

IMAGEAMENTO COMPUTACIONAL PARA FENOTIPAGEM DE PLANTAS DE BATATA SILVESTRE

DAVI BARWALDT DUTRA¹; ITTALO DE SOSA NÖRNBERG²; IKRAM BASHIR³;
GUSTAVO HEIDEN⁴

¹Universidade Federal De Pelotas 1 – ddavibarwaldt@gmail.com

²Universidade Federal De Pelotas 2 – ittalo.nornberg@gmail.com

³Universidade do Vale do Taquari – ikrambashir215@gmail.com

⁴Embrapa Clima Temperado – gustavo.heiden@embrapa.br

1. INTRODUÇÃO

A batata (*Solanum tuberosum* L., Solanaceae) é considerada a terceira cultura alimentar de maior importância para a segurança alimentar global. No entanto, trata-se de uma espécie vulnerável aos estresses abióticos, especialmente aos estresses térmico e hídrico (BASHIR et al., 2022; 2025). Com a intensificação das mudanças climáticas, a frequência e a severidade desses eventos têm aumentado, impactando negativamente a produtividade agrícola e comprometendo a sustentabilidade dos sistemas alimentares (ALPINO et al., 2021).

Nesse contexto, torna-se fundamental o desenvolvimento de genótipos mais adaptados à nova condição climática, especialmente à ocorrência de temperaturas extremas. Uma alternativa promissora no âmbito do melhoramento genético da batata cultivada é a utilização de espécies silvestres aparentadas, que apresentam ampla variabilidade genética e adaptabilidade a condições ambientais adversas. Essas espécies ocorrem em diferentes regiões da América do Sul, incluindo Bolívia, Brasil, Argentina e Paraguai (NICOLAO et al., 2022; 2023).

Um exemplo de conservação ex situ de recursos genéticos é o Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Batata da Embrapa Clima Temperado, que mantém aproximadamente 86 acessos de batatas silvestres, armazenados sob a forma de tubérculos em câmaras frias. Desses, 68 acessos também estão disponíveis in vitro, em cultura de tecidos (DUTRA et al., 2023).

Estudos recentes com esses acessos silvestres evidenciaram o elevado potencial para o melhoramento genético da batata. Por meio de experimentos conduzidos em câmaras de crescimento, que simularam condições de estresse térmico por calor, foi observada a tuberização sob temperaturas elevadas nas espécies *Solanum chacoense*, *S. commersonii* e *S. tuberosum*, (BASHIR et al., 2022).

Avaliar quantitativamente as amostras ainda representa um desafio na fenotipagem manual, devido ao tempo demandado e à necessidade de utilização de instrumentos como paquímetros, réguas, entre outros. Nesse contexto, os avanços em tecnologias de imagem digital, aliados ao uso de linguagens de programação, vêm possibilitando o desenvolvimento de ferramentas voltadas à redução do tempo de análise, sem comprometer a qualidade dos dados gerados (GHIMIRE et al., 2023).

O objetivo deste trabalho é avaliar um software piloto de código aberto para a obtenção de medidas quantitativas de comprimento na fenotipagem de plantas, utilizando tubérculos de batatas silvestres como modelo experimental.

2. METODOLOGIA

Foram fotografados 22 tubérculos dos acessos BGB 101 e BGB 113, observando-se as diferenças entre as safras do primeiro e do segundo semestre de 2024. Um aplicativo piloto em Python foi desenvolvido para criar uma ferramenta de caracterização de recursos genéticos, baseada em fotografias e processamento digital de imagens. O trabalho ocorreu em etapas, iniciando pela aferição da precisão do aplicativo. Para isso, 30 tubérculos foram medidos aleatoriamente com paquímetro, e os valores organizados em tabela crescente. Cada tubérculo foi fotografado individualmente utilizando um smartphone Samsung Galaxy A14, equipado com câmera traseira principal de 50 megapixels, abertura f/1.8, foco automático e estabilização digital de imagem. Com o aplicativo, o comprimento foi aferido virtualmente por dois observadores, para verificar a reprodutibilidade. Os dados foram analisados por meio do teste t de Student, aplicado em grupos de 10 tubérculos, comparando as medidas obtidas pelo paquímetro e pelo aplicativo, alternando os observadores.

Após validação, o aplicativo foi utilizado preliminarmente para fenotipagem de tubérculos de acessos com potencial para melhoramento genético (Bashir et al., 2022). As amostras, armazenadas em câmara fria, referiam-se aos plantios do primeiro e segundo semestre de 2024. O comprimento foi aferido com paquímetro, e os dados tabulados. Cada tubérculo foi fotografado ao lado de uma régua de 50 cm, usada como referência de escala. Utilizando o script, as medidas foram obtidas selecionando-se dois pontos na imagem para informar a distância real, permitindo ajuste automático da escala pixels/centímetros (px/cm). O comprimento do tubérculo foi calculado pela distância entre suas extremidades mais distantes. Por fim, aplicou-se o teste t de Student para comparar as safras em cada acesso avaliado.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após a medição dos tubérculos com paquímetro e com as imagens digitais com auxílio do script em Python, o teste t de Student apresentou valor de p maior que 0,05 para as três repetições com 10 amostras cada, indicando eficácia do aplicativo, pois não houve evidência de diferença significativa entre as medidas obtidas pelo aplicativo e as medidas realizadas com o equipamento físico. Para avaliar a acurácia, foram calculados o erro relativo, o erro percentual e o erro absoluto. Os dados obtidos encontram-se demonstrados na Tabela 1.

Repetição	Paquímetro	Medida com aplicativo	Erro Relativo	Erro Percentual	Erro Absoluto	P-value
1	1.5	1.5	0	0.0%	0	0.9299
2	1.7	1.6	0,05882	5.88%	0,1	
3	3.0	3.0	0	0.0%	0	
4	1.8	1.8	0	0.0%	0	
5	1.8	1.8	0	0.0%	0	
6	4.6	4.7	0,02174	2.17%	0,1	
7	2.2	2.2	0	0.0%	0	
8	3.0	3.1	0,03333	3.33%	0,1	
9	2.8	2.9	0,03571	3.57%	0,1	
10	4.0	4.2	0,05	5.0%	0,2	
1	1.5	1.5	0	0.0%	0	0.7713
2	1.6	1.7	0,0625	6.25%	0,1	
3	1.6	1.6	0	0.0%	0	
4	2.2	2.3	0,04545	4.55%	0,1	
5	1.6	1.7	0,0625	6.25%	0,1	
6	0.6	0.7	0,16667	16.67%	0,1	
7	0.9	0.9	0	0.0%	0	
8	1.3	1.4	0,07692	7.69%	0,1	
9	1.7	1.8	0,05882	5.88%	0,1	
10	1.7	1.7	0	0.0%	0	
1	1.5	1.6	0,06667	6.67%	0,1	1.0000
2	1.6	1.6	0	0.0%	0	
3	1.0	1.0	0	0.0%	0	
4	1.0	0.9	0,1	10.0%	0,1	
5	0.9	1.0	0,11111	11.11%	0,1	
6	1.0	1.0	0	0.0%	0	
7	1.2	1.2	0	0.0%	0	
8	1.7	1.7	0	0.0%	0	
9	2.1	2.1	0	0.0%	0	
10	1.4	1.4	0	0.0%	0	

Tabela 1. Apresentação das repetições das amostras (primeira coluna), seguidas das medidas obtidas por meio de paquímetro, dos respectivos erros relativo, percentual e absoluto, bem como do valor de p resultante da comparação entre as medidas realizadas com o paquímetro e aquelas obtidas por meio do aplicativo, para cada amostra analisada.

A partir da análise dos erros relativos e do teste de comparação de médias, foi conduzida uma avaliação piloto utilizando uma régua como referência para a escala real em centímetros. A Figura 1 ilustra o uso do aplicativo durante a coleta dos dados.

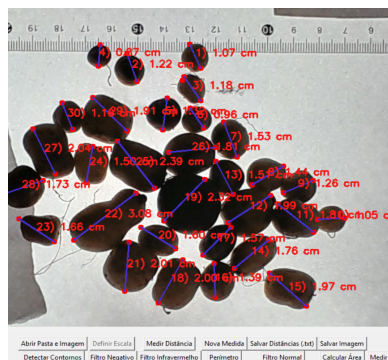


Figura 1. Imagem ilustrativa de tubérculos de batata silvestre com as medições realizadas pelo aplicativo desenvolvido pelo autor. Sobre cada tubérculo, linhas roxas indicam o comprimento mensurado, acompanhadas dos valores das medidas em centímetros destacados em vermelho, demonstrando o funcionamento do aplicativo para obtenção precisa das dimensões. **Fonte:** Elaboração do autor.

A realização do teste t de Student entre as duas colheitas para as repetições do acesso BGB 101, colhido no primeiro e no segundo semestre de 2024, não revelou diferença significativa no tamanho dos tubérculos ($p > 0,24$). Por outro lado, para o acesso BGB 113, houve diferença significativa entre as safras, com $p < 0,001$.

4. CONCLUSÕES

Com o desenvolvimento e validação deste aplicativo em Python, foi possível realizar medições precisas dos tubérculos, permitindo acompanhar as diferenças entre dois ciclos de manutenção do BAG para os acessos BGB 101 e BGB 113, ambos com potencial para programas de melhoramento genético voltados à

tuberização sob estresse térmico. Aprimoramentos futuros no script, como a inclusão de cálculos de área e outras métricas, poderão ampliar ainda mais a utilidade desta ferramenta na fenotipagem de plantas.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALPINO, T. D. M. A.; MAZOTO, M. L.; BARROS, D. C. D. ; FREITAS, C. M. D. **Os impactos das mudanças climáticas na segurança alimentar e nutricional: uma revisão da literatura**. Ciência & Saúde Coletiva, Rio de Janeiro, v. 27, n. 1, p. 273–286, 2022. Disponível em: <https://www.scielo.org/article/csc/2022.v27n1/273-286/en/>. Acesso em: 30 jul. 2025.

BASHIR, I.; NICOLAO, R.; HAERTER, J.; DE BRITO, G.; CASTRO, C.; HEIDEN, G. **Resposta genotípica e seleção de germoplasma de batata sob estresse térmico**. Potato Research, [S.l.], v. 66, p. 1–13, 2023. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11540-022-09573-w>. Acesso em: 30 jul. 2025.

BASHIR, I., NICOLAO, R., HAERTER, JA, DE BRITO, GG, CASTRO, CM, & HEIDEN, G.; **Phenotyping wild potatoes for photosynthesis associated traits under heat stress**. American Journal of Potato Research, v. 102, n. 1, p. 33–50, 2025.

DE SOUSA, C. A. F. **Fenotipagem de plantas: as novas técnicas que estão surgindo para atender aos desafios atuais e futuros**. Brasília: Embrapa, 2014. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/1005843/1/Fenotipagem.pf>. Acesso em: 30 jul. 2025.

DUTRA, D. B.; NICOLAO, R.; HEIDEN, G. **Estado atual de conservação de recursos genéticos de parentes silvestres do banco ativo de germoplasma de batata da Embrapa**. In: SEMANA INTEGRADA DE INOVAÇÃO, ENSINO, PESQUISA E EXTENSÃO DA UFPEL – SIIPE, 9., 2023, Pelotas. Anais... Pelotas: Universidade Federal de Pelotas, 2023. [Resumo expandido].

GHIMIRE, A., KIM, SH, CHO, A., JANG, N., AHN, S., ISLAM, MS, ... E KIM, Y.. **Automatic evaluation of soybean seed traits using RGB image data and a python algorithm**. Plants, Basel, v. 12, n. 17, p. 3078, 2023. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/12/17/3078>. Acesso em: 30 jul. 2025.

MOLIN, L. H. D.; CASTRO, C. M.; HEIDEN, G. **Acessos de espécies silvestres no banco ativo de germoplasma de batata da Embrapa Clima Temperado**. [S.l.]: [s.n.], 2016.

NICOLAO, R.; BASHIR, I.; HEIDEN, G. **Solanum commersonii, batata-silvestre pioneira**. Batata Show, [S.l.], v. 57, n. 64, p. 20–22, 2022.

NICOLAO, R.; GAIERO, P.; SOUZA, H.; HEIDEN, G.; CASTRO, M. C. F. **Diversidade genética em acessos silvestres de batata do banco ativo de germoplasma da Embrapa**. In: SEMANA INTEGRADA UFPEL, 9., 2023, Pelotas. Anais... Pelotas: Editora UFPEL, 2023. [Resumo expandido].