utilização ou degradação (Iqbal *et al.*, 2019). A partir dos resultados deste estudo, contudo, acredita-se que o aumento nos níveis de prolina, principalmente para as plantas dos genótipos Inca e Catarina, seja uma resposta de aclimação as alterações metabólicas provocadas pelo estresse de calor nos tecidos foliares, podendo ser um indicativo a campo de resposta positiva de tolerância a seca (Silva *et al.*, 2012), demandando futuros estudos.

Para o conteúdo de amido (glicose equivalente) nos genótipos Carijó e Inca, observa-se maior acúmulo deste açúcar nas plantas controle, em comparação às plantas sob estresse térmico (Figura 24). Já para os genótipos Branca, Catarina e Rubia, com destaque para as duas últimas, as concentrações foram mais altas nas plantas sob estresse. Em relação ao nível de glicose, os genótipos Branca e Inca apresentaram maior concentração deste açúcar redutor nas plantas controle, enquanto para o genótipo Carijó, um maior incremento foi observado nas plantas sob estresse. Já nos genótipos Catarina e Rubia o conteúdo foi bastante similar entre plantas controle e sob estresse.

Em relação ao conteúdo de frutose, padrão similar aos níveis de glicose foi observado, com maiores níveis de frutose nas plantas controle para os genótipos Branca e Inca. O genótipo Catarina apresentou níveis similares entre os tratamentos, enquanto os genótipos Carijó e Rubia apresentaram maior conteúdo nas plantas sob estresse térmico. Os conteúdos de sacarose para todos os genótipos avaliados foram mais elevados plantas sob condição controle, com destaque para o genótipo Rubia.

Em relação ao conteúdo de fenóis totais, os resultados indicaram maiores níveis para os genótipos Branca e Inca nas plantas sob condição controle; se mantendo similares entre os tratamentos para os demais genótipos. Enquanto que os níveis de malato, padrão contrário foi observado, com conteúdo mais elevado nas plantas Rubia sob estresse térmico, enquanto para os demais genótipos os níveis foram mais altos nas plantas controle, com destaque para os genótipos Catarina e Inca.

Figura 24 - Níveis de metabólitos extraídos de discos foliares do folíolo central de plantas de *A. xanthorrhiza* com oito meses de idade acondicionadas no Fitotron®. A. Glicose equivalente; B. Glicose; C. Frutose; D. Sacarose; E. Fenóis totais; F. Malato. UTFPR, Pato Branco, 2023.



Letras acima da dispersão de caixas individuais indicam agrupamentos significativos de acordo com o Teste de *Tukey* ($P < 0,05$). Letras maiúsculas indicam diferença significativa entre os genótipos. Letras minúsculas indicam diferença significativa entre o estresse e o controle. Fonte: Autoria própria (2023).

Açúcares produzidos via processo fotossintético são consumidos nos processos respiratório e fermentativo, com oxidação dos mesmos e consequente produção de energia. Tais processos contribuem para a redução dos sólidos solúveis ao longo do tempo, cujos valores estão associados à diferença entre sua síntese e/ou disponibilidade e degradação (Nunes *et al.*, 2011). Os açúcares totais são considerados os solutos que mais contribuem para o ajustamento osmótico da planta. Já o amido pode ser relacionado com plantas sob estresse abiótico, onde sua redução influencia na redução da taxa fotossintética, assimilação de carbono e crescimento da planta (Prisco; Filho, 2010).

Apesar do conteúdo de fenóis totais não se mostrar expressivo em plantas sob estresse térmico, quando comparadas ao controle, é importante destacar que a exposição a elevadas temperaturas tem efeitos devastadores sobre o crescimento e o desenvolvimento das plantas, podendo desencadear danos a sua fisiologia e bioquímica, conforme a sua severidade e duração. Dessa forma, plantas desenvolveram mecanismos dinâmicos e multi-fatoriais que lhes permitem lidar e responder a condições adversas (Guihur *et al.*, 2022), onde fenóis são sugeridos como com papel significativo nesses mecanismos protetivos. As altas temperaturas podem levar à produção de espécies reativas de oxigênio, que danificam as células vegetais a nível da cadeia transportadora de elétrons. Dessa forma, fenóis podem atuar na neutralização de espécies reativas, minimizando a extensão dos danos oxidativos e na manutenção da integridade das membranas (Mittler, 2002).

Em relação ao conteúdo de malato, o único genótipo em que o nível deste ácido orgânico foi maior no estresse do que na condição controle foi para as plantas de Rubia. Em condições de estresse por altas temperaturas, algumas plantas acumulam malato nos vacúolos como uma forma de ajuste metabólico para o estabelecimento da termotolerância. Tal acúmulo de malato nos vacúolos pode auxiliar na proteção das células vegetais contra os danos térmicos, além deste ter papel crucial na regulação do metabolismo energético. Sendo assim, a concentração de malato nas células pode aumentar ou diminuir, dependendo da planta e do tipo de estresse térmico induzido, impactando a alocação de energia para diferentes processos celulares, como a síntese de proteínas de choque térmico (Bianchi; Germano; Silva, 2016).

5.4 Conclusão

De forma geral os genótipos BRS Rubia 41, primeira época de cultivo, e SCS380 Inca, segunda época de cultivo, apresentaram os melhores resultados para as avaliações de trocas gasosas, tendo as maiores taxas de assimilação de CO₂, maiores concentrações internas de CO₂ na folha e conseqüentemente, uma sugeridamaior capacidade fotossintética quando cultivadas a campo.

Para o experimento em ambiente controlado, os genótipos BRS Acarijó 56 e SCS380 Inca obtiveram destaque, apresentando plantas sobreviventes até o fim do experimento. Além disso, as plantas sobreviventes e estressadas apresentarammaiores médias para os parâmetros de condutância estomática e concentração interna de CO₂ quando comparadas com as plantas acondicionadas no ambiente controle.

Em relação aos dados bioquímicos obtidos para os mesmos genótipos e iguais tempos de avaliação, observa-se que para a análise do primeiro período de cultivo, houve um destaque dos genótipos BRS Rubia 41 e BRS Catarina 64 em relação ao acúmulo de pigmentos, proteínas totais e aminoácidos livres, em comparação com os demais genótipos avaliados, tanto na parte aérea quanto no sistema radicular. Em contrapartida, o conteúdo de açúcares exibiu um padrão oposto, com maiores teores de amido e sacarose nos genótipos BRS Acarijó 56 e SCS380 Inca, com destaque também para o genótipo BRS Acarijó 56 acumular também maiores níveis de açúcares redutores (glicose e frutose) em relação aos demais genótipos; compostos estes que tem impacto direto no estabelecimento de características organolépticas de alimentos e que podem demandar uma futuraavaliação sobre o impacto dos seus teores em tais características, sobretudo no genótipo BRS Acarijó 56.

As análises relativas a segunda época de cultivo, evidenciam diferenças marcantes na alocação de carbono dentre os genótipos avaliados. Enquanto que o genótipo BRS Acarijó 56 apresentou maior conteúdo de pigmentos e proteínas totaisno seu sistema radicular, tal acúmulo destes metabólitos foi observado em folhas paraos genótipos SCS381 Coqueiral e SCS380 Inca. A alocação atípica de carbono entreos genótipos foi sugerida após os resultados demonstrarem maiores níveis de amido (glicose equivalente) nas folhas para o genótipo BRS Acarijó 56, enquanto que para os genótipos SCS381 Coqueiral e SCS380 Inca tal acúmulo foi observado para o sistema radicular; mesmo padrão exibido para os níveis de sacarose quantificados.

A análise de fenóis totais indicou maiores níveis das folhas de plantas BRS Acarijó 56, enquanto que as raízes de SCS381 Coqueiral e SCS380 Inca obtiveram maior acúmulo; padrão oposto ao observado para os níveis de malato nos mesmos genótipos, evidenciando assim a

interação do genótipo com a preferência na alocação dos metabólitos analisados.

Ao avaliar a extensão dos efeitos sobre o metabolismo primário de genótipos de *A. xanthorrhiza*, observa-se destaque para o genótipo BRS Rubia 41, cujas plantas sob estresse térmico apresentaram maior conteúdo de clorofilas a e b, clorofilas totais, proteínas, amido (glicose equivalente) e frutose; ao passo que o genótipo SCS380 Inca, apresentou maior conteúdo do osmorregulador prolina, bem como de aminoácidos livres, em comparação aos demais.

Os genótipos se destacaram em diferentes condições de cultivo, mostrando resultados promissores em trocas gasosas e capacidade fotossintética em campo. Em ambiente controlado, foram notáveis os altos parâmetros de condutância estomática e concentração interna de CO₂ em condições estressantes. Análises bioquímicas revelaram padrões distintos de alocação de carbono entre os genótipos, com diferentes acumulações de pigmentos, proteínas, açúcares e outros metabólitos, evidenciando a complexidade da resposta metabólica das plantas às condições ambientais. Esses resultados indicam a importância de considerar a resposta variada dos genótipos de *A. xanthorrhiza* ao estresse e às condições de cultivo para otimizar seu desempenho agrônomo.

REFERÊNCIAS

- AGNOLUCCI, P. et al. Impacts of rising temperatures and farm management practices on global yields of 18 crops. **Nature Food**, 1(9), pp. 562–571, 2020.
- ARAÚJO, W. L. et al. Protein degradation - an alternative respiratory substrate for stressed plants. **Trends in Plant Science**, v. 16, n. 9, p. 489–498, 2011.
- BIANCHI, L.; GERMINO, G. H.; SILVA, M. A. Adaptação das Plantas ao Déficit Hídrico. **Acta Iguazu**, v.5, n.4, p. 15-32, 2016.
- BROETTO, F., GOMES, E. R. & JOCA, T. A. C. **O estresse das plantas: Teoria e prática**. Cultura Acadêmica. 2017.
- BUSO, E. K. R. P. M. **Tratamentos no cultivo e no pré-plantio de rebentos e pós-colheita de raízes de mandioquinha-salsa**. 2012. 71f. Tese de Doutorado (Programa de Pós-Graduação em Agronomia) - Universidade Estadual de Maringá. Maringá. 2012.
- BUCCI, S. J.; SHOLZ, F. G.; GOLDSTEIN, G.; HOFFMANN, W. A.; MEINZER, F. C.; FRANCO, A. C.; GIAMBELLUCA, T.; MIRALLES-WILHELM, F. Controls on stand transpiration and soil water utilization along a tree density gradient in a Neotropical savanna. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 148, p. 839-849, 2008.
- CANIZARES, K. A. L.; RODRIGUES, J. D.; GOTO, R. Crescimento e índices de troca gasosa em plantas de pepino irrigadas com água enriquecida com CO₂. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.22, n.4, p.706-711, 2004.
- CARILLO, P.; GIBON, Y. **Protocolo: Extraction and determination of proline**. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/211353600_PROTOCOL_Extraction_and_determination_of_proline. Acesso em: 10 ago. 2022.
- CASTANHA, N.; MANOEL, J. V.; JUNIOR, CARLOTA; DOS ANJOS, C. B. P.; AUGUSTO, P. E. D. Estrutura e propriedades de amidos de raízes de Arracacha (*Arracacia xanthorrhiza*). **International Journal of Biological Macromolecules**, v.17, p.1029-1038. 2018. DOI: <http://10.1016/j.ijbiomac.2018.06.015>
- CHAALI, N.; OUAZAA, S.; JARAMILLO-BARRIOS, C. I.; CARRILLO, G. A. A.; PEDRAZA, E. A. A. Caracterização edafoclimática e necessidade hídrica de raízes de Arracacha (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) em áreas de produção de terras altas. **Scientia Horticulturae**, v. 272. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2020.109533>.
- CHIEBAO, H. P. **Estudos de conservação de mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft.): efeitos da embalagem, radiação gama e temperatura de armazenamento**. 2008. Dissertação (Mestrado) – Universidade de São Paulo, São Paulo, 2008.

CEREDA, M. P.; VILPOUX, O. **Massas alimentícias alternativas à base de amido**. In: CEREDA, M. P. et al. (Orgs.). Tecnologia, usos e potencialidades de tuberosas amiláceas Latino Americanas. São Paulo: Fundação Cargill, 2003. p. 200-219.

CROFT, H. et al. The global distribution of leaf chlorophyll content. **Remote Sensing of Environment**, 236, p. 111479, 2020.

DO CARMO, E. L.; LEONEL, M. Composição físico-química e cor de clones de mandioquinha-salsa. **Energia na Agricultura**, v. 27, n. 1, p. 62-81, 2012.

FERNIE, A. R.; AHARONI, A.; WILLMITZER, L.; STITT, M.; TOHGE, T.; KOPKA, J.; CARROLL, A. J.; SAITO, K.; FRASER, P. D.; DELUCA, V. Recommendations for reporting metabolite data. **Plant Cell**, v. 23, p. 2477-2482. 2011.

FINOT, P. Historical perspective of the Maillard reaction in food science. **Annals of the New York Academy of Sciences**, 1043(1), pp. 1–8, 2005.

FRAGA, C. I. A. M. et al. Condutância do dossel, condutância aerodinâmica e fator de desacoplamento em floresta de *Vochysia divergens* Pohl (vochysiaceae) no pantanal brasileiro. **Revista Brasileira de Meteorologia**, v. 30, p. 275-284, 2015.

GALILI, G.; AMIR, R. Fortifying plants with the essential amino acids lysine and methionine to improve nutritional quality. **Plant Biotechnology Journal**, 11(2), pp. 211–222, 2012.

GOMES, H. E.; HEREDIA ZÁRATE, N. A.; VIEIRA, M. C.; PEREIRA GASSI, R.; PACITO TORALES, E.; VARGAS MACEDO, R. Produção de mudas e de raízes comerciais de mandioquinha-salsa ‘Amarela de Carandaí’ em função de espaçamentos e amontoa. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 31, n. 4, Supl. p. 1113-1120, 2011.

GOMES, P. T. C. **Avaliação de características nutricionais da mandioca e de seus híbridos interespecíficos**. 2010. 85f. Dissertação de Mestrado (Mestrado em Nutrição) - Universidade de Brasília, Brasília, 2010. Disponível em: <https://repositorio.unb.br/handle/10482/7599>. Acesso em: 27 de mai. 2023.

GUIHUR, A. et al. How do plants feel the heat and survive? **Trends Biochem Sci**. 47(10):824-838, 2023.

HABERMANN, E.; CONTIN, D. R.; VICIEDO, D. O.; BARRETO, R. F.; MORAES, M. A.; OLIVEIRA, E. A. D.; MARTINZES, C. A. **Efeitos das mudanças climáticas em plantas cultivadas e nativas: atual estado das pesquisas brasileiras**. Avanços e Atualidades na Botânica Brasileira. Stricto Sensu Editora, 2020. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/dilieviciedo/publication/340639608_efeitos_das_mudancas_climaticas_em_plantas_cultivadas_e_nativas_atual_estado_das_pesquisas_brasileiras/links/5e9b22a7a6fdcca789243110/efeitos-das-mudancas-climaticas-em-plantas-cultivadas-e-nativas-atual-estado-das-pesquisas-brasileiras.pdf. Acesso em: 12 out. 2023.

HERMINIO, D. B. C. **Produção, qualidade e conservação pós-colheita de mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) sob adubações mineral, orgânica e biodinâmica.** 2005. 87f. Dissertação de Mestrado (Agronomia). Faculdade de Ciências Agronômicas da UNESP, Botucatu, 2005.

IQBAL, N. et al. Regulatory role of proline in heat stress tolerance. **Plant Signaling Molecules**, pp. 437–448, 2019.

IPCC – INTERGOVERNMENTAL PANEL ON CLIMATE CHANGE: **Climate Change 2023, Synthesis Reports**. 2023. Disponível em: <file:///C:/Users/Silmara/Downloads/IPCC_AR6_SYR_SPM.pdf.> Acesso em: 12 out.2023.

JADOSKI, S.O.; KLAR, A.E.; SALVADOR, E.D. Relações hídricas e fisiológicas em plantas de pimentão ao longo de um dia. **Ambiência**, v.1, p.11-19, 2005.

KERBLER, S.M.; WIGGE, P.A. Temperature sensing in plants. **Annual Review of Plant Biology**, 74(1), pp. 341–366, 2023.

LEONEL, M.; CEREDA, M. P. Caracterização físico-química de algumas tuberosas amiláceas. **Food Science and Technology**, v. 22, p. 65-69, 2002.

LIANG, X. et al. Proline mechanisms of stress survival. **Antioxidants and Redox Signaling**, v. 19, n.9, p. 998-1011, 2013.

LIMA, P. A. F. **Produção de clorofilas e carotenoides em variedades de mandioca cultivadas sob competição com plantas daninhas.** 2014. Disponível em: <https://riu.ufam.edu.br/bitstream/prefix/3557/2/Pedro%20Anisio%20Ferreira%20Lima.pdf>. Acesso em: 27 out 2023.

LISEC, J.; SCHAUER, N.; KOPKA, J.; WILLMITZER, L.; FERNIE, A. R. Gas chromatography mass spectrometry-based metabolite profiling in plants. **Nature Protocols**, v.1, p. 387-396. 2006.

MADEIRA, N. R.; CARVALHO, A. D. F. **Produção de mudas de mandioquinha-salsa.** Cap. 4, p.130-149. In: Hortaliças de propagação vegetativa: tecnologia de multiplicação. Brasília, DF: Embrapa, 228 p. 2016.

MARTINEZ, C. A.; OLIVEIRA, E. A. D de.; MELLO, T. R. P.; ALZATE-MARIN, A. L. Respostas das plantas ao incremento atmosférico de dióxido de carbono e da temperatura. **Revista Brasileira de Geografia Física**, v. 08, número especial, p.635-650. 2015.

MENDOZA, A. B. **Ecofisiologia y bioquímica del estrés en plantas.** Departamento de horticultura. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Mexico, 229p. 2002. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Adalberto-Benavides-Mendoza/publication/305346608_Ecofisiologia_y_bioquimica_del_estres_en_plantas/links/57893ca808ae59aa6675e204/Ecofisiologia-y-bioquimica-del-estres-en-plantas.pdf. Acesso em 27 out. 2023.

MITTLER, R.; FINKA, A.; GOLOUBINOFF, P. How do plants feel the heat? **Biochemical Sciences**, v. 37, p. 118-125. 2012.

NUNES, E. E. et al. Efeito de diferentes temperaturas na qualidade de mandioquinha-salsa minimamente processada. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.28, n. 3, p. 311-315, 2010.

NUNES, E. E.; BOAS, E. V. de B. V.; XISTO, A. L. R. P. Qualidade de mandioquinha-salsa minimamente processada: Uso de antioxidantes. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, v. 2, n. 3, 2011.

PÁDUA, J. G. Produção de batata e mandioquinha-salsa visando o processamento industrial. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, volume 6, p.147-161, 2010.

PAIVA, A.S.; FERNANDES, E.J.; RODRIGUES, T.J.D.; TURCO, J.R.P. Condutância estomática em folhas de feijoeiro submetido a diferentes regimes de irrigação. **Engenharia Agrícola**, v.25, p.161-169, 2005. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-69162005000100018>.

PEIXOTO, P.H.P.; MATTA, F.M.; CAMBRAIA, J. Responses of the photosynthetic apparatus to aluminum stress in two sorghum cultivars. **Journal of Plant Nutrition**, v.25, p.821-832, 2002. <http://dx.doi.org/10.1081/PLN-120002962>.

PEREIRA, A. S. et al. Inheritance patterns of reducing sugars in potato tubers after storage at 12°C and 4°C followed by reconditioning. **American Journal of Potato Research**, Idaho, v. 70, n. 1, p. 71-76, 1993.

PRISCO, J. T.; FILHO, E. G. Fisiologia e bioquímica do estresse salino em plantas. Manejo da salinidade na agricultura: Estudos básicos e aplicados. **INCTSal**. Fortaleza. 2010.

PONTES, C. A. **Gas exchange and fruit quality of yellow melon grown at different temperatures**. 2014. 65 f. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical) - Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, 2014.

RIBEIRO, K. S. **Produtividade de mandioquinha-salsa originadas de mudas propagadas em bandejas preenchidas com diferentes substratos**. 31f. 2018. Trabalho de conclusão de curso – Curso de Graduação em Engenharia Agrônoma - Universidade Federal da Grande Dourados. Dourados. 2018.

RIBEIRO, R. A. et al. Vida útil e metabolismo de carboidrato em raízes de mandioquinha-salsa sob refrigeração e filme de PVC. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 4, p. 453-458, 2007.

RIBEIRO, R. A. **Conservação pós-colheita e metabolismo de carboidratos em raízes de dois clones de mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft)**. 2003. 88f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2003.

ROCHA, T.S., DEMIATE, I.M. AND FRANCO, C.M. Características Estruturais EFísico-Químicas de amidos de mandioquinha-salsa (Arracacia Xanthorrhiza). **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, 28(3), pp. 620–628, 2008.

SHIBAO, J.; BASTOS, D.H. Produtos da Reação de Maillard Em Alimentos: Implicações para a Saúde. **Revista de Nutrição**, 24(6), pp. 895–904, 2011.

SILVA, T. R. G.; COSTA, M. L. A.; FARIAS, L. R.; SANTOS, M. A.; ROCHA, J. L.; SILVA, J. V. Fatores abióticos no crescimento e florescimento das plantas. **Research, Society and Development**, v. 10, n.4. 2021. DOI: e19710413817.

SILVA, E. N.; SILVEIRA, J. A. G.; RODRIGUES, C. R. F.; LIMA, C. S.; VIÉGAS, R. A. Contribuição de solutos orgânicos e inorgânicos no ajustamento osmótico de pinhão manso submetido à salinidade. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 44,n.5, 2009.

SILVA, E. N.; FERREIRA-SILVA, S. L.; VIÉGAS, R. A.; SILVEIRA, J. A. G. The role of organic and inorganic solutes in the osmotic adjustment of drought-stresses *Jatropha curcas* plants. **Environmental and Experimental Botany**, v.69, n.3,2010a.

SILVA, E. N.; RIBEIRO, R. V.; FERREIRA-SILVA, S. L.; VIÉGAS, R. A.; SILVEIRA, J. A. G. Comparative effects of salinity and water stress on photosynthesis, water relations and growth of *Jatropha curcas* plants. **Journal of Arid Environments**, v.74, n.10, 2010b.

SILVA, E. N.; VIEIRA, S. A.; RIBEIRO, R. V.; PONTE, L. F. A.; FERREIRA-SILVA, S. L.; SILVEIRA, J. A.G. Contrasting physiological responses of *Jatropha curcas* plants to single and combined stresses of salinity and heat. **Journal Plant Growth Regul.** 2012.

SILVA, F. L. B. et al. **Metabolismo de prolina e síntese de compostos fenólicos em plantas transgênicas de tabaco (*Nicotiana tabacum*) submetidas ao déficit hídrico**. 2017. 57f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade do Oeste Paulista, Presidente Prudente, 2017.

SONG, J. et al. Differential expressions and enzymatic properties of malate dehydrogenases in response to nutrient and metal stresses in *Stylosanthes guianensis*. **Plant Physiology and Biochemistry**, 170, pp. 325–337, 2022.

STRA, A. et al. Carotenoid metabolism: New insights and synthetic approaches. **Frontiers in Plant Science**, 13, 2023.

SUN, J.; CHU, Y. F.; WU, W.; LIU, R. H. Antioxidant and antiproliferative activities of common fruits. **Journal of Agricultural Food Chemistry**, v. 50, n. 25, p.7449-54. 2002.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. In: Fisiologia Vegetal. 5. ed. Porto Alegre: Artmed, 2013. 918p.

TAIZ, L.; ZEIGER, E.; MOLLER, I. M.; MURPHY, A. **Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal**. Artmed. 2017.

VERÍSSIMO, V. et al. Pigmentos e eficiência fotossintética de quatro variedades de mandioca. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v. 6, p. 222-231, 2010.

VERRISSIMO, V.; CRUZ, S. J. S.; PEREIRA, L. F. M.; SILVA, P. B. S.; TEIXEIRA, J. D.; FERREIRA, V. M.; ENDRES, L. Trocas gasosas e crescimento vegetativo de quatro variedades de mandioca. **Revista Raízes e Amidos Tropicais**, v. 6, p.232-240, 2010.

VIVELA, H. C.; GOULART, P. F. P.; SOUZA, K. R. D.; VILAS BOAS, A. C.; RODA, J. S.; OLIVEIRA, R. M. E. Antioxidant enzyme activity and fresh-cut arracacha quality. **Ciência e Agrotecnologia**, v.39, n.3, p.276-282. 2015.

VILELA, N. J.; BUENO, M. F.; LIMA, C. E. P. **Relatório de avaliação dos impactos das tecnologias geradas pela EMBRAPA**. Brasília, DF. 31p. 2018. Disponível em: https://bs.sede.embrapa.br/2017/relatorios/hortalicas_2017_mandioquinha.pdf. Acesso em: 20 jul. 2022.

WANG, G. et al. Fortifying horticultural crops with essential amino acids: A Review. **International Journal of Molecular Sciences**, 18(6), p. 1306, 2017.

WELLBURN, A. R. The spectral determination of chlorophylls a and b, as well as total carotenoids, using various solvents with spectrophotometers of different resolution. **J. Plant Physiology**, v.144, p.307- 313. 1994.

YEMN, E. M.; COCKING, E. C. Estimation of amino acids by ninhydrin. **Analyst, London**, v. 80, p. 209-213, 1955.

YIN, X.; STRUIK, P. C.; ROMERO, P.; HARBINSON, J.; EVERS, J. B, VAN DER PUTTEN P.; VOS, J. Using combined measurements of gas exchange and chlorophyll fluorescence to estimate parameters of a biochemical C3 photosynthesis model: A critical appraisal and a new integrated approach applied to leaves in a wheat (*Triticum aestivum*) canopy. **Plant, Cell and Environment** v. 32, p.448–464. 2009.

ZULFIQAR, S. *et al.* Role of carotenoids in photosynthesis. **Carotenoids: Structure and Function in the Human Body**, pp. 147–187, 2021.

6. ASSUNTO III - PROSPECÇÃO *IN SÍLICO* DE GENES PARA TOLERÂNCIA AO CALOR DE ESPÉCIES DA ORDEM APIALES

6.1 Introdução

A mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft), pertencente ao Reino: Plantae, Divisão: Magnoliophyta, Classe: Magnoliopsida, Ordem: Apiales e Família: Apiaceae, é originária da região andina da América do Sul, e detém a sua maior diversidade genética da espécie nessa região, bem como outros recursos genéticos de relevância alimentar e econômica, tais como raízes tuberosas e tubérculos (Nunes, Zanela, Koerich, 2022). Sua introdução no Brasil ocorreu por volta de 1900, sendo predominantemente cultivada nas regiões Sul e Sudeste. Atualmente, o cultivo se concentra principalmente em pequenas áreas, com a utilização de mão de obra familiar e um reduzido emprego de insumos (Amarila, 2019; Torales *et al.*, 2010).

Devido ao fato de seu centro de origem situar-se na região dos vales localizados na parte norte da Cordilheira dos Andes, com altitudes variando de 1.700 a 2.500 metros e temperaturas entre 15 e 18°C, a cultura se estabeleceu em regiões de clima semelhante ao de sua origem. Assim, várias tentativas de aclimação em países de clima temperado fracassaram, uma vez que as plantas não conseguiram formar raízes (Sousa, 2014). Além disso, o cultivo da mandioquinha-salsa se restringe a poucas variedades/genótipos no Brasil, o que leva a cultura apresentar uniformidade genética, o que também se torna um obstáculo para a expansão da cultura em regiões com condições climáticas distintas das de seus centros de origem.

O conhecimento molecular sobre *A. xanthorrhiza* limita-se ao sequenciamento e montagem do genoma do cloroplasto, que foi recentemente descoberto e sequenciado, totalizando 143.989 pares de bases e a identificação de 106 genes, dos quais 71 codificam proteínas, sete genes codificam rRNA e 28 genes codificam tRNAs (Alvarado *et al.*, 2017). Devido à escassez de informações acerca da constituição genética da *A. xanthorrhiza* e à natureza órfã dessa cultura (espécie que tem poucos parentes próximos conhecidos, ou seja, não tem parentes taxonômicos próximos ou não está claramente relacionada a outras espécies conhecidas) a extrapolação para espécies da mesma ordem é necessária. Essa abordagem visa facilitar a identificação de sequências genéticas relevantes para fins de identificação e sequenciamento de genes específicos (Silva, Notari, Alba, 2020). Além disso, algumas espécies da ordem Apiales já apresentam o genoma completo sequenciado, como é o caso de *Apium graveolens* (Macko-Podgórní, Machaj, Grzebelus, 2021), *Daucus carota* (Lorizzo *et al.*, 2016), *Oenanthe sinensis* (NCBI, 2023), *Oenanthe javanica* (Macko-Podgórní, Machaj, Grzebelus, 2021), *Anethum foeniculum* (Palumbo *et al.*, 2020), *Panax stipuleanatus*, *Panax japonicus*,

Panax quinquefolia, *Panax notoginseng*, *Panax ginseng* (Wang *et al.*, 2022), *Centella asiatica* (Nawae *et al.*, 2021).

Devido as informações da literatura serem escassas sobre o genoma funcional da espécie a identificação de genes de resposta a condições climáticas desfavoráveis para a cultura é uma maneira de assegurar a sua produção. Nesse sentido, o objetivo do trabalho foi realizar *in silico*, a prospecção de genes envolvidos no processo de resposta ao estresse causado por altas temperaturas em espécies de plantas, visando identificar sequências homólogas em espécies da ordem Apiales.

6.2 Material e métodos

Inicialmente, foi realizada uma busca nas bases de dados científicas: *Web of Science*, *Science Direct*, e *Google Scholar*, para identificar os principais genes responsáveis pela tolerância de plantas ao estresse térmico por altas temperaturas. Em seguida determinado o conjunto de palavras-chave relacionadas ao estresse térmico em plantas por altas temperaturas, considerando sinônimos, termos técnicos e específicos do campo, tais como “*thermal stresses*”, “*high temperatures*”, “*plant response*”, “*thermal stress tolerance*”, “*gene editing*”, “*overexpression*”, “*genes for thermal stress tolerance*”.

A pesquisa foi limitada a um período específico dos últimos dez anos (2013- 2023), porém não excluídos os publicados anteriormente que fossem relevantes ao estudo. Os artigos selecionados foram os que atenderam os requisitos de data, idioma (qualquer idioma), qualidade da pesquisa e relevância para o tema. E excluídos os artigos que não atendiam a esses critérios.

Em seguida foram extraídos os dados-chave dos artigos selecionados, como informações sobre as plantas estudadas, os códigos e nomes dos genes que conferiram tolerância ao estresse térmico por altas temperaturas, os fenótipos relacionados as condições de estresse térmico, bem como a função do gene em questão. Os dados importantes para o estudo foram registrados e organizados em uma planilha com seu devido gerenciamento de referências.

Essa metodologia de coleta de dados em artigos científicos baseados em pesquisa bibliográfica permite obter uma visão abrangente do estado atual do conhecimento sobre o estresse térmico em plantas, além de exemplificar e auxiliar no sequenciamento de pares de nucleotídeos ou proteínas, com o uso da bioinformática. Após o levantamento bibliográfico para identificação de genes de resposta ao estresse térmico por altas temperaturas em plantas, foi realizado o alinhamento das sequências nucleotídicas, tendo como base a identificação obtida no *Genbank* (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>), utilizando a ferramenta BLASTn (Altschul *et al.*, 1990) e contra as sequências da ordem Apiales, para que o resultado do

alinhamento pudesse retornar maior número de espécies com sequências similares, já que estas possuem o genoma sequenciado e disponível no banco de dados.

O BLAST (Basic Local Alignment Search Tool ou Ferramenta Básica de Procura por Alinhamento Local), encontrado em <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/>, compreende um conjunto de algoritmos de comparação de sequências montado de forma a explorar toda a informação contida em bases de dados de DNA e proteínas (http://www.ncbi.nlm.nih.gov/BLAST/blast_overview.html). Existem diferentes tipos de programas BLAST dependendo se a consulta é de uma sequência de nucleotídeos ou de proteína e, também, depende da natureza do banco de dados em que se está pesquisando (nucleotídeos ou proteína). O BLASTn utilizado no estudo, realiza a consulta por correspondência, a partir do banco de dados que contém as sequências de nucleotídeos.

6.3 Resultados e discussão

6.3.1 Genes de resposta (termotolerância) ao estresse por altas temperaturas: revisão bibliográfica

Os trabalhos encontrados e selecionados acerca dos genes de resposta (termotolerância) das plantas ao estresse térmico por altas temperaturas encontram-se no quadro abaixo (Quadro 1):

Quadro 1 - Genes de resposta ao estresse térmico por altas temperaturas em plantas.

Nome Código	Descrição	Cultura	Função	Fenótipo	Objetivo	Fonte
NPK1			Pode induzir a expressão de HSPs e GST1 e proteger a maquinaria de		OE	
A0A8J5P1T2	Nicotiana Protein Kinase 1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	fotossíntese das plantas dos danos causados pela seca, e altas temperaturas.	Tolerância as altas temperaturas		Mendonza, 2002.

<i>CtHSR1</i> AJ296093.1	<i>Candida Tropicalis</i> HSR1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Codifica uma proteína relacionada ao fator de transcrição de choque térmico	Submeter as plantas a 46 ° C por duas horas seguidas por um período de recuperação de 3 dias a 28 ° C	OE	Mohamed , Whaibi, 2012.
DREB2A At5g05410	Dehydration-Responsive Element Binding Protein 2A	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Controla o HSF como um dos genes a jusante, permitindo que as plantas respondam adequadamente ao calor e ao estresse hídrico.	Tolerância as altas temperaturas	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
DREB2B At3g11020	Dehydration-Responsive Element-Binding Protein 2B	<i>Oryza sativa</i>	Codifica fatores de transcrição do tipo DREB2 para melhorar a tolerância ao estresse térmico.	Tolerância as altas temperaturas	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
RD17/COR17	Cold-Regulated 4	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Responsável pela proteção a desidratação	Tolerância as altas temperaturas	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
HSFA3 At5g03720	Heat Shock Transcription Factor	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Regula a expressão de hsp's Hsp18.1-CI e Hsp26.5-MII35S. Envolvido no estabelecimento da termotolerância.	Tolerância as altas temperaturas (6 horas a 38 ° C)	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
HSP20 At1g52560	Heat Shock Protein,	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Codificação de proteínas que respondem a	Tolerância as altas temperaturas	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.

	Mitochondr ial		intensidade luminosa	(6 horas a 38 ° C)		
HSP70 At3g12580	Heat Shock Protein 70	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Processamento de proteínas no retículo endoplasmático	Tolerância as altas temperatu ras (6 horas a 38 ° C)	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
HSP18.2 At5g59720	Heat Shock Protein 18	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Codifica uma proteína de choque térmico de baixo peso molecular que contém o elemento de choque térmico na região promotora.	Tolerância as altas temperatu ras (6 horas a 38 ° C)	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
AtGolS1 At1g56600	Putative Galactinol Synthase	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Catalisa a formação de galactinol a partir de UDP- galactose e mio-inositol.	Tolerância as altas temperatu ras	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
MT2A At3g09390	Metallothio nein- Like Protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Codificador de proteínas que atuam como antioxidantes, e que protegem contra os radicais livres hidroxila.	Tolerância as altas temperatu ras	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
TLPs At4g36010	Thaumatococ -Like Protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Alergência, resposta a patógeno	Tolerância as altas temperatu ras	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
AtCYP18-1 At1g01940	Cyclophilin -Type Family Protein	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Modula o estado de fosforilação do PRP18 para modular a atividade do spliceossomo sob estresse térmico.	Tolerância as altas temperatu ras	OE	Qu <i>et al.</i> , 2013.
MDH AT1G04410	Malate Dehydroge nase	<i>Coffea arabica</i>	Codifica uma proteína com atividade malato desidrogenase dependente de NAD, localizada nos cloroplastos.	37°C por 5 dias	Análise da expressão gênica	Carvalho, 2013.

EF1 α AT1G07940	Elongation Factor 1- alpha	<i>Coffea arabica</i>	Fator de alongamento de ligação a GTP	37°C por 5 dias	Análise da expressão gênica	Carvalho, 2013.
CNGC2 AT5G15410 .1	Cyclic Nucleotide -gated Channel	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Codifica um componente dos canais de Ca ²⁺ das membranas que atua como um sensor térmico.	Tolerância a as altas temperatu ras	OE	Martinez <i>et al.</i> , 2015.
sHSP17.7 U83671.1	Heat Shock Protein Oshsp17.7	<i>Daucus carota</i>	Aumenta a estabilidade das membranas, incrementando a tolerância ao calor.	Tolerância a as altas temperatu ras	OE	Martinez <i>et al.</i> , 2015.
GoLS1 AF447452	Galactinol Sintase 1	<i>Solanum lycopersicu m</i>	Catalisa a formação de galactinol a partir de UDP- galactose e mio-inositol	Câmara de crescimen to: estresse térmico (35 °C/28 °C, dia/noite)	Análise da expressão gênica	Sangua <i>et al.</i> , 2015.
SPS AB051216	Sucrose- Phosphate Synthase	<i>Solanum lycopersicu m</i>	Codificam a sacarose fosfato sintase, enzima vegetal responsável pela síntese da sacarose	Câmara de crescimen to: estresse térmico (35 °C/28 °C, dia/noite)	Análise da expressão gênica	Sangua <i>et al.</i> , 2015.
SuSy AJ011319	Sucrose Synthase	<i>Solanum lycopersicu m</i>	Clivagem de sacarose que fornece UDP- glicose e frutose para várias vias metabólicas.	Câmara de crescimen to: estresse térmico (35 °C/28 °C, dia/noite)	Análise da expressão gênica	Sangua <i>et al.</i> , 2015.
P5CS1 AY897574	Pyrroline- 5- Carboxylat e Synthase	<i>Solanum lycopersicu m</i>	Produz a enzima P5CS para auxiliar na produção de prolina	Câmara de crescimen to: estresse térmico (35 °C/28 °C)	Análise da expressão gênica	Sangua <i>et al.</i> , 2015.

				°C, dia/noite)		
CHLPSHSP Cc08g1255 0	Small Heat Shock Protein, Chloroplas tic	<i>Coffea arabica</i>	Protege a evolução de oxigênio e o transporte de elétrons do FotossistemaII durante o estressetérmico	40°C por 3 horas de exposição ao estresse	Transcript oma	Torres <i>et al.</i> , 2019.
HSP 17.5 Cc01g13580	17.5 kDa Class Heat Shock Protein	<i>Coffea arabica</i>	Proteína de choque térmico classeI	40°C por 3 horas de exposição ao estresse	Transcript oma	Torres <i>et al.</i> , 2019.
HsfA2 AT2G26150 .2	Heat Shock Transcripti on Factor a2	<i>Solanum lycopersicu m</i>	Ativador transcricional que se liga especificamente à sequência de DNA 5'- AGAAAnnTTCT -3' conhecida como elementos promotores de choque térmico (HSE)	Tolerânci a as altas temperatu ras	OE	Masouleh , Sassine. 2020.
OsMYB1	Myb Domain Protein 101	<i>Oryza sativa</i>	-	Tolerânci a as altas temperatu ras	OE	Han <i>et al.</i> , 2022.
TaMYB80 KY475608	-	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Regula os genes envolvidos no desenvolvimen to do pólen	Tolerânci a as altas temperatu ras	OE	Han <i>et al.</i> , 2022.
WRK008 AtWRKY008 / AT5G46350	WRK Y DNA- Binding Protein 8	<i>Triticum spp.</i>	Codifica a proteína 8 de ligação ao DNA WRKY	Tolerância as altas temperatu ras	OE	Han <i>et al.</i> , 2022.
WRK122 AtWRKY122	WRK Y DNA- Binding Protein 122	<i>Triticum spp.</i>	Codifica a proteína 122 de ligação ao DNA WRKY	Tolerânci a as altas temperatu ras	OE	Han <i>et al.</i> , 2022.
WKR45 AT3G01970 / AtWRKY45	WRK Y DNA- Binding Protein 45	<i>Triticum spp.</i>	Codifica a proteína 45 de ligação ao DNA WRKY	Tolerânci a as altas temperatu ras	OE	Han <i>et al.</i> , 2022.

Fonte: Autoria própria (2023). Onde: OE: transformação genética: superexpressão do gene.

Análise da expressão gênica: experimentos conduzidos e realizada qRT-PCR para identificação do gene. Transcriptoma: transcritos de RNAs.

O estresse térmico é um dos principais estresses ambientais que ameaçam o crescimento e desempenho das culturas, especialmente pelo aumento da temperatura global em 1,5-4,5 °C até 2050. Os danos induzidos pelo estresse térmico das plantas causam a inibição da fotossíntese, diminuição da atividade da membrana celular da planta, lesão e, finalmente morte da célula. Tendo isso em vista, os estudos sobre as respostas das plantas ao estresse causados pelas altas temperaturas já mencionam algumas famílias de genes com sucesso na tolerância a esse estresse ambiental (Masouleh; Sassine, 2020), como observado no Quadro 1. A família AP2/ERF por exemplo é um grande fator de transcrição específico de plantas, incluindo os DREBs (principalmente 2A e 2B) que ativam a expressão de genes abióticos responsivos ao estresse (Qu *et al.*, 2013).

Além deste grupo são expressas em alto nível de estresse térmico, especialmente sob altas temperaturas, as HSPs, proteínas de choque térmico que em condições normais de crescimento, não são encontradas nos tecidos vegetais das plantas. Os membros da família das HSPs podem ser ativados em vários compartimentos celulares, o que leva a percepção de sinais estressantes a ativação de sinais de transdução. Recentes estudos demonstram que HSP90, HSP101, HSP70 e HSP60 facilitam uma grande diversidade de processos importantes tais como: correta conformação proteica, transporte proteico através de membranas, assimilação de proteínas oligoméricas e modulação de atividades receptoras. Além disso, as HSPs, mesmo as de baixo peso molecular, (HSPs 10 a HSPs 30) são capazes de promover a reativação de enzimas desnaturadas quimicamente, evitar a agregação e a inativação induzida pelo calor, além de reverter a inativação do substrato proteico (Masouleh; Sassine, 2020).

A biossíntese de HSPs são controladas por fatores de transcrição de estresse térmico (HSFs) que desempenham um grande papel na resistência ao estresse térmico e na obtenção de termotolerância em plantas e outros organismos (Kotak *et al.*, 2007). Quando submetidos as altas temperaturas os HSFs se ligam à região de controle do gene, conhecida como elemento de respostas do choque térmico (HSE), permitindo a rápida expressão das HSPs que correlacionam com a termotolerância (Sun; Montagu; Verbruggen, 2022).

Além destes o fator de elongação EF1 α também é comumente estudado em estresse abiótico. Os genes EF1 α são altamente expressos em todos os tecidos de plantas, sendo considerados genes constitutivos, responsivos ao estresse abiótico. Os fatores de transcrição (TFs) também são uma família envolvida na tolerância aos estresses ambientais. MYB são uma família de TFs vegetais, que envolvem transdução de sinal hormonal e tolerância ao estresse

abiótico. No entanto, existem poucos estudos sobre a família de MYB e seu mecanismo regulatório. Descobriu-se recentemente que o gene MYB está envolvido nas respostas ao estresse salino das plantas, a altas e baixas temperaturas e a regulação osmótica (Zhang *et al.*, 2018).

Como observado no quadro 1, a pequena família de genes de MT também desempenha papel importante na tolerância a estresses abióticos. Além da termotolerância a altas temperaturas, nas plantas, foi observada uma correlação entre os níveis de MT e a tolerância a metais pesados em diferentes ecótipos de *Arabidopsis*, sugerindo um papel na homeostase dos metais nas plantas. A literatura sugere que cada isoforma MT pode ter funções especializadas em diferentes tecidos. Algumas das funções propostas para MTs de plantas incluem um papel durante o desenvolvimento, na senescência, e na proteção contra o estresse oxidativo (García-Hernandez; Murphy; Taiz, 1998).

De forma geral informações adicionais sobre a expressão específica dos genes listados no Quadro 1, em tecidos de plantas são necessárias para ajudar a esclarecer a(s) função(ões) biológica(s) dos genes e suas respectivas respostas ao estresse abiótico, em especial os responsivos ao calor.

6.3.2 Genes de resposta (termotolerância) ao estresse por altas temperaturas: alinhamento de sequências nucleotídicas

O alinhamento de sequências consiste no processo de comparar duas sequências (de nucleotídeos ou proteínas) de forma a se observar seu nível de cobertura e identidade. Dentre seus principais objetivos estão o desenho de *primers*, predição de transcritos, identificação de íntrons, exóons, domínios e regiões conservadas, avaliar se duas sequências de nucleotídeos ou aminoácidos são similares, inferir e justificar a homologia entre sequências e traçar possíveis caminhos de desenvolvimento evolutivo entre genes (Yu *et al.*, 2014).

Para o estudo em questão o principal objetivo do alinhamento é iniciar os trabalhos na área da bioinformática para a espécie de *Arracacia xanthorrhiza* de modo que futuramente seja realizada a identificação de sequências e o sequenciamento de genes específicos relacionados ao estresse por altas temperaturas, além de fornecer informações acerca do genoma funcional da espécie.

Existem dois principais tipos de alinhamento: exatos (exaustivos e globais) e heurísticos (não exaustivo, abordagem aproximada, tempo razoável de execução e locais). O alinhamento global é mais adequado para sequências próximas de mesmo comprimento (alinhamento do começo ao fim das sequências para encontrar o melhor alinhamento)

(Prosdócimi; Moreira, 2023). O alinhamento utilizado no estudo foi do tipo local que trabalha com sequências que podem ser similares e encontra regiões com alto grau de similaridade.

Todos os resultados do alinhamento das sequências nucleotídicas, que fazem referência a ordem Apiales estão demonstrados no Quadro 2.

Quadro 2 - Alinhamento das sequências nucleotídicas da ordem Apiales para os genes de tolerância às altas temperaturas.

Nome	Sequência original	Similaridade	e - value	Cobertura (%)	Identidade (%)	Código da sequência	Similaridade com outras espécies
CtHSR1 (<i>A. thaliana</i>)	FN667837.1	<i>Bupleurum kaoi</i>	0.0	100	100	FN667837.1	1
P5CS1 (<i>S. lycopersicum</i>)	AY897574.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	7,00 E-101	100	80,6	XM_017386789.1	2
SPS (<i>S. lycopersicum</i>)	AB051216.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	0.0	90	75,98	XM_017386117.1	2
SuSy (<i>S. lycopersicum</i>)	AJ011319.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	0.0	88	79,51	XM_017367066.1	3
SuSy (<i>S. lycopersicum</i>)	AJ011319.1	<i>Daucus carota</i>	0.0	88	79,51	X75332.1	3
HSP70 (<i>A. thaliana</i>)	NM_112093.3	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	0.0	77	79,38	XM_017379433.1	4
HSP70 (<i>A. thaliana</i>)	NM_112093.3	<i>Oenanthe javanica</i>	0.0	77	78,36	MF961801.1	4
CtHSR1 (<i>A. thaliana</i>)	FN667837.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	0.0	76	81,34	XM_017401493.1	1
HSP70 (<i>A. thaliana</i>)	NM_112093.3	<i>Daucus carota</i>	0.0	74	73,53	X60088.1	4
CNGC2 (<i>A. thaliana</i>)	NM_121545.5	<i>Daucus carota</i>	0	73	72,88	XM_017382552.1	2
EF1α (<i>C. arabica</i>)	NM_100668.3	<i>Panax notoginseng</i>	0.0	71	88,27	KF815708.1	5
EF1α (<i>C. arabica</i>)	NM_100668.3	<i>Hedera helix</i>	0.0	71	87,56	KU942512.1	5
EF1α (<i>C. arabica</i>)	NM_100668.3	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	0.0	70	86,74	XM_017379533.1	5
EF1α (<i>C. arabica</i>)	NM_100668.3	<i>Petroselinum crispum</i>	0.0	70	86,71	KX784038.1	5
EF1α (<i>C. arabica</i>)	NM_100668.3	<i>Apium graveolens</i>	0.0	70	86,71	KU234488.1	5
EF1α (<i>C. arabica</i>)	NM_100668.3	<i>Daucus carota</i>	0.0	70	85,95	D12709.1	5

CtHSR1 (<i>A. thaliana</i>)	FN667837.1	<i>Daucus carota</i>	4,00 E ⁻¹⁴⁰	61	78,25	AY065642.1	1
MDH (<i>C. arabica</i>)	NM_100321. 3	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	0.0	61	80,12	XM_017367 929.1	2
AtGo1s1 (<i>A. thaliana</i>)	NM_104537. 3	<i>Daucus carota subsp. sativus hits</i>	2,00 E ⁻¹⁵²	57	74,52	XM_017369 162.1	2
AtCYP18-1 (<i>A. thaliana</i>)	NM_100074. 4	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	9,00 E ⁻¹²³	54	80,42	XR_001806 271.1	2
HSP18.2 (<i>A. thaliana</i>)	NM_125364. 3	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	2,00 E ⁻⁷⁵	48	73,72	XM_017400 762.1	2
EF1 α (<i>C. arabica</i>)	NM_100668. 3	<i>Aralia elata</i>	0.0	45	87,79	JX067859.1	5
TLPs (<i>C. arabica</i>)	NM_119768. 2	<i>Panax notoginseng</i>	2,00 E ⁻⁶⁴	42	68,77	MN115395.1	1
HSP70 (<i>A. thaliana</i>)	NM_112093. 3	<i>Oliveria decumbens</i>	0.0	41	81,17	MN861111.1	4
EF1 α (<i>C. arabica</i>)	NM_100668. 3	<i>Panax ginseng</i>	0.0	40	83,87	KF699322.1	5
HSP20 (<i>A. thaliana</i>)	NM_104134. 4	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	1,00 E ⁻²⁷	36	67,85	XM_017396 079.1	2
TaMYB80 (<i>A. thaliana</i>)	KY475608.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	5,00 E ⁻⁶⁴	36	74,47	XM_017362 635.1	6
TaMYB80 (<i>A. thaliana</i>)	KY475608.1	<i>Daucus carota</i>	1,00 E ⁻²⁷	36	67,81	AB298505.1	6
TLPs (<i>C. arabica</i>)	NM_119768. 2	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	2,00 E ⁻⁴⁵	33	67,78	XM_017364 597.1	1
HSP18.2 (<i>A. thaliana</i>)	NM_125364. 3	<i>Daucus carota</i>	2,00 E ⁻⁶⁸	32	79,43	U47094.1	2
sHSP 17.7 (<i>C. arabica</i>)	U83671.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	9,00 E ⁻⁶⁹	30	72,73	XM_017361 712.1	2
sHSP 17.7 (<i>C. arabica</i>)	U83671.1	<i>Daucus carota</i>	1,00 E ⁻⁵⁹	26	75,80	U47094.1	2

MT2A (<i>A. thaliana</i>)	NM_111773. 4	<i>Panax ginseng</i>	4,00 E ⁻¹³	25	68,7	DQ384530.1	7
WRK008 (<i>A. thaliana</i>)	AY096426.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	4,00 E ⁻⁴⁵	25	75,86	XM_017377 323.1	8
WRK008 (<i>A. thaliana</i>)	AY096426.1	<i>Panax quinquefoliu s</i>	9,00 E ⁻³⁵	25	73,88	JF927167.1	8
WRK008 (<i>A. thaliana</i>)	AY096426.1	<i>Panax notoginseng</i>	3,00 E ⁻⁴⁰	23	75,41	OM273050.1	8
WRK008 (<i>A. thaliana</i>)	AY096426.1	<i>Panax ginseng</i>	8,00 E ⁻²³	23	70,78	KU144580.1	8
TaMYB80 (<i>A. thaliana</i>)	KY475608.1	<i>Panax notoginseng</i>	1,00 E ⁻²⁶	23	71,19	OM007974.1	6
TaMYB80 (<i>A. thaliana</i>)	KY475608.1	<i>Panax ginseng</i>	6,00 E ⁻²⁵	23	70,78	KU096984.1	6
HsfA2 (<i>S.lycopersicum</i>)	AK118744.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	5,00 E ⁻⁵⁹	23	76,31	XM_017380 734.1	2
WKR45 (<i>Triticum</i> spp.)	NM_111063. 4	<i>Panax notoginsen g</i>	4,00 E ⁻⁴¹	22	72,91	OM273041.1	9
WKR45 (<i>Triticum</i> spp.)	NM_111063. 4	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	4,00 E ⁻⁵³	21	76,63	XM_017361 258.1	9
TaMYB80 (<i>A. thaliana</i>)	KY475608.1	<i>Angelica sinensis hits</i>	5,00 E ⁻¹³	21	67,54	MG736315.1	6
HSFA3 (<i>A. thaliana</i>)	NM_001342 728.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	8,00 E ⁻⁴⁶	20	74,65	XM_017400 277.1	2
HSP70 (<i>A. thaliana</i>)	NM_112093. 3	<i>Panax quinquefoliu s</i>	2,00 E ⁻¹⁰⁵	20	76,66	EU139299.1	4
SuSy (<i>S.lycopersicum</i>)	AJ011319.1	<i>Apium graveolens Dulce Group</i>	5,00 E ⁻¹⁵¹	19	82,98	AF393809.1	3
TaMYB80 (<i>A. thaliana</i>)	KY475608.1	<i>Spuriopimpi nella brachycarp a</i>	1,00 E ⁻⁰⁸	18	68,34	AF161711.1	6
WRK008 (<i>A. thaliana</i>)	AY096426.1	<i>Petroselinu m crispum</i>	5,00 E ⁻⁰⁶	17	67,61	U48831.1	10
DREB2B (<i>O. sativa</i>)	NM_111939. 3	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	1,00 E ⁻²⁹	16	71,65	XM_017388 609.1	11
DREB2B (<i>O. sativa</i>)	NM_111939. 3	<i>Daucus carota</i>	5,00 E ⁻²⁸	16	71,26	AB188294.1	11

RD17/COR17 (<i>A. thaliana</i>)	NM_101894. 4	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	1,00 E-05	16	64,84	XM_017387 942.1	12
DREB2A (<i>A. thaliana</i>)	NM_120623. 3	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	3,00 E-43	14	76,92	XM_017388 609.1	3
DREB2A (<i>A. thaliana</i>)	NM_120623. 3	<i>Daucus carota</i>	3,00 E-43	14	76,92	AB188294.1	3
WRK008 (<i>A. thaliana</i>)	AY096426.1	<i>Daucus carota</i>	4,00 E-08	12	78,38	AB205182.1	8
RD17/COR17 (<i>A. thaliana</i>)	NM_101894. 4	<i>Panax ginseng</i>	2,00 E-15	11	80,65	DQ487109.1	12
WKR45 (<i>Triticum</i> spp.)	NM_111063. 4	<i>Daucus carota</i>	9,00 E-11	10	70,83	AB205182.1	9
WKR45 (<i>Triticum</i> spp.)	NM_111063. 4	<i>Panax ginseng</i>	3,00 E-23	10	76,97	KU144580.1	cenoura, ginseng, salsa, 9
WKR45 (<i>Triticum</i> spp.)	NM_111063. 4	<i>Panax quinquefolius</i>	4,00 E-16	10	76,94	JF927167.1	9
TaMYB80 (<i>A. thaliana</i>)	KY475608.1	<i>Apium graveolens</i>	9,00 E-10	10	74,31	MH538294.1	6
MT2A (<i>A. thaliana</i>)	NM_111773. 4	<i>Spuriopimpi nella brachycarp a</i>	1,00 E-25	9	89,01	AF093585.1	7
WKR45 (<i>Triticum</i> spp.)	NM_111063. 4	<i>Petroselinu m crispum</i>	2,00 E-13	9	73,64	U58540.1	9
WKR45 (<i>Triticum</i> spp.)	NM_111063. 4	<i>Spuriopimpi nella brachycarp a</i>	1,00 E-09	9	72	AF080595.1	9
TaMYB80 (<i>A. thaliana</i>)	KY475608.1	<i>Oenanthe javanica</i>	7,00 E-05	9	71,43	MF664532.1	6
DREB2B (<i>O. sativa</i>)	NM_111939. 3	<i>Panax notoginsen g</i>	7,00 E-13	8	73,44	KY817613.1	11
DREB2B (<i>O. sativa</i>)	NM_111939. 3	<i>Hansenia weberbauer iana</i>	5,00 E-09	8	71,32	KY311579.1	1
MT2A (<i>A. thaliana</i>)	NM_111773. 4	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	8,00 E-23	8	88,37	XM_017375 594.1	7
MT2A (<i>A. thaliana</i>)	NM_111773. 4	<i>Oenanthe javanica</i>	8,00 E-23	8	88,37	AF017787.1	7
DREB2A (<i>A. thaliana</i>)	NM_120623. 3	<i>Apium graveolens</i>	5,00 E-09	7	71,90	KU234490.1	3
DREB2B (<i>O. sativa</i>)	NM_111939. 3	<i>Apium graveolens</i>	7,00 E-07	6	73,00	KU234490.1	11
EF1 α (<i>C. arabica</i>)	NM_100668. 3	<i>Bupleurum chinense</i>	3,00 E-37	6	87,5	FJ389748.1	5
CtHSR1 (<i>A. thaliana</i>)	FN667837.1	<i>Panax notoginsen g</i>	1,00 E-08	5	86,7	MN115397.1	1

GoLS1 (<i>A. thaliana</i>)	AF447452.1	<i>Daucus carota subsp. sativus</i>	4,00 E-33	5	77,2	XM_017381 168.1	2
RD17/COR17 (<i>A. thaliana</i>)	NM_101894. 4	<i>Daucus carota</i>	4,00 E-05	4	80,70	AB105039.1	12
TLPs (<i>C. arabica</i>)	NM_119768. 2	<i>Bupleurum kanoi</i>	0,00 1	4	73,17	FN667837.1	1
DREB2B (<i>O. sativa</i>)	NM_111939. 3	<i>Coriandrum sativum</i>	1,00 E-04	3	79,31	MT759816.1	11
WKR45 (<i>Triticum spp.</i>)	NM_111063. 4	<i>Hansenia forrestii</i>	0.00 4	2	93,33	KX808494.1	9
WKR45 (<i>Triticum spp.</i>)	NM_111063. 4	<i>Hansenia oviformis</i>	0.00 4	2	93,33	MT843762.1	9
HSP70 (<i>A. thaliana</i>)	NM_112093. 3	<i>Panax vietnamensis</i>	0,02 5	1	90,62	MZ826164.1	4

Fonte: Autoria própria (2023). Onde: 1: Similaridade com *Daucus carota*, *Panax ginseng*, *Bupleurum kanoi*. 2: Similaridade com *Daucus carota*. 3: Similaridade com *Daucus carota* e *Apium graveolens*. 4: Similaridade com *Daucus carota*, *Oenanthe javanica*, *Oliveria decumbens* e *Panax ginseng*. 5: Similaridade com *Daucus carota*, *Panax ginseng*, *Hedera helix*, *Apium graveolens*, *Bupleurum kanoi*, *Petroselinum crispum*, *Aralia elata*. 6: Similaridade com *Daucus carota*, *Panax ginseng*, *Apium graveolens*, *Spuriopimpinella brachycarpa*, *Angelica sinensis*, *Oenanthe javanica*. 7: Similaridade com *Daucus carota*, *Panax ginseng*, *Oenanthe javanica*, *Spuriopimpinella brachycarpa*. 8: Similaridade com *Daucus carota*, *Panax quinquefolius*, *Petroselinum crispum*. 9: Similaridade com *Daucus carota*, *Panax ginseng*, *Petroselinum crispum*, *Spuriopimpinella brachycarpa*, *Hansenia forrestii*. 10: Similaridade com *Daucus carota*, *Panax quinquefolius*, *Hansenia oviformis*, *Petroselinum crispum*. 11: Similaridade com *Daucus carota*, *Apium graveolens*, *Panax ginseng*, *Hansenia oviformis*, *Coriandrum sativum*. 12: Similaridade com *Daucus carota*, *Panax ginseng*.

Observa-se que o gene CtHSR1 que codifica uma proteína relacionada a resposta ao choque térmico (*Heat Shock Response*), conferiu tolerância as altas temperaturas as plantas de *A. thaliana*, apresentou a maior cobertura (100%) e a maior identidade (100%), dentre todos os genes alinhados. A similaridade do gene foicom a espécie *Bupleurum kanoi hits* (erva perene que cresce principalmente na Chinae é utilizada na medicina como anti-inflamatória e antioxidante). Além do *Bupleurum* apresenta similaridade também com cenoura e ginseng.

Uma cobertura de 100% significa que as sequências alinhadas são 100% iguais, já uma identidade de 100% indica que dentre os 100% que foram iguais, 100% dos nucleotídeos são idênticos. Entende-se por cobertura o percentual de comprimento de uma sequência que se deseja comparar em relação a outra sequência conhecida. Esta comparação entre tais sequências, posição a posição (sejauma comparação de nucleotídeos ou aminoácidos) também fornecerá informação quanto ao nível de conservação, aferindo desta forma o que se chama identidade (Prosdócimi; Moreira, 2023).

Importante destacar também o excelente valor de e-value de zero para alguns genes citados no quadro 2. O e-value (valor E) representa o número de alinhamentos com escores

iguais, que seria de se esperar que ocorressem ao acaso numa base de dados do tamanho da utilizada. Assim, quanto menor o valor E, melhor o alinhamento, de forma que (num banco de dados de grandes proporções) um valor de E igual a zero significa que não há chance de que um alinhamento entre as duas sequências tenha ocorrido por mero acaso (Prósdocini, 2007). Valores bons e confiáveis de e-value ficam entre e^{-6} e e^{-8} quando começa a se aproximar de e^{-5} diminui a probabilidade do alinhamento ser ao acaso. Valores de e-value listados no quadro como 0,004; 0,001; 0,025 indicam que possivelmente o alinhamento não foi ao acaso.

Na literatura foi encontrado um artigo relacionado a estresses abióticos com o uso do gene CtHSR1. Um deles utilizou o gene previamente isolado da levedura halofítica *Candida tropicalis*, que codifica uma proteína relacionada ao fator de transcrição de choque térmico. O gene foi introduzido na planta modelo *Arabidopsis thaliana* pela transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. A análise transcriptômica indicou que as plantas transgênicas CtHSR1 superexpressaram uma centena de genes, incluindo muitos relevantes para a defesa contra o estresse, como LOX4 (envolvido na síntese de ácido jasmônico) e P5CS1 (envolvido na biossíntese de prolina) (Martínez *et al.*, 2015b).

A partir da similaridade encontrada, em estudos futuros, será possível escolher um gene alvo cuja similaridade foi identificada, prosseguir com o desenho de iniciadores degenerados, visando aplicar em *A. xanthorrhiza*.

A elevada temperatura e a elevada $[CO_2]$ interferem na expressão gênica das plantas. O estudo dos genes envolvidos nesses processos é de fundamental importância visando sua utilização futura, mediante o uso de ferramentas biotecnológicas e da bioinformática que permitam aumentar a tolerância das plantas aos diferentes estresses decorrentes das mudanças climáticas e garantir a manutenção ou aumento da produtividade de cultivos no futuro próximo.

6.4 Conclusão

Foram identificados 29 genes associados à tolerância ao estresse térmico causado por altas temperaturas em várias espécies, destacando-se a espécie modelo *Arabidopsis thaliana*, que foi amplamente utilizada nos estudos. Notavelmente, os resultados indicaram que a família das Proteínas de Choque Térmico (HSPs) desempenhou um papel preponderante, demonstrando sua essencialidade na preservação da integridade celular, especialmente em condições de estresse térmico provocado por elevadas temperaturas.

Além disso, por meio do alinhamento das sequências nucleotídicas com sequências da ordem Apiales foi possível identificar as espécies com sequências similares. As espécies encontradas foram, *Angelica sinensis* hits, *Apium graveolens* hits, *Aralia elata* hits, *Bupleurum*

kaoi hits, *Daucus carota* hits, *Daucus carota* subsp. *sativus* hits, *Coriandrum sativum* hits, *Hansenia forrestii* hits, *Hansenia oviformis* hits, *Hansenia weberbaueriana* hits, *Hedera helix* hits, *Oliveria decumbens* hits, *Oenanthe javanica* hits, *Panax ginseng* hits, *Panax notoginseng* hits, *Panax quinquefolius* hits, *Panax vietnamensis* hits, *Petroselinum crispum* hits, *Spuriopimpinella brachycarpa* hits. Apesar do número significativo de espécies similares destaque para cenoura (*Daucus carota*) que retornou maior quantidade de resultados.

REFERÊNCIAS

- AMARILA, I. R. **Crescimento e produtividade de mandioquinha-salsa em resposta a formas de adição ao solo de cama de frango e do arranjo de plantas.** 2019. 45f. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Biologia Geral) -Universidade Federal da Grande Dourados. 2019. Disponível em: <https://repositorio.ufgd.edu.br/jspui/handle/prefix/2224>. Acesso e 17 nov. 2022.
- Altschul, S. F., *et al.* Basic Local Alignment Search Tool. **Journal of Molecular Biology**, v.215, p.403–410. 1990. DOI:10.1016/S0022-2836(05)80360-2.
- CARVALHO, K. **Expressão de genes envolvidos na biosíntese de manitol em *Coffea arabica* submetido a estresses abióticos e contribuição de homeólogos de *Coffea canephora*.** 2013. 158f. Tese (Doutorado) - Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal do Paraná. Curitiba. 2013. http://200.235.128.121/bitstream/handle/123456789/12136/Tese_Kenia%20de%20Carvalho.pdf?sequence=1&isAllowed=y.
- LORIZZO, M. *et al.* A high-quality carrot genome assembly provides new insights into carotenoid accumulation and asterid genome evolution. **Nat Genet**, v. 48, n. 6, p. 657-66. 2016. DOI: 10.1038/ng.3565.
- HAN, S., JIANG, S.; XIONG, R.; SHAFIQUE, K. ZAHID, K. R.; WANG, Y. Response and tolerance mechanism of food crops under high temperature stress: a review. **Brazilian Journal of Biology**, v. 82, e253898. 2022. DOI: 10.1590/1519- 6984.253898.
- KOTAK, S.; LARKINDALE, J.; LEE, U.; VON KOSKULL-DÖRING, P.; VIERLING, E.; SCHARF, K. D. Complexity of the heat stress response in plants. **Plant Biology**, v.10, n.3, p.310-316, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2007.04.011>.
- MACKO-PODGÓRNI, A.; MACHA, G.; GRZEBELUS, D. A Global Landscape of Miniature Inverted-Repeat Transposable Elements in the Carrot Genome. **Genes(Basel)**, v. 12, n. 6, p.859. 2021. DOI: 10.3390/genes12060859.
- MARTÍNEZ, F.; ARIF, A.; NEBAUER, S. G.; BUESO, E.; ALI, R.; MONTESINOS, C.; BRUNAUD, V.; MUNOZ-BERTOMEU, J.; SERRANO, R. A fungal transcription factor gene is expressed in plants from its own promoter and improves drought tolerance. **Planta**, v. 242, p. 39-52, 2015b.

MARTINEZ, C. A.; OLIVEIRA, E. A. D. DE; MELLO, T. R. P.; MARIN, A. L. A. Respostas das plantas ao incremento atmosférico de dióxido de carbono e da temperatura. **Revista Brasileira de Geografia Física**, v. 8, número especial, p. 635-650. 2015a. DOI: 10.5935/1984-2295.20150020.

MASOULEH, S. S.; SASSINE, Y. N. Molecular and biochemical responses of horticultural plants and crops to heat stress. **Ornamental Horticulture**, v. 26, n.2, p.148-158. 2020. <http://old.scielo.br/pdf/oh/v26n2/2447-536X-oh-26-02-0148.pdf>.

MENDONZA, A. B. **Ecofisiología e bioquímica del estrés en plantas**. Editora: Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. 229p. 2002. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Adalberto-Benavides-Mendoza/publication/305346608_Ecofisiologia_y_bioquimica_del_estres_en_plantas/links/57893ca808ae59aa6675e204/Ecofisiologia-y-bioquimica-del-estres-en-plantas.pdf. Acesso em: 07 jul. 2022.

MOHAMED, H.; WHAIBI, A. L. Plant heat-shock proteins: A mini review. **Journal of King Saud University - Science**, v.23, n.2, p. 139-150. 2011. DOI: 10.1016/j.jksus.2010.06.022.

NAWAE, W.; YOOCHA, T.; NARONG, N.; PAEMANEE, A.; KETNGAMKUM, Y.; ROMYANON, K.; TOOJINDA, T.; SITHICHOKE TANGPHATSORNRUANG, S.; POOTAKHAM, W. Transcriptome sequencing revealed the influence of blue light on the expression levels of light-stress response genes in *Centella asiatica*. **PLoS One**, v.16, n.11. 2021. DOI: 10.1371/journal.pone.0260468.

PALUMBO, F.; VITULO, N.; VANNOZZI, A.; MAGON, G.; BARCACCIA, G. The Mitochondrial Genome Assembly of Fennel (*Foeniculum vulgare*) Reveals Two Different atp6 Gene Sequences in Cytoplasmic Male Sterile Accessions. **Int J MolSci**, v.21, n.13, p.4664. 2020. DOI: 10.3390/ijms21134664.

PROSDÓCIMI, L. **Alinhamento de Sequências**. PUC. 2007. Disponível em: <https://professor.pucgoias.edu.br/SiteDocente/admin/arquivosUpload/18497/material/Cap.%203%20Alinhamento%20de%20sequ%C3%AAs.pdf>. Acesso em: 09 out. 2023.

PROSDÓCIMI, L., MOREIRA, L. M. **Genômica comparativa**. PUC. 2023. Disponível em: <https://professor.pucgoias.edu.br/SiteDocente/admin/arquivosUpload/18497/material/Cap.%204%20Gen%C3%B4mica%20comparativa.pdf>. Acesso em 09 out. 2023.

QU, A. L.; DING, Y. F.; JIANG, Q.; ZHU, C. Molecular mechanisms of the plant heatstress response. **Biochemical and Biophysical Research Communications**, v, 423, n.2, p. 203-207. 2013. DOI: 10.1016/j.bbrc.2013.01.104.

SANGUA, E.; IBAZARWAA, A. F. I.; NYOMORA, A.; SYMONDS, R. C. Expression of genes for the biosynthesis of compatible solutes during pollen development under heat stress in tomato (*Solanum lycopersicum*). **Journal of Plant Physiology**, v.178, p.10–16. 2015. DOI: 10.1016/j.jplph.2015.02.002.

SILVA, S. A.; NORATI, D. L.; ALBA, G. **Bioinformática [recurso eletrônico]: contexto computacional e aplicações**. Caxias do Sul, RS: Educs, 2020.

SOUSA, C. M. **Ocorrência de viroses em mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* brancroft) nas principais regiões produtoras do Brasil**. 2014. 54f. Dissertação (Programa de Pós-Graduação em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrônômicas da UNESP. 2014.

SUN, W.; MONTAGU, M. V.; VERBRUGGEN, N. Small heat shock proteins and stress tolerance in plants. **Biochem. Biophys. Acta**, v.1577, p.1-9. 2002.

TORALES, E. P.; HEREDIA ZÁRATE, N. A.; VIEIRA, M.C.; MACHADO DE RESENDE, M.; SANGALLI, C. M. S.; PEREIRA GASSI, R. Doses de cama-de-frango e densidade de plantio na produção de mandioquinha-salsa 'Amarela de Carandaí'. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina. v. 31, n. 1, p. 1165-1176, 2010.

TORRES, L. F.; DÉCHAMP, E.; ALVES, G. S. C. A.; MARRACCINI, P.; ETIENNE, H.; ANDRADE, A. C. **RNA-SEQ em *Coffea arabica*: genes candidatos em condições de estresse abiótico**. X Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil. 8 a 11 de outubro de 2019. Disponível em: <https://agritrop.cirad.fr/593843/1/419-2599-1-PB.pdf>. Acesso em 04 jul. 2022.

WANG, Z.; WANG, X.; LU, T.; LI, M.; JIANG, P.; ZHAO, J.; LIU, S. T.; FU, X. Q.; WENDEL, J. F.; PEER, Y. V.; LIU, B.; LI, L. F. Reshuffling of the ancestral core-eudicot genome shaped chromatin topology and epigenetic modification in *Panax*. **Nat Commun**, v. 13, n. 1, p1902. 2022. DOI: 10.1038/s41467-022-29561-5.

YU, J., TEHRIM, S., ZHANG, F., TONG, C., HUANG, J., CHENG, X., DONG, C., ZHOU, Y., QIN, R., HUA, H., LIU, S. Genome-wide comparative analysis of NBS-encoding genes between Brassica species and *Arabidopsis thaliana*. **BMC Genomics**, v, 15, (1):3. DOI: 10.1186/1471-2164-15-3.

ZHANG, T.; ZHAO, Y.; WANG, Y.; LIU, Z.; GAO. Análise abrangente da família de genes MYB e suas expressões sob estresse abiótico e tratamentos hormonais em *Tamarix hispida*. **Frente. Plant Sci.**, v. 9. 2018. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01303>.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

Analisando o desempenho agrônômico dos genótipos estudados no período de condução dos experimentos, observou-se variação nos dados do estudo em comparação há alguns encontrados na literatura, principalmente de produtividade. As condições climáticas que favoreceram o surgimento e o desenvolvimento de pragas e doenças, contribuíram para tais diferenças, devido a redução do ciclo e antecipação da colheita. No entanto alguns genótipos como SCS380 Inca e SCS381 Coqueiral, de forma geral, foram os que expressaram os melhores resultados, e BRS Acarijó 56 maiores médias de produtividade para a primeira época de cultivo. Possuem, portanto, potencial para ser usados a fim de ampliar a área de cultivo e consequentemente possibilitar maior oferta de produto, atendendo a uma demanda crescente de raízes do mercado consumidor que se amplia ano após ano.

Em resumo, os metabólitos aqui avaliados desempenham um papel importante na resposta das plantas ao estresse térmico, afetando o aparato e continuidade do processo fotossintético, alocação de carbono, regulação e manutenção do metabolismo energético e estabelecimento da termotolerância. É importante observar que a resposta das plantas ao estresse por altas temperaturas envolve uma rede multi-fatorial complexa de interações bioquímicas. Os metabólitos aqui estudados são apenas alguns dos diversos componentes intrínsecos desses mecanismos de resposta e defesa, mas com papel significativo na proteção e sobrevivência das plantas contra os efeitos nocivos do estresse térmico.

Considerando o exposto até aqui o estudo *in silico* dará embasamento para entender o funcionamento de alguns genes, na resposta da planta ao estresse abiótico por altas temperaturas, além de dar suporte à programas de melhoramento genético da cultura da mandioquinha-salsa e demais espécies de Apiales. Futuramente os genes descritos na literatura, cujas sequências apresentaram similaridade e que forem considerados mais relevantes para o processo de tolerância a estresses abióticos, por altas temperaturas poderão ter o seu perfil de expressão avaliado e sequenciado.

É importante ressaltar que o sucesso do cultivo da mandioquinha-salsa em qualquer região dependerá não apenas das condições climáticas, mas também de fatores como solo adequado, disponibilidade de água e práticas agrícolas adequadas. Pois, as plantas de mandioquinha-salsa, independente do genótipo ou cultivar, e das adversidades de clima, são altamente sensíveis ao ataque de pragas e doenças, e ao manejo adotado. Além disso, as respostas das plantas não seguem um padrão no decorrer dos ciclos de cultivo, ocorrendo muita variação

nos dados encontrados na literatura e no próprio estudo, sendo esses os principais entraves observados durante a condução dos experimentos.

As perspectivas de cultivo da mandioquinha-salsa no Sul do Brasil e em todo o país são bastante promissoras devido ao seu sabor único e valor nutricional, o que resulta em uma demanda constante no mercado interno. Além disso, o interesse por alimentos saudáveis e naturais tem impulsionado o consumo de produtos como a mandioquinha-salsa. A mandioquinha-salsa tem potencial para agregar valor à produção agrícola. Seja através da venda direta ao consumidor em mercados locais, do processamento, ou mesmo da exportação para mercados internacionais, há oportunidades para aumentar o valor da produção.

No entanto, é importante destacar que o sucesso no cultivo da mandioquinha-salsa requer atenção aos detalhes de manejo, como preparo do solo, irrigação adequada, controle de pragas e doenças, além do monitoramento das condições climáticas. Além disso, investimentos em pesquisa e desenvolvimento de variedades mais produtivas e resistentes podem contribuir para o crescimento sustentável do cultivo da mandioquinha-salsa no Brasil.