10º SIRGEALC

Simpósio de Recursos Genéticos
para a América Latina e o Caribe

Anais

Recursos Genéticos no Século 21: de Vavilov a Svalbard

26 a 29 de outubro de 2015
Bento Gonçalves - RS
Brasil

ANAIS DO 10º SIMPÓSIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA A AMÉRICA LATINA E O CARIBE

APTOR SOFTWARE

BENTO GONÇALVES – RS

2015

Editores técnicos

Rodrigo Cezar Franzon (Embrapa Clima Temperado)

Caroline Marques Castro (Embrapa Clima Temperado)

Alexandre Floriani Ramos (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia)

Sueli Correa Marques de Mello (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia)

S736a Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe (10., 2015: Bento Gonçalves, RS).

Anais do 10º Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe; 26 a 29 de outubro, 2015, Bento Gonçalves, RS, Brasil.

e-book

ISBN: 978-85-63273-31-4

340p.

Evento realizado pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa.

1. Recursos Genéticos. I. Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe, II. Título.

ÍNDICE

MENSAGEM DA PRESIDENTE 4

COMISSÃO ORGANIZADORA 5

INFORMAÇÕES GERAIS 5

PROGRAMAÇÃO 7

APRESENTAÇÕES ORAIS 12

TERÇA-FEIRA, 27 DE OUTUBRO 13

Sessão STO1 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 1 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenadora: Fernanda Vidigal Duarte Souza (Embrapa Mandioca e Fruticultura) – Sala Malbec 13

RESUMOS 14

Sessão STO2 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 2 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenador: Adeliano Cargnin (Embrapa Uva e Vinho) – Sala Chardonnay 27

RESUMOS 28

Sessão STO3 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 3 - RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS

Coordenador: Alexandre Floriani Ramos (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia) – Sala Assemblage ..41

RESUMOS 43

QUARTA-FEIRA, 28 DE OUTUBRO 56

Sessão STO4 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 4 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenadora: Semiramis Rabelo Ramalho Ramos (Embrapa Tabuleiros Costeiros) – Sala Malbec 56

RESUMOS 57

Sessão STO5 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 5 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenador: Miguel Luiz Menezes Freitas (Instituto Florestal de São Paulo) – Sala Chardonnay 70

RESUMOS 71

Sessão STO6 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 6 - RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS

Coordenadora: Sueli Correa Marques de Mello (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Sala Assemblage 84

RESUMOS 85

APRESENTAÇÕES DE PÔSTERES 97

TERÇA-FEIRA, 27 DE OUTUBRO, 18:30 - 19:30 98

C - Recursos genéticos vegetais 98

RESUMOS 105

A - Recursos genéticos animais 193

RESUMOS 194

D - Temas transversais 202

RESUMOS 203

QUARTA-FEIRA, 28 DE OUTUBRO, 18:30 - 19:30 214

C - Recursos genéticos vegetais 214

RESUMOS 221

B - Recursos genéticos microbianos 312

RESUMOS 314

PALESTRAS 327

ÍNDICE DE AUTORES 332

MENSAGEM DA PRESIDENTE

Com o tema ***Recursos Genéticos no Século 21: de Vavilov a Svalbard***, o **10º Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe (10º SIRGEALC)** tem o objetivo de promover o encontro de pessoas que trabalham com recursos genéticos para a alimentação e a agricultura, estimular discussões relacionadas à conservação, caracterização e uso de recursos genéticos vegetais, animais e de microrganismos, e compartilhar experiências, metodologias e resultados de pesquisa em recursos genéticos.

Os **recursos genéticos** são a parte da biodiversidade usada para a alimentação e a agricultura. Plantas, animais e microrganismos compõem a teia da biodiversidade da qual depende a produção de alimentos. Os recursos genéticos são indispensáveis, sejam eles insetos polinizadores, bactérias e fungos microscópicos necessários para a produção de queijos e vinhos, diversas raças de animais domésticos, ou as variedades de plantas cultivadas que são a base da segurança alimentar em todo o mundo. Durante milhares de anos, a humanidade tem usado e desenvolvido recursos genéticos para alimentação e agricultura. Porém, essa riqueza está sendo perdida em um ritmo alarmante. Conservar os recursos genéticos, conhecê-los e utilizá-los é uma responsabilidade global.

Sejam bem vindos ao **10º SIRGEALC!**

Rosa Lía Barbieri

Bióloga, Dra. em Genética e Biologia Molecular

Pesquisadora da Embrapa Clima Temperado

Pelotas, RS, Brasil

COMISSÃO ORGANIZADORA

Presidente - Rosa Lía Barbieri (Embrapa Clima Temperado)

Vice-Presidente - Paulo Ricardo Dias de Oliveira (Embrapa Uva e Vinho)

Diretor Financeiro - Gustavo Heiden (Embrapa Clima Temperado)

Coordenador da área vegetal - Sandro Bonow (Embrapa Clima Temperado)

Coordenador da área animal - Arthur da Silva Mariante (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia)

Coordenadora da área de microrganismos - Sueli Corrêa Marques de Mello (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia)

Comissão Técnico-Científica - Rodrigo Cezar Franzon (Embrapa Clima Temperado), Caroline Marques Castro (Embrapa Clima Temperado), Ana Cristina Mazzocato (Embrapa Pecuária Sul), Marcos Aparecido Gimenes (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia) e Adeliano Cargnin (Embrapa Uva e Vinho)

Comissão de Divulgação - Anna Thaís Gomes (Embrapa Sede), Andréa Noronha (Embrapa Clima Temperado), Juliana Castelo Branco Villela (Instituto Federal Sul-Rio-Grandense), Claudete Clarice Mistura (Embrapa Clima Temperado), Marene Machado Marchi (Embrapa Clima Temperado), Mônica Tollini (IICA), Maria Fernanda Diniz Avidos (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia) e Terezinha Aparecida Borges Dias (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia)

Comissão do Concurso de Vídeos e Fotografias - Juliano Gomes de Pádua (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia), Rubens Onofre Nodari (Universidade Federal de Santa Catarina), Clandio Medeiros da Silva (Instituto Agronômico do Paraná) e Tammy Aparecida Manabe Kiihl (Embrapa Trigo)

INFORMAÇÕES GERAIS

LOCAL DE REALIZAÇÃO

Dall'onder Grande Hotel
Rua Herny Hugo Dreher, 663 | Cep 95700-000 | Bento Gonçalves | RS

SECRETARIA

Funcionará nos horários descritos abaixo, para atendimento, esclarecimentos e informações.

26/10/2015	segunda-feira	14:00 às 19:00
27/10/2015	terça-feira	07:30 às 18:30
28/10/2015	quarta-feira	07:30 às 18:30
29/10/2015	quinta-feira	09:00 às 12:00

CREDENCIAMENTO E ENTREGA DE MATERIAL

Para retirada do material será necessária a apresentação de um documento de identificação com foto. Não será permitida a retirada de material de outro participante sem a autorização por escrito e assinada pelo mesmo.

CREDENCIAL

É necessário o uso permanente da credencial para acesso às atividades do Simpósio, por questões de segurança.

CERTIFICADOS

Os certificados eletrônicos de participação no Simpósio estarão disponíveis a partir do dia 05/11/2015, para impressão. Acesse o site do evento (www.10sirgealc.com.br/), visualize sua inscrição e abra o link para impressão do certificado.

TRANSPORTE

O Evento não disponibilizará transporte dos Hotéis para o Simpósio.

SERVIÇO MÉDICO

Estará disponível aos participantes do evento uma ambulância, juntamente com uma equipe de socorristas. Caso necessite deste atendimento, solicite aos monitores e recepcionistas, eles poderão auxiliá-lo.

SESSÃO DE DOCUMENTÁRIOS E VÍDEOS

Nos intervalos entre as atividades serão apresentados os vídeos selecionados para o Concurso de vídeos e fotografias. As fotos selecionadas para o Concurso ficarão expostas junto à área de exposição (Salão Carmenere).

A votação será realizada por meio de uma cédula, que se encontra dentro da pasta retirada no momento do credenciamento. Para participar da votação é necessário entregar a cédula preenchida na secretaria do evento até às 13:00 do dia 28/10/2015.

AGÊNCIA OFICIAL DE TURISMO

Giordani Turismo é a Agência Oficial de Turismo e estará à disposição para atendimento aos participantes no local do evento.

VISITA TÉCNICA EMBRAPA UVA E VINHO

DATA: 27/10/2015
HORÁRIO: 16:00 – 18:30 (O TRANSPORTE SAIRÁ ÀS 16:00 DO DALL'ONDER)
VAGAS: 30

DATA: 28/10/2015
HORÁRIO: 16:00 – 18:30 (O TRANSPORTE SAIRÁ ÀS 16:00 DO DALL'ONDER)
VAGAS: 30

DATA: 29/10/2015
HORÁRIO: 16:00 – 18:30 (O TRANSPORTE SAIRÁ ÀS 16:00 DO DALL'ONDER)
VAGAS: 30

Inscrições gratuitas na secretaria do Evento.

PROGRAMAÇÃO

HORÁRIO	26/10/2015 - SEGUNDA-FEIRA	LOCAL
14:00 - 18:00	Credenciamento	SECRETARIA
17:00 - 18:00	Solenidade de Abertura	SALA MALBEC
18:00 - 19:00	**CONFERÊNCIA MAGNA:** Nicolai Vavilov e suas expedições à América Latina e ao Caribe. **CONFERENCISTA: Igor Loskutov** (N.I. Vavilov Institute of Plant Industry - São Petersburgo, Rússia)	
19:00 - 21:00	Coquetel de Abertura	SALA CARMENÈRE

HORÁRIO	27/10/2015 - TERÇA-FEIRA	LOCAL
08:00 - 09:30	**CONFERÊNCIA TRANSVERSAL:** Contribuição dos recursos genéticos da Mesoamérica para a humanidade. **CONFERENCISTA: Daniel Zizumbo Villarreal** (Centro de Investigación Científica de Yucatán/CICY - Mérida, México)	SALA MALBEC
09:30 - 10:00	**Visitação à área de exposição/Intervalo**	SALA CARMENÈRE
10:00 - 12:00	**RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS** **MESA REDONDA:** Abordagens não convencionais na conservação dos recursos genéticos. **MEDIADORA: Semiramis Rabêlo Ramalho Ramos** (Embrapa Tabuleiros Costeiros - Aracaju, SE, Brasil) Recursos genéticos nas taperas do Uruguai. **Mercedes Rivas** (Universidad de la República - Rocha, Uruguai) Guardiões urbanos: uma proposta inovadora. **Fernanda Vidigal Duarte Souza** (Embrapa Mandioca e Fruticultura - Cruz das Almas, BA, Brasil) Quintais como fonte de variabilidade genética para frutas nativas. **Joel Donazzolo** (Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Dois Vizinhos, PR, Brasil)	SALA MALBEC
	RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS **MESA REDONDA:** Esforços de conservação de raças de bovinos localmente adaptadas em países latino-americanos. **MEDIADOR: Arthur da Silva Mariante** (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília - DF, Brasil) Conservação e uso de raças localmente adaptadas na Argentina. **Carlos Alberto Mezzadra** (INTA Balcarce - Argentina) Conservação e uso de raças localmente adaptadas no México. **Rafael Nuñez Domínguez** (Univerdad Autónoma Chapingo - Chapingo, Texcoco, México) Conservação e uso de recursos genéticos animais nos Estados Unidos. **Harvey Blackburn** (National Center for Genetic Resources Preservation, ARS/USDA - Fort Collins, Colorado, USA)	SALA CHARDONNAY

	RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS **MESA REDONDA**: Repositórios de germoplasma microbiano na América Latina. **MEDIADORA: Sueli Correa Marques de Mello** (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília, DF, Brasil) Avanços em conservação de recursos genéticos microbianos na Argentina. **Alejandro Perticari** (INTA - Buenos Aires, Argentina) Experiência do INIA/Chile como autoridade de depósito internacional para microrganismos de uso agrícola. **René Andrés France Iglesias** (Centro Regional de Investigación INIA Quilamapu - Chillán, Chile) Avanços em conservação de recursos genéticos microbianos no Uruguai. **Nora Adriana Altier Manzini** (INIA - Las Brujas, Uruguai)	SALA ASSEMBLAGE
12:00 - 14:00	**Intervalo para almoço**	
14:00 - 16:00	Sessões técnicas orais	
16:00 - 16:30	**Visitação à área de exposição/Intervalo**	SALA CARMENÈRE
16:30 - 18:30	**RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS** **MESA REDONDA:** Bancos Ativos de Germoplasma: conservação e uso de recursos genéticos para promover a segurança alimentar em um cenário de mudanças climáticas. **MEDIADOR: Jamil Macedo** (Instituto Interamericano de Cooperação para a Agricultura - Brasília, DF, Brasil) Coleção temática de arroz. **Paulo Hideo Nakano Rangel** (Embrapa Arroz e Feijão - Goiânia, GO, Brasil) Pré-melhoramento de milho. **Fávia França Teixeira** (Embrapa Milho e Sorgo - Sete Lagoas, MG, Brasil) Coleção temática de feijão. **Jaison Pereira de Oliveira** (Embrapa Arroz e Feijão - Goiânia, GO, Brasil) Projeto LANIIT: Construindo estratégias para a utilização dos acessos dos bancos de germoplasma. **Ynaiá Masse Bueno** (Embrapa - Brasília, DF, Brasil)	SALA MALBEC
18:30 - 19:30	Sessão técnica pôstereres	ÁREA DE EXPOSIÇÃO

HORÁRIO	28/10/2015 - QUARTA-FEIRA	LOCAL
08:00 - 09:30	**RECURSOS GENÉTICOS** **MESA REDONDA:** Integração Norte-Sul nas redes de recursos genéticos: Procitrópicos, Procisur e Procinorte. **MEDIADOR: Jamil Macedo** (Instituto Interamericano de Cooperação para a Agricultura - Brasília, DF, Brasil) Importância das redes de recursos genéticos nos trópicos. **Clara de Oliveira Goedert** (Procitrópicos - Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília, DF, Brasil) As redes de recursos genéticos no Cone Sul da América do Sul. **Representante do Procisur** Sistemas de recursos genéticos na América do Norte. **José Fernando De La Torre Sánchez** (Procinorte - Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, Mexico) **Harvey Blackburn** (Procinorte - National Center for Genetic Resources Preservation, ARS/USDA - Fort Collins, Colorado, USA) **Campbell Davidson** (Procinorte - Canadá)	SALA MALBEC
09:30 - 10:00	**Visitação à área de exposição/Intervalo**	SALA CARMENÈRE
10:00 - 12:00	**RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS** **MESA REDONDA 1:** O uso de recursos genéticos como inovação na gastronomia. **MEDIADOR: Cesar Valmor Rombaldi** (Universidade Federal de Pelotas - Pelotas, RS, Brasil) Frutas nativas e identidade gastronômica. **Laura Rosano** (Verde Oliva - Canelones, Uruguai) Os recursos genéticos e a gastronomia. **Maria Beatriz Dal Pont** (Amada Cozinha - Caxias do Sul, RS, Brasil) Sementes crioulas - do campo à mesa. **Irajá Ferreira Antunes** (Embrapa Clima Temperado - Pelotas, RS, Brasil)	SALA MALBEC
	RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS **MESA REDONDA 2:** Políticas públicas aplicadas aos recursos genéticos. **MEDIADOR: Marcos Aparecido Gimenes** (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília, DF, Brasil) Políticas públicas aplicadas aos recursos genéticos no Brasil. **Representante do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento** (Brasília, DF, Brasil) Lei 13.123/15 - Nova lei de acesso ao patrimônio genético. **Anna Thaís Gomes M. Dias** (Coordenadoria de Assuntos Regulatórios, Secretaria de Negócios, Embrapa - Brasília, DF, Brasil) Desafios para conservação e uso de recursos genéticos no Brasil. **Marcos Aparecido Gimenes** (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília, DF, Brasil)	SALA CHARDONNAY

	RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS **MESA REDONDA:** Conservação de raças animais localmente adaptadas no Brasil. **MEDIADOR: Alexandre Floriani Ramos** (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília, DF, Brasil) Conservação de suínos em faxinais no Sul do Brasil. **Denyse Maria Galvão Leite** (Instituto Agronômico do Paraná/IAPAR - Ponta Grossa, PR, Brasil) Conservação de equinos de raças naturalizadas brasileiras. **Afrânio Gonçalves Gazolla** (Universidade Estadual do Maranhão - São Luis, MA, Brasil) Implementação do sistema de informações de recursos genéticos animais - Alelo Animal. **Samuel Rezende Paiva** (Embrapa Labex USA - Fort Collins, Colorado, USA)	SALA ASSEMBLAGE
	RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS **MESA REDONDA:** Recursos genéticos microbianos - da conservação à aplicação como produtos biotecnológicos. **MEDIADORA: Rose Gomes Monnerat Solon de Pontes** (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília, DF, Brasil) Desenvolvimento de Biopesticidas e inoculantes de base microbiana para agricultura. **Carlos Espinel Correal** (Colombian Corporation of Agricultural Research/Corpoica - Cundinamarca, Colômbia) Desenvolvimento de biopesticidas de interesse para a saúde. **Alejandra Bravo** (Universidade Nacional Autónoma de México - México) Biorremediadores. **Itamar Soares de Melo** (Embrapa Meio Ambiente - Campinas, SP, Brasil)	SALA A
12:00 - 14:00	**Intervalo para almoço**	
14:00 - 16:00	Sessões técnicas orais	
16:00 - 16:30	**Visitação à área de exposição/Intervalo**	SALA CARMENÈRE
16:30 - 17:30	**CONFERÊNCIA TRANSVERSAL:** Fenotipagem de plantas e suas inovações para promover o uso dos recursos genéticos. **CONFERENCISTA: Paulo Sérgio de Paula Hermann Jr.** (Embrapa Labex Europa - Alemanha)	SALA MALBEC
17:30 - 18:30	**CONFERÊNCIA:** Desenvolvimento de *SNP arrays* para caracterização de recursos genéticos e seleção assistida em peixes. **CONFERENCISTA: José Manuel Yáñez** (Facultad de Ciencias Veterinarias y Pecuarias - Universidad de Chile - Santiago, Chile)	SALA MALBEC
	PAINEL: Sistemas de informação em recursos genéticos. Sistema GRIN Global. **Juan Carlos Alarcón** (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo/CIMMYT, México) Sistema Alelo. **Ivo Roberto Sias Costa e Gilberto de Oliveira Hiragi** (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília, DF, Brasil)	SALA CHARDONNAY

18:30 - 19:30	Sessão técnica pôsteres	ÁREA DE EXPOSIÇÃO
19:00	Assembleia da Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos	SALA MALBEC

HORÁRIO	29/10/2015 - QUINTA-FEIRA	LOCAL
08:30 - 10:00	**RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS** **MESA REDONDA:** Conservação da Sociobiodiversidade: feiras, guardiões e outros movimentos. **MEDIADORA: Terezinha Aparecida Borges Dias** (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília, DF, Brasil) Recompensas para a conservação da agrobiodiversidade e outros serviços ecossistêmicos como uma opção para melhorar a vida dos agricultores. **Adam G. Drucker** (Bioversity International - Roma, Itália) Estratégias e políticas para conservação e promoção do uso da agrobiodiversidade. **Representante do Ministério do Desenvolvimento Agrário (Brasília, DF, Brasil)** Homenagem aos guardiões da agrobiodiversidade.	SALA MALBEC
10:00 - 10:30	**Visitação à área de exposição/Intervalo**	SALA CARMENÈRE
10:30 - 11:30	**CONFERÊNCIA DE ENCERRAMENTO:** Banco de recursos genéticos de Svalbard e seu papel na segurança alimentar mundial. **CONFERENCISTA: Asmund Asdal** (Norwegian Genetic Resource Centre/Svalbard Seed Vault, Oslo, Noruega)	SALA MALBEC
11:30 - 12:00	Premiação e encerramento	SALA MALBEC
12:00 - 14:00	**Intervalo para almoço**	
Programação sujeita à alterações.		

ATIVIDADES PARALELAS	LOCAL
Feira da agrobiodiversidade	SALA CARMENÈRE
Sessão de documentários e vídeos: * **La Dieta Mesoamericana: Origenes** Data: 27 de outubro Horário: 12:30 - 14:00 Sala: Malbec * **Los Mezcales del Occidente de México y la Destilación Pre-Hispánica** Data: 28 de outubro Horário: 13:00 - 14:00 Sala: Malbec	SALA MALBEC
Visitas técnicas à Embrapa Uva e Vinho	

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

APRESENTAÇÕES ORAIS

TERÇA-FEIRA, 27 DE OUTUBRO 13

Sessão STO1 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 1 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenadora: Fernanda Vidigal Duarte Souza (Embrapa Mandioca e Fruticultura) – Sala Malbec.....13

Sessão STO2 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 2 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenador: Adeliano Cargnin (Embrapa Uva e Vinho) – Sala Chardonnay.....14

Sessão STO3 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 3 - RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS

Coordenador: Alexandre Floriani Ramos (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia)

Sala Assemblage.....28

QUARTA-FEIRA, 28 DE OUTUBRO 56

Sessão STO4 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 4 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenadora: Semiramis Rabelo Ramalho Ramos (Embrapa Tabuleiros Costeiros) – Sala Malbec.....56

Sessão STO5 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 5 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenador: Miguel Luiz Menezes Freitas (Instituto Florestal de São Paulo) – Sala Chardonnay.....57

Sessão STO6 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 6 - RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS

Coordenadora: Sueli Correa Marques de Mello (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Sala Assemblage.....71

Terça-feira, 27 de outubro

Sessão STO1 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 1 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
Coordenadora: Fernanda Vidigal Duarte Souza (Embrapa Mandioca e Fruticultura) – Sala Malbec

14:00 DIFERENÇAS ANUAIS NA MATURAÇÃO DE SEMENTES DE ARAUCARIA ANGUSTIFOLIA
Marilia Shibata[1], Cileide Maria Medeiros Coelho[2]; 1Universidade *Federal de Santa Catarina - Brazil, [2]Fundação Universidade do Estado de Santa Catarina - Brazil*

14:10 AS BATATAS (SOLANUM, SOLANACEAE) NATIVAS DO BRASIL.
Luís Henrique Dal Molin[1], Caroline Marques Castro[2], Gustavo Heiden[2]; *[1]Universidade Federal de Pelotas - Brazil, [2]Embrapa Clima Temperado - Brazil*

14:20 ESPÉCIES AROMÁTICAS DO CERRADO: PROSPECÇÃO E COLETA
Roberto Fontes Vieira[1], Humberto Bizzo, Rosa de Belem Das Neves Alves[1], Dijalma Barbosa Silva[1], Ismael Gomes, Rafael Silva, Fernando Medeiros, Hellen Santana, Claudio Menezzi, Claudia Rezende; *[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

14:30 INTERCAMBIO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS NA EMBRAPA
Francisco Ricardo Ferreira[1]; *[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

14:40 MANEJO E SELEÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO PIPOCA
Betzaida Lisbeth Bernal[1], Natália Almeida Silva[1], Juliana Bernardi Ogliari; *[1]Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

14:50 DESCRIPCIÓN DEL COMPLEJO DE SUBESPECIES DE PRUNUS SEROTINA EHRH. EN NORTEAMÉRICA
Félix Alberto Guzmán Díaz[1], Sergio Segura Ledesma[1], María Del Carmen Herrera Villaseñor[1]; *[1]Universidad Autónoma Chapingo - Mexico*

15:00 DIVERSIDADE FLORÍSTICA EM UMA ÁREA DE CONSERVAÇÃO IN SITU DE BUTIAZAIS NO SUL DO BRASIL
Marene Machado Marchi[1], Rosa Lia Barbieri[1], Jaime Mujica Sallés[2]; *[1]Embrapa Clima Temperado - Brazil, [2]Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

15:10 CHARACTERIZATION OF SSR MARKERS IN EUGENIA UNIFLORA THROUGH NGS THECNOLOGY
Deise Schröder Sarzi[1], Rafael Plá Matielo Lemos[1], Cristiane Barbosa D'oliveira[1], Alcemir da Silva Marques Júnior, Paulo Roberto Diniz da Silva[1], Luiz Fernando Roesch, Valdir Marcos Stefenon; *[1]Fundação Universidade Federal do Pampa - Brazil*

15:20 ASPECTOS FISIOLÓGICOS Y MOLECULARES DE LA CRIOCONSERVACIÓN DE MAÍZ CRIOLLO DE COSTA RICA
Jason Pérez-Chaves[1], Emanuel Araya[2], Geovany Garro[1], Ana Abdelnour-Esquivel[1]; *[1]Instituto Tecnológico de Costa Rica - Costa Rica, [2]Centro Nacional de Innovaciones Biotecnolóigcas - Costa Rica*

15:30 ESTRATEGIA PARA EL ESTABLECIMIENTO DE POBLACIONES SILVESTRES DE MANÍ EN SITIOS REFUGIO
Ximena Cadima Fuentes[1], José Fernando Patiño Rojas[1], José Francisco Montenegro Valls[2], David Williams[3]; *[1]Fundación Promoción e Investigación de Productos Andinos - Bolivia, [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil, [3]Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura - Costa Rica*

15:40 DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA ACTUAL Y POTENCIAL DE LAS ESPECIES ENDÉMICAS DE ARACHIS EN BOLIVIA: UN APORTE PARA SU CONSERVACIÓN
Margoth Atahuachi Burgos[1], José Fernando Patiño Rojas[2], Ximena Cadima Fuentes[2]; *[1]Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas Pairumani - Bolivia, [2]Fundación Promoción e Investigación de Productos Andinos - Bolivia*

15:50 INDICIOS DE EVOLUCIÓN BAJO DOMESTICACIÓN DE MAÍZ EN MÉXICO EN EL ÚLTIMO SIGLO
Rafael Angel Del Sagrado Corazón Ortega Paczka[1]; *[1]Universidad Autónoma Chapingo - Mexico*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Terça-feira, 27 de outubro

Sessão STO1 (14:00 - 16:00)

SESSÃO TÉCNICA ORAL 1 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenadora: Fernanda Vidigal Duarte Souza (Embrapa Mandioca e Fruticultura)

Sala Malbec

DIFERENÇAS ANUAIS NA MATURAÇÃO DE SEMENTES DE *ARAUCARIA ANGUSTIFOLIA*

Marília Shibata[1]; Cileide M. M. Coelho[2];

[1] Eng. Florestal, doutoranda do Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos vegetais da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, mariliashibata@gmail.com

[2] Professora da Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, Santa Catarina, Brasil, cileidecoelho@yahoo.com

Para estabelecer as condições adequadas para a conservação das espécies ameaçadas de extinção, como *Araucaria angustifolia*, é necessário conhecer o melhor período de coleta das sementes e a influência dos fatores ambientais para melhor aproveitamento das sementes para produção de mudas. Este estudo teve como objetivo avaliar a qualidade fisiológica em diferentes estádios de desenvolvimento de sementes de *A. angustifolia* e a relação entre o desenvolvimento de sementes e os fatores ambientais. As sementes foram coletadas nos estádios I, II, III e IV durante dois anos no município de Curitibanos – Santa Catarina. O grau de umidade e a porcentagem de germinação foram mensurados a cada ano. Para o grau de umidade, 2 repetições com 3 sementes foram secas a 105 ° C durante 24 horas e para o teste de germinação, 4 repetições com 25 sementes foram colocadas numa câmara de germinação a 25 ° C com fotoperíodo de 12 h por 70 dias. Em relação ao grau de umidade das sementes no primeiro ano de coleta no estádio I, as sementes apresentaram 56,26% decrescendo para 48,23 % no estádio II, mantendo-se estáveis a partir deste período. Já na coleta do segundo ano (A2), as sementes apresentaram 53,36% no estádio I e 49,13% no estádio II. Na coleta do A1, a porcentagem de germinação das sementes de *A. angustifolia* apresentou-se elevada nos estádios iniciais de desenvolvimento das sementes, em torno de 86%, mas após o estádio III, observou-se um acréscimo para 98%. Resultado similar foi obtido na coleta do A2, em torno de 86% das sementes germinaram nos estádios I, II e III, aumentando no ultimo estádio para 95%. Apesar das diferenças no grau de umidade durante os dois anos de coleta, em torno de 1-3%, o comportamento do grau de umidade foi similar, ou seja, foi decrescente até o estádio II, mantendo-se estáveis nos demais estádios. Esta diferença pode estar associada aos maiores índices pluviométricos durante o desenvolvimento das sementes. Entre os meses de dezembro a abril do A1, a região registrou em média 158,2 mm de precipitação pluviométrica, enquanto no A2 apenas 66,6 mm. No entanto, a temperatura foi semelhante em ambos os períodos (16 ° C). A razão para as diferenças anuais no período de desenvolvimento das sementes não é conhecido, mas possivelmente esta relacionada com a quantidade de chuva, com sementes maduras mais rapidamente, em anos de seca. Assim, o maior grau de umidade no inicio do período de coleta (estádio I) pode estar relacionada com a quantidade de chuva, sendo observada maturação das sementes mais rápida em anos mais secos. Apesar disso, a qualidade fisiológica das sementes de *A. angustifolia* foi superior no ultimo estádio do desenvolvimento em ambos os anos.

Agradecimentos: A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) e o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

AS BATATAS (*SOLANUM*, SOLANACEAE) NATIVAS DO BRASIL

Luís Henrique Dal Molin[1]; Caroline Marques Castro[2]; Gustavo Heiden[3];

[1] Engenheiro Agrônomo, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, luissdalmolin@gmail.com

[2] Engenheira Agrônoma, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, caroline.castro@embrapa.br.

[3] Biólogo, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, gustavo.heiden@embrapa.br.

A batata (*Solanum tuberosum*, Solanaceae) é considerada uma das culturas mais importantes do planeta, superada em produção total apenas pelo trigo, milho e arroz. O tubérculo representa um dos alimentos mais completos, fornecendo proteína de alta qualidade, vitaminas e sais minerais, além de ser fonte de energia fornecida pelos carboidratos. O melhoramento genético vem contribuindo de maneira positiva a batataicultura brasileira, com o lançamento de variedades mais adaptadas as diversas regiões produtoras do país. Porém, o processo de seleção de genótipos mais produtivos pode apresentar como revés o estreitamento da base genética das plantas cultivadas. Nesse contexto, é fundamental que dediquemos suficientes esforços à coleta e conservação de germoplasma de parentes silvestres da batata com potencial de utilização no melhoramento. A Embrapa Clima Temperado, desde 1946, desenvolve um programa de melhoramento genético de batata com um renomado histórico de cultivares lançadas, tanto é que para atingir esse propósito, existe um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de batatas silvestres e cultivadas no Brasil. O objetivo do presente trabalho é conhecer a distribuição dos parentes silvestres da batata nativas do Brasil para fundamentar ações de coleta de germoplasma para conservação *ex situ* e disponibilização desse material para uso no programa de melhoramento da batata cultivada, contribuindo para o desenvolvimento da cadeia produtiva dessa hortaliça. Para tanto foi realizado o levantamento dos registros de ocorrência e coleta dos parentes silvestres nativos do Brasil por meio de pesquisa nas bases de dados *Global Biodiversity Information Facility* e *SpeciesLink*; revisão de espécimes nos herbários BHCB, ECT, ESA, HPL, PEL e SPF; revisão dos dados de passaporte no banco de dados ALELO do BAG de batata da Embrapa Clima Temperado, além da revisão de material bibliográfico e trabalho de coleta em campo. Foi levantando um total de 647 registros de ocorrência para três espécies de batata nativas do Brasil. Verificou-se a existência de dez registros de coleta de *S. calvescens* todos localizados no estado de Minas Gerais. Em relação a *S. chacoense* observou-se 96 registros distribuídos pela região sul do Brasil, sendo 39 no Paraná, 32 em Santa Catarina, e 23 no Rio Grande do Sul. A espécie com maior representatividade em bancos de dados é *S. commersonii* apontada em 540 registros, onde quatro são de São Paulo, um do Paraná, 20 de Santa Catarina e 515 do Rio Grande do Sul. Com isso, o trabalho confirma a existência de três espécies de batatas-silvestres nativas do Brasil, que podem ser usadas como fontes de genes de resistência a estresses bióticos e abióticos, os quais não são encontrados no *pool* gênico da batata cultivada. Os registros de ocorrência obtidos serão utilizados para a identificação de lacunas de amostragem de coletas no BAG de batata. Portanto é grande a necessidade de expedições de coleta desse germoplasma existente para posterior conservação *ex situ* e caracterização para uso no melhoramento.

ESPÉCIES AROMÁTICAS DO CERRADO: PROSPECÇÃO E COLETA

Roberto Fontes Vieira[1]; Humberto Bizzo[2]; Rosa B. N. Alves[3]; Dijalma Barbosa da Silva[4]; Ismael S. Gomes[5]; Rafael F. Silva[6]; Fernando C. M. Medeiros[7], Hellen Santana[8]; Cláudio H. S. Del Menezzi[9]; Claudia M. Rezende[10]

[1] Eng. Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, roberto.vieira@embrapa.br

[2] Químico, Embrapa Agroindústria de Alimentos, Rio de Janeiro, RJ, Brasil, humberto.bizzo@embrapa.br

[3] Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, rosa.belem@embrapa.br

[4] Eng. Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, dijalma.silva@embrapa.br

[5] Técnico em Química, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, ismael.gomes@embrapa.br

[6] Químico, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, silvaf.rafa@gmail.com

[7] Químico, Semarh, Brasília, DF, cesarfmm@gmail.com

[8] Eng. Agrônomo, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, hellensantana@hotmail.com

[9] Eng. Florestal, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, cmenezzi@unb.br

[10] Química, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, claudia.rezendeufrj@gmail.com

As plantas aromáticas, são muito utilizadas pelas indústrias de cosmético, higiene, alimentícia, farmacêutica e agroquímica. Recentemente, tem havido uma demanda crescente por matérias primas fornecedoras de óleos essenciais provenientes de plantas da biodiversidade brasileira. Existem poucos relatos sobre a produção de óleos essenciais na região centro oeste, embora esta seja considerada uma grande fronteira agrícola, e disponha de uma vasta flora ainda a ser explorada. O Cerrado é o segundo maior bioma brasileiro, com cerca de 12 mil espécies, das quais uma pequena parcela foi estudada quimicamente até o presente. Diante da escassez de informações sobre a produção de óleo essencial das espécies vegetais desta região, o projeto "Espécies Aromáticas do Cerrado" tem como objetivo efetuar uma prospecção em espécies vegetais nativas do bioma Cerrado, visando seu aproveitamento na indústria de fragrâncias, alimentos, fármacos e produtos veterinários. As coletadas estão sendo realizadas em áreas de preservação do Parque Nacional da Chapada dos Veadeiros, Parques Estaduais da Serra dos Pirineus e Caldas Novas, e área protegidas e reservas ecológicas das Fazenda da Universidade de Brasília, do IBGE, da Embrapa Cerrados, entre outras áreas preservadas do Distrito Federal. Amostras de folhas e flores de cada planta são coletadas e o óleo essencial extraído por hidrodestilação, e posteriormente analisado por cromatografia gasosa (CG-DIC e CG-EM). Exsicatas georeferenciadas são depositadas no herbário da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia(CEN). Coletas de voláteis por meio de headspace também fazem parte da prospecção de novos aromas. Avaliações de atividade biológica e olfativa das amostras mais promissoras vêm sendo realizadas por meio de diversas colaborações. Até o presente, foram coletadas 118 amostras de óleo essenciais num total de 50 espécies de plantas identificadas, pertencentes a 10 famílias botânicas. A exploração sustentável de plantas aromáticas poderá se construir numa alternativa viável para os agricultores da região, seja para comercialização de produtos *in natura*, desidratado, óleo essencial e extratos, entre outros produtos com maior valor agregado. Um banco de dados das amostras disponíveis está sendo elaborado, incluindo os dados de coleta e as análises químicas.

Agradecimentos: Embrapa, CNPq, Faperj, Capes, UnB, IBGE

INTERCAMBIO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS NA EMBRAPA

Francisco Ricardo Ferreira[1]

[1]Engenheiro Agrônomo, MSc., Dr., pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), Brasília-DF, Brasil, francisco.ferreira@embrapa.br

A pujança da agricultura brasileira está alicerçada principalmente no uso de variedades melhoradas, que são oriundas de programas de melhoramento genético bem estruturados. Estes por sua vez, têm como matéria prima os recursos genéticos que são conservados nos bancos de germoplasma. Os acervos conservados nestas coleções são os alicerces da riqueza nacional relacionada à segurança alimentar e à agricultura. Considerando que a maioria dos produtos agrícolas que são importantes econômica e/ou socialmente para o país, não são nativos do Brasil, a importação e o intercambio de germoplasma assumem papel importantíssimo no enriquecimento dos bancos de germoplasma, pois a variabilidade genética inexistente no país, neste caso, tem de ser importada. O intercambio e quarentena de germoplasma vegetal é uma das principais atividades realizada pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen) para suprir as necessidades do Sistema Nacional de Pesquisa Agropecuário – SNPA e atender as demandas de empresas privadas. Nos últimos 39 anos foram movimentados no Cenargen mais de 650 mil acessos de germoplasma, sendo que a grande maioria refere-se à importação (75%) e apenas 10% à exportação e 15% ao transito interno (intercambio realizado no Brasil pelo Cenargen), conforme informações compiladas a partir da base de dados do Sibrargen. Neste período de cerca de quatro décadas, a importação de germoplasma, atingiu quase meio milhão de acessos. Todo material importado passa pela fiscalização do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento – MAPA, por meio do Departamento de Sanidade Vegetal – DSV e do Sistema de Vigilância Agropecuária Internacional – Vigiagro, depois é levado ao Cenargen, onde são realizadas as análises fitossanitárias em sete laboratórios referentes às seguintes pragas: ácaros, bactérias, fungos, insetos, nematoides, plantas infestantes e vírus. Durante esse período, com todo esse volume de material importado, nunca houve escape de pragas, embora muitas tenham sido interceptadas pela quarentena, pois neste caso de presença de praga exótica quarentenária, o material é destruído ou a praga é erradicada. Portanto, a importação de germoplasma, é sem duvida um fator de destaque nos processos de intercâmbio, pois embora tenhamos a maior biodiversidade do planeta o Brasil é altamente dependente de germoplasma exótico, e graças principalmente a essa grande quantidade de material genético importado, temos os maiores e melhores bancos de germoplasma de vários produtos importantes para agricultura brasileira.

MANEJO E SELAÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO PIPOCA

Betzaida Lisbeth Bernal Rojas[1,2]; Natália Carolina de Almeida Silva[2]; Juliana Bernardi Ogliari[2]

[1] Lic. Biotecnología, Universidad San Martín, Ciudad de Panamá, Panamá, betzbiotech@gmail.com
[2] Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis-SC, Brasil. www.neabio.wix/neabioufsc

A região do Extremo Oeste de Santa Catarina apresenta grande diversidade de variedades locais de milho pipoca, que possui elevada aceitação na região por ser utilizado principalmente para a alimentação familiar. Neste sentido, existe uma forte tradição de consumo de milho pipoca o que faz com que existam variedades que estão sendo conservadas pela mesma família há pelo menos 60 anos, sendo as agricultoras, as principais responsáveis por esta manutenção. No ano 2013, mediante um Diagnóstico da Diversidade de milho no município de Guaraciaba, foram identificadas 225 variedades locais de milho pipoca. O presente estudo objetivou identificar as estratégias de manejo e seleção realizadas pelos (as) agricultores (as) para 11 variedades locais de milho pipoca provenientes deste município. Para a coleta dos dados, foram realizadas entrevistas semiestruturadas. Dessa forma, verificou-se a existência de mais de uma variedade de milho pipoca conservada pela mesma família. Na sua totalidade os (as) agricultores (as) relataram manter a integridade de suas sementes mediante a não mistura com variedades comerciais e a adoção de alguma prática de isolamento (espacial, temporal ou ambas) na área destinada para o cultivo do milho pipoca. Dos (as) 11 agricultores (as) entrevistados (as), 10 fazem algum tipo de seleção, maioritariamente na espiga e depois na planta. Assim, foram identificadas 15 caraterísticas de seleção, das quais 40% são referentes ao grão (tamanho, tipo, uniformidade, *sadios*), 47% referente às caraterísticas da espiga (espiga mais bonita, tamanho, uniformidade, arranjo das fileiras) e 13 % à planta (acamamento e plantas sadias). Igualmente, constatou-se que em 72 % dos casos, os (as) agricultores (as) guardam quantidades menores a 1.000 gramas, sendo que 45% deste total guarda apenas 400 gramas para a próxima safra. Estas quantidades são ainda menores para o plantio, 82% dos casos registraram plantar quantidades de aproximadamente 350 gramas e alguns casos quantidades menores a 80 gramas. Esta redução do tamanho populacional feita ao longo de muitos anos além do favorecimento de certos fenótipos podem supor um risco de perda de variabilidade genética destes materiais, toda vez que populações de pequeno tamanho são vulneráveis a sofrer processos de endogamia e deriva genética. Atualmente estes matérias são alvo de estudos genéticos que permitirão ter maior conhecimento do nível de variabilidade genética existente, visando estabelecer futuras estratégias de manejo e conservação *in situ- on farm*.

Agradecimentos: Aos agricultores e agricultoras que participaram da pesquisa pelas informações concedidas; à Secretaria Municipal de Educação, Secretaria Municipal de Agricultura e Associação de Microbacias pelo apoio logístico; ao CNPq pelo apoio financeiro.

DESCRIPCIÓN DEL COMPLEJO DE SUBESPECIES DE *PRUNUS SEROTINA* EHRH. EN NORTEAMÉRICA

Félix Alberto Guzmán[1], María del Carmen Herrera[2], Sergio Segura Ledesma[3]

[1] Estudiante de Doctorado en Ciencias en Horticultura. Instituto de Horticultura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. México. feguzman01@yahoo.com

[2] Maestra en Ciencias en Biotecnología Agrícola. Universidad Autónoma Chapingo. México. cherv_19@yahoo.com.mx

[3] Profesor Investigador. Departamento de Fitotecnia - CRUCO. Universidad Autónoma Chapingo. México. ssegura@correo.chapingo.mx

El capulín (*Prunus serotina* Ehrh.) es nativo de América y desde tiempos prehispánicos se ha usado su madera, hojas, semillas y fruto. Esta especie conforma un complejo genético de cinco subespecies, distribuidas en zonas templadas de México y los Estados Unidos en altitudes de 1000 a 3000 metros. Sin embargo, sus identidades botánicas son ambiguas porque se establecieron con base en pocas diferencias morfológicas y, en algunos casos, en el manejo agronómico del árbol. Esta clasificación ambigua y subjetiva ha conducido a la subutilización de su germoplasma. Por lo tanto, se requieren análisis combinados de datos climáticos, morfológicos y genéticos para que la diferenciación intraespecífica sea más objetiva y confiable. El objetivo de este trabajo es proponer una estrategia de conservación (*in situ* y *ex situ*) y de uso frutícola del complejo de las cinco subespecies de *P. serotina* con base en: i) el análisis espacial de 19 variables bioclimáticas asociadas a 399 puntos de presencia georeferenciados dentro de su rango de distribución, usando el programa de Sistemas de Información Geográfica de acceso libre: DIVA-GIS; ii) la determinación de sus tamaños de genoma con citometría de flujo; iii) el análisis multivariado de 39 descriptores morfológicos (17 cualitativos y 22 cuantitativos); y iv) la evaluación molecular de cinco poblaciones representativas de cada subespecie con 27 microsatélites y con secuencias de regiones ITS. Preliminarmente el análisis espacial permitió obtener mapas que muestran que en México se encuentran hasta tres subespecies en regiones como Chihuahua y Durango (*capuli*, *serotina* y *virens* var. *virens*), y Tamaulipas (*capuli*, *serotina* y *virens* var. *rufula*). Asimismo, los mapas ayudaron a establecer que en otras zonas de México hay puntos de presencia de dos subespecies (centro de Oaxaca, zona sur de Baja California Sur, Nuevo León, Jalisco e Hidalgo). Para las dos subespecies presentes en los Estados Unidos los mapas obtenidos han resaltado la necesidad de realizar muestreos en Texas (ssp. *eximia*), Arizona y Nuevo México (ssp. *virens* var. *rufula*), y Missouri (ssp. *serotina*). En conjunto ambos países poseen zonas que deben considerarse prioritarias al momento de definir sitios de colecta y de conservación *in situ*. Por otro lado, hasta el momento, la citometría de flujo realizada con individuos de las tres subespecies presentes en México ha indicado que las ssp. *capuli* y *serotina* serían tetraploides, y que la ssp. v*irens* sería hexaploide. Este hallazgo permitiría la identifiación de individuos que podrían usarse como portainjerto de una especie de importancia económica como el cerezo dulce. Este trabajo continúa en desarrollo y se espera que la descripción en diferentes niveles de este complejo de subespecies permita planear estrategias eficientes para su conservación y utilización agronómica.

Agradecimiento: Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la financiación de los estudios doctorales de Félix Alberto Guzmán Díaz (Becario: 307933).

DIVERSIDADE FLORÍSTICA EM UMA ÁREA DE CONSERVAÇÃO IN SITU DE BUTIAZAIS NO SUL DO BRASIL

Marene Machado Marchi[1]; Rosa Lia Barbieri[2]; Jaime Mujica Sallés[3]

[1] Bióloga, pós-doutoranda Capes/Embrapa – Pelotas – RS – Brasil. marene.marchi@gmail.com

[2] Pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, lia.barbieri@embrapa.br

[3] Biólogo, professor do Departamento de Antropologia e Arqueologia da Universidade Federal de Pelotas – Pelotas – RS – Brasil, mujica.jaime@gmail.com

Butia odorata (Barb. Rodr.) Noblick é uma palmeira nativa no sul do Brasil, cujas populações naturais são conhecidas como butiazais. Os frutos, denominados de butiá, são apreciados para consumo *in natura* e produção de alimentos e bebidas, as folhas são usadas no artesanato e as plantas têm uso ornamental, no paisagismo. Embora no passado existissem grandes butiazais, atualmente existem poucas áreas remanescentes, devido à intensa pressão antrópica. Esse trabalho teve o objetivo de identificar as espécies herbáceas e subarbustivas que ocorrem associadas ao ecossistema de butiazais em uma área de conservação *in situ* de *Butia odorata*, em Tapes, Rio Grande do Sul, localizada na Fazenda São Miguel. Desde 2010 foram cercadas e isoladas do pastejo três áreas de 1 ha cada, para permitir o crescimento e florescimento da flora associada. De 2011 a 2014 foram realizadas 50 expedições ao local para coleta das espécies herbáceas e subarbustivas florescidas. A identificação foi realizada com auxílio de bibliografia específica, consulta a herbários e especialistas. O material coletado foi incorporado ao Herbário da Embrapa Clima Temperado. Foram identificadas 54 famílias: Acanthaceae, Alliaceae, Amaranthaceae, Amaryllidaceae, Anacardiaceae, Apiaceae, Apocynaceae, Asteraceae, Boraginaceae, Bromeliaceae, Cactaceae, Campanulaceae, Commelinaceae, Convolvulaceae, Cyperaceae, Droseraceae, Dryopteridaceae, Ephedraceae, Eriocaulaceae, Euphorbiaceae, Fabaceae, Gesneriaceae, Hypoxidaceae, Iridaceae, Lamiaceae, Lentibulariaceae, Linnaceae, Lythraceae, Malpighiacee, Malvaceae, Marsileaceae, Melastomataceae, Menyanthaceae, Onagraceae, Orchidaceae, Orobanchaceae, Oxalidaceae, Passifloraceae, Piperaceae, Plantaginaceae, Poaceae, Polygalaceae, Polypodiaceae, Rosaceae, Rubiaceae, Schizaeaceae, Selaginellaceae, Smilacaceae, Solanaceae, Turneraceae, Verbenaceae, Violaceae, Vittareaceae e Xyridaceae. Foram constatados 170 gêneros e 261 espécies. As famílias Poaceae, Asteraceae, Fabaceae e Cyperaceae apresentaram o maior número de espécies. Poaceae foi a família mais representativa, com 29 gêneros e 67 espécies, seguida de Asteraceae com 32 gêneros e 49 espécies, Fabaceae com 13 gêneros e 20 espécies, e Cyperaceae com 7 gêneros e 10 espécies. Os gêneros mais representativos de Poaceae foram *Paspalum*, com 10 espécies, seguido de *Aristida*, com 8 espécies, sendo uma endêmica do sul do Brasil (*Aristida riograndensis*) e uma espécie nova para a Ciência. Os gêneros mais representativos de Asteraceae foram *Baccharis*, com 6 espécies, e *Senecio*, com 5 espécies. Por sua vez, em Fabaceae os gêneros mais representativos foram *Desmodium* e *Stylosanthes*, ambos com 3 espécies cada. *Rhynchospora* foi o gênero mais representativo da família Cyperaceae, com 3 espécies. Outras espécies endêmicas do sul do Brasil foram constatadas: *Cliococca selaginoides* (família Linnaceae), *Criscia stricta* (Asteraceae), *Glandularia humifusa* (Verbenaceae), *Parodia oxycostata* (Cactaceae) e *Wissadula glechomifolia* (Malvaceae). A grande diversidade da flora nativa, herbácea e subarbustiva associada a esse ecossistema de butiazais evidencia a importância da área de conservação *in situ* mantida pela Fazenda São Miguel.

Agradecimentos: CNPq, CAPES, Fapergs, Probio II, RS-Biodiversidade e Fazenda São Miguel.

CHARACTERIZATION OF SSR MARKERS IN *EUGENIA UNIFLORA* THROUGH NGS THECNOLOGY

Deise Schröder Sarzi[1], Rafael Plá Matielo Lemos[2], Cristiane Barbosa D'Oliveira[2], Alcemir da Silva Marques Jr.[3], Paulo Roberto Diniz da Silva[1], Luiz Fernando Würdig Roesch[4], Valdir Marcos Stefenon[4]

[1] Master student, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, deisesarzi@gmail.com; paulorobertodinizdasilva@gmail.com;

[2] PhD student, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, rafael.matielo@unipampa.edu.br; crixdoliveira@gmail.com;

[3]Undergraduate student, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, alcemirjunior@hotmail.com

[4] PhD, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, luizroesch@unipampa.edu.br, valdirstefenon@unipampa.edu.br.

Eugenia uniflora L. (Myrtaceae) is a tree species widely distributed in Atlantic Forest, also occurring in Pampa biome. It is an important species for degraded areas recovery, for treatment of gastrointestinal diseases, as firewood and has economic importance in cosmetic and pharmaceutical industries as well as being consumed fresh or to produce juice and ice-cream. Extraction and exploitation occurs mainly in natural populations, since few orchards have been established for this species in Brazil. Such exploitation can interfere in population dynamics, changing the process of gene flow, inbreeding and genetic drift. Therefore, genetic diversity studies are crucial to evaluate the current status of this species, seeking to develop strategies for the conservation and valorization of this genetic resource. This study aimed to characterize highly polymorphic microsatellite markers (SSR), which will allow evaluating several points related to genetic diversity. Total DNA was isolated from a single individual of *Eugenia uniflora* from a natural population in the city of São Gabriel – RS, using the DNeasy Plant Mini kit (Quiagen®). DNA was fragmented using a Biorruptor (Life Technologies) and the fragments were sequenced using Next Generation Sequencing technology (NGS – Ion Torrent PGM platform – Life Technologies). After reads assemblage, the software SSRLocator was used to find di-, tri- and tetramer microsatellite motifs with minimal length of 6 motif repeats. Primer pairs were designed using Primer3 software. The DNA sequencing originated a total of seven million reads, which after assemblage and exclusion of the redundant ones resulted in a coverage of about 25% of *E. uniflora* genome (considering a genome size of 640-Mbase). A total of 149 SSR markers were identified, which were distributed in 106 dimers, 42 trimers and 1 tetramer. All of them were found into neutral regions of genome, but thirteen showed more than 80% of similarity with gene expression regions. Primers were designed for a total of 113 SSR markers: 79 dimers and 34 trimers. All primers showed only one amplicon when tested by virtual PCR. This work demonstrated that NGS is a very efficient, easy and cheap methodology towards developing genetic markers. SSR markers developed in this study will be very useful in advancement of genetic studies related to this plant resource, since results showed a wide range of SSR markers having potential to be effective in the amplification of polymorphic *loci*. SSR markers provide the highest Polymorphism Information Content (PIC) and have co-dominant nature, supplying a more detailed assessment of the *status* of diversity and genetic structure of natural populations of *Eugenia uniflora.* Consistency and polymorphism of twenty of these 113 loci are currently being tested in two natural populations of *E. uniflora*.

Acknowledgements: CNPq, CAPES and UNIPAMPA by the financial support and scholarships.

ASPECTOS FISIOLÓGICOS Y MOLECULARES DE LA CRIOCONSERVACIÓN DE MAÍZ CRIOLLO DE COSTA RICA

Jason Pérez[1]; Emanuel Araya[2]; Giovanni Garro[1]; Ana Abdelnour[1]

[1] Instituto Tecnológico de Costa Rica, Cartago, Costa Rica, jasperez@itcr.ac.cr; ggarro@itcr.ac.cr; aabdelnour@itcr.ac.cr

[2] Centro Nacional de Innovaciones Biotecnológicas, San José, Costa Rica, earaya@itcr.ac.cr

El maíz (*Zea mays*) es uno de los cereales más importantes alrededor del mundo, ha desempeñado una función impulsadora en el desarrollo histórico y cultural de los pueblos desde Norteamérica hasta las regiones Andinas en América del Sur. Actualmente, los programas de mejoramiento genético se encuentran enfocados en el desarrollo de variedades híbridas, propiciando que el cultivo de las variedades regionales o criollas pase a un segundo plano. Asimismo, la conservación de la semilla criolla es realizada por los agricultores que todavía la siembran y heredan, con un alto riesgo de pérdida. El presente trabajo se desarrolló con el objetivo de establecer un criobanco de semillas de maíz criollo de Costa Rica. Se establecieron protocolos para el cultivo de tejidos de maíz, obteniendo una germinación del 100 % y un porcentaje de cultivos contaminados de 0 % en la desinfección que incluyó una mezcla de Zetarán y Benomil por 120 min y NaClO (3,5 %) por 60 min. Después, en la evaluación de la germinación y la viabilidad (TTZ) de las accesiones se obtuvieron porcentajes cercanos al 100 %, excepto en las semillas de CUNA-007, CUNA-029 y CUNA-030, que fueron colectadas con una alta afectación por gorgojos. Después, se evaluó el efecto del almacenamiento por diferentes periodos y se obtuvo baja variabilidad en los porcentajes de germinación, viabilidad (TTZ), pérdida de electrolitos, así como las variables número de hojas, longitud de raíz y tallo, mostrando poca correlación con el tiempo de almacenamiento, asimismo, se presentaron altas diferencias entre las semillas que eran congeladas (indistinto del periodo) y las que no. Finalmente, se analizaron los efectos a nivel epigenético, observando cambios en las proporciones de metilación de los tejidos regenerados a los dos y cinco días de germinación provenientes de semillas congeladas y no congeladas. Al medir la longitud de estos tejidos, se observaron tasas de crecimiento más bajas en las plántulas provenientes de semillas congeladas, por lo cual se infiere que muchos de los grupos de genes que se metilaron se encuentran relacionados con el crecimiento y desarrollo, afectando especialmente el desarrollo de raíz. Se establecieron 25 accesiones en el criobanco, conociendo que el congelamiento y el periodo de almacenamiento no afectaron la germinación de las semillas, y las diferencias presentadas a nivel fisiológico no fueron significativas.

ESTRATEGIA PARA EL ESTABLECIMIENTO DE POBLACIONES SILVESTRES DE MANÍ EN SITIOS REFUGIO

Ximena Cadima F.[1]; Fernando Patiño R.[2]; José Valls[3], David Williams[4]

[1] PhD, Fundación PROINPA, Cochabamba, Bolivia, x.cadima@proinpa.org

[2] MSc, Fundación PROINPA, Cochabamba, Bolivia, f.patino@proinpa.org

[3] PhD, Embrapa Cenargen, Brasília, Brazil, jose.valls@embrapa.br

[4] PhD, IICA, San José, Costa Rica, david.williams@iica.int

El maní (*Arachis hypogaea*) es una de las leguminosas de grano más cultivadas del mundo. El género *Arachis* incluye unas 80 especies silvestres descritas, todas endémicas a cinco países del cono sur (ARG, BOL, BRA, PAR y URG). La conservación de especies silvestres de *Arachis* y de su variabilidad genética son importantes para el mejoramiento del maní cultivado. Bolivia alberga 20 especies silvestres, prácticamente todas ellas amenazadas. Entre las numerosas amenazas, el cambio climático representa un grave peligro para el maní silvestre. Todas las especies de *Arachis* producen sus semillas bajo tierra, con una tasa de migración demasiado lenta para que puedan escapar de los fuertes cambios climáticos previstos en los próximos 50 años. La migración asistida es una estrategia de conservación que se ha propuesto para evitar los efectos negativos del cambio climático en poblaciones de plantas y animales silvestres. En el marco del proyecto "LAC-Brazil Agricultural Innovation Marketplace - Maní Silvestre", se ensayó esta estrategia en Bolivia con cuatro especies de *Arachis* silvestre. Se diseñó un programa piloto para el establecimiento de poblaciones silvestres en sitios refugio, con el objetivo de asegurar su sobrevivencia, evolución y disponibilidad en el futuro. La estrategia consta de tres etapas: (i) recopilación de datos geográficos y ecológicos de las especies objetivo, generación y validación de información, (ii) adquisición y multiplicación de germoplasma bajo condiciones controladas, y (iii) establecimiento de nuevas poblaciones en sitios refugio. En la primera etapa los datos recopilados se analizan con SIG y emplean en modelos bioclimáticos para identificar áreas climáticamente apropiadas para la ocurrencia de la especie. Los resultados generados se utilizan para la caracterización ecológica del área de distribución, la planificación de viajes de colecta de germoplasma y la identificación de los sitios refugio. La segunda etapa implica la identificación de colecciones de germoplasma a nivel nacional e internacional, y solicitud de semilla siguiendo las regulaciones respectivas. Paralelamente, se realizan prospecciones y colectas en campo. Los materiales adquiridos se multiplican bajo condiciones controladas con el fin de contar con material vegetal suficiente para la etapa siguiente, y se evalúa su diversidad genética a través de herramientas moleculares. Finalmente, la tercera etapa comprende el establecimiento definitivo del material multiplicado en los sitios refugio identificados previamente. Se establecen acuerdos con instituciones públicas y/o privadas cooperantes que custodian o administran dichos sitios, se acuerdan tareas de monitoreo de las poblaciones establecidas para evaluar su dinámica poblacional y su posible efecto sobre el ecosistema de los sitios refugio. Mediante esta estrategia se ha logrado establecer poblaciones de cuatro especies de *Arachis* silvestre (*A. batizocoi*, *A. duranensis*, *A. ipaënsis* y *A. rigonii*; las dos últimas extintas en Bolivia) en predios del Centro de Ecología Aplicada de la Fundación Simón I. Patiño y el Jardín Botánico Municipal, ubicados en el departamento de Santa Cruz de la Sierra. Dichas poblaciones han sido incorporadas en las colecciones vivas y planes de manejo de ambas instituciones, donde estarán monitoreadas de manera permanente. Esta estrategia puede ser aplicada a otras especies silvestres importantes para la agricultura, cuyas poblaciones se encuentren en riesgo de extinción.

Agradecimientos: Se agradece la colaboración de la Empresa Brasilera de Investigación Agropecuaria (EMBRAPA), el Centro de Ecología Aplicada de la Fundación Simón I. Patiño, y el Jardín Botánico Municipal de la ciudad de Santa Cruz de la Sierra (Bolivia).

DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA ACTUAL Y POTENCIAL DE LAS ESPECIES ENDÉMICAS DE ARACHIS EN BOLIVIA: UN APORTE PARA SU CONSERVACIÓN

Margoth Atahuachi B[1]; Fernando Patiño R.[2]; Ximena Cadima F.[3]

[1] MSc, Botánica, Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas Pairumani, Pairumani, Cochabamba, Bolivia, mar_legu@hotmail.com

[2] MSc, Agrónomo, Fundación PROINPA, Cochabamba, Bolivia, f.patino@proinpa.org

[3] PhD, Agrónoma, Fundación PROINPA, Cochabamba, Bolivia, x.cadima@proinpa.org

En el marco del Proyecto Global UNEP/GEF ”Conservación *in situ* de parientes silvestres de cultivos a través del fortalecimiento en el manejo de información y su aplicación en campo”, en Bolivia, el Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas de Pairumani desarrolló diversas actividades sobre maní silvestre en el periodo 2006-2009, que incluyó entre otras, la sistematización de información de todas las especies de maní silvestre existentes en Bolivia obtenida de diversas fuentes y a través de prospecciones en campo. Actividades complementarias fueron desarrolladas, en los años 2013-2014, para cuatro especies por la Fundación PROINPA en el marco de un proyecto financiado por EMBRAPA-Brasil. Los resultados de ambos proyectos establecieron la inexistencia de información sobre el estado de conservación de las especies silvestres de maní en Bolivia. Ante esta situación, el trabajo tuvo como objetivo principal el determinar dicho estado a través de un análisis de la distribución geográfica actual y potencial de las especies endémicas del género *Arachis* en Bolivia con el fin de contar con información coherente para el desarrollo de estrategias de conservación a largo plazo. Se aplicó la metodología MAPFORGEN, propuesta por Bioversity International, que se fundamenta en el análisis espacial de sitios de presencia actual de especies, la estimación de su área de distribución potencial a través del modelo Maxent, y la ponderación de las amenazas actuales que ejercen presión sobre las zonas de ocurrencia de las especies en estudio. Inicialmente se recopilaron datos (coordenadas) de 12 especies endémicas de *Arachis* de fuentes nacionales e internacionales, incluyendo registros generados en viajes de campo realizados en ambos proyectos. Los datos fueron depurados y sistematizados en una base de datos. Se generaron 7 modelos de distribución potencial (Modelo climático simple, Modelo climático con corrección VCF y con MODIS, Modelo major WWF, Modelo ecoreg WWF, Modelo NatServe y Modelo Veg-TNC) por especie, seleccionándose la que mejor se ajustaba a la distribución actual de las especies. Finalmente, se evaluó el área potencial de estas especies dentro de áreas protegidas. Los resultados muestran que parte del área potencial de 11 especies endémicas (*A. ipaënsis*, *A. rigonii*, *A. trinitensis*, *A. williamsii*, *A. benensis*, *A. chiquitana*, *A. kempff-mercadoi*, *A. cardenasii*, *A. batizocoi*, *A. herzogui*, y *A. cruziana*) se encuentran en áreas protegidas de Bolivia; una situación opuesta se observa con el área de distribución actual, donde tan sólo 2 especies endémicas (*A. batizocoí*, *A. cardenasii*) se encuentran dentro de áreas protegidas. El hábitat de todas las especies presenta ecosistemas fragmentados intercalados con áreas de cultivo, caminos y centros poblados. Ambos aspectos denotan el estado frágil de conservación en que se encuentran las especies endémicas de maní silvestre en Bolivia. Dado que son especies con una tasa de migración lenta, son altamente susceptibles a cambios en el ambiente y hábitat provocados por perturbaciones antropogénicas y el cambio climático, ante lo cual se hace fundamental la aplicación de acciones de conservación a corto plazo. Recientemente PROINPA ha probado una estrategia piloto de migración asistida de cuatro especies de maní silvestre, la cual podría aplicarse en todas las especies endémicas de Bolivia para reubicar sus poblaciones en sitios refugio, con condiciones de clima y suelo apropiadas, dentro de áreas protegidas.

Agradecimientos: Al Fondo Mundial para el Medio Ambiente (GEF), el Programa de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente (UNEP) y la Empresa Brasilera de Investigación Agropecuaria (EMBRAPA)

INDICIOS DE EVOLUCIÓN BAJO DOMESTICACIÓN DE MAÍZ EN MÉXICO EN EL ÙLTIMO SIGLO

Rafael Ortega Paczka[1]

[1]Profesor-Investigador. Universidad Autónoma Chapingo, Texcoco, Estado de México, México. paczka@correo.chapingo.mx

Introducción. Se considera que en conservación *in situ* las poblaciones y especies siguen evolucionando, por lo que los materiales genéticos que allí se van obteniendo pueden tener gran trascendencia para el futuro. Existen pocos trabajos académicos que ilustren que esto esté sucediendo en la actualidad. En México en maíz, después de 70 años de mejoramiento moderno, sigue predominando la siembra de poblaciones locales nativas, por lo que se puede intentar investigar si esa especie ha seguido evolucionado en manos campesinas. Objetivo. Buscar y en caso de hallar presentar indicios que indiquen que ha habido evolución de las poblaciones de maíz en manos de agricultores en el último siglo en México. Materiales y métodos. Recopilación y presentación de datos tanto anecdóticos como cuantitativos correspondientes al último siglo en cuanto a: a) conciencia campesina de los cambios en sus poblaciones nativas de maíz; b) comparación en experimentos de campo de colecciones acopiadas en diferentes periodos de tiempo en la misma área geográfica; c) información sobre los antecedentes de algunas poblaciones nativas que han resultado sobresalientes en evaluaciones de campo e incluso de algunas que son progenitoras de variedades e híbridos comerciales; d) seguimiento a algunas poblaciones de maíz introducidas de otras regiones del país; e) aplicaciones y resultados de técnicas de mejoramiento genético por agricultores. Resultados y discusión. Los agricultores, al efectuar selección de semilla dentro de sus poblaciones locales, no solo tratan de conservar las características de las mismas, eliminando mazorcas fuera de tipo o granos con evidencias de que son cruzas con maíces de poblaciones vecinas, sino que buscan y en gran parte consiguen mejorarlas conforme a modelos que tienen, un caso muy importante de lo anterior es la introducción de cultivares de otras regiones y su adaptación a nuevos ambientes. En cuanto a resultados de comparación en experimentos de campo de colecciones acopiadas en diferentes periodos de tiempo, se han registrado diferencias en rendimiento y caracteres agronómicos aunque dichas diferencias no siempre han resultado estadísticamente significativas y pueden ser atribuidas a otros factores diferentes a evolución bajo domesticación. En la revisión del origen de varios de los padres de los primeros maíces mejorados mexicanos, así como de otras poblaciones nativas detectadas como sobresalientes, se encontraron evidencias de que varios de ellos fueron manejados por numerosos años por agricultores de vanguardia que aplicaron sobre sus poblaciones nativas procesos de selección con base en Genética moderna. Asimismo, se encontró que algunos agricultores, que han tenido contacto con fitomejoradores están aprovechando materiales y/o métodos producto de la Genética Moderna, uno de esos casos es la obtención de la variedad Nal-xoy por Rufino Chi Canul en la Península de Yucatán. Conclusiones. Se encontraron numerosos indicios de que las poblaciones nativas de maíz han seguido evolucionando *in situ* en el último siglo en México en adaptación a nuevos ambientes, aumento en el rendimiento de grano y caracteres agronómicos y que esto no solo ha ocurrido por procedimientos tradicionales sino incluso por la aplicación consciente de principios y técnicas de la Genética Moderna por agricultores.

Sessão STO2 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 2 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
Coordenador: Adeliano Cargnin (Embrapa Uva e Vinho) – Sala Chardonnay

14:00 CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENETICA DE CURAUÁ EM BANCO DE GERMOPLASMA E POPULAÇÕES NATURAIS
Osmar Alves Lameira[1], Maria Rosa Costa[1], Marcos Gimenes; *[1]Embrapa amazônia Oriental - Brazil*

14:10 CARACTERIZACION DEL BANCO DE GERMOPLASMA DE CHAYOTE [SECHIUM EDULE (JACQ.) SWARTZ] DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE COSTA RICA
Juan Félix Arguello Delgado, Orlando Varela, Rafael Orozco, Ramon Molina, Irena Hilje, Jaquelin Rojas, Gerardo Rodriguez, Yendry Carvajal, Victor Alvarez, Cristina Herrera, Johanatan Parra, Fanny Gonez, Ana Abdelnour-Esquivel[1], Geovany Garro; *[1]Instituto Tecnológico de Costa Rica - Costa Rica*

14:20 DIVERSIDAD GENÉTICA DE SOLANUM TUBEROSUM SUBSP. ANDIGENA RELACIONADA CON LA BIOSÍNTESIS DE ANTOCIANINAS
Hugo Marcelo Atencio[1], Arjen Ten Have[2], Andrea Martina Clausen[3]; *[1]Instituto de Nacional de Tecnología Agropecuaria - Argentina, [2]Instituto de Investigaciones Biológicas / CONICRT - Argentina, [3]Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - Argentina*

14:30 GRAMÍNEAS PARA BIOCOMBUSTIBLES EN URUGUAY: DESENREDANDO LA MADEJA DEL COMPLEJO QUADRIFARIA DE PASPALUM (POACEAE)
Ana Celina Gonzalez[1], Marilin Banchero, Martin Acevedo-Pesanha, Mónica Graciela Cadenazzi, Pablo Rafael Speranza, Magdalena Vaio; *[1]Universidad de la República Oriental del Uruguay - Uruguay*

14:40 MODO DE REPRODUÇÃO PREFERENCIAL EM ACESSOS DE PSIDIUM (P. GUAJAVA E P. GUINEENSES).
Maria Lorraine Fonseca Oliveira[1], Telma Nair Santana Pereira[1], Rodrigo Miranda Brabosa, Matheus Henriques Tavares Benvindo Ribeiro, Cláudia Sales Marinho, Alexandre Pio Viana; *[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Brazil*

14:50 COMPOSIÇÃO MINERAL DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE COLORIDOS (IPOMOEA BATATAS)
Márcia Vizzotto[1], Elisa dos Santos Pereira[2,1], Priscila Cardoso Munhoz[1], Núbia Marilin Ferri[1], Luis Antonio Suita de Castro, Ana Cristina Krolow[1]; *[1]Embrapa Clima Temperado - Brazil, [2]Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

15:00 TRANSCRIPTOMICA DE DIFERENTES CULTIVARES DE ARROZ EM CONDIÇÕES DE EXCESSO DE FERRO
Artur Teixeira de Araujo Junior[1], Daniel da Rosa Farias, Railson Schreinert dos Santos, Danyela de Cássia da Silva Oliveira, Solange Ferreira da Silveira Silveira, Marcelo Nogueira do Amaral, Luis Willian Pacheco Arge[2], Camila Fernanda de Oliveira Junkes, Eugenia Jacira Bolacel Braga, Luciano Carlos da Maia, Antonio Costa de Oliveira;*[1]Universidade Federal de Pelotas - Brazil, [2]UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS - Brazil*

15:10 SEQUENCIAMENTO GENÔMICO E ANÁLISE DE DOMÍNIOS CONSERVADOS DE EUGENIA UNIFLORA L.
Cristiane Barbosa D'oliveira[1], Deise Schröder Sarzi[1], Rafael Plá Matielo Lemos[1], Alcemir da Silva Marques Junior[1], Luiz Fernando Roesch, Valdir Marcos Stefenon; *[1]Fundação Universidade Federal do Pampa - Brazil*

15:20 DETERMINACIÓN DE LA VARIACIÓN CROMOSÓMICA EN TRES ESPECIES DE TIGRIDIA SPP.
Hugo Abelardo Arroyo Martínez[1], José Luis Piña Escutia[1], Amaury Martín Arzate Fernández[1], Luis Miguel Vázquez García[1]; *[1]Universidad Autónoma del Estado de México - Mexico*

15:30 ANÁLISE FILOGENÉTICA DO GÊNERO ORYZA COM ÊNFASE NAS ESPÉCIES BRASILEIRAS
Ludivina L Rodrigues[1], Rejane Ribeiro Souza[2], Aluana G Abreu[3], Paulo Hideo Nakano Rangel[3]; *[1]Universidade Federal de Goiás - Brazil, [2]Uni-Anhanguera Centro Universitário de Goiás - Brazil, [3]Embrapa Arroz e Feijão - Brazil*

15:40 A CLASSIFICAÇÃO DE RAÇAS DE MILHO DO BRASIL CHEGOU AO FIM?
Rafael Vidal[1], Natália Almeida Silva[1], Juliana Bernardi Ogliari; *[1]Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

15:50 GERMOPLASMA DE MACIEIRA (MALUS SPP.) VOLTADO À PRODUÇÃO ORGÂNICA E AO BAIXO REQUERIMENTO DE FRIO HIBERNAL
João Caetano Fioravanço[1], Maria do Carmo Bassols Raseira[2], Paulo Ricardo Oliveira[1]; *[1]Embrapa Uva e Vinho - Brazil, [2]Embrapa Clima Temperado - Brazil*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Terça-feira, 27 de outubro

Sessão STO2 (14:00 - 16:00)

SESSÃO TÉCNICA ORAL 2 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenador: Adeliano Cargnin (Embrapa Uva e Vinho)

Sala Chardonnay

CARACTERIZAÇÃO DA DIVERSIDADE GENETICA DE CURAUÁ EM BANCO DE GERMOPLASMA E POPULAÇÕES NATURAIS

Osmar Alves Lameira[1]; Maria Rosa Costa[2]; Marcos Gimenes[3]

[1] Eng. Agrônomo, Embrapa Amazônia Oriental, Belém, Pará, Brasil, osmar.lameira@embrapa.br

[2] Eng. Agrônoma, Embrapa Amazônia Oriental, Belém, Pará, Brasil, maria-rosa.costa@embrapa.br

[3] Eng. Agrônomo, Cenargen, Brasília, Distrito Federal, Brasil, marcos.gimenes@embrapa.br

O curauá **[***Ananas comosus* var. *erectifolius* (L. B. Smith) Coppens & F. Leal] é uma bromeliácea, encontrada na flora Amazônica, de grande interesse comercial por ser uma fonte de fibra de excelente qualidade, que tem sido utilizada pela indústria automobilística na confecção de tecidos para forrar tetos e tampas do porta-malas de automóveis. Apesar do comprovado potencial do curauá, pouco tem sido realizado no sentido de se conhecer melhor a variabilidade genética no germoplasma desta espécie, o que é de extrema importância para sustentabilidade do uso dessa espécie comercialmente, pois as demandas por genótipos ou cultivares com melhores características somente serão supridas se a variabilidade genética no germoplasma disponível for ampla. Uma forma ágil e eficiente de se avaliar a variabilidade é por meio de marcadores moleculares, pois estes são polimórficos e não influenciados pelo ambiente. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade genética em nove grupos de acessos de curauá de diferentes procedências utilizando marcadores moleculares SSR e RAPD. Foram analisados 161 indivíduos mantidos á campo, sendo 90 germoplasma da Faculdade de Ciências Agronômicas de Botucatu (Unesp) dois quais, 60 indivíduos de curauá roxo e 30 de curauá branco, todos provenientes do Lago Grande do Curuaí no Município de Santarém, PA, 26 do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental-Belém, PA, sendo seis de curauá branco procedentes do Município de Bragança, PA, quatro de curauá branco e quatro de curauá roxo procedentes do Município de Ponta de Pedra, PA, seis de curauá branco procedentes do Município de Santarém, PA e seis de curauá roxo obtidos pelo processo de micropropagação na Embrapa Amazônia Oriental, 30 indivíduos de curauá roxo procedentes da região do Rio Arapiuns (Comunidade São José) e 15 de curauá roxo do Rio Tapajós (Comunidade Cametá,) regiões localizadas no Município de Santarém, PA. No geral, foi observada alta similaridade genética entre os indivíduos de cada grupo e a maior parte da variabilidade encontrada foi entre os grupos. A baixa variabilidade encontrada dentro dos grupos se deve muito provavelmente à maneira pela qual *Ananas comosus* var. *erectifolius* tem sido multiplicado, isto é, por meio da reprodução assexuada em áreas de plantios. Os dados sugerem que as estratégias de conservação desta espécie devem se concentrar no maior número possível de coletas em diferentes regiões geográficas para aumentar a variabilidade dos bancos.

CARACTERIZACIÓN DEL BANCO DE GERMOPLASMA DE CHAYOTE [*SECHIUM EDULE* (JACQ.) SWARTZ] DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE COSTA RICA

Argüello, F.[1]; Varela, O.[1]; Orozco, R.[1]; Molina, R.[1]; Hilje, I.[1]; Roja, J.[1]; Rodríguez, G.[2]; Carvajal, Y.[2]; Álvarez, V.[2]; Herrera, C.[3]; Parra, J.[3]; Gomez, F.[3]; Abdelnour, A.[4]; Garro, G.[4].

[1] Programa BIOVERFI, Escuela de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional, Costa Rica. juan.arguello.delgado@una.cr

[2] Laboratorio de Fitoquímica, Escuela de Química, Universidad Nacional, Costa Rica.

[3] Facultad de Farmacia, Universidad de Costa Rica.

[4] Escuela de Biología, Instituto Tecnológico de Costa Rica.

El chayote [*Sechium edule* (Jacq.) Swartz] es una planta trepadora perenne que pertenece a la familia Cucurbitáceae y es originario de Mesoamérica. El objetivo fue caracterizar morfológica, química, molecular y farmacológicamente la variabilidad genética del chayote del Banco de Germoplasma de la Universidad Nacional de Costa Rica, para seleccionar materiales promisorios que permitan diversificar la producción y fomentar el consumo. En la caracterización morfológica se emplearon nueve descriptores de fruto. En la caracterización química se determinó el contenido de compuestos fenólicos totales y fitoesteroles. En la caracterización molecular se utilizaron marcadores tipo RAPD y microsatelites, además se calcularon distancias genéticas de Nei y se realizó un análisis de componentes principales y un dendrograma. La caracterización farmacológica se llevó a cabo utilizando extractos de fruto secos con extracciones en metanol:agua acidificada y metanol:acetona:agua acidificada y la extracción por medio de decocción; para determinar la actividad antioxidante se utilizaron ratas Sprague Dawley (machos) y se utilizaron los métodos DPPH, ORAC y la peroxidación lipídica. Para medir la presión arterial se utilizó un método no invasivo. Se determinó que las 41 accesiones estudiadas presentaron variaciones en los frutos en tamaño, color, forma, grosor, peso y espinas. Químicamente todos los frutos de chayote tiernos o sazones contenían polifenoles totales y fitoesteroles y las accesiones UNA 846, 759, 845 y 853 presentaron los mayores contenidos. El análisis molecular reveló un nivel alto de monomorfismos donde únicamente los marcadores RAPD revelaron algunos polimorfismos. A pesar de su diversidad morfológica, el material es genéticamente semejante con distancias de Nei no mayores de 0.30. En la caracterización farmacológica se determino que la accesión con mayor actividad antioxidante según el método de ORAC fue la UNA-846 y por peroxidación lipídica las accesiones UNA-845 y UNA-853. La actividad antihipertensiva de las cuatro accesiones de chayote fue diferente utilizando el modelo L-Name; la accesión UNA-834 fue la que presentó una tendencia de disminución de la presión arterial. El modelo de efecto protector hacia la inducción de hipertensión es válido para prevenir o controlar la presión arterial en ratas. La accesión UNA-834, presento una tendencia a la disminución de la presión arterial. Se concluye que existe una gran diversidad morfología del fruto, sin embargo las técnicas de RAPD y microsatélites sugieren una alta homogeneidad. Se seleccionaron las accesiones UNA 846, 759, 845 y 853 como las mejores químicamente. La capacidad antioxidante varió según el método utilizado. En general la actividad antioxidante según el método ORAC es limitado, sin embargo fue superior a la mayoría de vegetales de mayor consumo a nivel mundial. La accesión UNA-834 fue capaz de prevenir o controlar la presión arterial en ratas. Consideramos que con estos hallazgos se favorecerá la diversificación en la producción y el consumo de chayote.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

DIVERSIDAD GENÉTICA DE *SOLANUM TUBEROSUM* SUBSP. *ANDIGENA* RELACIONADA CON LA BIOSÍNTESIS DE ANTOCIANINAS

Hugo Marcelo Atencio[1], Arjen ten Have[2], Andrea Martina Clausen[3]

[1] MSc. Hugo Marcelo Atencio, INTA, Balcarce, Buenos Aires, Argentina, atencio.hugo@inta.gob.ar

[2] Dr. Arjen ten Have, IIB/CONICET-UNMdP, Mar del Plata, Buenos Aires, Argentina, tenhavearjen@gmail.com

[3] MSc. Andrea Martina Clausen, INTA, Balcarce, Buenos Aires, Argentina, clausen.andrea@inta.gob.ar

En la región andino del noroeste de la Argentina los productores de las provincias de Jujuy, Salta y Catamarca, cultivan desde hace siglos *Solanum tuberosum* subsp. *andigena*. Esta papa nativa incluye numerosas variedades locales que se distinguen entre sí por sus caracteres morfológicos y agronómicos. El Banco de Germoplasma de papas y forrajeras del sudeste bonaerense de la EEA-INTA Balcarce (Bs. As., Argentina), donde se conservan *in vitro* genotipos con diferente coloración en sus tubérculos, y en asociación con el Grupo de Biología Comparativa en Solanáceas (IIB-CONICET-UNMdP), tienen como objetivo a mediano plazo estudiar la red metabólica de biosíntesis de antocianinas que muestran un patrón diferencial en el color de la carne y piel de los tubérculos de papa andina en estudio. Se procedió a efectuar un análisis molecular preliminar de los genotipos de papa andina conservados *in vitro*, a través de electroforesis capilar empleando marcadores microsatélites (SSR, Simple Sequence Repeat). Nueve marcadores microsatélites fueron utilizados para caracterizar molecularmente 67 genotipos de distintas variedades de papa, con diferente pigmentación en la piel de los tubérculos y procedentes de las provincias de Jujuy y Salta. Los datos se analizaron con técnicas estadísticas multivariadas, AMOVA, se estimaron los valores de Índice de Contenido Polimórfico (PIC) y se consideraron cuatro aspectos importantes en el comportamiento desarrollados por los microsatélites en la colección de papa andina estudiada: la Relación Múltiple Efectiva (RME), el Índice del Marcador (IM), la Naturaleza Cualitativa del Dato (NQD) y el Índice de Marcador Efectivo (IME). Se detectó una alta diversidad genética a nivel molecular: el sistema de SSRs empleado mostró alta eficiencia global de detección de polimorfismo dado por el PIC, alto número de loci independiente (RME), alta aplicabilidad práctica (NQD), y alta eficiencia para detectar variación genética (IME). Esta primera aproximación permite detectar los niveles de variabilidad genética presentes en los genotipos conservados *in vitro*, para seleccionar el subgrupo más variable que luego será analizado en los subsiguientes estudios de PCR cuantitativa para las cinco enzimas más importantes en la biosíntesis de antocianinas.

GRAMÍNEAS PARA BIOCOMBUSTIBLES EN URUGUAY: DESENREDANDO LA MADEJA DEL COMPLEJO QUADRIFARIA DE *PASPALUM* (POACEAE)

Ana González [1]; Marilin Banchero [2]; Martín Acevedo Pesanha [3]; Mónica Cadenazzi[4]; Pablo Speranza[5], Magdalena Vaio[6]

[1] Ing. Agr. Dra en Botánica, Facultad de Agronomía, UDELAR, Montevideo, Uruguay. anacel@fagro.edu.uy

[2,3] Bach, Facultad de Agronomía, UDELAR, Montevideo, Uruguay.

[4] Dra. en Estadística Facultad de Agronomía, UDELAR, Montevideo, Uruguay.

[5] Dra en Biologia Vegetal, Facultad de Agronomía, UDELAR, Montevideo, Uruguay.

[6] Ing. Agr. PhD Facultad de Agronomía, UDELAR, Montevideo, Uruguay.

Muchos de los pajonales en Uruguay están constituidos por especies de *Paspalum*. Tradicionalmente en un país ganadero con buenas pasturas naturales estas especies no han sido objeto de estudios detallados ya que eran considerados pastos duros, no apetecibles para el ganado. En la búsqueda de nuevas alternativas energéticas han empezado a ser objeto de atención con el fin de investigar su potencial para tales fines. El grupo Quadrifaria del género *Paspalum* está constituido en Uruguay mayormente por formas poliploides apomícticas que en general han sido asignadas a cinco especies morfológicas relacionadas con dos grupos filogenéticamente diferenciados en estudios previos (*P. quadrifarium*, *P. quarinii*) y (*P. exaltatum*, *P. haumanii* y *P. intermedium*). Si bien las especies de mayor porte y producción de biomasa se encuentran en el segundo grupo, esta asignación no es definitiva ya que estudios precedentes muestran que se trata de un complejo con varios niveles de ploidía (2x, 3x, 4x y 5x) y formas híbridas entre ambos grupos. Actualmente se está trabajando en la evaluación de la producción de biomasa de estos materiales y la comprensión de los mecanismos que han dado origen al complejo y su estructuración geográfica. Estos trabajos se ven obstaculizados por la ausencia de un sistema de identificación morfológica a campo que permita reunir colecciones representativas de germoplasma. En este trabajo se realizó una caracterización morfológica de una muestra de 20 individuos con el fin de seleccionar los descriptores morfológicos más eficientes e identificar discontinuidades que permitan proponer un sistema de clasificación taxonómica que refleje la diversidad observada. La muestra incluye individuos de origen geográfico y ploidía conocidas y cuyo origen materno en los dos grupos filogenéticos fue determinado mediante un marcador de ADN cloroplástico. Se registraron 30 caracteres morfológicos cuantitativos con 3 repeticiones por individuo para los caracteres reproductivos y 5 repeticiones para los caracteres vegetativos. Todos los caracteres mostraron diferencias significativas entre los individuos de la muestra. Para analizar la estructura de correlaciones entre las variables se realizó un análisis de componentes principales. Este análisis muestra una fuerte asociación positiva entre las dimensiones de los diferentes órganos que tienden a clasificar a los individuos por tamaño y no permite realizar asignaciones taxonómicas. Se registraron además 15 variables cualitativas seleccionadas a partir de los caracteres comúnmente utilizados en las descripciones disponibles de las especies, analizadas por coordenadas principales. Los resultados preliminares sugieren que los caracteres cualitativos serían de mayor utilidad para la separación de las entidades y la construcción de un sistema de clasificación taxonómica que refleje la diversidad encontrada en los estudios genéticos, moleculares y citogenéticos que se está llevando a cabo junto con la evaluación productiva.

MODO DE REPRODUÇÃO PREFERENCIAL EM ACESSOS DE *PSIDIUM* (*P. GUAJAVA* E *P. GUINEENSES*)

Maria Lorraine Fonseca Oliveira[1]; Telma Nair Santana Pereira[2]; Rodrigo Miranda Barbosa[3]; Matheus Henriques Tavares Benvindo Ribeiro[4]; Claudia Sales Marinho[5]; Alexandre Pio Viana[5]

[1] Doutoranda, Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, fonsecaloliveira@gmail.com

[2] Ph. D., Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, telmasp2012@gmail.com

[3] Mestrando, Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, rodrigo_mb@yahoo.com.br

[4] Graduando, Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, matheushenrique30@hotmail.com

[5] Dr., Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, clsmarinho@gmail.com; pirapora.alexandre@gmail.com

O gênero *Psidium* pertence a família das Myrtaceae, e muitas das suas espécies não têm seu modo de reprodução bem definido, sendo consideradas como autógamas por alguns autores e alógamas por outros. Entretanto, sabe-se que o sucesso do melhoramento depende do conhecimento do processo reprodutivo, visto que as técnicas de manipulação devem ser escolhidas de acordo com as formas de reprodução, ou seja, se ocorre a autofecundação ou a fecundação cruzada, ou ainda uma porcentagem de ambas. Com isso, o objetivo deste trabalho foi determinar o modo de reprodução preferencial de dois acessos de *Psidium* (*P. guajava*- UENF F3P10 e *P. guineense*- UENF F4P4), utilizando como metodologia a razão pólen:ovulo (P:O). Para isto, botões florais na antese foram fixados em solução de etanol a 70% e mantidos a 4°C. Os botões foram cortados longitunalmente e uma antera foi macerada com uma gota de uma solução contendo 4 gotas de detergente Triton-X, 3 gotas de azul de metileno a 0,5% e 90 µl de etanol 70%. Após macerada, a antera foi colocada em um empendorf contendo a mesma solução, o qual foi centrifugado por 2 minutos a 2000 rpm. A amostra de 10 µl da solução precipitada foi depositada sobre a lamina e coberta com lamínula, para ser observada em microscópio optico Olympus BX60. Preparou-se 4 lâminas por antera e foi contado o numero total dos grãos de pólen por lamina. Para a contagem dos óvulos, os ovários dos botões florais foram cortados longitudinalmente, os óvulos foram soltos dos lóculos e foram espalhados em uma lamina com três gotas da solução lactofenol azul-algodão, posteriormente foi colocado a lamínula e os óvulos foram contados no microscópio optico Olympus BX60. Também foi realizada a contagem das anteras com auxilio da lupa motic 102M. Foram utilizados dois botões florais por acesso e cinco anteras por botão floral. Assim, 20 lâminas foram feitas por botão floral, totalizando 40 lâminas de cada acesso, considerando apenas as anteras. A razão P:O foi calculada para cada acesso e é expressa como o numero médio de grãos de pólen por flor (numero médio de grãos de polén por antera, multiplicado pelo numero médio de anteras), dividido pelo numero médio de óvulos por flor. A determinação do sistema reprodutivo com base na razão P:O segue a tabela proposta por Cruden (1977). Resultados preliminares observados nesse estudo indicam uma razão P:O para o acesso UENF F3P10 (araçá) de 33,8140, visto que o numero médio de grãos de pólen por flor foi de 12.545 e o numero médio de óvulos foi de 371. Sendo assim, esse acesso pode ser classificado entre um autógamo facultativo ou obrigatório, ou seja, pode ser que exista uma taxa de auto-polinização com uma pequena porcentagem de polinização cruzada. Já o acesso UENF F4P4, *P. guajava* (goiaba), apresentou todos os valores mais elevados, a começar pelo numero médio de grãos de pólen por flor, de 45.076 e o número médio de óvulos, de 582, sendo assim, também apresentou maior relação P:O, de 77,4501, indicando ser uma autógama facultativa. A razão P:O reflete a probabilidade dos grãos de pólen atingirem o estigma, resultando na produção máxima de sementes. A transferência mais eficiente dos grãos de pólen irá resultar em uma menor razão P:O, assim, as plantas consideradas cleistogâmicas devem ter uma baixa razão P:O, enquanto as plantas autógamas devem ter uma menor razão P:O ao serem comparadas com as plantas alogamas.

Apoio: UENF, FAPERJ e CAPES

COMPOSIÇÃO MINERAL DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE COLORIDOS (*IPOMOEA BATATAS*)

Márcia Vizzotto[1], Elisa Pereira dos Santos[2], Priscila Cardoso Munhoz[3], Nubia Marilin Lettnin Ferri[4], Luis Antonio Suita de Castro[1] e Ana Cristina Krolow[5]

[1] Engenheiro(a) Agrônomo(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, marcia.vizzotto@embrapa.br e luis.suita@embrapa.br

[2] Nutricionista, Mestranda em Nutrição, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, lisaspereira@gmail.com

[3] Tecnóloga em Viticultura e Enologia, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, priscilamunhoz@outlook.com.br

[4] Licenciada em Ciências/Química, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, nubia.ferri@embrapa.br

[5] Farmaceutica, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, ana.krolow@embrapa.br

A batata-doce é uma hortaliça tuberosa de fácil cultivo, rústica, de ampla adaptação, com alta tolerância à seca e de baixo custo de produção, sendo uma estratégia para o suprimento alimentar das populações mais carentes. Esta raiz apresenta grande importância por ser fonte de calorias e ter alto conteúdo de vitaminas e minerais e se encontra em quase todo o quintal de pequenos agricultores como uma alternativa para a diversificação da alimentação da família e também dos animais. O objetivo deste trabalho foi caracterizar genótipos de batata-doce de polpa colorida quanto a sua concentração de minerais nas raízes. Foi avaliado o conteúdo de macro (cálcio, magnésio, potássio e fósforo) e micro (cobre, ferro, manganês e zinco) minerais presente em onze genótipos de batata-doce de diversas colorações de polpa: Batatas-doces de polpa creme (Rubissol, Catarina, Cuia, ILS 03, ILS 10, ILS 24 e ILS 44); batatas-doces de polpa laranja (Amélia e Beauregard); e batatas-doces de polpa roxa (ILS 56, ILS 16 e ILS 71). Para realização das análises as batatas-doces foram colhidas, higienizadas, a porção equatorial selecionada, fatiada e liofilizada. Após a digestão da amostra liofilizada as leituras foram realizadas no equipamento de absorção atômica, exceto para o fósforo que as leituras foram feitas em espectrofotômetro. Quanto aos resultados, foi observado uma variação na concentração de cálcio de 16,75 a 44,78 mg.100g^{-1}, sendo que a seleção ILS 16 foi o destaque, seguida pela ILS 03. Quando observado o mineral magnésio, a variação foi de 18,43 a 46,48 mg.100g^{-1} e a cultivar Rubissol apresentou a maior concentração, seguida da seleção ILS 16. A cultivar Cuia apresentou a maior concentração de potássio, mineral este que apresentou uma variação entre 355,37 e 830,02 mg.100g^{-1}, enquanto os genótipos Rubissol e ILS 56 se destacaram pela concentração de fósforo (variação entre 39,08 e 118,95 mg.100g^{-1}). A seleção ILS 16 ainda se destacou pelas mais altas concentrações dos micro minerais cobre (variação de 0,21 a 0,75 mg.100g^{-1}), ferro (1,25 a 3,04 mg.100g^{-1}) e zinco (0,42 a 1,00 mg.100g^{-1}). A seleção ILS 71 foi o genótipo que apresentou maior concentração do micro mineral manganês (0,43 a 1,90 mg.100g^{-1}). Os resultados obtidos neste trabalho demonstraram uma concentração significativa de minerais presentes nos genótipos de batata-doce estudados. Cabe ressaltar que a seleção ILS 16 se destacou por apresentar maiores concentrações de vários minerais, como o cálcio, cobre, ferro e zinco, sendo o primeiro o mineral mais abundante no corpo humano, participando da regulação de várias funções corporais.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao projeto FINEP/CGTEE Quintais Orgânicos de Frutas pelo apoio financeiro e pelas bolsas de Desenvolvimento Tecnológico Industrial C dos autores Elisa Pereira dos Santos e Priscila Cardoso Munhoz.

TRANSCRIPTOMICA DE DIFERENTES CULTIVARES DE ARROZ EM CONDIÇÕES DE EXCESSO DE FERRO

Artur Teixeira de Araujo Junior[1]; Daniel da Rosa Farias[2]; Railson Schreinert dos Santos[2]; Danyela de Cássia da Silva Oliveira[3]; Solange Ferreira da Silveira Silveira[3]; Marcelo Nogueira do Amaral[4]; Luis Willian Pacheco Arge[5]; Camila Fernanda de Oliveira Junkes[6]; Eugenia Jacira Bolacel Braga[7]; Luciano Carlos da Maia[8]; Antonio Costa de Oliveira[9]

[1]Eng. de Bioprocesos e Biotecnologia, Mestrando em Biotecnologia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, arturtaj@hotmail.com

[2]Eng. Agrônomo, Pós-Doutorando, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, fariasdr@gmail.com; rschsan@hotmail.com

[3]Eng. Agrônomo, Doutorando em Agronomia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, danyeladecassia@gmail.com; solange.agro@gmail.com

[4]Biologo, Doutorando em Fisiologia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, theoamaral@hotmail.com

[5]Tecn. em Agropecuária, Doutorando em Agronomia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, l.willianpacheco@yahoo.com.br

[6]Eng. de Bioprocesos e Biotecnologia, Doutorando em Biologia Celular e Molecular, UFRGS, RS, Brasil, camila.nanda.junkes@gmail.com

[7]Drª. em Biotecnologia, Professora Dep. de Fisiologia Vegetal, UFPel. Pelotas, RS, Brasil, jacirabraga@hotmail.com

[8]Dr. em Agronomia, Professor Dep. de Fitotecnia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, lucianoc.maia@gmail.com

[9]Ph.D. em Genética, Professor Dep. de Fitotecnia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, acostol@terra.com.br

O cultivo do arroz é de grande importância para o Rio Grande do Sul (Brasil), estado este, responsável por dois terços da produção total deste cereal no país. Um importante problema, não só para o Rio Grande do Sul, mas também para outros locais, é o decréscimo de produtividade comumente observado quando esta cultura se encontra sob condições de excesso de ferro na solução do solo. Para entender um pouco mais da resposta do arroz a condição de excesso de ferro, este trabalho teve por objetivo comparar genes diferencialmente expressos em plântulas de arroz (*Oryza sativa* ssp. *indica* cultivar BRS Querência), após 24 horas de exposição ao excesso de ferro em solução nutritiva, com dados já publicados para o genótipo Nipponbare. Sementes de arroz da cultivar BRS Querência foram germinadas em câmara de crescimento durante sete dias e após esse período, foram transferidas para casa de vegetação. Ao atingirem o estádio V3, as plantas foram submetidas ao estresse por excesso de ferro, utilizando solução nutritiva adicionada de 300 mg L^{-1} Fe^{+2}, durante 24 horas, enquanto as plantas do tratamento controle foram mantidas apenas com solução nutritiva. O RNA total foi extraído a partir de folhas para a síntese de cDNA que foi sequenciado. Foram identificados 46 genes diferencialmente expressos em ambos os genótipos, os quais participam de 15 diferentes rotas metabólicas. Para o genótipo Nipponbare foi encontrado apenas um gene o qual teve expressão diminuída, este tem função de transporte de açúcares, além disso, esse gene possui sua expressão reprimida na cultivar BRS Querência. O genótipo BRS Querência teve ainda outros 16 genes subexpressos, os quais desempenham uma vasta gama de funções. Entre estas, destacam-se: cinco desconhecidas, duas de proteínas transportadoras, duas de formação de proteínas (uma de modificação pós-traducional e outra de degradação de ubiquitina) e duas com função relacionada ao metabolismo de hormônios (síntese/degradação de ácido abscísico e etileno). Em relação à superexpressão, em Nipponbare foram encontrados 45 genes, enquanto que na BRS Querência 27, com destaque para as funções: desconhecidas (13 e 9, respectivamente para cada genótipo), síntese de proteína ribossomal (6 e 6), formação de proteínas diversas (5 e 3) e proteínas transportadoras (3 e 1). De acordo com estes resultados, podemos concluir que mesmo sendo cultivares diferentes, existe um conjunto respostas transcricionais similares o qual auxilia na resposta e adaptação a condições de estresse. Este conhecimento é importante para identificação de genes candidatos a futuros estudos.

SEQUENCIAMENTO GENÔMICO E ANÁLISE DE DOMÍNIOS CONSERVADOS DE *EUGENIA UNIFLORA* L.

Cristiane Barbosa D'Oliveira[1]; Deise Schröder Sarzi[2]; Rafael Plá Matielo Lemos[1]; Alcemir da Silva Marques Jr.[3]; Luiz Fernando Würdig Roesch[4], Valdir Marcos Stefenon[4]

[1] Doutorando (a), Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, RS, Brasil, crixdoliveira@gmail.com; rafael.matielo@unipampa.edu.br.

[2] Mestranda, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, RS, Brasil, deisesarzi@hotmail.com

[3] Graduando, Curso Bacharelado em Engenharia Florestal, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, RS, Brasil, alcemirjunir@hotmail.com

[4] Professor Orientador Doutor, Programa de Pós Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, RS, Brasil, luizroesch@unipampa.edu.br, valdirstefenon@unipampa.edu.br.

Eugenia uniflora L. é uma espécie nativa do Brasil com distribuição nos biomas Cerrado, Mata Atlântica e Pampa. Conhecida popularmente como pitangueira, apresenta propriedades farmacológicas antibacterianas, antifúngicas, antioxidantes, imunomoduladoras, anti-inflamatórias e de redução da pressão arterial. A espécie é empregada na recuperação de áreas degradadas em função de ser uma planta pioneira e produzir muitas flores durante seu período de floração, tornado-a muito procurada por abelhas. O fruto da pitangueira tem um potencial agroindustrial que está em ascensão, sendo utilizado na produção de suco, sorvetes, licores, geleias e vinhos. O objetivo deste trabalho foi analisar regiões *contig* do genoma de *E. uniflora* para identificar regiões conservadas de domínio de proteínas. O DNA total foi isolado de um indivíduo de *E. uniflora* coletado em uma população natural no município de São Gabriel - RS através do kit *DNeasyPlant Mini*. O DNA foi fragmentado (300-400 pb) e sequenciado usando a plataforma PGM IonTorent. De um total de 7 milhões de bases sequenciadas (aprox. 25% do genoma da espécie), 40 contigs, com aproximadamente 1000pb cada, foram selecionados para a análise. Essas sequencias foram avaliadas utilizando a ferramenta BlastX dentro da plataforma do NCBI. Com essa análise obteve-se 14 domínios conservados, sendo eles: *Motor domain superfamily - Kinesin* (quinases são enzimas importantes para ativação de moléculas-alvo específicas); *Spindle pole body – SPBm* (responsáveis pela formação e organização de microtúbulos do citoesqueleto); *Cyclin C-terminal domain* (essa família tem relação direta com o domínio das Quinases); *Protease - Ulp1 family* (é convertida em chaperona, auxiliam no enovelamento protéico); *Raffinosesyntase* ou *seed imibition protein* Sip1 (possui influência direta com a semente, principalmente na longevidade e quebra de dormência); *Cromatina organization modifier domain* - CHROMO (apresenta papel funcional, de organização nuclear dos eucariotos e desempenha papel na metilação de histonas e RNA); *Mediator complex subunit* MED 14 (afeta a estrutura da cromatina e a regulação de alguns genes); *Remorin_CRemorins* (proteínas específicas associadas a membrana plasmática); *Cyclin_C* (regula *Cyclin Dependent Kinases* (CDKs)); *Penta tricopeptide repeat domains* (família característica de proteínas de plantas, distribuídas nos cloroplastos e mitocôndrias); *Salt stress response/antifungal domain* (domínio associado com proteínas Quinases, tem ação antifúngica); *Cytochrome P450, Flavonoid 3'-monooxygenase* e *Carotene beta-ring hydroxylase* (possuem relação com os transposons) e o domínio *ABCG_EPDR - P-loop_NTPase superfamily* (desempenha papel na regulação dos mecanismos de tráfico de lipídios e proteção contra patógenos). Como continuidade da pesquisa, os demais *contigs* estão sendo analisados e a relação metabólica destas proteínas está sendo avaliada, visando identificar e mapear genes de interesse no melhoramento genético de *E. uniflora*, relacionado com propriedades terapêuticas e nutricionais.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e UNIPAMPA pelo suporte financeiro e bolsas de estudo.

DETERMINACIÓN DE LA VARIACIÓN CROMOSÓMICA EN TRES ESPECIES DE *TIGRIDIA* SPP.

Hugo Abelardo Arroyo-Martínez[1], José Luis Piña-Escutia[2], Amaury Martín Arzate-Fernández[3], Luis Miguel Vázquez-García[4].

[1,2,3,4] Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Fitomejoramiento, Facultad de Ciencias Agrícolas Universidad Autónoma del Estado de México, Toluca, Estado de México, México. [1]escudo_0@hotmail.com; [2] jlpinae@uaemex.mx; [3] amaury1963@yahoo.com.mx ; [4]lmvazquezg@uaemex.mx.

El género *Tigridia* se distribuye principalmente en el continente Americano; siendo México su centro de diversidad (Vázquez-García *et al.*, 2011). El tamaño de su flor, su forma arquitectónica, así como la variabilidad de colores, hacen de las especies de *Tigridia* un atractivo recurso florícola (Borys*et al.*, 2000). El género *Tigridia*, es citológicamente distinto, tiene números básicos variables e inadecuada información en los cariotipos, por lo cual los límites genéricos, afiliaciones de especies y relaciones filogenéticas, varían de un autor a otro (Rodríguez *et al.*, 2003). De esta forma los objetivos de este trabajo fueron: determinar la variación cromosómica en tres especies de *Tigridia* spp., y cuantificar la variación cromosómica entre las especies evaluadas. Las laminillas fueron preparadas de acuerdo a la metodología propuesta por García-Velázquez (1990), donde se analizó el número cromosómico, morfología de los cromosomas (Levan *et al.*, 1964), fórmula cariotípica, longitud total del genoma e índice de asimetría. De igual forma, las diferencias de longitud total del genoma (LTG) e índice de asimetría (TF %), se evaluaron por medio de un análisis de varianza y la prueba de la diferencia mínima significativa. En nuestros resultados, se observó que las tres especies presentaron un número cromosómico *2n* = 28, mostrando un cariotipo bimodal formado de 4 cromosomas grandes y 24 pequeños, presentando diferencias en la formula cariotípica, longitud total del genoma e índice de asimetría. Interesantemente, *T. pavonia* mostró el cariotipo con mayor simetría, respecto a *T. multiflora* y *T. alpestris* subsp. *obtusa.* Al respecto Levitzky (1931) y Stebbins (1958) mencionan que los cariotipos con un mayor grado de simetría son más primitivos que los cariotipos asimétricos (Calderón-Olascoaga y Farias-Chagoya, 2011), sugiriendo así que *T. multiflora* y *T. alpestris* subsp. *obtusa* podrían ser especies más evolucionadas que *T. pavonia*. Estos resultados pueden ser útiles en estudios taxonómicos, así como en el establecimiento de programas de mejoramiento genético en el género *Tigridia*.

ANÁLISE FILOGENÉTICA DO GÊNERO *ORYZA* COM ÊNFASE NAS ESPÉCIES BRASILEIRAS

Ludivina L. Rodrigues[1]; Rejane R. Souza[2]; Aluana G. Abreu[3]; Paulo Hideo N. Rangel[4]

[1] Estudante de graduação em Agronomia, UFG, Goiânia, GO, Brasil, ludivina_rodrigues@hotmail.com.

[2] Estudante de graduação em Ciências Biológicas, UNI-Anhanguera, Goiânia, GO, Brasil, reribeiro@hotmail.com.

[3] Drª em Genética e Biologia Molecular, Embrapa, Stº Antônio de Goiás, GO, Brasil, aluana.abreu@embrapa.br.

[4] Dr em Melhoramento Genético de Plantas, Embrapa, Stº Antônio de Goiás, GO, Brasil, paulo.hideo@embrapa.br.

O gênero *Oryza* é composto por aproximadamente 23 espécies distribuídas na Ásia, América do Sul, América Central, África, e Austrália, organizados em 10 grupos genômicos, sendo seis diploides (AA, BB, CC, EE, FF e GG) e quatro tetraploides (BBCC, CCDD, HHJJ e HHKK). Ainda são dispostas no Brasil populações de arroz silvestre em condições naturais, isoladas de cultivos comerciais e, portanto, sem a introgressão de alelos da espécie cultivada. As espécies brasileiras silvestres de *Oryza* são *O. alta*, *O. grandiglumis* e *O. latifolia*, com genoma CCDD (2n=48), e *O. glumaepatula* com genoma AA (2n=24). Destas espécies, *O. glumaepatula* por ser autógama, diploide e possuir genoma semelhante ao da espécie mais cultivada (*O. sativa*), é a que tem maior potencial de uso no melhoramento genético. Há poucos estudos genéticos sobre as espécies brasileiras de arroz e algumas questões ainda não foram esclarecidas, como a posição de *O. glumaepatula* dentro do grupo AA. Esse trabalho teve o objetivo de inferir as relações filogenéticas das espécies brasileiras do gênero *Oryza*, analisando sequências do gene cloroplastidial maturase K (matK). O matK é um gene de cerca de 1500 pares de bases (pb), que já foi utilizado em estudos de filogenia do gênero *Oryza*. Para execução do trabalho foram utilizados 12 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Arroz da Embrapa: cinco de *O. glumaepatula*, um de *O. grandiglumis*, um de *O. latifolia* e cinco de *O. alta*. A extração de DNA foi feita pelo método CTAB 2%. O fragmento amplificado foi sequenciado em um ABI 3500 XL (Applied Biosystems). As sequências foram editadas, alinhadas e recortadas juntamente com as sequências de matK de outras espécies obtidas no GenBank. A seleção do modelo de evolução molecular e a construção da árvore foram feitos pelo método da máxima verossimilhança, com 1000 reamostragens bootstrap. Foram obtidos fragmentos de 1340 pb para todos os acessos com exceção de *O. latifolia*, cujo fragmento foi de apenas 420 pb e não foi incluído nas análises. As espécies *O. grandiglumis* e *O. alta* se agruparam com *O. rhizomatis* e *O. officinalis* do grupo CC, e *O. eichingeri* do grupo BBCC. Isso sugere que o parental materno dessas espécies, que são do grupo CCDD, é uma espécie do grupo CC, como já observado em outros trabalhos. Ainda não foi encontrado nenhum representante do grupo DD. Um acesso de *O. alta* coletado no estado do Amazonas se agrupou com os representantes de *O. grandiglumis* e a sequência de *O. alta* do GenBank, e o outro se agrupou com os três do Tocantins. Todas as espécies de genoma AA formaram um único grupo, dividido em dois ramos. Em um, agruparam-se os acessos de *O. glumaepatula* coletados em Amazonas e Goiás e as espécies *O. glaberrima* e *O. nivara*. No outro ramo, ficaram os acessos de *O. glumaepatula* de Mato Grosso do Sul, Tocantins e Roraima e as demais espécies do grupo AA, *O. sativa*, *O. barthii*, *O. longistaminata* e *O. rufipogon*. Esta diversidade de sequências cloroplastidiais em *O. glumaepatula* já foi observada em outros trabalhos e pode ser um indício da origem polifilética dessa espécie.

A CLASSIFICAÇÃO DE RAÇAS DE MILHO DO BRASIL CHEGOU AO FIM?

Rafael Vidal[1]; Natália Carolina de Almeida Silva[2]; Juliana Bernardi Ogliari[3]

[1]Estudante de doutorado, Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC, Centro de Ciências Agrárias - CCA, Departamento de Fitotecnia, Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade – NEABio, Florianópolis-SC, Brasil, rvidal@fagro.edu.uy;

[2]Doutora em Recursos Genéticos Vegetais-UFSC, Florianópolis-SC, Brasil, nataliacasilva@hotmail.com;

[3]Professora da UFSC e Coordenadora do NEABio, Florianópolis-SC, Brasil, juliana.bernardi@ufsc.br, www.neabio.wix.com/neabioufsc

Os municípios de Anchieta e Guaraciaba localizados no Extremo Oeste do Estado de Santa Catarina (EOSC) se caracterizam pela diversidade de espécies cultivadas conservadas *in situ-on farm* (Silva, 2015; Silveira, 2015). No período de julho de 2011 a janeiro de 2012 foram diagnosticadas 1.513 variedades locais de milho na região, além da presença de populações de *Zea luxurians*, o que permitiu identificar esta microregião enquanto um microcentro de diversidade de milho (Silva, 2015). O elevado número de variedades locais, bem como a variabilidade fenotípica atualmente conservada *in situ-on farm* em ambos os municípios, suscitou a seguinte pergunta: a classificação de raças de milho do Brasil estaria finalizada? Isso porque a última foi realizada em 1977 por Paterniani & Goodman. Os autores descreveram 34 raças distribuídas em 4 grupos raciais. Com este trabalho se consideraram encerradas as pesquisas sobre a diversidade de raças do país, principalmente pela abrangência geográfica do estudo, entretanto apenas 14 populações da região EOSC foram incluídas. Diante desse contexto, o objetivo do trabalho foi realizar a caracterização racial de 19 variedades locais (VL) coletadas em 2012 nos municípios de Anchieta e Guaraciaba. Foram avaliados doze descritores morfológicos da planta, espiga e grão. Os dados foram obtidos de 4 experimentos realizados no EOSC e em Florianópolis. O delineamento experimental foi de blocos completos ao acaso, com quatro repetições e 20 tratamentos (19 VL e o cultivar SCS-155, como testemunha). A partir da matriz de distância Euclidiana, foi realizada a análise de agrupamento hierárquico pelo método UPGMA, com o objetivo de identificar grupos. Nessa análise, foram incluídas informações sobre as raças de milho descritas por Paterniani & Goodman (1977). Foram identificados tres grupos e quatro subgrupos (coeficiente de correlação cofenética igual a 0,8), considerando a distância de corte de 4,8. A raça Lenha, e a VL 2596A ficaram separados dos grupos. O Grupo **A** foi formado pela VL 648A e a raça Hickory King. O Grupo **B** foi formado pela VL 302D e duas subraças Cravo Riograndense e Cravo Paulista. O maior grupo foi o **C**, com a raça Tusón isolada e três subgrupos: **C1** formado pelas raças Dentadas Riograndense; **C2** formado por treze VLs e pela testemunha SCS-155 e, o subgrupo **C3** pelas raças Dente Paulista e Dente Branco Paulista e, pelas VLs1105A; 2315A e 2433A. A raça H. King foi caracterizada por grãos brancos e oito fileiras, coincidentes com as características da VL 648A. Entretanto, a VL 1161A, com a mesma denominação que VL 648A, possui grãos coloridos e uma média de nove fileiras. A presença do subgrupo **C2** separado das raças Riograndenseses e Dente Paulistas indica uma nova raça com grãos predominantemente amarelos e dentados. O subgrupo **C2** pode ser explicado pela espessura e largura de grão superiores ao subgrupo **C1**. A presença da testemunha no subgrupo poderia indicar uma provável mistura de Dentes Riograndense com materiais modernos. A raça Tusón foi descrita em 1977 com um único acesso originado de uma introdução mexicana na Bahia. Por seu potencial, esta raça foi distribuída aos agricultores e, o uso e difusão poderiam indicar mistura e explicar a presença no grupo C. O surgimento do subgrupo (C2) que não inclui nenhuma das raças identificadas na ultima classificação e que poderia configurar uma nova raça indicam que longe de estar finalizada são necessários mais trabalhos de caracterização de raças no Brasil.

Agradecimentos: aos agricultores de Anchieta e Guaraciaba por sua colaboração por ter doado as sementes cedido as áreas de experimentos, ao CNPq e CAPES pelo apoio financeiro.

GERMOPLASMA DE MACIEIRA (*MALUS* SPP.) VOLTADO À PRODUÇÃO ORGÂNICA E AO BAIXO REQUERIMENTO DE FRIO HIBERNAL

João Caetano Fioravanço[1]; Maria do Carmo Bassols Raseira[2]; Paulo Ricardo Dias de Oliveira[3]

[1] Eng. Agr., Dr., Embrapa Uva e Vinho, Bento Gonçalves, RS, Brasil, joao.fioravanco@embrapa.br

[2] Eng. Agr., Dr., Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, maria.bassols@embrapa.br

[3] Eng. Agr., Dr., Embrapa Uva e Vinho, Bento Gonçalves, RS, Brasil, paulo.oliveira@embrapa.br

A maçã é a principal fruta de clima temperado produzida no Brasil. A área plantada é de aproximadamente 40.000 ha e a produção anual situa-se ao redor de 1.300.000 t, dos quais cerca de 10% são destinados à exportação. No que diz respeito ao cultivo, atualmente, dois aspectos têm despertado grande interesse dos consumidores e da comunidade científica: a produção sustentável e os efeitos das mudanças climáticas. A sociedade, de um modo geral, tem se mostrado ávida por alimentos seguros e produzidos segundo condições que garantam menor impacto ambiental. De outro lado, a sustentabilidade dos cultivos passa pela adaptação de espécies e de cultivares aos novos cenários que estão se estabelecendo com o aquecimento global. Tendo em vista que a conservação, a caracterização e o uso dos recursos genéticos são importantes fundamentos na busca da superação dos desafios que se apresentam para a produção agrícola, foram implantadas duas coleções de germoplasma de macieira (*Malus* spp.), voltadas às problemáticas abordadas acima. A primeira foi instalada, em 2007, na Embrapa Uva e Vinho, em Bento Gonçalves, RS, com o objetivo de conservar seleções avançados e híbridos gerados pelo programa de melhoramento genético de macieira de baixa exigência de frio, anteriormente conduzido na Embrapa Clima Temperado. A segunda coleção foi estabelecida, em 2008, na Estação Experimental de Fruticultura de Clima Temperado, da Embrapa Uva e Vinho, em Vacaria, RS, com a finalidade de avaliar o desempenho agronômico de diferentes genótipos cultivados sob os preceitos da produção orgânica. A coleção de Bento Gonçalves foi implantada com 36 acessos, correspondentes a seleções e híbridos, enxertados sobre Marubakaido (*Malus prunifolia*), com um número variável de repetições/plantas por acesso (de uma a cinco), conduzidos no sistema de líder central, no espaçamento 4,0 m x 1,5 m. Essa coleção, que tem sido mantida e ampliada com genótipos de baixo requerimento de frio hibernal (cultivares Ana, Castel Gala, Dorset Golden, Eva, Fuji Precoce, Princesa e Rubiana), além de atender à finalidade de preservação do patrimônio genético, tem servido como fonte de material biológico para projetos de pesquisa, cuja temática está ligada à busca de adaptação da macieira às mudanças climáticas. A coleção de Vacaria foi implantada com 45 genótipos, enxertados sobre o porta-enxerto M-9 (*Malus pumila*): 23 macieiras antigas resgatadas em propriedades urbanas e rurais; 13 acessos importadas da França e provenientes do consórcio europeu DARE; duas seleções norte-americanas; e mais quatro seleções e três cultivares da Epagri. Os materiais escolhidos para compor essa coleção tinham em comum a aptidão potencial para cultivo em sistemas orgânicos de produção, especialmente a resistência genética à sarna (*Venturia inaequalis*). Foram estabelecidas quatro plantas por acesso, conduzidas no sistema de líder central com auxílio de espaldeira, no espaçamento de 4,0 m x 1,5 m. A partir da safra 2010-2011, foram realizadas avaliações da fenologia e da produção. O conjunto de 45 genótipos estudado exibe ampla diversidade relativamente ao período de florescimento, que começa em meados de agosto e termina no final de outubro, e ao período de maturação dos frutos, que vai de meados de janeiro a meados de março. As produções têm sido baixas, em alguns casos, devido ao baixo potencial produtivo dos genótipos e, em outros, em razão da necessidade de ajustes no protocolo de manejo para o sistema orgânico de produção.

Sessão STO3 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 3 - RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS
Coordenador: Alexandre Floriani Ramos (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia) – Sala Assemblage

14:00 DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GALINHAS DA NIGÉRIA E DO BRASIL UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES: BASES PARA INTERCÂMBIO E CONSERVAÇÃO EX SITU
Arthur Silva Mariante[1], Samuel Rezende Paiva[2], Alexandre Tessmann[3], Adriana Mércia Guaratini Ibelli[3], Monica Correa Ledur[3], Oluronke Bolatito[4], Silvia Tereza Ribeiro Castro[1], Lucky Akpere[5], Ofelia Galman Omitogun[5]; *[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil, [2]Embrapa Labex US - Secretaria Relações Internacionais - Brazil,[3]Embrapa Suínos e Aves - Brazil, [4]National Centre for Genetic Resouces and Biotechnology - Nigeria, [5]Obafemi Awolowo University - Nigeria*

14:10 PARÁMETROS DE RENDIMIENTO EN CANAL EN ANIMALES DE LA RAZA PORCINA CRIOLLA SAN PEDREÑO EN COLOMBIA
Jaime Tobón Castaño, Edison Julián Ramírez, Carlos Lucero Casanova[1]; *[1]Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Colombia*

14:20 CARACTERÍSTICAS METABÓLICAS DE VACAS CURRALEIRO PÉ-DURO DURANTE A GESTAÇÃO
Heitor Castro Alves Teixeira, Paula Lorena Grangeira Souto, Eleonora Araújo Barbosa, Normandes Vieira Nascimento[1], Arthur Silva Mariante[1], Alexandre Floriani Ramos; *[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

14:30 ENHANCE OF THE ESTRUS AND OVULATION SYCHRONISM IN EWES USING PROTOCOLS WITH PROGESTERONE
Alexandre Floriani Ramos, Nathalia Hack Moreira, Oscar Oliveira Brasil, Priscilla Passoni Silva, Cayan Atreio Portela, Joseane Padilha Silva, Hymerson Costa Azevedo, Samuel Rezende Paiva[1], Phillip Purdy; *[1]Embrapa Labex US - Secretaria Relações Internacionais - Brazil*

14:40 ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA RAÇA MORADA NOVA.
Patricia Ianella[1], Gleison Ricardo Biazio[1], Olivardo Facó[2], Kleibe de Moraes Silva[2], Alexandre Ramos Floriani[1], Maria Malane Magalhães Muniz, Alexandre Rodrigues Caetano[1], Arthur Silva Mariante[1], Samuel Rezende Paiva[3]; *[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil, [2]Embrapa Ovinos e Caprinos - Brazil, [3]Embrapa Labex US - Secretaria Relações Internacionais - Brazil*

14:50 ATIVIDADE DA PARAOXONASE (PON-1): PLASMÁTICA, LÍQUIDO FOLICULAR E SÊMEN DE OVINOS DA RAÇA CRIOULA
Felipe Terres de Campos[1,2], Jorgea Pradiee, Janaina Fadrique da Silva, Stella Mari Meneghello Gheller, Augusto Schneider, Ligia Cantarelli Pegoraro[2]; *[1]Universidade Federal de Pelotas - Brazil, [2]Embrapa Clima Temperado - Brazil*

15:00 CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GALINHAS DA NIGÉRIA E DO BRASIL UTILIZANDO UMA REGIÃO DO D-LOOP DO DNA MITOCONDRIAL
Adriana Mércia Guaratini Ibelli[1], Samuel Rezende Paiva[2], Lucky Akpere[3], Silvia Tereza Ribeiro Castro[4], Ofelia Galman Omitogun[3], Oluronke Bolatito[5], Monica Correa Ledur[1], Arthur Silva Mariante[4]; *[1]Embrapa Suínos e Aves - Brazil, [2]Embrapa Labex US - Secretaria Relações Internacionais - Brazil, [3]Obafemi Awolowo University - Nigeria, [4]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil, [5]National Centre for Genetic Resources and Biotechnology - Brazil*

15:10 AVALIAÇÃO DOS PARÂMETROS HEMATOLÓGICOS E BIOQUÍMICOS DE OVELHAS DA RAÇA MORADA NOVA EM REGIÃO SEMIÁRIDA
Josiel Borges Ferreira[1], Alane Emelly Lemos[1], Débora Andréa Evangelista Façanha[2], Jacinara Hody Gurgel Morais Leite, Magda Maria Guilhermino; *[1]Universidade Federal do Rio Grande do Norte - Brazil, [2]Universidade Federal Rural do Semi-Árido - Brazil*

15:20 DAILY RHYTHMICITY OF THERMOREGULATORY RESPONSES OF BRAZILIAN LOCALLY ADAPTED SHEEP IN SEMIARID ENVIRONMENT
Débora Andréa Evangelista Façanha[1], Débora Andréa Evangelista Façanha, Luis Alberto Bermejo, Jacinara Hody Gurgel Morais Leite, Wallace Sóstene Tavares Silva, José Ernandes Rufuno Souza; *[1]Universidade Federal Rural do Semi-Árido - Brazil*

15:30 DISTÂNCIAS GENÉTICAS DE POPULAÇÕES REMANESCENTES DO CAVALO NORDESTINO.
Denea de Araujo Fernandes Pires[1], Eduardo Geraldo Alves Coelho[2], Jânio Benevides de Melo[3], Denise Aparecida Oliveira[2], Maria Norma Ribeiro[4], Luís Cleber Soares Machado[5]; *[1]Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Pernambuco - Brazil, [2]Universidade Federal de Minas Gerais - Brazil, [3]Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Brazil, [4]Universidade Federal Rural de Pernambuco - Brazil, [5]Agência Estadual de Defesa Agropecuária da Bahia - Brazil*

DESEMPENHO PRODUTIVO E CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA DE BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO, NELORE E F_1 (PÉ DURO-NELORE) NO SEMIÁRIDO PIAUIENSE

15:40 **Geraldo Magela Cortes Carvalho[1], Anisio Ferreira Lima Neto[1], Marcílio Nilton Lopes da Frota[1], Viviany Sousa Rodrigues[2], Danielle Maria Machado Ribeiro Azevedo[1], Raimundo Bezerra de Araújo Neto[1]**; *[1]Embrapa Meio-Norte - Brazil, [2]Universidade Federal do Piauí - Brazil*

ADAPTABILIDADE TÉRMICA E POLIMORFISMOS RESPONSÁVEIS PELA COR DE PELAGEM DE OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

15:50 **Celia Raquel Quirino[1], Gleice Rangel Silveira Lima, Aline Pacheco, Aylton Bartholazzi Junior, Ana Carolina Barros de Freitas, Wilder Hernando Ortiz Vega, Júlia Gazzoni Jardim, Miguel Alejandro da Silva Rua**; *[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Brazil*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Terça-feira, 27 de outubro

Sessão STO3 (14:00 - 16:00)

SESSÃO TÉCNICA ORAL 3 - RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS

Coordenador: Alexandre Floriani Ramos (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia)

Sala Assemblage

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE GALINHAS DA NIGÉRIA E DO BRASIL UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES: BASES PARA INTERCÂMBIO E CONSERVAÇÃO EX SITU

Samuel Rezende Paiva[1], Alexandre Luiz Tessmann[2], Adriana Mércia Guaratini Ibelli[3], Mônica Corrêa Ledur[4], Oluronke Bolatito[5], Lucky Akpere[6], Silvia Tereza Ribeiro Castro[7], Ofelia Galman Omitogun[8], Arthur da Silva Mariante[9]

[1]Embrapa Sede, Secretaria de Relações Internacionais, Brasília, DF, e-mail: samuel.paiva@embrapa.br

[2]Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, e-mail: alexandre.tessmann@embrapa.br

[3]Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, e-mail: adriana.ibelli@embrapa.br

[4]Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, e-mail: monica.ledur@embrapa.br

[5]National Centre for Genetic Resources and Biotechnology, Ibadan, Nigéria, e-mail: rontitodg@yahoo.com

[6]Obafemi Awolowo University, Ile-Ife, Nigéria, e-mail: lakpere@gmail.com

[7]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail: silvia.castro@embrapa.br

[8]Obafemi Awolowo University, Ile-Ife, Nigéria, e-mail: ogomitogun@hotmail.com

[9]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail: arthur.mariante@embrapa.br

Este estudo foi realizado no âmbito do projeto de cooperação África Brasil (Africa Brazil Agricultural Innovation Marketplace) e teve como objetivo gerar dados moleculares de ecótipos localmente adaptados de galinhas da Nigéria e comparar com grupos genéticos de galinhas criadas no Brasil, visando otimizar futuros programas de intercâmbio de germoplasma entre os dois países, bem como a conservação *ex situ*. O estudo contou com amostras de cinco ecótipos de galinhas nativas da Nigéria e de onze grupos genéticos de galinhas encontradas no Brasil, sendo três linhagens de corte, quatro linhagens poedeiras, além de quatro grupos genéticos localmente adaptados. As amostras nigerianas foram coletadas em cinco regiões daquele país, de raças com diferentes tipos de penas. As amostras brasileiras foram coletadas na região Sul pela Embrapa Suínos e Aves e na região Centro-Oeste, pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Um total de 435 amostras dos dois países foi utilizado para genotipagem com 20 marcadores microssatélites do painel da FAO. Entretanto, apenas dez apresentaram resultados para todas as amostras. Todos os locos de microssatélites foram polimórficos e os resultados da heterozigosidade observada (Ho) foram inferiores aos da heterozigosidade esperada (He) em todas as populações estudadas, sendo que a Ho das populações nigerianas foi maior que a das populações brasileiras. Os índices de *Fst*, *Fis* e *Fit* indicaram que há uma divergência genética significativa entre os dois países, bem como uma maior homogeneidade das populações nigerianas quando comparadas com as populações brasileiras. Essas análises corroboram os resultados obtidos pela análise de DNA mitocondrial realizada nessas mesmas populações. Possivelmente isto ocorreu porque os ecótipos nigerianos são criados em um sistema de produção extensivo, enquanto que no Brasil, muitas das populações estudadas foram selecionadas por um longo período e mantidas em sistema fechado. Este foi o primeiro estudo que visou quantificar a diversidade genética entre populações de galinhas da África e da América do Sul. Os resultados sugerem que estratégias de conservação *ex situ* devem ser implementadas em ambos os países (como por exemplo a criopreservação de gônadas), a fim de preservar os respectivos grupos genéticos, até que se possa identificar os matérias genéticos mais indicados para um futuro intercâmbio de germoplasma entre os dois países.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

PARÁMETROS DE RENDIMIENTO EN CANAL EN ANIMALES DE LA RAZA PORCINA CRIOLLA SAN PEDREÑO EN COLOMBIA

Jaime Tobón Castaño[1], Edison Julián Ramírez[2], Carlos Lucero Casanova[3]

[1] Médico Veterinário, Corpoica. Medellín. Antioquia. Colombia. jatobon@corpoica.org.co;

[2] Zootecnista, MSc. Medellín. Antioquia. Colombia. ejramirez@corpoica.org.co;

[3]Zootecnista, PhD. Corpoica. Coordinador Recursos Biológicos Animales. Bogotá. Cundinamarca. Colombia. clucero@corpoica.org.co (autor de contacto).

La raza San Pedreño es una raza porcina criolla que tiene su origen en la región del municipio de San Pedro del cual toma su nombre, la región está localizada en el departamento de Antioquia, zona noroccidental de Colombia. Por diferentes factores, como la cría intensiva y principalmente por la introducción de razas comerciales en los sistemas productivos de la porcicultura del país, los efectivos de la raza disminuyeron drásticamente en los últimos cincuenta años. Esta disminución llevo al borde de la desaparición de este recurso genético. Solamente a partir de 1a década de años 1990 se inició con el proceso de recolección de algunos individuos en los territorios de las comunidades campesinas de la región para constituir una colección biológica de la raza. Actualmente, con esa colección base se constituyó el Banco de germoplasma donde se desarrollan proyectos de caracterización racial y estudios de variabilidad genética a través de análisis moleculares. El presente estudio se realizó con el objetivo de caracterizar patrones de crecimiento y evaluación de parámetros en canales de 16 cerdos de la raza San Pedreño que en promedio la raza presenta un peso de 1,46 ± 0,20 kg al nacimiento. El análisis estadístico se realizó utilizando el programa estadístico R. Los animales fueron alimentados con concentrado comercial y se pesaron cada 30 días en la etapa comprendida desde el día del destete (36 días) hasta el beneficio día de sacrifico cuando promediaban un peso de 90 kg.; los cerdos iniciaron con 9,80 ± 1,07 kg al destete y finalizaron con 99,2 ± 11,5 kg en 182 días, obteniendo ganancias de 613 ± 75 gramos/día. El consumo de alimento del destete hasta el beneficio en planta fue de 293,4 kg por animal y un incremento de peso de 89,4 kg con una conversion de 3,2. Esta relación es alta al compararse con resultados en cerdos comerciales, que alcanzan 100 kg para beneficio en menos de 150 días y una conversión de 2,4:1, lo cual es explicable dado que la población de cerdos criollos no ha sido sometida a mejoramiento genético. Los cerdos en frigorífico obtuvieron un peso en pie de 96,25 ± 11,48 kg, con una perdida del 3% de peso por transporte (2,99 ± 1,8 kg); el peso de canal caliente fue de 80,19 ± 9,56 kg, con un rendimiento del 83,3 %. El grosor de grasa dorsal fue 29,8 ± 6,3 mm, por encima de lo reportado para razas especializadas, que estan entre 12 a 24 mm; esto debido a que esta raza criolla no ha sido seleccionada para producir carnes magras, sino que es una raza con alta capacidad de acumular grasa, pero presenta caracteristicas de interes para sistemas de producción con pequeños y medianos productores y/o en condiciones de pastoreo.

Agradecimiento: El presente trabajo se desarrolló gracias a la financiación del Ministerio de Agricultura e ICA mediante el convenio de Bancos de Germoplasma vigencia 2014-2015.

CARACTERÍSTICAS METABÓLICAS DE VACAS CURRALEIRO PÉ-DURO DURANTE A GESTAÇÃO

Heitor Castro Alves Teixeira[1]; Paula Lorena Grangeira Souto[2]; Eleonora Araújo Barbosa[3]; Normandes Vieira do Nascimento[4]; Arthur da Silva Mariante[5], Alexandre Floriani Ramos[6]

[1] Médico Veterinário, Faculdades Integradas da União Educacional do Planalto Central - FACIPLAC, Gama, Distrito Federal, Brasil, heitor.teixeira@faciplac.edu.br

[2] Médica Veterinária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, paulalgsouto@gmail.com

[3] Médica Veterinária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, Eleonora_vet@hotmail.com

[4] Engenheiro agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, normandes.nascimento@embrapa.br

[5] Engenheiro agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, arthur.mariante@embrapa.br

[6] Médico Veterinário, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, alexandre.floriani@embrapa.br

Diversos são os estudos que demostram todo o balanço nutricional e metabólico de vacas no período de pós-parto inicial, lactação e período de transição, contudo, poucos trabalhos relatam o andamento do balanço metabólico de vacas ao longo de todo o período gestacional e as alterações sofridas no dia do parto. Portanto, objetivou-se avaliar o perfil energético e lipídico, perfil hormônal e perfil proteico de vacas Curraleiro Pé-Duro ao longo dos nove meses de gestação e no dia do parto, avaliando as alterações metabólicas ao longo de cada um dos terços da gestação. Doze vacas Curraleiro Pé-Duro gestantes, mantidas a pasto e com água e mineralização *ad libitum*, tiveram o sangue coletado por meio de venopunção jugular dos 30 dias de gestação até o nono mês de gestação (30 em 30 dias) e no dia do parto. Os dados foram avaliados por meio de modelos lineares generalizados e análise de regressão utilizando-se o programa estatístico R Core Team, comparando os terços da gestação, onde assumiu-se que: Terço Inicial corresponde do 1º mês ao 4º mês de gestação; o Terço Médio, do 4º mês ao 7º mês de gestação e o Terço Final, do 7º mês de gestação ao dia do parto. Ácidos graxos não esterificados e beta-hidroxibutirato apresentaram aumento de suas concentrações no Terço Inicial e no Terço Final da gestação ($P<0,05$). Triglicerídeos e ureia apresentaram queda no terço inicial e aumento no terço médio ($P<0,05$), enquanto que para o colesterol, a tiroxina e a albumina não houve variação na concentração ($P>0,05$). No Terço Final, proteínas plasmáticas totais apresentam aumento e creatinina queda em suas concentrações ($P<0,05$). A progesterona apresentou aumento expressivo da concentração no Terço Inicial e queda no Terço Final ($P<0,05$). Apesar das vacas Curraleiro Pé-Duro serem animais adaptados ao clima e pastagem da região onde foram estudadas, muitos de seus metabólitos sofreram alterações em suas concentrações possivelmente devido ao momento do parto e a época do ano, sugerindo aumento da demanda metabólica no final da gestação.

Agradecimentos: Ao CNPq pelo apoio financeiro e à CAPES pelas bolsas de pós-graduação.

ENHANCE OF THE ESTRUS AND OVULATION SYCHRONISM IN EWES USING PROTOCOLS WITH PROGESTERONE

Nathalia Hack Moreira[1]; Oscar Oliveira Brasil[2]; Priscilla Cristine Passoni Silva[3]; Cayan Atreio Portela Bárcena Saavedra[4]; Joseane Padilha da Silva[5]; Hymerson Costa Azevedo[6]; Samuel Rezende Paiva[7]; Phillip Purdy[8]; Alexandre Floriani Ramos[9]

[1] Veterinarian, University of Brasília, Brasília, DF, Brazil, nathaliahack@gmail.com

[2] Veterinarian, University of Brasília, Brasília, DF, Brazil, obrasilvet@gmail.com

[3] Veterinarian, University of Brasília, Brasília, DF, Brazil, pripassoni@gmail.com

[4] Student, University of Brasília, Brasília, DF, Brasil, cayanportela@hotmail.com

[5] Researcher, Embrapa Genetics Resources and Biotechnology, Brasília, DF, Brasil, joseane.padilha@embrapa.br

[6] Researcher, Embrapa Coastal Tablelands, Aracaju, SE, Brazil, hymerson.azevedo@embrapa.br

[7] Researcher, Embrapa Secretariat of International Affairs , Fort Collins, CO, USA, samuel.paiva@embrapa.br

[8] Researcher, Agricultural Research Service / USDA , Fort Collins, CO, USA, phil.purdy@ars.usda.gov

[9] Researcher, Embrapa Genetics Resources and Biotechnology, Brasília, DF, Brazil, alexandre.floriani@embrapa.br

Estrous synchronization in combination with artificial insemination is an important biotechnology that enables greater and more efficient use of cryopreserved germplasm. However, when using this technology fertility rates after fixed-time artificial insemination (FTAI) still exist because of variation in the actual time of ovulation. Synchronization of the time of ovulation can be influenced by numerous factors such as ewe breed, age, parity, as well as the dosage and type of hormones utilized. Therefore, the purpose of this work was to evaluate the effect of different doses and time of administration of equine chorionic gonadotropin hormone (eCG) on the synchronization of estrus and ovulation. The estrous cycle of 40 Santa Inês ewes were synchronized using intravaginal EAZI-BREED CIDR® devices containing 0.33 g of progesterone for 12 days. Ewes were then administered 300 IU or 400 IU of eCG (Novormon®, i.m) either 24 hours (h) before or at the time of CIDR withdrawal resulting in a 2x2 factorial design: 24h300IU; 24h400IU; 300IU; and 400 IU groups. Estrus was detected by use of a vasectomized at 4 h intervals following CIDR removal. Trans-rectal ultrasonography began 16 h after estrus detection in each ewe and was performed every 6 h until ovulation was detected by the disappearance of the dominant follicle. For the statistical analysis the differences in the range of ovulation times were compared using the F test and the R Core Team statistical program 2013. The average time of estrus and ovulation was 35.25 and 61.70 h, respectively. The 24h400IU group showed greater variation (60 h) in the initial time of detected estrus behavior ($P < 0.05$) compared with the 24h300IU (25 h), 300IU (20 h) and the 400IU (25 h) groups. Also, the 24h400IU (60 h) group showed greater variation in the initial time of ovulation ($P < 0.05$) compared with the 24h300IU (25 h) and 300IU (25 h) groups whereas the 400IU (40 h) group was not significantly different from any group. These results suggest that the 300 IU eCG protocol was effective at synchronizing the estrus and ovulation of Santa Inês ewes however, new protocols should be evaluated to decrease the variation in time to ovulation following CIDR removal in order to increase the fertility rates when using frozen/thawed semen and FTAI.

Acknowledgements: To CAPES for scholarship and Embrapa for financial support.

ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DO BANCO DE GERMOPLASMA DA RAÇA MORADA NOVA

Patrícia Ianella[1]; Gleison Ricardo Biazio[2]; Olivardo Facó[3]; Kleibe de Moraes Silva[4]; Alexandre Ramos Floriani[5]; Maria Malane Magalhães Muniz[6]; Alexandre Rodrigues Caetano[7]; Arthur da Silva Mariante[8]; Samuel Rezende Paiva[9]

[1,5,7,8]Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologias, Brasília, DF, Brasil, patricia.ianella@embrapa.br, alexandre.ramos@embrapa.br, alexandre.caetano@embrapa.br, arthur.mariante@embrapa.br

[2]Biológo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologias, Brasília, DF, Brasil, gleison.biazio@embrapa.br.

[3,4]Pesquisador, Embrapa Caprinos e Ovinos, Sobral, CE, Brasil, olivardo.faco@embrapa.br, kleibe.silva@embrapa.br.

[9]Pesquisador, Embrapa Sede, Secretaria de Relações Internacionais, Brasília, DF, Brasil, samuel.paiva@embrapa.br.

O Programa de Pesquisa em Recursos Genéticos Animais mantido pela Empresa Brasileira de Agropecuária (Embrapa) tem como um de seus focos a conservação de raças de ovinos localmente adaptadas. Oito núcleos de conservação de raças ou grupos genéticos de ovinos são mantidos, além de um Banco de Germoplasma que mantém conservados sêmen de 98 animais de nove raças lanadas e deslanadas. As raças incorporadas ao programa são consideradas importantes por possuírem características adaptativas às diversas condições ambientais encontradas no país. O manejo adequado dos núcleos de conservação e enriquecimento dos bancos genéticos é altamente dependente do conhecimento da diversidade genética existente. Recentemente, o Programa de Recursos Genéticos da Embrapa tem avançado na utilização de chips de genotipagem de SNPs para caracterizar a diversidade genética do material conservado, visando elaborar estratégias mais eficientes de enriquecimento. Com o objetivo de se realizar uma prova de conceito da utilização deste tipo de caracterização para alcançar estratégias eficientes de enriquecimento, a diversidade genética entre amostras de sêmen conservadas no Banco Germoplasma Animal (BGA) foi comparada com amostras de animais mantidos *in Situ* e de rebanhos particulares da raça Morada Nova (OMN). Noventa e nove amostras de ovinos Morada Nova (29 BGA e 70 OMN) foram genotipadas para o chip de média densidade (Illumina Ovine SNP50) e, após controle de qualidade (amostras Call Rate < 0,90, marcadores não mapeados e/ou Call Rate < 0,95 e MAF < 0,05), 51.721 SNPs foram mantidos para análises finais. As estimativas de Fst revelaram que não existe diferenciação genética entre os dois grupos amostrais analisados (F_{ST}=0,017 / P value <0,0001), sugerindo que as amostras de sêmen preservadas no banco genético são representativas da variabilidade genética existente nos ovinos da raça Morada Nova. No entanto, os resultados de componentes principais indicam que o Grupo OMN encontra-se parcialmente representado no banco genético, uma vez que amostras pertencentes ao banco genético agruparam apenas com um dos subgrupos observados de OMN. Os resultados podem ser explicados pelo fato do BGA manter até o momento apenas animais da variedade vermelha de Morada Nova, havendo ainda animais da variedade branca nos rebanhos privados. Essa ferramenta foi extremamente sensível para identificar estrutura genética fina dentro de uma raça de forma que estudos englobando novos tipos de análises, e amostras de outras raças estão em andamento e deverão ser incorporados como análise padrão para direcionar enriquecimento do Banco de Germoplasma Animal da Embrapa.

ATIVIDADE DA PARAOXONASE (PON-1): PLASMÁTICA, LÍQUIDO FOLICULAR E SÊMEN DE OVINOS DA RAÇA CRIOULA

Felipe Terres de Campos[1]; Jorgea Pradiee[2]; Janaina Fadrique da Silva[3]; Stela Mari Meneghello Gheller[4]; Augusto Schneider[5]; Lígia M. C. Pegoraro[6]

[1] Mestrando, Faculdade Medicina Veterinária, UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, felipe.t.campos@hotmail.com

[2] Bolsista pós doutorado CAPES/EMBRAPA, Faculdade de Medicina Veterinária, UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

[3] Estudante de Medicina Veterinária, Bolsista IC CNPq, UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

[4] Doutoranda, Faculdade de Medicina Veterinária, UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

[5] Professor Adjunto Faculdade de Nutrição UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil augustoschneider@gmail.com

[6] Pesquisadora EMBRAPA Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil ligia.pegoraro@embrapa.br

Com a intensificação dos sistemas de produção animal, a criação de raças com maior potencial econômico foi priorizada, em detrimento de outras consideradas menos produtivas, como é o caso da raça Crioula. No entanto, a preservação de seu patrimônio genético é justificada por sua singularidade e importância histórica e ecológica. A atividade no plasma sanguíneo da enzima paraoxonase (PON1), tem sido relatada em várias espécies, sendo que em ovinos apresenta maior concentração. A PON1 é uma enzima antioxidante extra-celular, produzida no fígado e associada a lipoproteína de alta densidade (HDL), responsável pela maior parte da atividade antioxidante do HDL. O complexo HDL-PON1 passa de forma passiva através dos capilares para o líquido folicular durante a foliculogênese, sendo encontrada também no sêmen em suínos. A PON1 por estar ligada ao HDL que é a lipoproteína dominante no fluido folicular, também é transferida para o interior do folículo. A presença da enzima PON1 no fluido folicular (FF) é muito importante, e é sugerido que a atividade de PON1 influencia a competência do ovócito e o início desenvolvimento embrionário em mulheres, devido as suas propriedades antioxidantes. Assim, o objetivo do presente trabalho é relatar a presença e a atividade enzimática da PON1 no plasma, fluido folicular e sêmen de ovinos da raça Crioula. Foram utilizadas 27 ovelhas e 4 carneiros da raça Crioula Lanada. Nas ovelhas foram coletadas amostras de sangue em diferentes momentos do ciclo estral: 3 e 2 dias antes da IA (D-3; D-2) e no dia da inseminação (D0) para determinação da atividade da enzima PON1 destas ovelhas oito foram encaminhadas para frigorifico local onde foram abatidas e se coletou os ovários que posteriormente foram aspirados os folículos dominantes dos ovários, e o diagnóstico de gestação foi realizado com o auxílio de ultrassom por via retal. Nos carneiros foram coletadas amostras de sêmen e soro sanguíneo para determinar a atividade da enzima no soro e liquido seminal. As análises de PON1 foram efetuadas utilizando o espectrofotômetro de acordo com metodologias previamente estabelecidas. A análise estatística foi realizada usando o teste de t. A atividade da PON1 encontrada neste estudo foi em média 307,8 ± 17,5 U/mL nas ovelhas prenhes e 327,5 ± 19,6 U/mL nas não prenhese a concentração no fluido folicular foi de 163,0 ± 11,4 U/mL. Este resultado foi 2,5 vezes superior ao encontrado em outras espécies usando a mesma metodologia em nosso laboratório (humanos, camundongos, bovinos). A atividade de PON1 no soro dos carneiros foi 318,1 ± 40,9 U/mL e no plasma seminal 24,6 ± 4,5 U/mL. Com esse estudo preliminar concluímos que os ovinos apresentam concentrações séricas de PON1 maiores que outras espécies já estudadas, sendo que níveis significativos de atividade enzimática também estão presentes no liquido seminal e folicular de ovinos, estudos complementares estão sendo conduzidos para elucidação da PON1 e fertilidade em ovinos.

Agradecimentos: Laboratório de Reprodução da Embrapa Clima Temperado, ao Laboratório de Nutrição Experimental da UFPel e CAPES.

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE GALINHAS DA NIGÉRIA E DO BRASIL UTILIZANDO UMA REGIÃO DO D-LOOP DO DNA MITOCONDRIAL

Adriana Mércia Guaratini Ibelli[1], Samuel Rezende Paiva[2], Oluronke Bolatito[3], Lucky Akpere[4], Silvia Tereza Ribeiro Castro[5], Ofelia Galman Omitogun[6], Mônica Corrêa Ledur[7], Arthur da Silva Mariante[8]

[1]Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, e-mail: adriana.ibelli@embrapa.br

[2]Embrapa Sede, Secretaria de Relações Internacionais, Brasília, DF, e-mail: samuel.paiva@embrapa.br

[3]National Centre for Genetic Resources and Biotechnology, Ibadan, Nigéria, e-mail: rontitodg@yahoo.com

[4]Obafemi Awolowo University, Ile-Ife, Nigéria, e-mail: lakpere@gmail.com

[5]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail: silvia.castro@embrapa.br

[6]Obafemi Awolowo University, Ile-Ife, Nigéria, e-mail: ogomitogun@hotmail.com

[7]Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, e-mail: monica.ledur@embrapa.br

[8]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail: arthur.mariante@embrapa.br

A preocupação com a conservação de recursos genéticos de animais domésticos tem aumentado nas últimas décadas devido ao intercâmbio global da biodiversidade, que pode causar erosão genética de muitas espécies. Além disso, a caracterização genética é uma etapa inicial essencial para os países que desejam fazer o uso sustentável dos recursos genéticos disponíveis, assim como, para aqueles que desejam fazer a introdução de germoplasma provenientes de outros países. Desta maneira, sabendo que os dados moleculares em aves domésticas são escassos, o objetivo deste estudo foi caracterizar galinhas localmente adaptadas da Nigéria e compará-las com grupos genéticos de galinhas criadas no Brasil utilizando DNA mitocondrial. Este trabalho foi realizado através de um projeto de cooperação internacional África Brasil (Africa Brazil Agricultural Innovation Marketplace). Foram utilizados cinco ecótipos de galinhas nativas coletadas em 5 diferentes regiões da Nigéria e onze grupos genéticos de galinhas encontradas no Brasil, sendo três linhagens de corte, quatro linhagens poedeiras, além de quatro grupos genéticos localmente adaptados, coletados na região Sul pela Embrapa Suínos e Aves e na região Centro-Oeste, pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, totalizando 307 amostras. Para as análises, o DNA de todas as amostras foi extraído e uma região do D-loop do DNA mitocondrial foi sequenciada. Após, as sequências foram analisadas em duas etapas: (1) considerando-se apenas os dados obtidos neste estudo (amostras da Nigéria e do Brasil); e (2) utilizando-se sequências da África e da América do Sul, obtidas no Genbank (NCBI). De acordo com os resultados obtidos, foi possível observar que os índices de heterozigosidade observada (Ho) foram inferiores aos da heterozigosidade esperada (He) em todas as populações estudadas, sendo que o Ho das populações brasileiras foi menor que o dos diferentes ecótipos da Nigéria. Além disso, os haplótipos foram praticamente exclusivos de acordo com o país, sendo 65% das amostras da Nigéria agrupadas em apenas um haplótipo. Quando consideradas as amostras as brasileiras, 3 haplótipos principais contendo 87% das amostras foram observados. Foi possível observar que, de acordo com as sequências de DNA mitocondrial, há uma divergência genética significativa entre os dois países. Resultados similares foram encontrados quando as mesmas amostras foram analisadas utilizando marcadores microssatélites. A maior homogeneidade entre as amostras da Nigéria possivelmente se deve ao fato das aves serem criadas em sistema extensivo, diferentemente do que ocorre no Brasil. Por isso, atenção especial deve ser dada a uma melhor caracterização desses grupos genéticos utilizando outros tipos de marcadores, como, por exemplo, os SNPs. Dessa forma, além de ampliar o conhecimento biológico, essas análises possibilitam decidir quais grupos genéticos serão futuramente considerados em um intercâmbio de germoplasma entre os dois países.

AVALIAÇÃO DOS PARÂMETROS HEMATOLÓGICOS E BIOQUÍMICOS DE OVELHAS DA RAÇA MORADA NOVA EM REGIÃO SEMIÁRIDA

Josiel B. Ferreira[1]; Alane Emelly da Silva Lemos[1]; Débora Andréa E. Façanha[2]; Jacinara Hody G. Morais Leite[2]; Magda Maria Guilhermino[1]

[1]Departamento de Zootecnia – UFRN. Natal, RN, Brasil. E-mail: magdaguilhermino@gmail.com, emellylemos@yahoo.com;

[2]Departamento de Ciência Animal – UFERSA. Mossoró, RN, Brasil.

Estima-se que de 85 a 90% dos nove milhões de ovinos do Brasil sejam animais de raças deslanadas. Entende-se que, com a introdução dos ovinos Bordaleiros portugueses em ambiente quente, deu-se início a um processo adaptativo mais intenso e os animais começaram a especializar-se para às condições em que foram expostos. Esse processo engloba desde as características morfológicas relacionadas ao estereótipo dos animais (coloração, pele, cascos, dentes, etc.), até as características fisiológicas voltadas aos processos homeotérmicos e metabólicos do organismo. Este trabalho tem como objetivo avaliar os parâmetros hematológicos e bioquímicos de ovelhas da raça Morada Nova, de acordo com o escore de condição corporal e a idade, em sistema extensivo de criação, em ambiente semiárido. O trabalho foi realizado em 29 rebanhos, totalizando cerca de 90% do efetivo de ovinos Morada Nova da região semiárida nordestina. Em todas as propriedades a alimentação dos animais era baseada no pastejo extensivo da caatinga e mineralização no cocho, em eventuais casos, os animais recebiam suplementação volumosa. Utilizou-se 382 fêmeas saudáveis e em idade reprodutiva, divididas em grupos de idade (até 12 meses; 13-23 meses; 24-35 meses; >36 meses). Os parâmetros hematológicos analisados foram: contagem de hemácias (HE, $x10^6$ /mm), hematócrito (HTC, %) e volume corpuscular médio (VCM, fl). A HE foi realizada em câmara do tipo Neubauer modificada, através da diluição das células. O HTC foi determinado utilizando a técnica de microhematócrito e o índice hematimétrico. O VCM foi obtido a partir da contagem do número de eritrócitos (NEr) e do hematócrito (HCT), através da equação VCM = HTC/NEr*100. Os parâmetros bioquímicos analisados foram: glicose (mg/dL), colesterol (mg/dL), triglicerídeos (mg/dL), ureia (mg/dL), creatinina (mg/dL), proteínas totais (g/dL), albumina (g/dL), globulina (g/dL), TGO (U/L) e TGP (U/l). As análises foram realizadas utilizando-se kits específicos, com o auxílio de um analisador bioquímico automático (CELM SBA-200). Os dados foram submetidos à análise descritiva e posterior análise de variância utilizando-se os testes de Duncan e Kruskal Wallis. Animais com escore de condição corporal menor, entre 1 e 2,25, apresentam hemácias com menor volume, justificado pelo déficit de água e eletrólitos no organismo e um possível diagnóstico de magreza. Não houve diferença significativa para os constituintes bioquímicos exceto para valores das enzimas hepáticas TGO em diferentes classes de escore corporal, e TGP para as diferentes classes de idade, se apresentando em níveis mais elevados em fêmeas com idade acima de 24 meses, o que não diz respeito a possíveis diagnósticos problemáticos. Conclui-se que, os perfis hematológicos e bioquímicos de ovelhas Morada Nova, apresentaram pequenas modificações em seus parâmetros, sendo influenciadas pelo escore de condição corporal e idade.

DAILY RHYTHMICITY OF THERMOREGULATORY RESPONSES OF BRAZILIAN LOCALLY ADAPTED SHEEP IN SEMIARID ENVIRONMENT

Débora Andréa Evangelista Façanha[1], Wilma E. Silva[3], Luís Alberto B. Asensio[2], Jacinara Hody G. Morais Leite[3], Wallace Sóstene T. Silva[3], José Ernandes R. Sousa[1]

[1] Department of Animal Science – Universidade Federal Rural do Semiárido; Mossoró, RN, Brazil, e-mail: debora_ufersa@hotmail.com

[2] Department of Engeneering, Production and agricultural Economy - La Laguna University, Tenerife – Spain.

Morada Nova is hair sheep, considered an important genetic resource for meat production systems in Brasil. Their heat tolerance is spread acknowledge, therefore, they have to be studied deeply, once even adapted animals can bear the effect of environment in specific moments of highest temperatures. Physiological responses along the day are important to establish management strategies that avoid stressful situation. The study aimed to evaluate the daily rhythmicity of some thermoregulatory patterns of Brazilian sheep under natural extensive conditions of management. The experiment was conducted at the Small Ruminants Research Centre, UFERSA, Mossoró, Brazil. Eight evaluations of 24 h were taken during the dry season, from 06h00min until 05h00min, in the next morning. Nine Morada Nova adult ewes were utilized. On the day before sampling the ewes were maintained directly exposed to solar radiation, such as the environmental conditions of the local farms. The meteorological variables controlled were air temperature (AT), air humidity (AH) and Radiant Heat Load (RHL), at the same time of the animal's responses. The thermoregulatory data consisted of rectal temperature (RT), respiratory rate (RR), coat surface temperature (CST) and sweating rate (SR) in the neck. The physiological and the meteorological data were collected at one hour intervals. We found that when the RHL increases the environment became stressful, because of the greatest radiation supply. In these situations the animals trigger the thermoregulatory system, as a way to dissipate the excessive heat, such as indicated by the increase of RR and SR, accompanied by the increase of RT and CST, along 24 hours. The highest RT, RR and CST occurred between 10h00min and 14h00min. The increase of RR sometimes is the first signal of heat stress in sheep. Once this mechanism fails, the RT can increase and the hyperthermia can disrupt other biological functions, like those associated with the production. Under environmental conditions when the air temperature is higher than the coat surface temperature, the only efficient method to dissipate the excessive heat is the evaporation, through the panting or the sweating activity, and this was verified in this work, when even SR, RR and CST were higher. Respect to SR, it wasn't always increased by the environmental heat, despite of the lower resistance of the Morada Nova coat. The animals utilized intensively the respiratory losses in this case, confirming that even hair coated sheep are panting animals. The ewes showed an important increase of RT during the more stressful times of the day, confirming that is important protect these animals to avoid the excessive panting and consequently other physiological disturbs, as acid-basic disequilibrium.

The authors acknowledge the Embrapa Caprinos e Ovinos for the financial support.

DISTÂNCIAS GENÉTICAS DE POPULAÇÕES REMANESCENTES DO CAVALO NORDESTINO

Denea de Araújo Fernandes Pires[1]; Eduardo Geraldo Alves Coelho[2]; Jânio Benevides de Melo[3]; Denise Aparecida Andrade de Oliveira[4]; Maria Norma Ribeiro[5]; Luís Cleber Soares Machado[6]

[1]Mestre em Zootecnia, professora, Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Pernambuco, Barreiros, Pernambuco, Brasil, denea.pires@barreiros.ifpe.edu.br.

[2]Pós-doutor em Genética Animal, analista em genética animal, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, eduardogacoelho@yahoo.com.br.

[3]Doutor em Zootecnia, professor, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Itapetinga, Bahia, Brasil, benevidesster@gmail.com.

[4]Pós-doutora em Genética Animal, professora, Universidade Federal de Minas Gerais, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil, denise@vet.ufmg.br.

[5]Pós-doutora em Melhoramento Genético Animal, professora, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Pernambuco, Brasil, normaribeiro70@gmail.com.

[6]Especialista em Gestão Ambiental, fiscal agropecuário, Agência Estadual de Defesa Agropecuária da Bahia, Juazeiro, Bahia, lulacleber@hotmail.com

O cavalo Nordestino é um patrimônio genético da região Nordeste do Brasil que tinha diversos criatórios até início dos anos 90 do século XX. Com o encerramento das atividades de registros genealógicos da raça pela Associação Brasileira de Criadores do Cavalo Nordestino no mesmo período de tempo e com o fechamento de vários criatórios diversos animais foram abatidos, outros acasalados com outras raças e outros criados em condições ultraextensivas na Caatinga Nordestina. Em, 2010 foi fundada a Associação Equestre e de Preservação do Cavalo Nordestino, em Juazeiro na Bahia, com objetivos de resgatar e preservar animais do cavalo Nordestino contra a depleção genética sofrida nas últimas décadas. O objetivo do trabalho foi estudar a similaridade genética existente entre quatro populações do cavalo Nordestino através de distâncias genéticas. Para tanto, foram coletados pelos com bulbos de 393 animais que possuíam características fenotípicas semelhantes ao antigo padrão da raça, distribuídos em quatro populações: Juazeiro-Vale do Salitre, no estado da Bahia; mesorregião Agreste, estado de Pernambuco; mesorregião do Sertão de Pernambuco e mesorregiões Norte e Centro-Norte do estado do Piauí. Foram extraídos o DNA pelo método do NaOH de todas as amostras e utilizados 14 microssatélites para genotipagem (AHT4, AHT5, ASB2, ASB17, HTG4, HTG6, HMS3, HMS6, HMS7, ASB23, HTG7, HTG10, LEX 33 e VHL20). A genotipagem foi realizada no Laboratório de Genética da Escola de Veterinária - LGEV/ UFMG, Minas Gerais - Brasil. As distâncias genéticas utilizadas foram a D_A de Nei, Tajima e Tateno e D_R de Reynolds, Weir e Cockerham, pois as mesmas podem representar melhor a relação de similaridade/dissimilaridade entre as quatro populações avaliadas, uma vez que se ocorreu divergências genéticas consideráveis entre elas, devido a história da raça, essas foram recentes. Com o resultado dessas duas distâncias foi possível construir dois dendogramas com o método *Neighbor-Joining*, através do consenso da Regra da Maioria Estendida (*Majority Rule Extended*), usando pacotes computacionais (PHYLIP) e na avaliação da confiabilidade se usou 1000 pseudoréplicas. Como *outgroup* foi usado dados genéticos da raça Árabe. As duas distâncias genéticas (D_A e D_R) evidenciaram a formação de um grupo que reuniu as quatro populações em um mesmo grande grupo genético. Pela técnica de reamostragem todas as 1000 pseudoréplicas se reuniram em um grupo formado pelas quatro populações do cavalo Nordestino e outro grupo distinto composto pelos dados do cavalo Árabe, em ambas distâncias. Na construção do dendograma para a D_A demonstrou confiabilidade de 65,9% no agrupamento entre animais do Juazeiro-Vale do Salitre com os das duas mesorregiões do Piauí e, de 62,2% entre este grupo com os do Sertão Pernambucano e de 100% de confiabilidade na relação genética desses com os animais do Agreste. Para a D_R, verificou-se que 100% das amostras estavam geneticamente relacionadas entre si, sendo que, os animais de Juazeiro-Vale do Salitre estavam mais próximos dos exemplares das mesorregiões do Piauí em 50,9% e, animais do Sertão Pernambucano e Agreste em 44,3% para os valores na confiabilidade da reamostragem do dendograma. Portanto, apesar da distância geográfica das quatro localidades, os animais representam um mesmo grupo genético, sendo uma só população genética, ou seja, não existe divergência genética significativa entre as populações avaliadas.

Agradecimentos: ao CNPq e UFRPE.

DESEMPENHO PRODUTIVO E CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA DE BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO, NELORE E F_1 (PÉ DURO-NELORE) NO SEMIÁRIDO PIAUIENSE

Geraldo Carvalho[1]; Anísio Lima Neto[1]; Marcílio da Frota[1]; Viviany Rodrigues[2]; Danielle Azevedo[1]; Raimundo Bezerra[1]

[1] Embrapa Meio-Norte, Teresina, Piauí, Brasil, geraldo.carvalho@embrapa.br.

[2] Mestranda da Universidade Federal do Piauí, Teresina, Piauí, Brasil

O objetivo deste estudo foi avaliar o desempenho do crescimento, características de carcaça e qualidade da carne de bovinos Curraleiro Pé-Duro (CPD, Bos taurus), Nelore (NEL, Bos indicus) e produtos de cruzamento CPD x NEL (F_1) no Semiárido do Piauí. Esta pesquisa é parte de um projeto (Bifecruza) conduzido pela Embrapa na avaliação de taurinos tropicalmente adaptados como uma opção em programas de cruzamento. As características de crescimento avaliadas foram: peso ao nascer (PN), à desmama (P210), ao ano (P365), aos 18 meses (P18), aos 24 meses (P24), peso ao abate (PA) e ganho de peso médio diário (GMD). As características de carcaça analisadas foram: pesos de carcaça quente (CQ) e fria (CF), rendimento de carcaça (RC), área de olho-de-lombo (AOL) e índice de carne de qualidade produzida por carcaça (Ind). Esse índice foi conseguido a partir da relação entre rendimento de carcaça e área de olho-de-lombo em 100 kg de carcaça produzida, com o objetivo de comparar a produção de carne de qualidade em carcaças de tamanhos diferentes oriundas de grupamentos genéticos distintos. A qualidade da carne foi avaliada pela força de cisalhamento (FC), capacidade de retenção de água (CRA), luminosidade carne (LC), a intensidade da cor vermelha na carne (VC), a intensidade da cor amarela na carne (AC), pH e perda por cocção (PC). O crescimento foi avaliado em pastagens nativas na área experimental da Embrapa Meio-Norte, no município de Campo Maior, Piauí; as carcaças avaliadas em frigorífico comercial; e a qualidade da carne na Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP. Os dados foram analisados usando os procedimentos GLM do SAS. O modelo utilizado para o desempenho incluiu os efeitos de sexo, raça, mês de nascimento, ano de nascimento, interações entre mês e ano de nascimento e a idade individual (em dias) nas respectivas pesagens, do nascimento ao abate como covariável. Não houve efeito significativo de sexo nas fases avaliadas no pré-abate. A raça teve efeito significativo sobre todos as pesagens, onde NEL e F_1 foram mais pesados que o CPD. Já entre os grupamentos Nel e F_1 não houve efeito significativo no P365, P18 e P24. O mês de nascimento foi significativo no PN, P210 e P365; efeitos de ano foram significativos em P210, P365 e P24; a interação entre mês e ano foi significativo no P210, P365 e P18 para todos os grupos; a covariável idade individual nas pesagens foi significativa em P210, P365 e P18. Os GMD não diferiram entre NEL e F_1 mas ambos diferiram significativamente quando comparados com CPD. Os pesos médios das carcaças foram significativamente diferente entre os grupos estudados, sendo o NEL mais pesado do que F_1 e ambos mais pesados que o CPD. A AOL, RC e IND foram expressivamente maiores no F_1. Quanto à qualidade da carne, não houve diferença significativamente na FC, CRA, LC, AC, pH e CL, mas a intensidade de VC foi significativamente diferente, sendo mais intenso no CPD e no F_1, quando comparado com a carne de NEL. Os cruzamentos realizados indicam a viabilidade da atividade pecuária pela melhoria sifnificativa na performance de crescimento, peso de carcaça, AOL, RC e IND nos produtos ora analizados. Espera-se que os produtos F_2 com raças especializadas como Angus e Senepol se alcance melhoria na maciez.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

ADAPTABILIDADE TÉRMICA E POLIMORFISMOS RESPONSÁVEIS PELA COR DE PELAGEM DE OVINOS DA RAÇA SANTA INÊS

Celia R. Quirino[1]*; Gleice S. Lima[2]; Aline Pacheco[3]; Aylton Bartholazzi Junior[2]; Ana C.B. Freias[2]; Wilder H.O.Vega[2]; Júlia G. Jardim[2]; Miguel A.S. Rua[2]

[1]Professor do Laboratório de Reprodução e Melhoramento Genético Animal. Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes, RJ. Brasil. *Bolsista CNPq. crqster@gmail.com

[3]Professor Universidade Federal do Oeste de Pará. Santarém,PA. Brasil. alinepacheco@outlook.com

[2]Alunos do Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Campos dos Goytacazes, RJ. Brasil.

Os ovinos da raça naturalizada Santa Inês apresentam tolerância ao calor e variações na cor de pelagem, por tal razão esta raça é um modelo interessante para avaliar os efeitos de polimorfismos dos genes que afetam essa característica fenotípica. O objetivo deste trabalho foi estudar os parâmetros fisiológicos de acordo com o sexo, a idade e a cor da pelagem em ovinos Santa Inês e descrever a variação em três *locus* do gene *MC1R*. Foram avaliados ovinos machos e fêmeas, jovens e adultos, com pelagem monocolorida e multicolorida, criados na região Norte do estado de Rio de Janeiro, Brasil. Parâmetros fisiológicos como frequência cardíaca, respiratória e temperatura retal foram registrados durante o mês de fevereiro; com temperatura máxima média de 34ºC, temperatura mínima média de 24ºC e umidade relativa média de 68,4%. Para a análise molecular foram utilizados 121 ovinos, o DNA foi extraído dos bulbos dos pelos. Foi realizada a genotipagem de três SNPs a partir da reação em cadeia de polymerase - restrição de fragmentos polimórficos (PCR-RFLP) avaliada com as enzimas de restrição AciI, NlaIII e BmgBI no gene *MC1R*. O gene *MC1R* foi relacionado por outros autores como um dos principais genes determinantes da cor da pelagem de ovinos. Foram realizadas análise de variância da frequência cardíaca, respiratória e temperatura retal. Na frequência cardíaca e na temperatura retal houve diferenças devidas à idade. Observou-se que as fêmeas apresentaram menor temperatura retal. A frequência respiratória pode quantificar a severidade do estresse ao calor. Frequência de 40-60, 60-80 e 80-120 incursões por minuto caracterizam respectivamente um estresse baixo, médio-alto e alto para ruminantes. Assim, dos animais avaliados, 47% apresentaram estresse baixo, 11,3% estresse médio-alto e 3,77% apresentaram alto nível de estresse ao calor. O genótipo homozigoto para o alelo sem o SNP (selvagem) foi de 75% no *locus* Aci1-*MC1R* e 25% para heterozigoto. A frequência do alelo mutante nesse *locus* foi de 12,6%. O *locus* Nla1-*MC1R* apresentou 37% do genótipo homozigoto selvagem, 23% do genótipo homozigoto mutante e 40% do genótipo heterozigoto, com a frequência de 42,8% para o alelo mutante. O *locus* Bmg3-*MC1R* apresentou 20% do genótipo homozigoto selvagem, 12% do genótipo homozigoto mutante e 68% do genótipo heterozigoto, com a freqüência de 45,8% para o alelo mutante. Para a realização das associações dos fenótipos aos genótipos foi utilizado o programa Prism 6 for Mac OS X, onde para os alelos do *locus* Aci1-*MC1R*, onde o alelo (T) está associado com a cor de pelagem preta, o genótipo (C/T) aumenta em 10.76 vezes a probabilidade do animal em ter pelo preto ($p<0,0001$). No *locus* Nla1-*MC1R*, o alelo (A) está associado com a cor de pelagem preta, o genótipo (T/T) aumenta em 4,688 vezes a probabilidade de serem multicoloridos ($p<0,001$). No *locus* Bmg3-*MC1R*, onde o alelo (A) está associado com a cor de pelagem preta, o genótipo (A/G) acresce em 19,92 vezes a probabilidade de serem multicoloridos ($p<0,0001$). A raça Santa Inês apresentou características fisiológicas compatíveis a termorregulação as condições climáticas do norte do estado do Rio de Janeiro. As mutações alélicas nos *locus* estudados indicaram a presença de variabilidade da cor de pelagem dos animais avaliados.

Quarta-feira, 28 de outubro

Sessão STO4 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 4 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
Coordenadora: Semiramis Rabelo Ramalho Ramos (Embrapa Tabuleiros Costeiros) – Sala Malbec

14:00 TAXONOMIC CONTRIBUTIONS TO THE COLLECTION AND CONSERVATION OF BUTIA (ARECACEAE) GERMPLASM
Paulo Ellert[1], Marcelo Piske Eslabão[1], Rosa Lia Barbieri[2], Gustavo Heiden[2]; *[1]Universidade Federal de Pelotas - Brazil, [2]Embrapa Clima Temperado - Brazil*

14:10 RED DE RECURSOS FITOGENÉTICOS DEL INTA
Beatriz Susana Rosso[1]; *[1]Instituto de Nacional de Tecnología Agropecuaria - Argentina*

14:20 CONSERVAÇÃO DE ESPÉCIES DE MANIHOT MILL. (EUPHORBIACEAE) NA CHAPADA DIAMANTINA, BAHIA, BRASIL, SOB O EFEITO DAS MUDANÇAS CLIMÁTICAS
Carolina Barreto Teles[1], Carlos Alberto da Silva Ledo[2], Guilherme de Oliveira[1], Márcio Lacerda Lopes Martins[1]; *[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - Brazil, [2]Embrapa Mandioca e Fruticultura - Brazil*

14:30 SELEÇÃO CLONAL EM PEREIRA CV. ´WILLIAMS` NO URUGUAI
Maximiliano Antonio Dini Viñoly[1], Julio Pisano[1], Jessica Gonsalez Cruz[2], Jorge Raúl Soria[1]; *[1]Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria - Uruguay, [2]Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

14:40 ENTRE TABULEIROS, RESTINGAS E CERRADOS: A CONSERVAÇÃO IN SITU DA MANGABEIRA PELAS COMUNIDADES TRADICIONAIS DE EXTRATIVISTAS
Josué Francisco da Silva Junior[1], Dalva Maria da Mota[2], Heribert Schmitz[3], Raquel Fernandes de Araújo Rodrigues[1]; *[1]Embrapa Tabuleiros Costeiros - Brazil, [2]Embrapa amazônia Oriental - Brazil, [3]Universidade Federal do Pará - Brazil*

14:50 GENETIC RESOUCES OF BRAZILIAN MYRTACEAES IN FLORIDA, USA
Ricardo Elesbão Alves[1], Eliseu Marlônio Pereira de Lucena, José Antonio Alberto da Silva, Eduardo Chumbinho de Andrade, Chris B. Rollins, David G. Hall, Richard J. Campbell, David T. Jones, Jonathan Henry Crane; *[1]Embrapa Agroindústria Tropical - Brazil*

15:00 IDENTIFICACIÓN DE ÁREAS PRIORITARIAS PARA LA CONSERVACIÓN DE RAZAS DE MAÍZ EN LA SIERRA DE ECUADOR
César Tapia[1]; *[1]Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias - Ecuador*

15:10 DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DEL GERMOPLASMA DE MAÍZ BLANCO DENTADO DE URUGUAY MEDIANTE MICROSATÉLITES.
Bettina Porta[1], Rafael Vidal[1], Federico Condón[2], Victoria Bonnecarrere[2], Lucía Gutiérrez[1], Jorge Franco[1], Guillermo Galván[1]; *[1]Universidad de la República - Uruguay, [2]Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria - Uruguay*

15:20 TROP-T-FACE: SISTEMA DE CAMPO PARA AVALIAR A ADAPTAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS ÀS MUDANÇAS CLIMÁTICAS
Carlos Alberto Martinez[1], Miquel Gonzalez-Meler, Eduardo Oliveira, Ana Lilia Alzate-Marin[2], Tathyane Mello; *[1]Universidade de São Paulo/Campus de Ribeirão Preto - Brazil, [2]Universidade de São Paulo/Campus de Ribeirão Preto-SP - Brazil*

15:30 TRANSGENE FREQUENCY IN LANDRACE MAIZE VARIETIES FROM CONTRASTING SEED MANAGEMENT SYSTEMS IN MEXICO
Sarah Zanon Agapito-Tenfen[1], Flor Rivera Lopez[1], Fern Wickson[1]; *[1]GenØk Centre for Biosafety - Norway*

15:40 BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE TOMATE MANTIDO NA EMBRAPA HORTALIÇAS
Sabrina Isabel Costa de Carvalho[1], Leonardo Silva Boiteux[1], Maria Esther Noronha Fonseca, José Getúlio Silva Filho; *[1]Embrapa Hortaliças - Brazil*

15:50 PERFIL DOS GUARDIÕES DE VARIEDADES CRIOULAS DA REGIÃO OESTE DE SANTA CATARINA, BRASIL.
Ines Claudete Burg[1], Tassiane Terezinha Pinto, Rosenilda de Souza[1], Juliana Bernardi Ogliari; *[1]Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Quarta-feira, 28 de outubro

Sessão STO4 (14:00 - 16:00)

SESSÃO TÉCNICA ORAL 4 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenadora: Semiramis Rabelo Ramalho Ramos (Embrapa Tabuleiros Costeiros)

Sala Malbec

TAXONOMIC CONTRIBUTIONS TO THE COLLECTION AND CONSERVATION OF *BUTIA* (ARECACEAE) GERMPLASM

Paulo Eduardo Ellert-Pereira[1]; Marcelo Piske Eslabão[1]; Rosa Lia Barbieri[2]; Gustavo Heiden[2]

[1] Biologist, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brazil, pauloellert@yahoo.com.br; marceloesl7@gmail.com

[2] Biologist, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brazil, lia.barbieri@embrapa.br; gustavo.heiden@embrapa.br

Butia (Becc.) Becc. is a South American palm genus occurring predominantly in open vegetation, as grasslands and savannas. The species have economic and cultural importance, mainly as source of food (fruit and seeds), fibers and use in landscaping, and are distributed from south-west of Bahia and Goiás states in Brazil, to north-east Argentina, east Paraguay and north and east Uruguay. The taxonomical history of the genus is complex, with cases of misapplication of scientific names and there is no consensus in recent publications about the total of recognized species, with several descriptions of new species and proposals of new synonyms in the last years. To clarify the number of species accepted in *Butia* for planning germplasm collections and *ex situ* conservation, and to the proposition of *in situ* conservation strategies, we performed a taxonomic survey of species through consulting the databases Global Biodiversity Information Facility, International Plant Names Index, *Lista de espécies da Flora do Brasil*, Species Link, The Plant List and Tropicos®; literature review; visit to the *Butia* collection of Jardim Botânico Plantarum (Nova Odessa, São Paulo, Brazil); consulting the herbaria BHCB, ECT, ESA, HPL, HURG, PEL and SPF, and fieldworks. Since the first specie description, in 1826, 58 names were published (36 species, 3 subspecies, 17 varieties), from which only 19 are currently recognized as accepted species (*B. archeri*, *B. campicola*, *B. capitata*, *B. catarinensis*, *B. eriospatha*, *B. exilata*, *B. exospadix*, *B. lallemantii*, *B. lepidotispatha*, *B. leptospatha*, *B. marmorii*, *B. matogrossensis*, *B. microspadix*, *B. odorata*, *B. paraguayensis*, *B. pubispatha*, *B. purpurascens*, *B. witeckii* and *B. yatay*). It is not possible to determinate which species the name *B. stolonifera* refers to, because of the lack of reference specimens and the vague description in the original work. *Butia leiospatha* is considered as referring to a dubious species, because it was described as an acaulescent plant, though illustrated as arboreous, absence of reference specimens in herbaria, and the fact that the nomenclatural lectotype was not elucidatory. Among the species with recurrent identification problems, stands out *B. capitata*, a species occurring in Bahia, Goiás and Minas Gerais states, whose name was mistakenly applied to populations of *B. catarinensis* from Rio Grande do Sul and Santa Catarina and *B. odorata* from Rio Grande do Sul and Uruguay. Two natural intergeneric hybrids were found between *Butia* and *Syagrus*: × *Butyagrus nabonnandii* (*B. odorata* × *S. romanzoffiana*) and × *Butyagrus alegretensis* (*B. lallemantii* × *S. romanzoffiana*). The results show the necessity of comprehensive nomenclatural review of the publications about *Butia*, of specimens in herbaria and in *ex situ* collections as arboretums and gene banks aiming to know exactly which species are included in the scientific collections and which ones are sampling gaps. Natural intergeneric hybrids occurrence is little studied in the genus, as the interespecific occurrence. Such phenomena should be known, since they have direct implications for management of *ex situ* germplasm collections. Nomeclatural and taxonomic atualization provided by the present study should be applied in the management of collections and conservation of germplasm.

Acknowledgements: CAPES, CNPq, FAPERGS

RED DE RECURSOS FITOGENÉTICOS DEL INTA

Beatriz Susana Rosso[1]

[1] Ing. Agr. (MSc.), EEA-INTA Pergamino, República Argentina, rosso.beatriz@inta.gob.ar

La REDGEN, Red de Recursos Genéticos del INTA, República Argentina, es una figura programática que incluye las actividades de conservación en recursos genéticos vegetales, animales y microbianos. En Recursos Fitogenéticos el objetivo es contribuir a la conservación de las especies vegetales cultivadas y de sus congéneres silvestres, tanto de uso actual como potencial, así como caracterizar y evaluar los materiales conservados a fin de lograr que la diversidad genética se encuentre disponible para los agricultores, investigadores y fitomejoradores. Comprende la conservación *ex situ* e *in situ*, como estrategias complementarias, así como un gran número de actores sociales participantes. La conservación *ex situ* se realiza en Bancos y Colecciones a campo, ubicadas en 21 Unidades del INTA, localizadas en diversas áreas agroecológicas, y un Banco Base que es responsable por los duplicados de seguridad. Existen colecciones de especies de uso en la agricultura y la alimentación tales como: maíz, maní, batata, mandioca, papa, yerba mate, algodón, té, caña de azúcar, poroto, soja, trigo, así forrajeras, frutales y hortícolas producidas en diferentes regiones. En el marco de esta Red se realizan las siguientes acciones: ampliación de la base genética, conservación en sus diferentes formas, caracterización y evaluación del germoplasma, regeneración del germoplasma, documentación de las colecciones en el sistema DBGermo web, otorgándole visibilidad a las mismas, e identificación de especies y poblaciones para tareas específicas. Las actividades *in situ* comprenden la conservación de las variedades primitivas en fincas de productores así como la conservación de las especies silvestres emparentadas con los cultivos en sus ambientes naturales. Las actividades *in situ* se iniciaron en papa, maíz, quinoa y tomate árbol. En algunos casos se realiza reinserción de variedades de especies localmente adaptadas que están conservadas en las colecciones de los Bancos. Para el acceso al germoplasma existen marcos legales internacionales y nacionales que inciden sobre el mismo. Así, las especies nativas están reguladas por una Resolución de la Secretaría de Ambiente y Desarrollo Sustentable (SAyDS) nº226/2010, por la que se crea un régimen de acceso a los recursos genéticos. El trabajo realizado por la Red de Bancos contribuye a la conservación de la biodiversidad en la Argentina, por ello, de su fortalecimiento y crecimiento dependerá la preservación de los sistemas biológicos que abarca y su uso sostenible.

CONSERVAÇÃO DE ESPÉCIES DE *MANIHOT* MILL. (EUPHORBIACEAE) NA CHAPADA DIAMANTINA, BAHIA, BRASIL, SOB O EFEITO DAS MUDANÇAS CLIMÁTICAS

Carolina Barreto Teles[1]; Carlos Alberto Silva Ledo[2]; Guilherme de Oliveira[3]; Marcio Lacerda Lopes Martins[3]

[1]Estudante de biologia da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, Bahia, Brasil, email: carolbarreto.biologia@hotmail.com

[2] Pesquisador da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, Bahia, Brasil, email: carlos.ledo@embrapa.br

[3]Professor da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas, Bahia, Brasil, email: guilhermeoliveira@ufrb.edu.br, marciollm@ufrb.edu.br

O gênero *Manihot* está entre os mais representativos das Euphorbiaceae e tem pelo menos 20 espécies citadas como ameaçadas. O entendimento da biologia e da distribuição destas espécies pode fornecer informações importantes para apontar para a necessidade de medidas que atentem para sua preservação. O presente trabalho teve como objetivo elucidar a distribuição geográfica e com isso verificar o *status* de conservação das espécies de *Manihot* ocorrentes na Chapada Diamantina, parte norte da Cadeia do Espinhaço, no Estado da Bahia, Brasil. Esse trabalho registrou 11 espécies distribuídas nas diversas fitofisionomias da região, sendo sete espécies endêmicas da Chapada Diamantina. Foi feito um levantamento da ocorrência de cada espécie a partir de bancos de dados de coleções biológicas e visitas a herbários brasileiros e estrangeiros. Os dados levantados foram sobrepostos a uma grid na região Neotropical. Foram utilizados cinco modelos de circulação geral, representando o clima (CCSM4, CNMR, GISS-E2-R, MIROC-ESM, e MRI-CGCM3), para cada modelo foram extraídas cinco variáveis climáticas (temperatura média anual, variação da temperatura média anual, precipitação do mês mais úmido, precipitação do mês mais seco e precipitação do trimestre mais quente) além do modelo de pH de solo, como uma variável de restrição. Os modelos de nicho ecológico foram obtidos usando métodos de somente de presença (i.e., ocorrência das espécies) e métodos de presença e ausência (utilizando psudoausências), integrados na plataforma computacional BioEnsembles. Os modelos foram construídos utilizando um subconjunto de calibração com 75% das presenças e pseudoausências, selecionadas aleatoriamente, e depois avaliadas com os 25% restantes, repetindo-se este procedimento 50 vezes. Com esses dados foram gerados mapas com distribuição espacial atual e projeções para o ano de 2080. Das 11 espécies de *Manihot* presentes na Chapada Diamantina apenas sete tiveram o número de registros de ocorrência mínimo (i.e., cinco pontos) que permitissem a construção dos modelos de nicho ecológico. As espécies estudadas apresentaram elevado grau de endemismo com distribuição restrita a Chapada Diamantina, salvo *M. caerulescens* Pohl e *M. tripartita* (Spreng) Müll. Arg. que apresentam distribuição em diversos biomas do Brasil. Dentre as espécies trabalhadas foi possível observar a predominância de todas na região Nordeste, principalmente na região da Caatinga. Os resultados evidenciaram cinco espécies em risco de extinção: *Manihot diamantinensis* Allem, como 'Criticamente em Perigo', *M. bellidifolia* P. Carvalho & M. Martins, *M. longicaremosa* P. Carvalho & M. Martins e *M. reniformis* Pohl, como 'Em Perigo', e *M. maracasensis* Ule, como 'Vulnerável'. A maioria das espécies apresenta uma tendência de migrar para a região Sul do país até 2080 em consequência dos efeitos das mudanças climáticas. *Manihot maracasensis*, *M. reniformis* e *M. jacobinensis* Müll. Arg., tenderão a diminuir consideravelmente sua distribuição geográfica até essa data.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

SELEÇÃO CLONAL EM PEREIRA CV. ´WILLIAMS` NO URUGUAI

Maximiliano Dini[1]; Julio Pisano[2]; Jessica Cruz[3]; Jorge Soria[4]

[1] Eng. Agr. (Mestrando da UFPel) INIA Las Brujas, Rincón del Colorado, Canelones, Uruguay, maxidini@hotmail.com [2] Téc. Agr. INIA Las Brujas, Rincón del Colorado, Canelones, Uruguay, jpisano@inia.org.uy

[3] Eng. Agr. (Mestranda da UFPel) UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, jessica.gonsalez@hotmail.com

[4] Eng. Agr. MSc. INIA Las Brujas, Rincón del Colorado, Canelones, Uruguay, jsoria@inia.org.uy

A pereira (*Pyrus communis* L.) é a terceira maior frutífera de clima temperado cultivada no Uruguai, com 763ha na safra 2013-2014, atrás da macieira e do pessegueiro. A produção nessa safra foi de 12 mil toneladas, onde a cultivar Williams representou o 82% da produção. A cv. Williams foi descoberta no ano 1765 na Inglaterra, difundindo-se por todo o mundo e sendo hoje uma das cultivares mais conhecidas. Os frutos dessa cultivar são os mais apreciados pelos consumidores uruguaios e brasileiros por suas qualidades visuais e organolépticas. No Uruguai, a qualidade dos frutos produzidos nos diferentes pomares comerciais é heterogênea. Ainda é controversa a causa de tal diferença na qualidade dos frutos, podendo se atribuir tanto a fatores ambientais (microclima, gestão, resíduos de agrotóxicos, entre outros) quanto ao fator genético vinculado à origem do material de propagação empregado na confecção das mudas. O objetivo deste trabalho foi avaliar as características fenotípicas de diversos acessos de pereira cv. Williams, nas condições de produção no Uruguai, procurando assim estimar se existe diferenças entre eles devido a seu genótipo. O ensaio foi instalado no ano 2007 na Estação Experimental do INIA Las Brujas. O porta-enxerto foi o marmeleiro cv. Adams com inter-enxerto (filtro) da cv. Beurre Hardy, ao espaçamento do pomar foi 1,35m entre plantas e 5m entre linhas; o delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com 17 tratamentos e quatro repetições, considera-se uma planta como unidade experimental. Os tratamentos correspondem às diferentes origens dos acessos (pomares antigos, outros países, material livre de vírus). As variáveis analisadas nas plantas foram: peso e número de frutos da colheita; nos frutos (amostra de 10 frutos por planta): massa individual do fruto, diâmetro equatorial, altura e qualidade da epiderme (notoriedade de lenticelas, presença de ferrugem e textura); e na pós-colheita (amostra de 5 frutos por planta): firmeza e conteúdo de sólidos solúveis totais. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias dos tratamentos comparadas pelo teste de Tukey ($P \leq 0,05$). Os resultados parciais para a safra 2014-2015 mostraram que, para o número de frutos e peso da colheita não houveram diferenças significativas entre os acessos, indicando que essas variáveis não são influenciadas pela origem do acesso. Por outro lado, existiram diferenças significativas entre os acessos para a massa média dos frutos, diâmetro equatorial, altura, assim como a relação altura/diâmetro do fruto, o que indica que essas variáveis são influenciadas pelos diferentes acessos. Para os parâmetros de qualidade de epiderme, observaram-se diferenças entre os acessos, porém as mesmas são muito influenciadas pelas condições ambientais. Para as variáveis de pós-colheita, apenas o conteúdo de sólidos solúveis apresentou diferenças significativas, sendo um parâmetro muito influenciado pelo estado de amadurecimento do fruto. Conclui se com tais resultados parciais e com resultados acumulados de safras anteriores que podem existir diferenças quanto à qualidade dos frutos entre os diferentes acessos da cv. Williams sob teste. O ensaio deverá continuar em avaliação por mais alguns anos, e no caso de as diferenças persistirem essas deverão ser comprovadas a nível genético com o emprego de técnicas moleculares. Além disso, deverá ser feita a indexagem sanitária nos acessos empregados no ensaio, o que pode estar influenciando os resultados.

Agradecimentos: Estação Experimental Wilson Ferreira Aldunate, INIA Las Brujas, Uruguai.

ENTRE TABULEIROS, RESTINGAS E CERRADOS: A CONSERVAÇÃO *IN SITU* DA MANGABEIRA PELAS COMUNIDADES TRADICIONAIS DE EXTRATIVISTAS

Josué Francisco da Silva Júnior[1]; Dalva Maria da Mota[2]; Heribert Schmitz[3]; Raquel Fernandes de Araújo Rodrigues[4]

[1] Engenheiro agrônomo, M.Sc., Embrapa Tabuleiros Costeiros, Recife, PE, Brasil, josue.francisco@embrapa.br;

[2] Socióloga, D.Sc., Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA, Brasil, dalva.mota@embrapa.br;

[3] Sociólogo, Dr.; Universidade Federal do Pará, Belém, PA, Brasil, heri@amazonet.com.br;

[4] Bacharel em Comunicação Social, M.Sc.; Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, Brasil, raquel.fernandes@embrapa.br.

Durante expedições de coleta de germoplasma de mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes), observou-se que a conservação da espécie estava intimamente ligada a comunidades tradicionais, as quais retiravam dos frutos uma das suas principais fontes de renda. Essa população, invisível até então para quase todas as políticas de governo, passou a ganhar espaço e reconhecimento como fundamentais na conservação *in situ* da espécie. A mangabeira é uma fruteira de grande importância para as regiões Nordeste e Centro-Oeste do Brasil, que garante o sustento e fornece alimento para milhares de famílias extrativistas. No entanto, as áreas naturais da mangabeira, nas quais o extrativismo é praticado, estão localizadas em algumas das regiões de maior antropização do país, com acentuada especulação imobiliária, bem como em regiões de exploração agropecuária intensa, o que tem transformado drasticamente a paisagem e extinguido os modos de vida tradicionais de populações. O objetivo deste trabalho foi levantar e analisar o papel das comunidades tradicionais de extrativistas de mangaba na conservação das áreas naturais e dos saberes relacionados à espécie. Utilizando-se métodos que envolveram as ciências naturais e sociais, foi levantando e analisado o papel dessas comunidades na conservação dos remanescentes de mangabeira e dos saberes a ela relacionados. A aplicação dos métodos utilizados gerou um significativo volume de dados e informações sobre o histórico da atividade; perfil e tipologia dos extrativistas; as ameaças ao extrativismo e às áreas naturais de ocorrência da mangabeira (estado de conservação); os conflitos; as formas de acesso e gestão das áreas; os saberes e tradições ameaçadas; a organização dos extrativistas; e os modos de venda e consumo da mangaba. Esse trabalho proporcionou o entendimento das relações entre os extrativistas e os recursos genéticos dos quais sobrevivem, gerando documentos, mapas, subsídios a políticas públicas importantes e intervenções que têm contribuído para a melhoria da qualidade de vida dessas populações e para a conservação *in situ* dos recursos genéticos da mangabeira.

GENETIC RESOUCES OF BRAZILIAN MYRTACEAES IN FLORIDA, USA

Ricardo Elesbão Alves[1]; Eliseu Marlônio Pereira de Lucena[2]; José Antonio Alberto da Silva[3]; Eduardo Chumbinho de Andrade[4]; Chris B. Rollins[5]; David G. Hall[6]; Richard J. Campbell[7]; David T. Jones[8]; Jonathan H. Crane[9]

[1] Ph.D., Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, Ce, Brazil, e-mail: ricardo.alves@embrapa.br

[2] Ph.D., Universidade Estadual do Ceará, Fortaleza, CE, Brazil, e-mail: eliseu.lucena@uece.br

[3] Ph.D., Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios, Colina, SP, Brazil, e-mail: jaas@apta.sp.gov.br

[4] Ph.D., Secretaria de Relações Internacionais - Embrapa, Brasíla, DF, Brazil, e-mail: eduardo.andrade@embrapa.br

[5] Fruit & Spice Park, Homestead, FL, USA, e-mail: rollins@miamidade.gov

[6] Ph.D., Agricultural Research Service - USDA, Fort Pierce, FL, USA, e-mail: david.hall@ars.usda.gov

[7] Ph.D., Fairchild Tropical Botanic Garden, Miami, FL, USA e-mail: rcampbell@fairchildgarden.org

[8] Ph.D., National Tropical Botanical Garden - The Kampong, Miami, FL, USA, e-mail: djones@ntbg.org

[9] Ph.D., University of Florida, Homestead, FL, USA, e-mail: jhcr@ufl.edu

America and especially Brazil are rich in native tropical fruit species with use potential such as food, biomaterials, fibers, cosmetics, nutraceuticals, pharmaceuticals, chemicals, oils, scents, essences, and others. Among the tropical fruits botanical families, we highlight the Myrtaceae species that have been conserved and domesticated for years and years because your huge use potential. Mainly during the past century several tropical fruits species were introduced from worldwide tropical areas to Florida State, USA, and conserved in collections belonging to public and private institutions, as parks, botanic gardens and universities. The present study was performed with the aim to describe the diversity of Brazilians Myrtaceae introduced in those collections and consequently adapted to Florida. The Myrtaceae species were cataloged in ending 2013 (November and December) during two field visits in the following institutions: Fruit & Spice Park, Agricultural Research Service - USDA, Fairchild Tropical Botanic Garden, National Tropical Botanical Garden - The Kampong, and University of Florida. The final list of Myrtaceae fruit in cataloged in the collections belonging to public and private institutions in Florida State, USA, included 64 species. Of this total, 16 were introduced and/or native from Brazil, which are fully adapted to the new ecosystem. The Brazilian Myrtaceae founded in the collections were: *Acca sellowiana* (O.Berg) Burret, *Eugenia brasiliensis* Lam., *Eugenia cerasiflora* Miq., *Eugenia luschnathiana* (O.Berg) Klotzsch ex B.D.Jacks., *Eugenia pyriformis* Cambess., *Eugenia stipitata* McVaugh, *Eugenia uniflora* L., *Myrciaria dubia* (Kunth) McVaugh, *Myrciaria floribunda* (H.West ex Willd.) O.Berg, *Myrciaria glomerata* O.Berg, *Plinia cauliflora* (Mart.) Kausel, *Plinia edulis* (Vell.) Sobral, *Psidium acutangulum* DC., *Psidium cattleianum* Sabine, *Psidium guajava* L. and *Psidium guineense* Sw.

Acknowledgments: CAPES, CNPq and Embrapa.

IDENTIFICACIÓN DE ÁREAS PRIORITARIAS PARA LA CONSERVACIÓN DE RAZAS DE MAÍZ EN LA SIERRA DE ECUADOR

César Tapia[1]

Coordinador científico del Departamento de Recursos Fitogenéticos, Estación Experimental Santa Catalina, INIAP, Quito, Ecuador. Email: cesar.tapia@iniap.gob.ec

En Ecuador el maíz es el cultivo más importante en superficie y es base de la alimentación. En la Sierra se cultivan numerosas variedades tradicionales que se agrupan en veinticuatro razas. Mantener esta diversidad es, pues, de gran importancia no solo para la seguridad alimentaria, sino también como fuente de genes para tolerancia a factores abióticos. Los objetivos son: *(1)* Análisis de la diversidad a nivel de razas e identificación de áreas de alta riqueza de razas, alta diversidad morfológica y/o alta diversidad ecogeográfica en la Sierra de Ecuador, *y (2)* Identificación de áreas de alta diversidad y bajo riesgo de pérdida para la conservación en finca de maíz en la Sierra de Ecuador. Para el primer estudio se visitaron 303 fincas en la Sierra y se recolectaron 636 muestras que fueron caracterizadas morfológicamente mediante 14 variables: 8 de la mazorca y 7 del grano. Las fincas donde se tomaron las muestras fueron caracterizadas ecogeográficamente mediante 5 variables climáticas, 2 geofísicas y 5 edáficas. Mediante SIG, se generaron mapas de distribución por raza, mapa de riqueza de razas, mapa de diversidad morfológica y mapa de diversidad ecogeográfica con celdas de 10 km x 10 km. Los resultados indicaron que, en los últimos 60 años, no se ha perdido ninguna raza. La caracterización morfológica detectó diferencias en el grado de variabilidad intra-raza, siendo Patillo Ecuatoriano, Racimo de Uva y Uchima las razas más heterogéneas. A nivel climático y geofísico, también se detectaron diferencias en el grado de variación intra-raza; Cuzco Ecuatoriano, Kcello Ecuatoriano y Montaña Ecuatoriana fueron las razas que en promedio presentaron mayores rangos y coeficientes de variación. En cuanto a las condiciones edáficas todas las razas, excepto Cónico Dentado, presentaron una gran heterogeneidad, pudiendo crecer tanto en suelos ricos como pobres, con valores de pH entre ácido y moderadamente alcalino. Para la mayoría de las razas se encontraron materiales potencialmente adaptados a condiciones de estrés. Finalmente, los mapas de riqueza, de diversidad morfológica y ecogeográfica mostraron 36 celdas de alta diversidad repartidas en 10 provincias de la Sierra: 11 celdas en provincias del norte, 11 en provincias del centro y 14 en provincias del sur. Para la priorización de áreas de conservación en finca para maíz en la Sierra de Ecuador, se utilizaron 13 criterios de diferente naturaleza: 2 ecogeográficos (precipitación, diversidad ecogeográfica), 6 biológicos (grado de presencia del cultivo, riqueza de razas, diversidad morfológica, presencia de mezclas, presencia de razas locales y riesgo de erosión genética), 3 culturales (abundancia de variedades por finca, diversidad de usos y frecuencia de intercambio) y 2 demográficos (tamaño de la población y distancia a núcleos urbanos). Mediante SIG y de evaluación multicriterio, los valores originales de las capas-criterio fueron transformados a una escala de 0 a 100. Posteriormente, las capas-criterio normalizadas fueron sumadas utilizando tres métodos de ponderación: *(1)* mismo peso, *(2)* diferente peso según la puntuación otorgada por 72 expertos, y *(3)* diferente peso según el método de comparación entre pares de criterios. Los resultados permitieron identificar ocho celdas de 10 km x 10 km con alta puntuación (> 65): tres celdas en el norte (una en cada una de las provincias), una celda en el centro (en la provincia de Cotopaxi), y cuatro celdas en la región sur (dos en Azuay y otras dos en Loja).

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA DEL GERMOPLASMA DE MAÍZ BLANCO DENTADO DE URUGUAY MEDIANTE MICROSATÉLITES

Bettina Porta[1]; Rafael Vidal[2]; Federico Condón[3]; Victoria Bonnecarrere[4]; Lucía Gutiérrez[5]; Jorge Franco[6] y Guillermo Galván[7]

[1]Lic. en Ciencias Biológicas, Facultad de Agronomía UdelaR, Montevideo Uruguay. e-mail: bporta@fagro.edu.uy

[2]Ing Agr. MsC, Facultad de Agronomía UdelaR, Montevideo Uruguay. e-mail: rafael.fitotecnia@gmail.com

[3] Ing Agr. PhD, INIA La Estanzuela, Colonia Uruguay. e-mail: fcondon@inia.org.uy

[4] Ing Agr. PhD, INIA Las Brujas, Canelones Uruguay. e-mail: vbonnecarrere@gmail.com

[5]Ing Agr. PhD, Facultad de Agronomía UdelaR, Montevideo Uruguay. e-mail: lucia.gutierrez.c@gmail.com

[6] Ing Agr. PhD, Facultad de Agronomía UdelaR, Paysandú Uruguay. e-mail: jfranco@fagro.edu.uy

[7] Ing Agr. PhD, Facultad de Agronomía UdelaR, Montevideo Uruguay. e-mail: ggalvanv@gmail.com

Uruguay tiene una gran diversidad de germoplasma local de maíz (*Zea mays* L.) en uso y conservado *ex situ*. La colección *ex situ* está constituida por diez tipos raciales de maíz en base a la caracterización fenotípica realizada en 1979. Dentro de la colección, la raza Blanco Dentado es de particular interés por su aporte forrajero. Se elaboró una colección núcleo integrada por 17 de las 90 accesiones de la raza Blanco Dentado, en base a un análisis de componentes principales basado en caracteres fenotípicos. El conocimiento de la variación genética y el de las relaciones genéticas entre accesiones permite elegir genotipos prioritarios en la conservación y estimar posibles pérdidas de diversidad genética. Asimismo, la determinación de la variabilidad genética disponible facilita su utilización en programas de mejoramiento, y sienta las bases para la determinación preliminar de grupos heteróticos, posibilitando la explotación del vigor híbrido mediante diseños estratégicos. Hasta el presente, la colección no contaba con caracterización genética de las accesiones. Los marcadores morfológicos y moleculares son utilizados para estudiar diversidad genética, desarrollar estrategias de conservación y facilitar el manejo y desarrollo de los recursos genéticos. Actualmente, los marcadores más utilizados para estudios de diversidad genética de poblaciones locales de maíz son los microsatélites o SSR (simple sequence repeats) debido a su simpleza, reproducibilidad, robustez y abundancia. El objetivo de este proyecto es determinar la diversidad y estructura genética de las accesiones de la raza Blanco Dentado mediante el uso de microsatélites. El análisis de la diversidad y estructura genética se realizó utilizando un bulk de DNA de 15 individuos muestreados al azar por accesión. Se utilizaron 31 marcadores SSR distribuidos por todo el genoma del maíz. Los cebadores utilizados en las reacciones de PCR fueron marcados con fluorescencia mediante M13, y las secuencias amplificadas fueron reveladas en un secuenciador 3730xl de Applied Biosystems. Se determinó el número de alelos por locus, el número de alelos efectivo y la heterocigosis esperada. Para determinar la existencia de estructura poblacional se realizó un análisis de coordenadas principales y mediante el algoritmo de distancia euclideana se agruparon las accesiones por su similitud genética. Los resultados obtenidos hasta el momento, con solo 10 marcadores SSR del total de los 31 que se usaron para genotipar las poblaciones, demuestran que no existiría estructura poblacional, por lo que las 90 poblaciones formarían una megapoblación aunque sobre esta hipótesis se continúa trabajando. La representatividad de la colección núcleo aún no se puede chequear dado que no se obtuvo estructura genética con el análisis molecular. La diversidad promedio encontrada dentro de poblaciones fue A=7,8; Ae = 3,943; He = 0,606. Los 10 loci SSR analizados hasta el momento resultaron polimórficos con 3 a 13 alelos por locus. Este proyecto también se planteó determinar si la regeneración de siete accesiones en Uruguay, el ambiente de origen, y en México conserva efectivamente la diversidad genética. Las accesiones regeneradas en Uruguay mostraron mayor variabilidad que las regeneradas en México lo cual podría explicarse por efectos de muestreo o del ambiente de regeneración, hipótesis que deberán ser confirmadas.

Agradecimientos: Comisión Sectorial de Investigación Científica, CSIC - UdelaR, Uruguay.

TROP-T-FACE: SISTEMA DE CAMPO PARA AVALIAR A ADAPTAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS ÀS MUDANÇAS CLIMÁTICAS

Carlos Martinez[1]; Miquel Gonzalez-Meler[2]; Eduardo Oliveira[3]; Ana Alzate-Marin[4]; Tatiana Mello[5]

[1] Eng. Agrônomo, PhD, Departamento de Biologia/FFCLRP/USP, Ribeirão Preto, SP, Brasil, carlosamh@ffclrp.usp.br

[2] Biólogo, PhD, University of Illinois, Chicago, USA, mmeler@uic.edu

[3] Biólogo, PhD, Departamento de Biologia/FFCLRP/USP, Ribeirão Preto, SP, Brasil, edu_doliveira@yahoo.com.br

[4] Bióloga, PhD, Departamento de Genética/FMRP/USP, Ribeirão Preto, SP, Brasil, anaalzate@fmrp.usp.br

[5] Bióloga, PhD, Departamento de Biologia/FFCLRP/USP, Ribeirão Preto, SP, Brasil, tathybio@yahoo.com.br

Nos últimos anos, a discussão das mudanças climáticas globais (MCG) e o aquecimento global causado pelo incremento de gases de efeito estufa (GEE), o desmatamento e a mudança de uso da terra e seus efeitos sobre as plantas têm alcançado grande relevância. No entanto, apesar de sua importância, a pesquisa para determinar os efeitos das MCG sobre os recursos genéticos vegetais ainda é incipiente, principalmente nos trópicos. Uma das causas da escassa informação é a carência de metodologias modernas e confiáveis para estimar as respostas das plantas aos fatores como o incremento do CO_2 e da elevação da temperatura ambiental, principalmente em condições de campo. Neste trabalho se descreve um sistema denominado TROP-T-FACE que se encontra instalado e em funcionamento na Universidade de São Paulo, campus de Ribeirão Preto, Brasil, e que permite estudar as respostas das plantas em ambientes com elevada temperatura e atmosfera enriquecida com CO_2 simulando condições climáticas futuras em campo, com mínima perturbação de seu ambiente natural, como umidade e radiação. O TROP-T-FACE combina dois sistemas: FACE (*Free Air CO_2 Enrichment*) e T-FACE (*Temperature Free-air Controlled Enhancement*) para estudos do incremento do CO_2 e da temperatura ambiental, respectivamente. Ambos os sistemas FACE e T-FACE representam o estado da arte da tecnologia desses sistemas utilizados mundialmente para pesquisa das mudanças climáticas em plantas. O sistema FACE consiste de anéis, instalados em campo, nos quais se mantêm uma concentração elevada do CO_2 a partir da injeção, à velocidade sônica, de CO_2 puro que se mistura rapidamente com o ar ambiente. O controle e monitoramento da concentração atmosférica de CO_2 são realizados por meio de analisadores de gás no infravermelho (IRGA), instalados na parte central dos anéis e um sistema computadorizado que utiliza um sistema automático de controle programável baseado em algoritmo PID (*Proportional Integration Device*) para a regulação da abertura de válvulas solenoides que ajusta automaticamente o fornecimento de CO_2 para cada anel, a fim de manter a concentração "*set point*" de CO_2 desejada em cada tratamento. A fumigação é pré-programada e se realiza em período diurno. O sistema T-FACE permite incrementar a temperatura ambiental por meio de aquecedores infravermelhos de cerâmica, instalados sobre as plantas, com regulação de voltagem por meio de um programa que utiliza algoritmo PID para ajustar automaticamente a temperatura do dossel das plantas. Os dados do TROP-T-FACE são coletados em computadores conectados na internet. Assim, o sistema TROP-T-FACE tem grande potencial para a caracterização molecular, fisiológica, bioquímica, bem como para estudos do crescimento e adaptação de recursos genéticos vegetais às condições climáticas futuras, visando a seleção de germoplasma adaptado ao aumento do CO_2 e ao aquecimento global.

Agradecimentos: FAPESP (Processos 08/58075-8; 14/00317-7); CNPq (Processos 400755/2013-0; 150737/2014-9; 151527/2013-0)

TRANSGENE FREQUENCY IN LANDRACE MAIZE VARIETIES FROM CONTRASTING SEED MANAGEMENT SYSTEMS IN MEXICO

Sarah Zanon Agapito-Tenfen[1]; Flor Rivera Lopez[2]; Fern Wickson[3]

[1] PhD in Plant Genetic Resources, GenØk Centre for Biosafety, Tromsø, Troms, Norway, sarah.agapito@genok.no.

[2] PhD Student in Sociology, GenØk Centre for Biosafety, Tromsø, Troms, Norway, flor.rivera@genok.no.

[3] PhD in Biological Sciences/Science, Technology and Society, GenØk Centre for Biosafety, Tromsø, Troms, Norway, fern.wickson@genok.no.

The conservation of genetic biodiversity in important crop plants is absolutely crucial for food security and the resilience of agricultural systems in the face of change, including climate change and the emergence of new pests and diseases. One of the main challenges facing to conservation of the genetic biodiversity of maize landraces in Mexico has been the spread of transgenes from genetically modified crops. Detecting if this has occurred and working with local communities to control its potential spread are challenging tasks that require ongoing investment and capacity building. Therefore, our project broadly seeks to a) understand the challenges facing *in situ* biodiversity conservation, b) advance solutions to these challenges through participatory research with local actors, and c) clarify how *in situ* and *ex situ* approaches can be combined for maximum benefit. To perform this research, the project adopted a focus on maize and worked in its centre of origin and diversity, Mexico. One part of this project has been dedicated to the sampling of maize landrace seeds from two contrasting seed management communities of two main regions of Oaxaca – Central Valleys and Istmo de Tehuantepec, as well as interviewing local farmers. Interviews applied a semi-structured approach and were tailed to obtain information on seed management activities and potential sources of transgene spread. Maize landrace samples will be analyzed for transgene detection, identification and frequency determination using quantitative real time PCR (RT-qPCR). An inter-laboratorial validation of the results will also be performed. The transgene detection data will be correlated to the social data collected during interviews in order to understand the impact of seed management activities to the spread of transgenes into Mexican landrace maize varieties. Twenty maize landrace seed samples were collected along with farmer's interviews from each community. Landrace and hybrid seeds that were commercialized in local stores, as well as DICONSA (local stores of the Mexican governmental agency) grains, were also collected for the investigation of potential sources of transgene spread. Preliminary results from interview data show that both communities have contrasting seed management systems. The community located in the Oaxaca Central Valleys has farmers who grow hybrid seeds alongside with landrace seeds and the seed sharing systems include seeds from inside and outside of the community. Most farmers had more than one private plot (< 1 hectare) distributed in all regions of the community territory (north, south, east, west). The seed storage practice is degrained seeds in plastic containers. The second community in the Istmo region had a ruling that forbids any farmer from growing hybrid seeds within the community territory. Seeds were shared within the community and farmers had one public (communitarian) plot (>1 hectare) only. Seeds were stored still in ears in a wood cabinet. In general, both communities shared ignorance regarding genetically modified maize seeds and both showed confusing concepts to that of a hybrid seed and no farmer said to be aware of genetically modified seeds been planted in their community. Further discussions and conclusions will be performed as soon as the ongoing laboratory analyses are finished. These analyses will provide details on transgene detection in the collected seed samples and potential correlation to the social data. Further analysis of the interview data collected at the *Banco de Germoplasma de Especies Nativas de Oaxaca* (Oaxaca Germplasm Bank for Native Species) from *Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agricolas y Pecuarias* (National Institute for Forestry, Agriculture and Livestock Research) will be also considered in this study. Since the laboratory analyses are running now, we hope to have other preliminary results by the events occasion.

Acknowledgements**:** The authors would like to thank the Latin America Programme of the Norwegian Research Council for funding this project. The authors would also like to thank the farmer's communities that have voluntarily accepted to participate in this project.

BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE TOMATE MANTIDO NA EMBRAPA HORTALIÇAS

Sabrina Isabel Costa de Carvalho[1]; Leonardo Silva Boiteux[2]; Maria Esther de Noronha Fonseca[3], José Getúlio da Silva Filho[4]

[1]Engenheira Agrônoma, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil, sabrina.carvalho@embrapa.br

[2]Engenheiro Agrônomo, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil, leonardo.boiteux@embrapa.br

[3]Engenheira Agrônoma, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil, maria.boiteux@embrapa.br

[4]Engenheiro Agrônomo, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil, jose-getulio.silva@embrapa.br

O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de tomate cultivado e de espécies silvestres relacionadas (gênero *Solanum* sect. *Lycopersicon*) tem sido mantido pela Embrapa Hortaliças, desde 1982. Este banco constitui a base genética para os programas de melhoramento da Embrapa e de outras instituições parceiras. O presente trabalho teve como objetivo relatar as principais atividades realizadas no BAG tomate (enriquecimento, multiplicação, caracterização e conservação) e sua aplicação dentro dos programas de melhoramento genético. Os acessos de tomate têm sido multiplicados em vasos sob condições de cultivo protegido. As sementes são extraídas manualmente, fermentadas, lavadas em água corrente, pré-secadas a 32°C, secadas em estufa a 40°C por 48 horas, embaladas em sacos aluminizados e armazenadas em câmaras frias ajustadas para +4°C na Embrapa Hortaliças e a -20°C na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen). No período de 2009 a 2015, a coleção foi enriquecida com a introdução de 115 acessos. Um total de 216 acessos foi multiplicado durante este período. Atualmente, estão conservados na Embrapa Hortaliças 1766 acessos (cultivares, linhagens, populações e materiais silvestres), abrangendo doze diferentes espécies: *Solanum lycopersicum*, *S. pimpinellifolium*, *S. peruvianum*, *S. habrochaites*, *S. chilense*, *S. cheesmaniae*, *S. neorickii*, *S. chimielewskii*, *S. pennellii*, *S. galapagense*, *S. arcanum* e *S. corneliomuelleri*. Mil quatrocentos e quarenta acessos de *Solanum* (*Lycopersicon*) foram enviados para a conservação em longo prazo na Coleção de Base (Colbase) da Embrapa Cenargen. Os principais usos deste germoplasma envolvem a caracterização e introgressão e/ou incorporação de genes para resistência a pragas e doenças, melhoria de qualidade nutricional e nutracêutica de frutos e tolerância ao calor e a solos salinos. Este germoplasma tem sido utilizado para estudos visando identificação de fontes de resistência para patógenos (*Tospovirus*, *Begomovirus*, *Crinivirus*, *Tymovirus*, *Fusarium*, *Verticilium* e *Phytophthora capsici*) e pragas (*Bemisia tabaci*, *Helicoverpa armigera* e *Tuta absoluta*), bem como para a caracterização dos teores de vitamina C, licopeno, luteína, e principalmente carotenóides pró vitamina A (alfa e beta caroteno) em frutos. Recentemente, acordos entre a Embrapa Hortaliças e as Universidades brasileiras têm sido formalizados para a transferência de sementes dos acessos de *Solanum* sect. *Lycopersicon* para os trabalhos de dissertações e teses. Além disso, a grande variabilidade existente no BAG tomate na Embrapa Hortaliças tem possibilitado o desenvolvimento de novas cultivares, visando atender as mais diversas demandas do mercado de tomate, tanto para o processamento industrial quanto para o consumo *in natura*.

PERFIL DOS GUARDIÕES DE VARIEDADES CRIOULAS DA REGIÃO OESTE DE SANTA CATARINA, BRASIL

Inês Claudete Burg[1*]; Tassiane Terezinha Pinto[2*]; Rosenilda de Souza[3*]; Juliana Bernardi Ogliari[4*]

[1] Engª Agrônoma, Doutoranda em PPRGV-UFSC, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, inescburg@yahoo.com.br.

[2] Bióloga, Doutoranda no PPG RGV, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, tassi.tp@gmail.com.

[3] Engª Agrônoma, Doutoranda no PPG RGV, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, rosenilda.agro@hotmail.com

[4] Professora da Universidade Federal de Santa Catarina, CCA, e-mail: juliana.bernardi@ufsc.br

* NEABio – Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade http://neabio.wix.com/neabioufsc

A conservação das variedades crioulas está intrinsecamente ligada à transmissão dos conhecimentos tradicionais associados a elas. Tendo em vista que o conhecimento é repassado de geração a geração, é de extrema importância caracterizar o perfil dos agricultores mantenedores das variedades crioulas, uma vez que, com estas informações, estratégias de conservação e melhoramento participativo poderão ser traçadas de maneira mais focada ao público alvo. Diante do exposto, esta pesquisa buscou averiguar a faixa etária dos agricultores e das agricultoras que conservam *on farm* as variedades crioulas de milho comum, milho pipoca, milho doce e arroz de sequeiro nos municípios de Novo Horizonte, Guaraciaba e Anchieta, situados na região oeste do estado de Santa Catarina. Por meio de entrevistas semiestruturadas realizadas pelo NEABio (Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade) com agricultores(as) identificados(as) como guardiões(ãs) de sementes, para cada espécie. Foram entrevistados um número distinto de agricultores, sendo 56 para o milho comum, 82 para milho pipoca, 19 para o milho doce e 145 para o arroz de sequeiro. Em relação à idade dos guardiões de milho comum e de pipoca, 50 % têm mais de 50 anos entre as mulheres e 66,67% entre os homens. Na faixa etária de 31 a 50 anos, estão 34,78 % das mulheres e 26,67% dos homens. Entre os guardiões que tem até 30 anos e podem ser considerados jovens, estão 15,22% das mulheres e 6,66% dos homens. Entre os guardiões de milho doce, 71,43% dos homens e 58,3% das mulheres tem idade superior a 50 anos; 28,57% e 41,6% tem entre 31 a 50 anos para homens e mulheres, respectivamente; neste caso não tem guardião com idade inferior a 30 anos. Entre os guardiões de arroz de sequeiro, a idade média dos entrevistados foi de 56 anos, sendo que apenas 2% tinham menos de 30 anos, 35% tinham de 30 a 50 anos e 63% tinham mais de 50 anos. Estes dados mostram claramente um envelhecimento dos guardiões de milho comum, pipoca e doce e arroz de sequeiro. Além do envelhecimento da população local, nos últimos anos vem ocorrendo grande êxodo de jovens para centros urbanos, não havendo continuidade nos trabalhos rurais, ocasionando erosão genética em diversas culturas. Neste sentido, faz-se necessário o estabelecimento de políticas públicas e o fortalecimento das existentes para incentivo da conservação *on farm* integrada a conservação *ex situ* da diversidade ainda existente, bem como o incentivo à participação dos jovens na agricultura.

Sessão STO5 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 5 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS
Coordenador: Miguel Luiz Menezes Freitas (Instituto Florestal de São Paulo) – Sala Chardonnay

14:00 GENETIC DIVERSITY OF PINUS LUMHOLTZII (ROBINS & FERNS) TO BE PROPAGATED IN VITRO
Moises Alberto Cortes Cruz[1], Gabriela Alcala[2], Isaac Sandoval[1], Esmeralda Judith Cruz Gutierrez[1], Martin Quintana Camargo[1], Juan Manuel Pichardo González[2]; *[1]INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES FORESTALES AGRICOLAS Y PECUARIAS - Mexico, [2]Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias - Mexico*

14:10 MORFOLOGIA DE ALGODOEIROS DE DIFERENTES ESTADOS DO BRASIL
Lucia Vieira Hoffmann[1], Kalita Cristina Moreira Cardoso[2], Aluana G Abreu[3], Raysa Marques Cardoso[4], Antonio Sabino Neto da Costa Rocha[5]; *[1]Embrapa Algodão - Brazil, [2]Pontifícia Universidade Católica de Goiás - Brazil, [3]Embrapa Arroz e Feijão - Brazil, [4]Universidade Federal de Goiás - Brazil, [5]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Brazil*

14:20 CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE ACESSOS CRIOULOS DE FEIJOEIRO COMUM DO GRUPO COMERCIAL MULATINHO PARA FORMAÇÃO DE COLEÇÃO TEMÁTICA
Ana Cláudia Lima[1], Jaison Pereira Oliveira[2], Flávio Pereira dos Santos[3], Rogerio Peres Soratto[1]; *[1]Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho - Brazil, [2]Embrapa Arroz e Feijão - Brazil, [3]Universidade Federal de Goiás - Brazil*

14:30 DIVERSIDAD GENÉTICA DEL GENERO PHASEOLUS EN BOLIVIA
Teresa Avila[1], Matthew Blair, Ximena Reyes, Pierre Bertin; *[1]Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas de Pairumani - Bolivia*

14:40 CARACTERIZACIÓN MORFOAGRONÓMICA DE 200 ACCESIONES DE PAPA NATIVA (SOLANUM TUBEROSUM L.) CONSERVADA EN EL BANCO DE NACIONAL DE GERMOPLASMA DEL INIAP-ECUADOR
Marcelo Tacán[1]; *[1]Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias - Ecuador*

14:50 CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DEL FIQUE (FURCRAEA SP), CULTIVO CON IMPORTANCIA COMERCIAL PARA LA PRODUCCIÓN DE FIBRAS NATURALES
Clara Inés Medina[1], Maria O Vargas, Abelardo Osorio, Maria Lobo; *[1]Centro de Investigación la Selva - Colombia*

15:00 VARIABILIDAD AGROECOLÓGICA DE LOS SITIOS DE COLECTA DE MATERIALES DE FIQUE (FURCRAEA SP.) EN COLOMBIA
Luz Adriana Vásquez Gallo[1], Germán Ríos Gallego, Clara Inés Medina[2]; *[1]Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Colombia, [2]Centro de Investigación la Selva - Colombia*

15:10 EL ECOTURISMO COMO HERRAMIENTA PARA LA CONSERVACIÓN IN SITU DE RECURSOS FITOGENÉTICOS. ESTUDIO DE CASO: EL PALMAR DE CASTILLOS (ROCHA, URUGUAY).
Nicole Portes[1], Mercedes Rivas[1]; *[1]Universidad de la República - Uruguay*

15:20 PROSPECCIÓN DE VARIEDADES CRIOLLAS HORTÍCOLAS Y CONOCIMIENTOS TRADICIONALES ASOCIADOS EN EL PALMAR DE CASTILLOS (ROCHA)
Sara Pereira[1], Alejandra Calvete[2], Beatriz Bellenda[1], Margarita García[1], Guillermo Galván[1], Mercedes Rivas[1]; *[1]Universidad de la República - Uruguay, [2]Universidad de la República Oriental del Uruguay - Uruguay*

15:30 RECURSOS FITOGENETICOS NATIVOS Y CONOCIMIENTOS TRADICIONALES ASOCIADOS EN EL PALMAR DE CASTILLOS (ROCHA), URUGUAY.
Alejandra Calvete[1], Sara Pereira[1], Mercedes Rivas[1]; *[1]Universidad de la República - Uruguay*

15:40 RECURSOS GENETICOS DE BERRIES EN AMERICA. OPORTUNIDAD ECONOMICA Y RETOS DE COLABORACION
Sergio Segura Ledesma[1], Jose Lopez; *[1]Universidad Autónoma Chapingo - Mexico*

15:50 EL MEJORAMIENTO GENÉTICO DE FRUTALES EN LOS ESTADOS UNIDOS: IMPLICACIONES PARA LATINOAMÉRICA Y EL CARIBE
Jonathan Fresnedo Ramírez[1]; *[1]Cornell University - United States*

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Quarta-feira, 28 de outubro

Sessão STO5 (14:00 - 16:00)

SESSÃO TÉCNICA ORAL 5 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Coordenador: Miguel Luiz Menezes Freitas (Instituto Florestal de São Paulo)

Sala Chardonnay

GENETIC DIVERSITY OF *PINUS LUMHOLTZII* (ROBINS & FERNS) TO BE PROPAGATED *IN VITRO*

Cortés-Cruz, Moisés[1]; Alcalá, Gabriela[2]; Sandoval, Isaac[3]; Cruz-Gutiérrez, Esmeralda[4], Quintana-Camargo, Martín[5] and Pichardo-González, Juan[6]

[1] Ph.D., Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP, Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México, cortes.moises@inifap.gob.mx

[2] M.Sc., Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP, Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[3] B.Sc., Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP, Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[4] Ph.D., Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP, Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[5] Ph.D., Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP, Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[6] Ph.D., Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP, Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

The use of molecular markers has become a standard practice in determining the levels of genetic diversity in the management of genetic resources. The applicability of the Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) markers has been demonstrated in a large number of studies as well in a wide range of species. They are reproducible, of easy implementation, highly polymorphic, and can detected multiple alleles. As a part of a bigger project where we are interested on propagating 39 forest species (pines, temperate and broad leaf) under *in vitro* conditions for reforestation and long-term preservation purposes, *P. lumholtzii* has been identified as a specie with great potential for reforestation in areas with low precipitation and eroded soils. In order to determine the levels of genetic diversity from these trees to be used for *in vitro* propagation, and to avoid the effect of selection during this process, we conducted a genetic analysis of 30 plus-trees using ISSR markers. The plus-trees were selected in the field based on growth, stem form, crown and branching characteristics. All selected trees were from the location "Sierra Escondida", Aguascalientes, Mexico. DNA extraction was carried out from lyophilized mature needles using a CTAB modified protocol. Fifty nanograms of genomic DNA was amplified in a 10 µL reaction with six polymorphic ISSR primers, and the PCR products were separated by electrophoresis using 3% agarose gels. All ISSR markers yielded a reproducible banding pattern with 37 amplified loci and 97% of polymorphism. The basic diversity parameters were calculated with GenAlEx 6.5 software, obtaining the following results: observed number of alleles 2.0, number of effective alleles 1.6 and Nei´s gene diversity/expected heterozygosity (H_e) 0.339. The observed H_e value is similar to values reported in genetic studies of *P. reginosa* (H_e= 0.375), *P. taeda* (H_e= 0.358), *P. ocarpa* (H_e= 0.358). The neighbor-joining (N-J) cluster analysis identified three distinct clusters: comprising 19, five and six individuals. The overall grouping pattern is in agreement with the principal coordinate analysis (PCoA) results. The first three principal coordinates explained 68.84% (cumulative value) of the genetic variance. The ISSR markers were useful in identifying genetic differences within population, validating once more that this type of markers are suitable for genetic diversity analysis. Overall, these results suggest that for propagation and conservation purposes, the number of selected individuals could be reduced while trying to keep the maximum genetic diversity represented in the subsample. Additionally, the most informative ISSR markers will be used to screen the *in vitro* generated plants to assess their genetic integrity.

Acknowledgements: This research was supported by the National Forest Commission (CONAFOR) of Mexico, as a part of the Project "*Development and Operation of the Forest Genetic Resources Subsystem within the National Genetic Resources Center*", Project No. 11385232709.

MORFOLOGIA DE ALGODOEIROS DE DIFERENTES ESTADOS DO BRASIL

Kálita Cristina Moreira Cardoso[1]; Aluana Gonçalves Abreu[2]; Raysa Marques Cardoso[3]; Antonio Sabino Neto da Costa Rocha[4]; Lúcia Vieira Hoffmann[5]

[1] Estudante de Biologia , PUC Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil. kalita.cristina@bol.com.br

[2] Doutorado em Genética, Embrapa, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil.aluana.abreu@embrapa.br

[3] Estudante de Agronomia, UFG, Goiânia, Goiás, Brasil. raysa.mcardoso@gmail.com

[4] Agrônomo, Embrapa, Manaus, Amazonas, Brasil. sabino.neto@embrapa.br

[5] Doutora do em Agronomia, Embrapa, Santo Antônio de Goiás, Goiás, Brasil. lucia.hoffmann@embrapa.br

Os algodoeiros plantados em quintais no Brasil são de duas espécies: *Gossypium barbadense* (domesticado no Peru, e distribuído no Brasil em períodos pré Colombianos) *e G. hirsutum* var. *marie galante* (o algodoeiro mocó, plantado no Nordeste e de distribuição também nas Antilhas e América Central). O *G. barbadense* é plantado em quintais em todos os estados do Brasil. Há plantas com coloração arroxeada na folha e no caule, conhecido pelo menos no Amazonas como algodão roxo. Ambos são encontrados em quintais e têm uso medicinal ou ornamental. Novas sementes coletadas no Amazonas foram plantadas em casa de vegetação junto com plantas provenientes de 11 estados do Brasil. Foram incluídas no plantio sementes de *G. hirsutum* var. punctatum coletadas no México e recebidas por intercambio e uma variedade australiana de *G. hirsutum latifolium*. A avaliação morfológica foi utilizada para agrupamento, utilizando Ward e distância Euclidiana. O dendrograma foi feito no programa PAST. Os genótipos dividiram-se em dois grupos, sendo o primeiro somente com genótipos de *G. barbadense*, coletados nos estados do Acre (1 planta), Roraima (1), Amazonas (27), Pará (2), Goiás (2), Bahia (4) e São Paulo (1). As plantas de *G. hirsutum* (variedades marie galante, punctatum e latifolium) ficaram no segundo agrupamento, que incluiu alguns dos genótipos que haviam sido classificados como *G. barbadense* quando coletados nos estados de Pernambuco (1 planta), Minas Gerais (2), Mato Grosso do Sul (2), Rio de Janeiro (1), Bahia (2) e Goiás (4). As duas espécies podem ser diferenciadas por três características principais: *i)* Tamanho das folhas, que são grandes no caso de *G. barbadense* e menores para *G. hirsutum*; *ii*) número de lóbulos nas folhas (que são cinco para *G. barbadense* e três para *G. hirsutum*) e *iii*) cor do pólen, que é amarelo escuro para *G. barbadense* e claro para G. *hirsutum.* As plantas de mocós apresentaram caules pilosos, enquanto que o caule de *G. barbadense* é glabro, sendo que caules, pecíolos e nervuras dos *G. barbadense* do estado do Amazonas são coloração roxa. As flores de mocó são pequenas, e podem apresentar manchas nas pétalas. As flores de *G. barbadense* são de tamanho variado e somente algumas plantas apresentaram mancha nas pétalas. As brácteas das plantas de *G. barbadense* são largas ou normais e com dentes compridos e nas plantas mocós as brácteas são estreitas e os dentes são curtos. As plantas da espécie *G. barbadense* que se agruparam com os mocós apresentaram folhas pequenas ou médias, cinco lóbulos nas folhas e pólen amarelo escuro. Essas plantas podem ter se originado de hibridizações por apresentarem características tanto de *G. barbadense* e *G. hirsutum* na avaliação morfológica.

CARACTERIZAÇÃO E SELEÇÃO DE ACESSOS CRIOULOS DE FEIJOEIRO COMUM DO GRUPO COMERCIAL MULATINHO PARA FORMAÇÃO DE COLEÇÃO TEMÁTICA

Ana Cláudia de Lima Silva[1]; Jaison Pereira Oliveira[2]; Flávio Pereira dos Santos[3]; Rogério Peres Soratto[4]

[1] Doutoranda, UNESP – FCA, Botucatu, SP, Brasil, analima.agro@gmail.com.

[2] Pesquisador, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, Brasil, jaison.oliveira@embrapa.br.

[3] Mestrando, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, GO, Brasil, flavioagron@gmail.com

[4] Professor Doutor, UNESP – FCA, Botucatu, SP, Brasil, soratto@fca.unesp.br

Frente às mudanças climáticas situações extremas relacionando água e temperatura são determinantes para a produção agrícola. Banco de dados fenotípicos e genotípicos gerados na área de recursos genéticos auxilia na escolha de genitores com características desejáveis, que possuam variabilidade alélica e produzam populações segregantes promissoras. A diversidade genética resistiu em alguns cenários mantidos pela agricultura familiar para o feijão é representada por cerca de 90% dos campos e garante a ampla adaptabilidade a condições extremas climáticas, como as altas temperaturas e deficiência hídrica. No acervo de germoplasma de feijão comum do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Arroz e Feijão existem 745 acessos de feijão do grupo comercial mulatinho, grupo importante, tanto pelo cultivo como, pela possibilidade de seleção de características interessantes às extremidades climáticas, devido ao ambiente de cultivo onde predominam solos de baixa fertilidade e clima seco e quente. O presente trabalho de pesquisa foi conduzido em condições de casa de vegetação na Embrapa, em Santo Antônio de Goiás, GO e as análises e caracterização foram realizadas no Laboratório de pós-colheita do BAG. O objetivo final é formar duas Coleções Temáticas uma para Tolerância a Altas Temperaturas e outra para Tolerância à deficiência hídrica. Foram realizados dois experimentos com o objetivo de afunilar o material existente para a composição das Coleções. O primeiro experimento foi realizado em 2013 em casa de vegetação com 745 acessos de feijão mulatinho e foi realizada a caracterização morfo-agronômica e ecogeográfica utilizou-se 86 variáveis fictícias aplicadas ao método de Ward. Na aplicação do método de Ward, foram obtidas 744 etapas de agrupamento (devido aos 745 acessos). No ano de 2014 foi realizado o experimento também em Casa de Vegetação com o objetivo de se fazer uma caracterização morfo-agronômica mais detalhada dos acessos, o experimento foi composto por 240 acessos selecionados do experimento realizado anteriormente, constituiu-se 186 variáveis fictícias que foram aplicadas ao método de Ward. O estudo da diversidade genética foi utilizado para medir o grau de parecença entre os acessos. Todos os cálculos estatísticos foram implementados no sistema computacional SAS (Statistical Analysis System), por meio de seu procedimento proc cluster. As etapas agrupadas no método Ward levou a formação de um dendrograma com arranjos distintos para diversas distâncias de agrupamento. De maneira geral pode-se concluir que a maioria dos acessos introduzidos de feijão-comum de grão mulatinho mostrou considerável grau de dissimilaridade fenotípica. Os 240 acessos de feijão-comum mulatinho podem ser resumidos a 100 acessos, assegurando a conservação de alelos distintos presentes no grupo. Esses 100 acessos foram selecionados para comporem experimentos em Porangatu para caracterização de tolerância à altas temperaturas e deficiência hídrica. Os acessos também irão compor outro experimento em Santo Antônio de Goiás que será conduzido em condições ideais. Espera-se que os próximos resultados possam contribuir para elaboração e caracterização de coleções temáticas que auxiliarão nos trabalhos para de tolerância a estresses provenientes de altas temperaturas e deficiência hídrica.

Agradecimentos: À Fapesp, pela bolsa concedida a Ana Cláudia de Lima Silva (bolsa de Doutorado) e a Embrapa Arroz e Feijão pela estrutura e condições para o experimento ser conduzido.

DIVERSIDAD GENÉTICA DE PHASEOLUS EN BOLIVIA

Avila Teresa[1], Blair Matthew[2], Reyes Ximena[3] y Bertin Pierre[4]

[1]Centro de Investigaciones Fitogenéticas,de Pairumani, Cochabamba, Bolivia, t.avila@fundacionpatino.org

[2] Departamento de Fitomejoramiento, Universidad de Cornell, Ithaca, USA, mwbeans@gmail.com

[3]Centro de Investigaciones Fitogenéticas,de Pairumani, Cochabamba, Bolivia, x.reyes@fundacionpatino.org

[4]Universite Catholique de Louvain, Louvain-la-Neuve, Bélgica, pierre.bertin@uclouvain.be

La forma silvestre del frijol común se distribuye desde el norte de México hasta el norte de Argentina y la estructura genética de las variedades locales refleja la estructura de los tipos silvestres. Se considera el sur de los andes, especialmente los valles interandinos de Bolivia, un centro primario de diversidad del frijol común (*Phaseolus vulgaris L.*) y un punto probable de domesticación. El Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas de Pairumani cuenta con una colección de trabajo de Phaseolus que consta de 345 accesiones, donde la mayoría de las accesiones son de frijol común, algunas cultivadas y otras silvestres relacionadas. El objetivo de este estudio fue determinar la diversidad genética de esta colección mediante el muestreo de 174 accesiones: 163 *Phaseolus vulgaris*, 8 *Phaseolus augusti*, 2 *Phaseolus lunatus* y 1 *Phaseolus coccineus*. La diversidad genética y estructura poblacional se estimaron utilizando 29 marcadores microsatélites, 11 marcadores de frijol diseñados a partir de regiones codificantes (génicos) y 18 marcadores diseñados de regiones no codificantes (genómicos). Todos los microsatélites analizados fueron polimórficos y mostraron altos niveles de diversidad alélica. Se identificaron un total de 311 alelos en todo el conjunto de accesiones, con una media de 10,7 alelos por marcador. Considerando solamente las accesiones *P. vulgaris* cultivadas, se encontraron un total de 249 alelos con un promedio de 8.6 alelos por locus. El promedio de alelos obtenido con los microsatélites genómicos y génicos en todo el conjunto de genotipos fue de 12,8 y 6,7, respectivamente. Los valores promedios de PIC con los microsatélites genómicos y génicos fueron 0,68 y 0,53, respectivamente. El análisis de correspondencia y dendrograma basados en el método de la media aritmética distinguió *P. vulgaris* de las otras especies de Phaseolus. Las accesiones de *Phaseolus vulgaris* se separaron en dos grupos: el primero de ellos, incluyendo dos controles de frijol de tipo andino, compuesto por la mayoría de las accesiones colectadas principalmente en los valles de altitudes intermedias (desde 1100 hasta alrededor de 2000m) y de las tierras altas (por encima de 2000m de altitud) con hábitos de crecimiento tipo III y IV y semillas de gran tamaño, que varían en gran medida en la forma, el color y el patrón, características típicas de este acervo genético. El segundo grupo, incluidos los dos controles de frijol de tipo mesoamericano, lo conformaron accesiones colectadas a baja altitud y con habito de crecimiento correspondiente a este acervo genético. Dentro del acervo genético andino, las accesiones silvestres formaron grupos fácilmente diferenciables de las accesiones cultivadas. Se observó que distancias geográficas de sitios de recolección (hasta 100 km) y las distancias genéticas bajas están relacionadas entre sí. Estos resultados son importantes para la conservación del frijol común en los andes del Sur.

CARACTERIZACIÓN MORFOAGRONÓMICA DE 200 ACCESIONES DE PAPA NATIVA (*SOLANUM TUBEROSUM* L.) CONSERVADA EN EL BANCO DE NACIONAL DE GERMOPLASMA DEL INIAP-ECUADOR

Marcelo Tacán[1]

Investigador Auxiliar 1 del Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos, Estación Experimental Santa Catalina, INIAP, Quito, Ecuador. Email: marcelo.tacan@iniap.gob.ec

Las papas nativas tienen una presencia marginal en el mercado Ecuatoriana con el 5% del volumen total de papa comercializada. Esto podría conducir a la erosión genética de las variedades locales, debido al desuso e introducción de monocultivos con genes que remplazan a las especies nativas. Tomando en cuenta la relevancia que representa la biodiversidad de papa nativas para la seguridad Alimentaria como fuente potencial de genes para los fitomejoradores, es necesario conocer sus características a través de la descripción morfoagronómica y molecular. La caracterización morfológica, se realizó en la Provincia de Pichincha, Cantón Mejía a una elevación de 3050 msnm; se evaluaron 200 accesiones de la colección de papa nativa donde se tomaron datos de tallo, hojas, flores, baya, tubérculo y brote de cada una de las accesiones. El manejo específico del experimento se realizó en tres etapas que se indican a continuación: 1. Propagación in vitro: 2. Enraizamiento de los esquejes: 3. Caracterización morfológica. La caracterización morfoagronómica se realizó de acuerdo a los descriptores propuestos por el Centro Internacional de la Papa Se usaron 33 descriptores cualitativos y 4 cuantitativos tomando datos de tallo, hojas, flores, bayas y tubérculos maduros. Para la caracterización morfológica de las 200 accesiones se emplearon 4 variables cuantitativas y 33 variables cualitativas siendo estos los descriptores seleccionados por Huamán en 1994 por ser los caracteres más consistentes y que más aportan en las caracterizaciones morfológicas. De los 33 descriptores cualitativos evaluados, 10 fueron significativamente discriminante: tres caracteres altamente significativos al 1% (Hábito de crecimiento de la planta, distribución del color secundario del brote, color secundario de la flor), siete significativos al 5% (Distribución del color secundario de la flor, color predominante piel del tubérculo, distribución del color secundario del tubérculo, color secundario del brote, distribución del color secundario de la carne del tubérculo, color predominante del brote, color predominante de la flor). De estos diez descriptores cualitativos discriminantes dos son de importancia comercial: color predominante piel del tubérculo y distribución del color secundario de la carne del tubérculo. A partir del algoritmo de Ward y tomado en cuanta una distancia Euclídea se generó un dendograma que muestra gráficamente la variabilidad y el parentesco genético entre las accesiones, formándose 3 grupos cada uno con características morfológicas similares. El análisis de componentes principales describe un 43,21% en el primer componente y 28,22% en el segundo dando un total de 71,73% de la varianza total. De los 33 descriptores cualitativos evaluados, 10 resultaron ser significativamente discriminante: Hábito de crecimiento de la planta, distribución del color secundario del brote, color secundario de la flor, distribución del color secundario de la flor, color predominante piel del tubérculo, distribución del color secundario del tubérculo, color secundario del brote, distribución del color secundario de la carne del tubérculo, color predominante del brote, color predominante de la flor.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DEL FIQUE (*FURCRAEA* SP), CULTIVO CON IMPORTANCIA COMERCIAL PARA LA PRODUCCIÓN DE FIBRAS NATURALES

Clara Inés Medina[1]; Maria O. Vargas[2]; Abelardo Osorio[2]; Mario Lobo A.[3]

[1] Investigador PhD. Centro de Investigación la Selva, Rionegro, Antioquia, Colombia. cmedina@corpoica.org.co

[2] Investigador de apoyo. Centro de Investigación la Selva, Rionegro, Antioquia, Colombia.

[3] Investigador PhD. Centro de Investigación la Selva, Rionegro, Antioquia, Colombia.

El fique (*Furcraea* sp.) o cabuya es una especie originaria de la América Tropical, en la región andina de Colombia y Venezuela. En Colombia se encuentra distribuida en 13 departamentos y aproximadamente en 72 municipios. Los 5 departamentos más productores son Cauca, Nariño, Antioquia, Santander y Boyacá. Pese a su importancia económica y amplia distribución en Colombiano se contaba con una colección de la especie y taxones relacionados, por lo cual en los años 2013 y 2014 Corpoica (Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria) realizó un proyecto de colecta y caracterización in situ en 11 departamentos del país, en el cual se obtuvieron 146 accesiones; se buscaba tener una primera colección ex situ y una aproximación de la variabilidad de los atributos morfológicos. En cada población encontrada, en 5 plantas por accesión, se aplicó una lista de descriptores morfológicos, desarrollados por Corpoica; mediante el empleo del coeficiente de Gower, se realizaron fenogramas de índole cualitativa, cuantitativa y cualitativa- cuantitativa que permitieron conocer la distribución de la variabilidad a nivel interpoblacional, así como entre regiones. Las poblaciones se localizaron entre los 170 a los 2.663 msnm, con el mayor número de poblaciones entre los 1419 a 2043 msnm. El polimorfismo cualitativo-cuantitativo superior fue obtenido con las tres primeras coordenadas principales, con un porcentaje acumulado del 87.86%; por su parte, la mayor contribución a la variabilidad de cada eje principal desde el uno hasta el tres se obtuvo con las variables: forma de tallo, existencia de propágulos, presencia de cera en las hojas, superficie del limbo en el haz, distribución de las espinas, largo de ancho (eje 1); presencia de cera, ancho de la hoja (eje 2) y color del haz, forma de las espinas en la parte media y en la parte basal (eje 3). A nivel del análisis de agrupamiento se formaron dos grupos, el primero con 26 poblaciones de los departamentos Antioquia, Boyacá, Caldas, Cundinamarca, Huila, Nariño, Norte de Santander, Tolima y Santander y, el segundo agrupamiento se formó, a 0.46 de similitud, con 55 materiales de Antioquia, Boyacá, Caldas, Cauca, Cundinamarca, Guajira, Huila, Nariño, Norte de Santander, Tolima y Santander. Con Los descriptores desarrollados han permitido describir la variabilidad in situ, lo cual traslada, el conjunto poblacional en conservación, de valor de existencia a valores de opción y utilización.

VARIABILIDAD AGROECOLÓGICA DE LOS SITIOS DE COLECTA DE MATERIALES DE FIQUE (*FURCRAEA* SP.) EN COLOMBIA

Luz Adriana Vásquez Gallo[1], Germán Ríos Gallego[2], Clara Inés Medina Cano[3]

[1] Investigadora M.Sc C.I. La Selva Corpoica, Antioquia. lvasquez@corpoica.org.co
[2] Ingeniero Agrónomo M.Sc. grios@gmail.com

[3] Investigador Ph.D La Selva Corpoica, Antioquia, cmedina@corpoica.org.co

La caracterización y el análisis de las áreas productoras y del sistema de producción de fique es fundamental para determinar y cuantificar las características de los componentes que conforman su estructura, para entender las interacciones que definen su funcionamiento. El presente trabajo se llevó acabo en 11 departamentos de Colombia, durante los años 2013 y 2014, se hizo colecta de 146 materiales de fique y se caracterizaron in-situ morfoagronomicamente 74 de ellas. Para la realización de este estudio se identificaron los principales departamentos productores de fique. Con información secundaria suministrada por diferentes entidades públicas y privadas se identificaron los principales municipios, veredas y número de productores de fique, igualmente se obtuvo la información relacionada con superficie cultivada de fique en Colombia. Posteriormente se procedió hacer la caracterización morfoagronómica entre 3 a 10 plantas y se llenó un pasaporte que indica la ubicación del sitio de colecta (nombre del propietario, tipo de terreno, vegetación aledaña, etc.). Las fincas donde se realizaron las colectas fueron georreferenciadas para ubicarlas espacialmente en mapas a nivel nacional, departamental y municipal a cada finca identificada se sobrepuso o cruzo el mapas de zonas agroecológica homogéneas (ZAH), a través del software ArcGis versión 9.2 y la extensión 3D. (Esri, 2006). Las ZAH conforman espacios claramente delimitados, en donde interactúan variables agrofísicas (IGAG-ICA, 1985). Los cultivos se encuentran sembrados entre los 170 y 2633 msnm, en diferentes regiones naturales y están ubicados en 52 zonas agroecológicas homogéneas definidas por variables físicas y agroclimáticas como son: piso térmico, temperatura, provincia de humedad, precipitación, paisaje, tipo de relieve, pendientes, profundidad, drenaje natural, fertilidad natural, erosión, variables que junto con rendimientos y manejo del cultivo dan criterios para determinar la aptitud de las zonas para este cultivo. En los 61 municipios y las 72 veredas visitadas se encontraron cinco ecotipos de fique: Bordo de oro (*Furcraea castilla*), Uña de Águila (*Furcraea macrophylla*), Ceniza (*Furcraea cabuya*), Ayalero y Tunosa Común (*Furcraea gigantea*) además de otros materiales que los productores los identifican con nombres locales. Hay cuatro ecotipos que están distribuidos en 11 departamentos, sembrados en zonas agroecológicas con variación en condiciones agroclimáticas, lo que podría indicar que este género *Furcraea* sp., tiene una de alta adaptabilidad, siendo esto una ventaja comparativa porque favorece las siembras en diferentes zonas y con diferentes ecotipos de acuerdo a las exigencias de los compradores o compañías de empaque. Los cultivos de fique o ecotipos aislados se identificaron principalmente en el clima medio 46.08% con las zonas agroecológicas PM, PA, QM, QP, QA y QL, le siguen el clima frio con 30.73% con las zonas agroecológicas HM, KL, KP, KM, LM, MM y finalmente en el clima cálido están el 23.2% con las zonas agroecológicas VM, WV, WL, WP, WM. Los cultivos de fique se siembra en relieves quebrados incidiendo en un manejo especial para la conservación del suelo.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

EL ECOTURISMO COMO HERRAMIENTA PARA LA CONSERVACIÓN *IN SITU* DE RECURSOS FITOGENÉTICOS. ESTUDIO DE CASO: EL PALMAR DE CASTILLOS (ROCHA, URUGUAY)

Nicole Portes[1], Mercedes Rivas[2]

[1] Estudiante Licenciatura en Gestión Ambiental, Centro Universitario Regional Este - Universidad de la República, Rocha, Uruguay, nicole.portes@hotmail.com

[2] Ing. Agr. Dra., Facultad de Agronomía y Centro Universitario Regional Este – Universidad de la República, Rocha, Uruguay, mrivas@fagro.edu.uy

Globalmente se apuesta a la utilización sostenible de la biodiversidad como respuesta a la necesidad de conjuntar productividad y beneficios económicos con la conservación de los recursos naturales. En este marco, la utilización sostenible de los recursos fitogenéticos y la conservación in situ van unidas. No siendo ajeno a este paradigma, entre otras acciones la UNESCO en 1976 denominó a los Bañados del Este como Reserva de Biósfera. Dentro de la Reserva tiene lugar una distinguida formación vegetal: los palmares de butiá. Por su singularidad, su valor de biodiversidad, paisajístico, cultural y por los usos tradicionales, el palmar es un sitio privilegiado para la práctica del ecoturismo. Actualmente el palmar se encuentra conformado principalmente por individuos centenarios, no ocurriendo regeneración de individuos como consecuencia de actividades antrópicas (intensificación agrícola y sobrepastoreo) que dificultan la supervivencia de suficientes renuevos. Para conservar este ecosistema debe apuntarse a la valorización de los recursos que lo conforman, potenciar las prácticas tradicionales fomentando el desarrollo local e incentivar la utilización sostenible teniendo en cuenta la multifuncionalidad del territorio. El ecoturismo y en particular los circuitos ecoturísticos son una herramienta para cumplir estas metas, generando una visión común del territorio. Este proyecto es un trabajo final de la licenciatura en Gestión ambiental de la Universidad de la República cuyo objetivo es avanzar en la elaboración, diseño, ejecución y puesta en marcha de una ruta ecoturística de modo de aportar a la difusión, valorización, conservación y uso sostenible del palmar de butiá. El producto turístico integra tanto elementos del patrimonio natural como del cultural tangible e intangible, abarcando desde oficios antiguos, tradiciones locales, recetas, gastronomía, expresiones artísticas, artesanías, arquitectura, paisajes, fauna, flora y cuerpos de agua entre otros. Se tiene como punto de partida el trabajo realizado en taller interdisciplinario de tópicos regionales III, asignatura medular de la licenciatura, en el marco del cuál se obtuvo en 2013 la percepción y visión de varios actores sobre la posible implementación de la ruta. Para continuar esta línea y definir la ruta se articulan y fomentan espacios de intercambio entre los actores locales, la academia y actores gubernamentales, realizando talleres y entrevistas para lograr integrar, vincular y hacer partícipes a los actores durante todo el proceso.

Agradecimiento: Agencia Nacional de Investigación e Innovación.

PROSPECCIÓN DE VARIEDADES CRIOLLAS HORTÍCOLAS Y CONOCIMIENTOS TRADICIONALES ASOCIADOS EN EL PALMAR DE CASTILLOS (ROCHA)

Sara Pereira[1], Alejandra Calvete[2], Beatriz Bellenda[3], Margarita García[4], Guillermo Galván[5], Mercedes Rivas[6]

[1] Estudiante Ingeniería Agronómica, Facultad de Agronomía y Centro Universitario Regional Este - Universidad de la República, Rocha, Uruguay, saritapeca7@gmail.com

[2] Ing. Agr. Centro Universitario Regional Este - Universidad de la República, Rocha, Uruguay, alejandracalvete@gmail.com

[3] Ing. Agr. MSc. Facultad de Agronomía - Universidad de la República, Montevideo, Uruguay, bbellenda@fagro.edu.uy

[4] Ing. Agr. MSc. Facultad de Agronomía - Universidad de la República, Montevideo, Uruguay, horti@fagro.edu.uy

[5] Ing. Agr. Dr. Facultad de Agronomía - Universidad de la República, Montevideo, Uruguay, horticrs@fagro.edu.uy

[6] Ing. Agr. Dra. Facultad de Agronomía y Centro Universitario Regional Este – Universidad de la República, Rocha, Uruguay, mrivas@fagro.edu.uy

Uruguay, si bien no es Centro de Diversidad primario para casi ninguna especie hortícola, cuenta con diversidad propia. Esta diversidad se generó a partir de la introducción de especies hortícolas por los inmigrantes y su posterior manejo, selección y continua multiplicación por parte de los productores en condiciones locales. Con el objetivo de aportar información para la revalorización de los Recursos Genéticos de variedades criollas hortícolas y sus conocimientos tradicionales asociados, se realizó una prospección en la zona del Palmar de Castillos en el departamento de Rocha. La metodología de abordaje fue a través de entrevistas semiestructuradas a productores y a informantes calificados de la zona. Se obtuvieron datos sobre el funcionamiento de los sistemas productivos, las relaciones entre productores e instituciones, el intercambio de semillas y de saberes, el manejo, métodos de conservación, usos y conocimientos asociados de las variedades criollas. Hasta el momento se han identificado más de un 50% de productores entrevistados que mantienen por lo menos una variedad criolla y que poseen un conjunto de conocimientos sobre ellas que les han permitido conservarlas *in situ* a lo largo de varias generaciones. La mayor diversidad se ha observado en cultivos de boniato, zapallo, poroto y maíz, donde se verificaron - dependiendo del cultivo - diferencias en tamaños, formas, colores, tiempos de conservación y formas de uso. El lugar que ocupan en la actualidad las variedades criollas es menor al que ocupaban décadas atrás, debido a la migración rural y al cambio en los sistemas productivos. Hoy son cultivadas en esta zona en pequeñas superficies próximas a la unidad doméstica y mayoritariamente para autoconsumo. Los resultados obtenidos hasta la fecha alientan la elaboración de estrategias destinadas a la conservación, promoción del uso de estos recursos fitogenéticos en la producción agroecológica de alimentos y la valorización de los saberes y modos de vida de estos agricultores familiares.

Agradecimiento: Agencia Nacional de Investigación e Innovación.

RECURSOS FITOGENETICOS NATIVOS Y CONOCIMIENTOS TRADICIONALES ASOCIADOS EN EL PALMAR DE CASTILLOS (ROCHA), URUGUAY

Alejandra Calvete[1]; Sara Pereira[2]; Mercedes Rivas[3]

[1] Ing. Agr. Centro Universitario Regional Este, Universidad de la República, Rocha, Uruguay, alejandracalvete@gmail.com

[2] Estudiante Ingeniería Agronómica, Facultad de Agronomía y Centro Universitario Regional Este, Universidad de la República, Rocha, Uruguay, saritapeca7@gmail.com

[3] Ing. Agr. Dra. Facultad de Agronomía y Centro Universitario Regional Este, Universidad de la República, Rocha, Uruguay, mrivas@fagro.edu.uy

El palmar de Castillos (*Butia odorata* (Barb. Rodr.) Noblick) es un ecosistema único por su diversidad biológica y cultural. Debido a su fragilidad ha sido objeto de diversos estudios para contribuir a la conservación *in situ* y el desarrollo sostenible. En este contexto se estableció como objetivo identificar los recursos fitogenéticos y sus conocimientos tradicionales asociados en forma conjunta con los actores locales. Se realizaron entrevistas semiestructuradas a partir de una pauta y se tomó registro de audio. Se establecieron recorridas de campo con los entrevistados registrando saberes y colectando materiales vegetales para su identificación. A partir de la transcripción de las entrevistas se generó una base de datos que incluye la identificación del entrevistado, especie, coordenadas, ambiente dentro del predio y uso-conocimiento asociado. Se determinaron 9 categorías de uso: alimentaria, aromática, construcción, forraje, frutal, maderable, medicinal, ornamental y otros. Los resultados preliminares muestran que los productores familiares conservan y manejan un importante número de especies y conocimientos. Un total de 25 especies introducidas y 105 nativas fueron identificadas como recursos fitogenéticos por los actores locales. Para la categoría alimentaria y frutal se destaca *Butia odorata* (*Butiá*), cuyo fruto comestible es empleado en la elaboración de productos alimenticios desarrollados artesanalmente y por empresas familiares. Además se registraron otros seis usos para esta especie, destacándose como especie multipropósito. En la categoría materiales para la construcción, se reconoció el uso de la fibra de *Panicum prionitis* Nees (*Paja brava*, gramínea) para el techo de viviendas, la madera de *Zanthoxylum fagara* (L.) Sarg. (*Culantrillo*, especie arbórea) para porteras de establecimientos y *Bromelia antiacantha* Bertol. (*Bananita de bañado)* en cercos. *Myrsine parvula* (Mez) Otegui (*Canelón cascarudo*, arbórea) y *Citharexylum montevidense* (Spreng.) Moldenke (*Tarumán)* son empleadas en ebanistería. Por otra parte se destaca por sus propiedades caloríficas para cocinar, la madera de *Dodonaea viscosa Jacq.* (*Chirca de monte,* arbustiva) y *Baccharis aliena* (Spreng.) Joch.Müll. (*Romerillo,* arbustiva). Los entrevistados conservan en sus jardines un grupo de plantas medicinales, entre ellas se destacan *Tragia pinnata* (Poir.) A. Juss. (*Alivialotodo*, herbácea) como analgésico, *Verbena intermedia* Gillies & Hook. ex Hook (*Tallito* o *Palito cuadrado*, herbácea) como digestivo y para afecciones hepáticas, *Blepharocalyx salicifolius* (Kunth) O. Berg (A*rrayán*, arbórea*)* para los síntomas de gripe y resfrío, y *Tripodanthus acutifolius* (Ruiz & Pav.) Tiegh (*Yerba del pajarito*, epífita) por sus propiedades antialérgicas. Entre las especies ornamentales se encontró el cultivo de *Dyckia remotiflora* Otto & A. Dietr. (bromelia nativa) y un grupo con potencial ornamental perteneciente a los géneros *Glandularia, Ipheon y Habranthus.* Las gramíneas del género *Paspalum* fueron mencionadas como forrajeras y en épocas de déficit se le ofrece al ganado hojas de *Myrsine párvula*. Finalmente se enfatiza el servicio ecosistémico de *Scutia buxifolia* Reissek (*Coronilla*, arbórea) ya que es refugio para aves, mamíferos autóctonos y ganado. La diversidad de recursos fitogenéticos y saberes asociados en el territorio del palmar de Castillos fortalece la propuesta de conservación y utilización sostenible de este paisaje multifuncional.

Agradecimientos: Productores familiares del Palmar de Castillos, ANII, CURE, UdelaR.

RECURSOS GENETICOS DE BERRIES EN AMERICA. OPORTUNIDAD ECONOMICA Y RETOS DE COLABORACION

Sergio Segura Ledesma[1]; José López Medina[2]

[1]CRUCO-U.A. Chapingo. Perif. Indep. 1000. 58170, Morelia. Michoacán. MEXICO. ssegura@correo.chapingo.mx

[2] Fac. Agrobiología UMSNH, Lázaro Cárdenas y Berlín S/N, 60170, Uruapan, Michoacán, MEXICO

En América se distribuyen de manera natural especies de Frutos pequeños o Berries de los géneros *Fragaria* L., Duchesnea Smith, (Fresas), *Rubus* L. (Zarzamoras y Frambuesas), *Ribes* L. (Grosellas) y *Vaccinium* L. (Arándanos). Nuestro continente es el principal productor de estos frutos con 1,953,149.74 Ton. de fresas, 178,746.00 Ton. de Zarzamoras, 131,402.00 de Frambuesas y 360,078.00 Ton. de Arándanos. El cultivo de Berries está en plena expansión en la región debido a los precios del mercado Norteamericano durante su invierno y por un creciente consumo en América Latina y el Caribe. Los gobiernos de Chile, Argentina, Uruguay, Brasil, Guatemala, México y más recientemente Perú y Colombia han declarado su promoción como política agrícola prioritaria y se aprestan a conquistar mercados asiáticos. Compañías nacionales y transnacionales también promocionan su cultivo ofreciendo créditos y asegurando la compra de la producción. La disponibilidad del agua de buena calidad y de mano de obra están siendo dos factores que condicionan el establecimiento de estos cultivos. La creación varietal de Berries para bajo requerimiento de frío de programas estadounidenses también contribuyó de manera notable al éxito de estos frutales. Programas de Compañías y Universidades de América Latina también están dinámicamente generando nuevas variedades. Los objetivos del mejoramiento genético han sido desarrollar plantas con frutos más grandes, con buen sabor y aumentar la productividad por unidad de superficie principalmente. El trabajo genético ahora precisa ampliarse a ofrecer frutos con cualidades nutracéuticas y a generar plantas resistentes a enfermedades para usar menos pesticidas en su cultivo. La conservación del germoplasma, por su parte, no está recibiendo atención, salvo en los Estados Unidos. Las especies nativas aprovechadas desde tiempos prehispánicos están siendo desplazadas por los cultivares, dos ejemplos notables son *Rubus adenotrichos* y *R. glaucus* en Mesoamérica y la Región Andina respectivamente. Ante esta situación se propone la creación de una Plataforma de Trabajo en Berries en América donde la creación varietal, el aprovechamiento *in situ* y la conservación *ex situ* sean complementarios y propios de las regiones. Nuestro propósito es de aprovechar el conocimiento que ya existe de los recursos genéticos de este grupo de frutales en el continente potenciando su valoración por los altos precios en el mercado internacional.

Agradecimientos: A la Fundación Produce Michoacán A.C. y a la DGIP de la UACh

EL MEJORAMIENTO GENETICO DE FRUTALES EN LOS ESTADOS UNIDOS: IMPLICACIONES PARA LATINOAMERICA Y EL CARIBE

Jonathan Fresnedo Ramírez[1]

[1] BRC Bioinformatics Facility, Institute of Biotechnology-Cornell University, Ithaca, New York, USA, jfresnedo@cornell.edu

En los últimos diez años diversos grupos de investigación en los Estados Unidos de América (EUA) han conjuntado esfuerzos y experiencia para crear consorcios de investigación colaborativa sobre especies frutales. Tales consorcios permiten a investigadores, equipos y universidades e instituciones de investigación evitar competencia por financiamiento, mientras se estrechan lazos de cooperación científica y se obtienen resultados más rápidamente. Dichos grupos acceden a financiamientos multianuales y multimillonarios que permiten el desarrollo y aplicación de, principalmente, recursos genómicos que permiten investigar, caracterizar y explotar el potencial genético contenido en el germoplasma de programas de mejoramiento de distintos cultivos frutales en los EUA. En el presente trabajo se abordan los casos del proyecto RosBREED, enfocado en especies comerciales de la familia Rosaceae, principalmente, durazno [*Prunus persica* (L.) Batsch], fresa (*Fragaria* × *ananassa* Duchesne) y manzana (*Malus domestica* Borkh.), y al proyecto VitisGen, enfocado en vid/uva (*Vitis vinifera* L.) para vino, mesa y pasa. Ambos consorcios poseen, también, componentes para estudios socioeconómicos y de extensión, además de creación de capacidades. RosBREED y VitisGen son similares con respecto a metas, objetivos y modos de operación, sin embargo, han empleado diferentes estrategias para desarrollar recursos técnicos y científicos que permitan el estudio más eficiente de los cultivos pertinentes a cada consorcio. A destacar, se encuentran el desarrollo de herramientas técnicas (v.gr. chips) para genotipado masivo (high-throughput genotyping), protocolos estandarizados para evaluación fenotípica de diversos caracteres en progenies y el empleo de estrategias de análisis usadas principalmente en mejoramiento de animales (análisis de pedigrí). Tales desarrollos han permitido hacer más eficaz la producción, acumulación, síntesis y análisis de información genómica (partiendo desde el mapeo genético y de QTLs hasta el mejoramiento asistido por marcadores), así mismo como las estrategias a seguir para desarrollar conocimiento aplicado al mejoramiento y producción de los cultivos. Sin embargo, en los componentes de extensión y desarrollo de capacidades y capital humano se encuentran sus mayores deficiencias y desafíos a resolver. Ambos consorcios, aunque tienen convenios de colaboración con la iniciativa privada, la adopción del conocimiento obtenido en los proyectos aún está lejos de ser aplicado y aprovechado. Respecto al desarrollo de capital humano, el consorcio RosBREED tiene un plan estructurado dando énfasis a la interacción de estudiantes de posgrado y mejoradores a través de la figura del “mejorador en entrenamiento”, mientras el proyecto VitisGen enfatiza la impartición de talleres a investigadores. Ambos consorcios son modelos que están cambiando paradigmas de cómo acceder y desarrollar infraestructura de investigación para especies frutales en los EUA y si bien, las condiciones de legislación, medios para acceder al financiamiento y capacidades son distintas en América Latina y el Caribe, parte de las experiencias generadas en RosBREED y VitisGen pueden ser de utilidad para orientar estrategias de investigación colaborativa, dimensionar el beneficio-costo de la aplicación de plataformas de genotipado masivo, optimizar los recursos, experiencia e información ya acumulada y también para tomar en cuenta metodologías que impidan el dispendio de recursos.

Agradecimientos: Al convenio UC-MEXUS-CONACYT, al proyecto RosBREED y al proyecto VitisGen.

Sessão STO6 (14:00 - 16:00) - SESSÃO TÉCNICA ORAL 6 - RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS
Coordenadora: Sueli Correa Marques de Mello (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Sala Assemblage

14:00 AVALIAÇÃO DE POPULAÇÕES DE FUNGOS DO GÊNERO TRICHODERMA EM ECOSSISTEMAS NATURAIS E AGROECOSSISTEMAS DO BIOMA CERRADO
João Batista Tavares Silva[1], José Eustáquio Menêzes[1], Joseane Padilha Silva[1], Sueli Correa Marques de Mello[1]; *[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

14:10 IN THE HUNTING FOR NOVEL ANAEROBIC CELLULOLYTIC VIBRIOS FROM COLOMBIAN NATIVE CATTLE
Juan Camilo Ovalle, Fernando Rodriguez Villamizar[1], Rocio Fenney Herrera, Carolina González Almario, Hugo Rodolfo Jímenez; *[1]Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Colombia*

14:20 PROSPECÇÃO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS E SEU POTENCIAL PARA A DESCONSTRUÇÃO DE BIOMASSA LIGNOCELULÓSICA
Letícia Batista Merêncio Lima[1], Micaele Ferreira Caratti, Ana Carolina Martins Gonçalvez Silva, Thais F.c. Salum, Welington L. Araújo, Maria Carolina Quecine-Verdi, Betania Ferraz Quirino, Léia Cecília de Lima Fávaro; *[1]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Agroenergia - Brazil*

14:30 AVANCES EN LA CONSERVACIÓN DE LOS RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS EN URUGUAY
Nora Altier[1]; *[1]Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria - Uruguay*

14:40 EXPERIENCIA DE INIA/CHILE COMO AUTORIDAD DE DEPÓSITO INTERNACIONAL PARA MICROORGANISMOS DE USO AGRÍCOLA
Andrés France[1]; *[1]Instituto de Investigaciones Agropecuarias - Chile*

14:50 RED DE RECURSOS GENETICOS MICROBIANOS DEL INTA
Alejandro Perticari[1]; *[1]Instituto de Nacional de Tecnología Agropecuaria - Argentina*

15:00 PROSPECÇÃO DE FUNGOS ENDOFÍTICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA PRODUÇÃO DE ENZIMAS LIGNOCELULOLÍTCAS.
Gleiciane Pinheiro de Sousa[1], Paula M.d. Jaramillo, Thais D. Mendes, Thais F.c. Salum, Welington L. Araújo, Léia Cecília de Lima Fávaro; *[1]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Agroenergia - Brazil*

15:10 ANÁLISE HISTOQUÍMICA DE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS ISOLADOS DE PINUS
Celso Garcia Auer[1], Beatriz Cristina Konopatzki Hirota, Camila Freitas de Oliveira, Cristiane da Silva de Paula de Oliveira, Cristiane Bezerra da Silva, Katlin Sullen Rech, Paula Francislaine Moura, Maislian de Oliveira, Marilis Dallarmi Miguel; *[1]Embrapa Florestas - Brazil*

15:20 CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS ASOCIADAS A SUELO RIZOSFERICO DE MAÍZ RAZA ZAMORANO AMARILLO CON POTENCIAL BIOTECNOLOGICO.
Alba Margarita Hernandez Ibañez[1], Ramón Ignacio Arteaga Garibay[1], Marcos Daniel Martinez Peña[1], Maria Micaela Gomez Estrada[1], Maria de Jesus Gomez Lizarddi[1]; *[1]INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES FORESTALES AGRICOLAS Y PECUARIAS - Mexico*

15:30 CARACTERIZACIÓN Y APROVECHAMIENTO DE LA DIVERSIDAD MICROBIANA DE LOS BANCOS DE GERMOPLASMA DE LA NACIÓN COLOMBIANA
Carolina González[1], Alejandro Caro, Daniel Ausgusto Bravo, Luz Stella Barrero; *[1]Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria - Colombia*

15:40 MELHORAMENTO GENÉTICO CONVENCIONAL DE ASPERGILLUS NIGER 3T5B8 VISANDO AUMENTO DA PRODUÇÃO DE ENZIMAS PARA DESCONSTRUÇÃO DE BIOMASSA
Jhessica Couto Araújo[1], Thais D. Mendes[1], Edna M. M. Oliveira[2], Mônica C. T. Damaso[1], Léia Cecília de Lima Fávaro; *[1]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Agroenergia - Brazil, [2]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Brazil*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Quarta-feira, 28 de outubro

Sessão STO6 (14:00 - 16:00)

SESSÃO TÉCNICA ORAL 6 - RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS Coordenadora: Sueli Correa Marques de Mello (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Sala Assemblage

AVALIAÇÃO DE POPULAÇÕES DE FUNGOS DO GÊNERO TRICHODERMA EM ECOSSISTEMAS NATURAIS E AGROECOSSISTEMAS DO BIOMA CERRADO

João Batista Tavares da Silva[1], José Eustáquio Menêzes[2], Joseane Padilha Silva[3], Sueli Corrêa Marques de Mello[4]

[1] Microbiologia, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, e-mail: joao.tavares@embrapa.br

[2] Fitotecnia, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, e-mail: jose.menezes@embrapa.br

[3] Estatística, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, e-mail: joseane.padilha@embrapa.br

[4] Fitopatologia, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, e-mail: sueli.mello@embrapa.br

Várias espécies de *Trichoderma* abrigam linhagens utilizadas como agentes de biocontrole de fitopatógenos, promotores de crescimento e indutores de resistência de plantas a doenças. Além disso, fungos desse gênero, do modo geral, são importantes para a sustentabilidade dos ecossistemas naturais. Este trabalho foi conduzido com o objetivo de avaliar a ocorrência e densidade populacional de *Trichoderma* spp. em solos cultivados e não cultivados do bioma Cerrado. Amostras de solos e de raízes oriundos de vegetação nativa e de sistemas de produção no modelo agroecológico foram coletadas a partir de vegetais saudáveis em área de cerrado do Distrito Federal e entorno. Os pontos de coleta foram selecionados aleatoriamente e cada amostra de solo e de raízes foi acondicionada individualmente e, destas, removeram-se as porções do solo aderido. De cada amostra, porções de 10g foram colocadas em frascos Erlenmeyer, suspensas em 90 ml água estéril e agitadas por 180 rpm a 25°C, por 40 minutos. Após, as suspensões foram diluídas em diferentes concentrações e 100 µL de cada diluição foram semeados em placas de Petri, contendo meio de Martin. As placas foram incubadas a 25ºC em BOD por dois dias no escuro, seguidos de exposição ao fotoperíodo de 12 horas. As culturas foram avaliadas diariamente até o aparecimento de colônia típica do gênero *Trichoderma* que foi considerada como unidade formadora de colônia (UFC). Das amostras estudadas, foram obtidos 530 isolados de *Trichoderma*, sendo 361 provenientes de agroecossistemas (produção orgânica) e 169 de ecossistemas naturais. Os resultados mostraram que o número de UFC de *Trichoderma* variou dependendo da planta e localidade avaliada. A substituição da vegetação nativa por sistemas de cultivo orgânicos não causou importante redução nesse número. Apesar de o gênero *Trichoderma* ser um dos principais elementos da microbiota fúngica dos solos de todo o mundo, o entendimento da sua distribuição real e da dinâmica populacional desse gênero em associações com diferentes plantas e solos estão ainda sendo investigadas e este trabalho trás importante contribuição a estas investigações.

IN THE HUNTING FOR NOVEL ANAEROBIC CELLULOLYTIC VIBRIOS FROM COLOMBIAN NATIVE CATTLE

Juan Camilo Ovalle[1]; Fernando Rodríguez Villamizar [2]; RocioFenney Herrera[3]; Carolina González Almario[4], Hugo Rodolfo Jímenez[5]

[1]Bacteriologist, Corpoica, Mosquera, Cundinamarca, Colombia, jovallem@corpoica.org.co

[2]Ph.D. Microbiology, Corpoica, Mosquera, Cundinamarca, Colombia, frodriguez@corpoica.org.co

[3]Zootechnician-Animal Husbandry, Corpoica, Mosquera, Cundinamarca, Colombia, rherrera@corpoica.org.co

[4]Ph.D. Biology, Corpoica, Mosquera, Cundinamarca, Colombia, cgonzaleza@corpoica.org.co

[5]Ph.D. Microbiology, Corpoica, Mosquera, Cundinamarca, Colombia, hjimenez@corpoica.org.co

Ruminal strict anaerobic bacteria are among the most fibrolytic microbes living on the planet. On the contrast to the cellulolytic *Ruminococcus* and *Fibrobacter*, motility allows vibrios to reach almost any niche in the complex digesta of the rumen bovine compartment. Rumen sac of the native Colombian cattle "Casanareño" was explored in the pursue of finding and isolating novel ruminal fibrolytic vibrios. Rumen content was collect by using an oro-esophagic probe and stored in a sealed anoxic vessel at 39 °C until its processing in the lab. Under strict anaerobic conditions and CO_2 gassing, rumen content material was serially diluted using anaerobic solution and transferred to anaerobic cellulose paper broth for further cultivation. Selective media containing complex structural carbohydrates such as craft paper, cellulose paper, carboxymethyl cellulose (CM), oat xylan and oat straw was also used to apply selective pressure on bacterial fibrolytic degraders. Purity of the isolates was verified on the microscope after continue culture media transferring. Microbial isolates were stored in media broth after aliquoting the cell suspension into cryogenic screw-caps. Bacterial identification was pursue by sequencing the amplified 16S rRNA gene by PCR. Blast search analysis revealed the presence of the species *Butyrivibrio xylanosolvens*, *Butyrivibrio fibrisolvens*, and *Pseudobutyrivibrio ruminis* as the most abundant fibrolytic ruminal microbes collected from the Casanareño Cattle.

PROSPECÇÃO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS E SEU POTENCIAL PARA A DESCONSTRUÇÃO DE BIOMASSA LIGNOCELULÓSICA

Letícia B. M. Lima[1]; Micaele F. Caratti[1]; Ana Carolina M. G. Silva[1]; Thais F. C. Salum[2]; Welington L. Araújo[3]; Maria C. Quecine[4]; Betania F. Quirino[5]; Léia C. L. Fávaro[5]

[1] Graduação em Ciências Biológicas, UnB, Brasília, DF, Brasil, leticia.lima@colaborador.embrapa.br; micaele.caratti@colaborador.embrapa.br; ana.martins@colaborador.embrapa.br

[2] Pesquisadora, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, Brasil, thais.salum@embrapa.br

[3] Professor, Depto. de Microbiologia, USP, São Paulo, SP, Brasil, wlaraujo@usp.br

[4] Professora, Depto. de Genética, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", USP, Piracicaba, SP, Brasil, mquecine@gmail.com

[5] Pesquisadora, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, Brasil, betania.quirino@embrapa.br; leia.favaro@embrapa.br

O interesse na utilização de biomassa lignocelulósica para a produção de biocombustíveis e químicos renováveis tem despertado a atenção da comunidade científica para os desafios que precisam ser vencidos. A sacarificação eficiente da biomassa continua a ser um desafio devido ao alto custo de enzimas para o processo de hidrólise enzimática. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi prospectar bactérias da "Coleção de Microrganismos Aplicados a Agroenergia e Biorrefinarias" provenientes de diferentes biomas brasileiros, bem como selecionar e identificar taxonomicamente linhagens produtoras de enzimas lignocelulolíticas. Para tanto, bactérias endofíticas (6.816 linhagens) das espécies de plantas *Saccharum officinarum*, *Eucalyptus* sp., *Glicine max*, *Paullinia cupana*, *Utricularia* sp., *Tecoma stans*, *Blechnum brasiliense*, *Rhizophora mangle*, *Avicennia nitida* e *Laguncularia racemosa* foram avaliadas quanto à capacidade de degradação dos substratos carboximetilcelulose (CMC), xilana, pectina, amido, ABTS {ácido 2,2'-azino-bis-3-etilbenzotiazolina-6-sulfônico} e RBBR {Remazol Brilliant Blue R}. As linhagens foram submetidas a duas etapas de triagem. A primeira triagem foi realizada em duplicata para as 6.816 bactérias e avaliou-se a presença ou ausência de halo de degradação nos diferentes substratos. As bactérias foram cultivadas em meio de cultura TSB em microplacas de 96 poços e em seguida foram inoculadas nos meios de cultura seletivos, com auxílio de repicador de 96 fios. As linhagens que degradaram CMC e xilana na primeira etapa foram submetidas a uma segunda triagem, que foi realizada em experimentos com quatro repetições, de modo a se obter o índice enzimático (IE = diâmetro do halo/diâmetro da colônia). As bactérias selecionadas foram identificadas por meio da análise da região 16S do DNA ribossômico. Os resultados da primeira triagem mostraram que 22,1%, 3,4%, 0,5% e 0,8% das linhagens degradaram CMC, xilana, pectina e amido, respectivamente. Não houve degradação de ABTS e RBBR. Na segunda etapa de triagem foram avaliadas 940 bactérias degradadoras de CMC e 144 bactérias degradadoras de xilana. Os resultados mostraram que 35,9% das bactérias degradaram CMC e 26,3% degradaram xilana. Vinte e duas linhagens que apresentaram os maiores valores de índice enzimático em CMC (índice enzimático de 6,0 a 16,4) foram identificadas como pertencentes ao Filo Firmicutes e ao gênero *Bacillus*. Duas espécies de *Bacillus* (*B. aerius* e *B. methylotrophicus*) foram, pela primeira vez, descritas como produtoras de celulases. Este trabalho demonstrou que bactérias associadas a plantas são uma fonte prolífica de novas linhagens com potencial biotecnológico. A identificação taxonômica das bactérias selecionadas está em andamento e poderá revelar outras espécies com potencial de produção de enzimas para utilização como suplemento de coquetéis enzimáticos para hidrólise de biomassa, dentro do conceito de biorrefinarias. Além disso, este trabalho contribui para a agregação de valor ao germoplasma microbiano mantido na Embrapa Agroenergia.

Agradecimentos: CNPq e Embrapa.

AVANCES EN LA CONSERVACIÓN DE LOS RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS EN URUGUAY

Nora Altier[1]

[1] Ing.Agr., M.Sc., Ph.D., Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, INIA Las Brujas, Canelones, Uruguay, naltier@inia.org.uy

En Uruguay, diversas instituciones cuentan con laboratorios y grupos de investigación que trabajan en recursos genéticos microbianos de importancia agrícola, ambiental y agroindustrial, existiendo un número significativo de colecciones de microorganismos de interés científico, productivo y de servicio, que conservan más de 10.000 cepas. En su gran mayoría se trata de centros de investigación (Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria-INIA, Instituto de Investigaciones Biológicas Clemente Estable-IIBCE, Instituto Pasteur Montevideo, Laboratorio Tecnológico del Uruguay-LATU) y unidades académicas de la Universidad de la República, que mantienen colecciones de trabajo de carácter público o de acceso restringido. No existe una única colección nacional de recursos genéticos microbianos, aunque se trabaja actualmente en una iniciativa para sistematizar el conocimiento sobre las colecciones (ubicación, tipo de microorganismos que reúnen, objetivos), así como sobre los recursos humanos y económicos con que cuentan. Se prioriza la documentación de las colecciones existentes, impulsando acciones de coordinación para mejorar la infraestructura y gestión de las mismas, así como la formación y capacitación continua de sus recursos humanos. El estado de desarrollo de las mismas es variado; algunas colecciones son de muy reciente creación y otras tienen más de 50 años de existencia. Un ejemplo lo constituye la Colección Nacional de Cepas de Rizobios de Uruguay (CNCRU), que se inició en la década del sesenta, y es gestionada actualmente en el marco de un convenio de cooperación interinstitucional entre el Ministerio de Ganadería, Agricultura y Pesca (MGAP) y el INIA. Por este convenio, el MGAP conserva la titularidad de la colección e INIA realiza la curaduría de la misma y la tarea de suministrar las cepas oficialmente recomendadas por el MGAP a las industrias fabricantes de inoculantes. Recientemente, la CNCRU fue indexada en la WFCC (WDCM-CCINFO 1082, http://www.wfcc.info/ccinfo/index.php/collection/by_id/1082/), constituyendo la primera colección registrada para Uruguay. INIA y las demás instituciones nacionales han priorizado la valoración de los microorganismos para su uso potencial en la promoción del crecimiento vegetal (fijadores de nitrógeno, solubilizadores/mineralizadores de fósforo), el control biológico de enfermedades y plagas agrícolas y forestales, la sanidad vegetal, la salud animal, la alimentación, los procesos agroindustriales, la bioremediación y el uso como indicadores de calidad ambiental. A nivel regional, INIA-Uruguay ha participado activamente de la Plataforma de Recursos Genéticos (REGENSUR) del PROCISUR y es miembro de la Federación Latinoamericana de Colecciones de Cultivos (FELACC). El foco de la REGENSUR ha sido establecer una red de trabajo en relación a los recursos genéticos microbianos dentro de los países de la región, con la finalidad de desarrollar investigación, intercambiar conocimientos, cepas, respaldo de colecciones e información, y custodiar los recursos genéticos *ex situ*. Las principales líneas de acción de la red promueven la cooperación para la preservación y la caracterización de los recursos genéticos microbianos, tareas indispensables para darle funcionalidad y valor a las colecciones.

EXPERIENCIA DE INIA/CHILE COMO AUTORIDAD DE DEPÓSITO INTERNACIONAL PARA MICROORGANISMOS DE USO AGRÍCOLA

René Andrés France Iglesias[1]

[1] INIA Quilamapu, Chillán, Chile, afrance@inia.cl.

Chile se extiende por 4.500 km de longitud, lo que permite tener una amplia variedad de climas y biodiversidad de flora y fauna asociada a esta condición. Lo anterior también incluye una gran diversidad de recursos genéticos microbianos, asociados a condiciones tan diversas como el desierto de Atacama y la selva fría de la Patagonía, o desde el nivel del mar hasta sobre los 6.000 metros de altura. En el país existen numerosas colecciones de microorganismos, tanto en al ámbito público como privado, pero no todas ellas ha sido realizadas de forma sistemática, con trazabilidad y bajo un sistema de conservación que permita mantener las características del aislamiento en forma inalterable a través del tiempo. En el año 2006 el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA) inició un proyecto sobre prospección y uso de organismos de control biológico en Chile, en colaboración con CABI y el financiado de la Fundación Darwin Initiative, UK. Este trabajo permitió establecer métodos de conservación de microorganismos similares a los que utilizan los Bancos con estándares internacionales de conservación y que aseguran viabilidad e inalterabilidad a través del tiempo. Además, fue la base de la Colección Chilena de Recursos Genéticos Microbianos (CChRGM), con la cual Chile negoció con la World Intellectual Property Organization (WIPO), entre el 2011 y 2012, el reconocimiento internacional del Banco. El 17 de abril del 2012 WIPO da el reconocimiento de Autoridad Internacional de Depósito (IDA) a la CChRGM, con lo cual se adhiere a los acuerdos de las normas del Tratado de Budapest, permitiendo el depósito de microorganismos para fines de procedimiento de patentes y que deben conservarse por al menos 30 años. La CChRGM es un banco público, disponible para el depósito de cepas nacionales y extranjeras, cuya función es colectar, identificar, estudiar y conservar los recursos genéticos microbianos, incluidos sus genes y productos del metabolismo, asociados a las actividades agrícola y forestal, industrial, remediación, biominería y alimentación. El Banco busca disminuir la pérdida acelerada de especies, facilitar el intercambio de cepas con otros bancos microbianos o centros de investigación, ser un reservorio de cepas con estándares internacionales de conservación, y evitar las pérdidas o cambios genéticos que experimentan los microorganismos cuando no se conservan en forma apropiada. Desde 1996, la CChRGM ha aportado microorganismos para el control biológico de más de 30 plagas de insectos y 20 enfermedades de importancia agrícola y forestal, todos provenientes de la microflora nativa, generando una colección que protege y valoriza el recurso genético microbiano para futuras investigaciones y desarrollos del país.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

RED DE RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS DEL INTA

Alejandro Perticari

INTA, Argentina. perticari.alejandro@inta.gob.ar

Los recursos microbianos son un componente estratégico de la biodiversidad en términos globales, cuya variabilidad genética constituye una reserva de adaptabilidad, así como de protección ante factores bióticos y abióticos adversos. El territorio argentino tiene una gran diversidad de climas y relieves, con ecosistemas propios para cada caso. Estos comprenden casi todo los tipos y clases de suelos descriptos, con amplitud en las condiciones hídricas desde desiertos hasta selvas, con especies vegetales y animales nativos y/o exóticos presentes o adaptados a esas condiciones, esta situación supone una vasta riqueza microbiológica, que en general es específica para cada ecosistema y como consecuencia la probabilidad de encontrar recursos genéticos microbianos (RGM) de alto valor estratégico de interes para el sector agropecuario. Estos RGM deben ser preservados dado las variedad de situaciones de manejo antrópico en el uso de la tierra y por la elevada frecuencia de eventos vinculados al cambio climático. Además de los microorganismos *per se* conservados *ex situ* debería incluirse como material de conservación la recopilación de los conocimientos y saberes de origen ancestral que permiten que determinados recursos genéticos asociados a microorganismos (plantas y animales) perduren por miles de años y que podrían estar constituyendo microbiomas adaptados a condiciones diferenciadas. Todo esto resulta esencial para evitar la pérdida de biodiversidad y el acceso a genomas y oportunidades diferentes a las de otras regiones geográficas. Se considera que las colecciones o bancos de microorganismos dan oportunidades para desarrollar tecnologías de diversa índole aplicables a la producción agropecuaria, agroindustria y sanidad animal y vegetal. En el caso particular del INTA, existen 26 colecciones de microorganismos con un total de aproximadamente 10.000 cepas/aislamientos de interés conservados. Estas colecciones son destinadas principalmente a actividades de investigación, diagnóstico, desarrollo y transferencia tecnológica. Si bien se ha avanzado en tal sentido a partir de proyectos iniciados en el 2006, aún resta mucho por realizar para alcanzar una integración efectiva. Las colecciones de INTA estás vinculadas a Sanidad Animal, Sanidad Vegetal, Alimentación y Agroindustria y en menor escala a Promotores del Crecimiento Vegetal. El objetivo del proyecto es consolidar la Red integrando los distintos componentes armonizando los protocolos de conservación y generando las condiciones que permitan la creación de bancos que cumplan con la normativa nacional e internacional vinculada, con sistemas informáticos acordes a estas necesidades y complementado esto con la formación de recursos humanos para darle continuidad y estabilidad a los bancos creados.

PROSPECÇÃO DE FUNGOS ENDOFÍTICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA PRODUÇÃO DE ENZIMAS LIGNOCELULOLÍTCAS

Gleiciane P. Sousa[1]; Paula M. D. Jaramillo[2]; Thais D. Mendes[3]; Thais F. C. Salum[4]; Welington L. Araújo[5]; Léia C. L. Fávaro[4]

[1]Mestrado em Biotecnologia (Bolsista da Embrapa Agroenergia), Universidade Federal do Tocantins, Gurupi, TO, Brasil, gleiciane.sousa@colaborador.embrapa.br

[2]Pós-doutorado, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, Brasil, paula.jaramillo@colaborador.embrapa.br

[3]Analista, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, Brasil, thais.demarchi@embrapa.br

[4]Pesquisadora, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, Brasil, thais.salum@embrapa.br; leia.favaro@embrapa.br

[5]Professor, Depto. de Microbiologia, USP, São Paulo, SP, Brasil, wlaraujo@usp.br

Um dos desafios para a produção de etanol a partir de biomassa lignocelulósica é o aumento da eficiência de hidrólise enzimática. Tem sido proposto que o afrouxamento de microfibrilas de celulose pela ação de proteínas não hidrolíticas pode facilitar o acesso das enzimas hidrolíticas às fibras, aumentando a área superficial disponível e tornando a sacarificação enzimática mais eficiente. Entre as proteínas não hidrolíticas conhecidas como indutoras de afrouxamento de celulose e estimuladoras da ação de enzimas celulolíticas estão as expansinas e as monoxigenases de polissacarídeos (LPMOs). As expansinas rompem pontes de hidrogênio entre as microfibrilas de celulose e as LPMOs catalisam a oxidação direta da celulose, hemicelulose e oligossacarídeos. Apenas um pequeno número de expansinas e LPMOs de origem microbiana foi caracterizado até o momento e seu estudo deve ser intensificado para explorar o potencial de aumento da eficiência de sacarificação. Neste contexto, este trabalho teve por objetivos: *i)* avaliar uma coleção de fungos endofíticos de cana-de-açúcar quanto à produção de enzimas lignocelulolíticas; *ii)* iniciar a clonagem de genes codificadores de expansinas e LPMOs dos fungos celulolíticos *Trichoderma harzianum* CFAM-422 e *Epicoccum nigrum* P16. Fungos endofíticos de cana-de-açúcar preservados na "Coleção de Microrganismos Aplicados a Agroenergia e Biorrefinarias" (263 linhagens) foram avaliados quanto à produção de enzimas lignocelulolíticas. Para tanto, os fungos foram cultivados em meio de cultura contendo Avicel, carboximetilcelulose (CMC), xilana, pectina e amido. O índice enzimático foi calculado em triplicata. Os fungos selecionados foram identificados por meio de análise da região ITS1-5.8S-ITS2 do DNAr. Paralelamente, iniciou-se a clonagem de genes codificadores de *swollenin* e LPMOs de *T. harzianum* CFAM-422 e *E. nigrum* P16. Oligonucleotídeos degenerados disponíveis na literatura para *T. asperellum* foram utilizados para amplificação de *swollenin* de *T. harzianum* CFAM-422. Oligonucleotídeos específicos para uma LPMO de *E. nigrum* P16 foram construídos com base na sequência genômica deste fungo. Os produtos de amplificação foram purificados do gel de agarose, clonados em plasmídeo pGEM-T Easy e transformados em *Escherichia coli* XL10 Gold. Verificou-se que 56%, 79%, 68%, 39% e 96% das linhagens degradaram CMC, xilana, pectina, amido e Avicel, respectivamente. Os fungos selecionados foram identificados como *Aspergillus terreus*, *Beauveria bassiana*, *Bipolaris sorokiniana*, *Curvularia intermedia*, *Fusarium brachygibbosum*, *Fusarium oxysporum*, *Mariannaea camptospora*, *Talaromyces pinophilus* e *Trichoderma harzianum*. Foi possível estabelecer as melhores condições de amplificação dos genes codificadores de *swollenin* e LPMOs para *T. harzianum* CFAM-422 e *E. nigrum* P16, respectivamente. Os fragmentos amplificados foram clonados e serão sequenciados posteriormente. Este trabalho mostrou que fungos endofíticos de cana-de-açúcar constituem uma fonte prolífica de novas linhagens capazes de produzir insumos para desconstrução de biomassa lignocelulósica.

Agradecimentos: Embrapa

ANÁLISE HISTOQUÍMICA DE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS ISOLADOS DE *PINUS*

Celso Garcia Auer[1]; Beatriz Cristina Konopatzki Hirota[2]; Camila Freitas de Oliveira[2]; Cristiane da Silva Paula de Oliveira[2]; Cristiane Bezerra da Silva[3]; Katlin Suellen Rech[2]; Paula Francislaine Moura[2]; Maislian de Oliveira[2]; Marilis Dallarmi Miguel[4]

[1]Engenheiro Florestal, Embrapa Florestas, Colombo, Paraná, Brasil, e-mail celso.auer@embrapa.br.

[2]Farmacêutico, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, Brasil, e-mail beatriz_konopatzki@hotmail.com, camila_freitasdeoliveira@hotmail.com, crisspaula@onda.com.br, katlinrech@gmail.com, paulafrancislaine19@gmail.com, maislian@gmail.com.

[3] Biólogo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, Brasil, e-mail cris.mpj@gmail.com.

[4] Farmacêutico Industrial, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná, Brasil, e-mail marilisdmiguel@gmail.com.

O gênero *Pinus* é segundo mais plantado comercialmente no Brasil, sendo fonte de matéria-prima para a fabricação de madeira, celulose, papel e resina. O cultivo do *Pinus* apresenta várias doenças limitantes, como a podridão de raízes, mofo-cinzento, seca de ponteiros e morte de mudas, causada por fungos. Além de sua patogenicidade em plantas, estes podem produzir compostos bioativos de interesse farmacológico e veterinário, oriundos do metabolismo secundário. Apesar do potencial de uso, as pesquisas voltadas para o estudo dos microrganismos como fonte de compostos bioativos é ainda incipiente. Dessa forma, neste estudo realizou-se uma caracterização histoquímica dos fungos *Armillaria* sp., *Botrytis cinerea*, *Diplodia pinea* e *Rhizoctonia* sp., empregando-se técnicas qualitativas de coloração conhecidas na anatomia vegetal como testes histoquímicos, para a detecção de flavonoides (coloração amarelo-escura em cloreto de alumínio), compostos fenólicos (coloração azulada em cloreto férrico), amido (coloração enegrecida em lugol), terpenoides com grupo carbonila (coloração alaranjada em 2,4 dinitrofenil-hidrazina), polissacarídeos neutros (coloração rosa-escura em reagente de Schiff-PAS) e proteínas totais (coloração azulada em reagente de Bradford). Os fungos utilizados pertencem à Coleção de Fungos Florestais da Embrapa Florestas, os quais foram cultivados em placas de Petri com meio de cultura batata-dextrose-ágar (BDA), em câmaras BOD, entre 20 e 24 ^{o}C, no escuro. A partir das placas, retiraram-se amostras de micélio em triplicata, que foram montadas em lâminas de microscopia, coradas e examinadas em microscopia ótica (100 e 400x) para a detecção das substâncias. Nos testes histoquímicos, foi possível observar a presença de alcaloides (*Armillaria* sp., *B. cinerea*, *D. pinea* e *Rhizoctonia* sp.), lignina (*B. cinerea* e *D. pinea*), terpenoides com grupo carbonila (*Armillaria* sp., *B. cinerea*, *D. pinea* e *Rhizoctonia* sp.), polissacarídeos neutros (*B. cinerea* e *D. pinea*), proteínas (*B. cinerea*) e substâncias fenólicas (*B. cinerea*). Não se detectou a presença de amido nos fungos. Estes resultados demonstram que os fungos estudados produzem substâncias oriundas do metabolismo secundário, com potencial para estudos destas substâncias químicas e suas aplicabilidades.

Agradecimentos: Universidade Federal do Paraná, Embrapa Florestas, projeto Embrapa/CAPES.

CARACTERIZACIÓN DE BACTERIAS ASOCIADAS A SUELO RIZOSFERICO DE MAÍZ RAZA ZAMORANO AMARILLO CON POTENCIAL BIOTECNOLOGICO

Hernández-Ibáñez Alba M.[1]; Arteaga-Garibay Ramón I.[2]; Martínez-Peña Marcos D.[3]; Goméz-Estrada María M.[4]; Goméz-Lizardi María J.[5]

[1]M.C. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México. hernandez.alba@inifap.gob.mx.

[2]Dr. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepaatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[3]M.C. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[4]Ing. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[5]Ing. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

El maíz (*Zea mays*) es considerado patrimonio biológico por su valor alimenticio, económico, industrial, social y cultural. México es considerado el centro de origen, domesticación y diversificación del maíz, por lo que es de gran relevancia estudiar la diversidad microbiana asociada al suelo rizosférico de este cultivo debido a que el microbioma puede ser utilizado como un indicador del impacto biológico para estudiar los factores que generan un desbalance ecológico o problemas fitosanitarios. La caracterización de los microorganismos endemicos de este habitat permite conocer cuales pueden ser empleados con la finalidad de bioprospección. Entre las 64 razas de maíz reportadas para México, la raza Zamorano Amarillo destaca en el occidente del país por su alta producción de grano y plantas altas que se considera aún mejores para forrajes en comparación con los híbridos generados con este propósito. El objetivo de este trabajo fue el de caracterizar los microorganismos asociados a la rizósfera de la raza Zamorano Amarillo en función de diferentes actividades metabólicas benéficas para el desarrollo de la planta y/o con potencial biotecnológico. Se realizaron 3 periodos de toma de muestras de suelo rizosferico en tres etapas fenológicas del cultivo (V0, R4, R6). El aislamiento de las bacterias se realizó con la técnica de diluciones (1:10) seriadas en los medios: Czapek, Arginina Glicerol, Gelosa Nutritiva y King-B para bacterias; se incubaron a 28°C por 48 h. Se seleccionaron las colonias compatibles con ciertos grupos bacterianos con base a: producción de pigmentos, morfología colonial diferente, fenómeno de antibiosis y fluorescencia. Se realizó la caracterización *in vitro* para determinar la degradación de carbohidratos (almidón, quitina y lignina), proteínas (caseína y gelatina), lípidos (yema de huevo y aceite de oliva), reducción de nitratos, el uso de acetato y control biologíco contra *Fusarium* sp. En total 103 cepas fueron seleccionadas, de las cuales 14 presentaron fenómeno de antibiosis, 5 fluorescencia, 10 pigmento difusible y el resto morfología diferente. Se encontraron 44 cepas con capacidad de degradación de carbohidratos, 61 con actividad proteolítica, 19 con actividad lipolítica, 63 actividad reductora de nitrato, 17 cepas usaron el acetato como única fuente de carbono y 27 cepas mostrarón inhibición de *Fusarium* sp. De acuerdo a los resultados obtenidos se concluye que los microorganismos aislados y seleccionados de la rizósfera del cultivo de maíz muestraron una amplia actividad degradadora de distintas macromoléculas, por lo que pueden ser empleados con fines de bioprospección, biorremediación de suelos degradados y/o en la formulación de biofertilizantes para contribuir con una agricultura sostenible.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

CARACTERIZACIÓN Y APROVECHAMIENTO DE LA DIVERSIDAD MICROBIANA DE LOS BANCOS DE GERMOPLASMA DE LA NACIÓN COLOMBIANA

Carolina González[1]; Alejandro Caro[2]; Daniel Ausgusto Bravo[3]; Luz Stella Barrero[4]

[1] Biólogo PhD, Corpoica, Mosquera, Cundinamarca, Colombia, cgonzaleza@corpoica.org.co

[2] Bioinformático PhD, Corpoica, Mosquera, Cundinamarca, Colombia, acaro@corpoica.org.co

[3] Microbiólogo de suelos PhD, Corpoica, Mosquera, Cundinamarca, Colombia, dbravo@corpoica.org.co

[4] Genética Vegetal PhD, Corpoica, Mosquera, Cundinamarca, Colombia, lbarrero@corpoica.org.co

El Banco de Germoplasma de Microorganismos de la Nación Colombiana conserva 2379 accesiones de microorganismos nativos distribuídas en cinco colecciones, dos de interés agrícola (biofertilizantes, control biológico) y tres de interés pecuario (2 en salud animal y 1 en nutrición animal). Estas colecciones han sido conformadas a partir de colectas realizadas en el país y representan un porcentaje elevado de la diversidad colombiana. Importantes esfuerzos han sido realizados en la implementación de técnicas de conservación a largo plazo, que buscan asegurar la preservación de las características genéticas y fisiológicas de los microorganismos que las componen. Asimismo, se han implementado estrategias de identificación y caracterización morfológica, bioquímica y molecular que han permitido identificar y caracterizar las accesiones microbianas con buenos resultados, pero no con la precisión y velocidad esperada. Con el desarrollo de tecnologías de última generación, Corpoica ha generado una estrategia de genotipificación y fenotipificación a gran escala, la cual permitirá identificar con mayor precisión a nivel de género y/o especie los microorganismos de cada colección, analizar filogenéticamente dichas accesiones, determinar su varibilidad y eliminar la redundancia existente en ellas. Esta redundancia será reducida por tecnologías de fenotipificación y secuenciación de marcadores moleculares que permitan por un lado, obtener información fisiológica que sirva como criterio de selección, y por otro lado, identificar los complejos clonales, todo esto con el único fin de conservar, conocer y promover el uso del germoplasma microbiano y/o de sus metabolitos a partir de un *core genome* con un alto nivel de certidumbre de la biodiversidad existente en las colecciones del Banco de Germoplasma de Microorganismos de la Nación Colombiana. Es así, como a partir del conocimiento generado, el Banco aporta a la solución de las demandas de investigación del sector agropecuario y, Corpoica, en su condición de administrador de los bancos de germoplasma de la Nación, otorga acceso facilitado a la biodiversidad de microorganismos, con el fin de adelantar procesos de bioprospección e investigación, para la generación de bienes públicos, la protección del patrimonio nacional de la Nación y aprovechamiento de los recursos genéticos al servicio del país.

MELHORAMENTO GENÉTICO CONVENCIONAL DE *ASPERGILLUS NIGER* 3T5B8 VISANDO AUMENTO DA PRODUÇÃO DE ENZIMAS PARA DESCONSTRUÇÃO DE BIOMASSA

Jhéssica C. Araújo[1]; Thais D. Mendes[2]; Edna M. M. Oliveira[3]; Mônica C. T. Damaso[4]; Léia C. L. Fávaro[5]

[1]Graduação em Ciências Biológicas, UnB, Brasília, Distrito Federal, Brasil, jhessica.araujo@colaborador.embrapa.br

[2]Analista, Embrapa Agroenergia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, thais.demarchi@embrapa.br

[3]Pesquisador, Embrapa Agroindústria de Alimentos, Guaratiba, Rio de Janeiro, Brasil, edna.oliveira@embrapa.br

[4]Pesquisador, Embrapa Agroenergia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, monica.damaso@embrapa.br

[5]Pesquisador, Embrapa Agroenergia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, leia.favaro@embrapa.br

A conversão dos açúcares da biomassa lignocelulósica em biocombustíveis e químicos de alto valor agregado é alvo de intensa pesquisa. Um dos principais desafios para o aproveitamento da biomassa é o aumento da eficiência de hidrólise enzimática dos polissacarídeos da parede vegetal. A linhagem de *A. niger* 3T5B8 foi selecionada em um programa de melhoramento visando aumento da produção de pectinases. Nesse contexto, este trabalho teve por objetivo dar continuidade ao melhoramento genético desta linhagem, visando o aumento da produção de celulases e hemicelulases. Conídios (10^6 células/mL) foram expostos à radiação ultravioleta por 7,5 minutos (1-10% de sobrevivência) e foram plaqueados em meio de cultura contendo carboximetilcelulose (CMC), Avicel, pectina e xilana. As colônias sobreviventes foram avaliadas para seleção de linhagens com índice enzimático (IE) superior ao parental. Linhagens promissoras obtidas no primeiro ciclo foram avaliadas quanto à produção de FPase, β-glicosidase e poligalacturonase em cultivo submerso, em ensaios miniaturizados em microplacas de 96 poços, com 5 repetições. A partir destes ensaios, uma linhagem foi selecionada e submetida a um segundo ciclo de mutagênese com etilmetanossulfonato (EMS) (10^6 células/mL; EMS 10%; 6,6% de sobrevivência) e as colônias sobreviventes foram avaliadas nos mesmos substratos. Todas as linhagens que apresentaram IE superior aos parentais foram caracterizadas quanto à identidade genética por meio de marcadores moleculares RAPD. No primeiro ciclo de mutagênese com ultravioleta foram obtidas 1800 linhagens, das quais 30 apresentaram IE visualmente superior ao parental 3T5B8 nas placas de meio seletivo. A análise quantitativa da produção de enzimas destas 30 linhagens resultou na seleção do mutante C88, para o qual foi observado um leve aumento da produção de poligacturonase (7,35 U/ml (±0,8)) enquanto que no parental foi observada uma produção de 4,76 U/ml (±1,7). No segundo ciclo de mutagênese com o agente EMS foram obtidas e caracterizadas 200 linhagens a partir do parental C88. Oito linhagens foram selecionadas por apresentarem IE ou taxa de crescimento superior aos parentais 3T5B8 e C88, em experimentos com 10 repetições. No substrato CMC os parentais 3T5B8 e C88 apresentaram IE de 2,426 (±0,622) e 2,735 (±0,632) respectivamente, enquanto as linhagens P106 (3,347±0,293), P110 (3,443±0,218), P80 (4,107±1,089), P83 (3,583±0,276), P157 (3,228±0,161), P123 (4,799±0,599), P49 (3,473±0,285) foram selecionadas por apresentarem IE superior. No substrato xilana os parentais 3T5B8 e C88 apresentaram IE de 1,821±0,244 e 1,813±0,257 e as linhagens selecionadas P106 (2,561±0,326), P110 (2,633±0,517), P83 (2,623±0,124), P80 (2,418±0,331), P123 (2,617±0,399) e P49 (2,859±0,481) foram superiores. Em Avicel, apenas a linhagem P157 (4,650±0,226) apresentou crescimento superior comparado aos parentais 3T5B8 (3,844±0,247) e C88 (4,281±0,313). De um total de 100 oligonucleotídeos de RAPD avaliados, 23 produziram perfil de amplificação adequado para análise e confirmaram a identidade genética das linhagens. A estratégia utilizada para obtenção de mutantes tem sido satisfatória e obteve-se até o momento uma biblioteca de 2000 linhagens. Os mutantes selecionados no segundo ciclo de mutagênese estão sendo avaliados quanto à produção de enzimas em cultivo submerso e espera-se obter linhagens com produção enzimática superior para aplicação na desconstrução de biomassa. Apoio: Embrapa

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

APRESENTAÇÕES DE PÔSTERES

TERÇA-FEIRA, 27 DE OUTUBRO, 18:30 - 19:30 98

C - Recursos genéticos vegetais 98

A - Recursos genéticos animais 105

D - Temas transversais 194

QUARTA-FEIRA, 28 DE OUTUBRO, 18:30 - 19:30 214

C - Recursos genéticos vegetais 214

B - Recursos genéticos microbianos 221

Terça-feira, 27 de Outubro, 18:30 - 19:30

C - Recursos genéticos vegetais

001 COLETA DE GERMOPLASMA DE PASPALUM NOTATUM E PASPALUM LEPTON
João Carlos Pinto Oliveira[1], **Mauricio Marini Köpp**[1], **Ana Cristina Mazzocato**[1], **Regis Ivan Hindersmann**[2]; [1]*Embrapa Pecuária Sul - Brazil*, [2]*Universidade da Região da Campanha - Brazil*

002 AMPLIAÇÃO DO ACERVO DE GERMOPLASMA DE PASPALUM URVILLEI DA EMBRAPA PECUÁRIA SUL
Mauricio Marini Köpp[1], **João Carlos Pinto Oliveira**, **Ana Cristina Mazzocato**[1], **Regis Ivan Hindersmann**, **Juliano Lino Ferreira**[1]; [1]*Embrapa Pecuária Sul - Brazil*

003 DISTRIBUIÇÃO ECOGEOGRÁFICA DE ACESSOS CRIOULOS DE FEIJÃO-COMUM COLETADOS NO ESTADO DE GOIÁS
Flávio Pereira dos Santos[1]; [1]*Universidade Federal de Goiás - Brazil*

004 COLETAS E CARACTERIZAÇÃO IN SITU DE ALGODOEIROS ARBÓREO (GOSSYPIUM BARBADENSE) PRESENTES NO SUDESTE GOIANO, BRASIL
Dahis Ramalho Moura[1], **Andrezza Arantes Castro**, **Juliana Oliveira da Sliva**, **Lucia Vieira Hoffmann**[2], **Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes**[3]; [1]*Instituto Federal Goiano - Campus Urutaí - Brazil*, [2]*Embrapa Algodão - Brazil*, [3]*Campus Urutaí - Brazil*

005 COLECTA DE ESPECIES NATIVAS EN ÁREAS DE CAMPO NATURAL EN RIESGO POR EXPANSIÓN DE LA AGRICULTURA
Federico Condón[1], **Rodolfo Franco**, **Guadalupe Tiscornia**, **Martin Jaurena**, **Rafael Reyno**, **Elena Beyhaut**; [1]*Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria - Uruguay*

006 ANALYSIS OF MOLECULAR MARKERS SSR AND RAPD IN MALPIGHIA EMARGINATA
Adson Leonardo Mendes Souza[1], **Adillio Luiz França**[1], **Jotta Novaes**[1], **Anna Clara Azevedo Silveira**[1], **Vitelhe Ferreira Almeida**[1], **Jessica Nayara Silva**, **Kammylla Santos**, **Darlyson Santos Silva**, **Victor Guimarães**, **Kennia Karolline Goncalves Pereira**, **Matheus Ferreira Inacio**, **Gustavo Antunes Marques Silveira**[2]; [1]*Universidade Estadual de Montes Claros - Brazil*, [2]*Universidade Federal Rural de Pernambuco - Brazil*

007 COLETA, INTRODUÇÃO E AVALIAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MILHO
Gabriela Inocente[1], **Willian Tsuyoshi Ogasawara**[1], **Pedro Mario de Araújo**[1]; [1]*Instituto Agronomico do Parana - Brazil*

008 IDENTIFICATION AND CARACTERIZATION GENETIC FROM *ANNONNA CRASSIFLORA* POPULATION ON NORTHERN OF MINAS GERAIS, USING MICROSSATELITES MARKERS
Adillio Luiz França[1], **Adson Leonardo Mendes Souza**[1], **Jotta Novaes**[1], **Anna Clara Azevedo Silveira**[1], **Vitelhe Ferreira Almeida**[1], **Fabiana Silva Vieira Matrangolo**, **Jessica Nayara Silva**, **Kammylla Santos**,**Victor Guimarães**, **Darlyson Santos Silva**, **Matheus Ferreira Inacio**, **Kennia Karolline Goncalves Pereira**, **Roberto Allan Silva**, **Cristiano Braga**; [1]*Universidade Estadual de Montes Claros - Brazil*

009 RECURSOS GENÉTICOS DE CUCURBITÁCEAS DA SERRA GAÚCHA - RS - BRASIL
Eduardo Valduga, **Rosa Lia Barbieri**, **Daniela Priori**[1]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

010 ESTRATÉGIAS DE MANEJO PARA CONSERVAÇÃO IN SITU DE RECURSOS GENÉTICOS DE BUTIA ODORATA (BARB. RODR.)NOBLICK
Anelise Hagemann[1], **Fabio Dutra**, **Taíse Carbonari**[1], **Claudete Clarice Mistura**[2], **Enio Egon Sosinski Junior**[2], **Rosa Lia Barbieri**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

011 GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *LUEHEA DIVARICATA* MART. & ZUCC.COM O USO DE ÁCIDO GIERÉLICO
Clarissa Stahl Gomes[1], **Lia Rejane Silveira Reiniger**[1], **Larissa Bittencourt**[1], **Enrique Asterio Benitez León**[2]; [1]*Universidade Federal de Santa Maria - Brazil*, [2]*Universidad Nacional de Asunción - Paraguay*

012 ESTABELECIMENTO IN VITRO DE BUTIÁ A PARTIR DE SEMENTES COM E SEM CORTE DO OPÉRCULO
Paulo Sérgio da Rocha[1], **Claudete Clarice Mistura**[2], **Giovani Bolson Gomes**[1], **Rosa Lia Barbieri**[2]; [1]*Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai E das Missões - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

013 VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MILHO COLETADOS NO RIO GRANDE DO SUL
Flavia França Teixeira[1], **Elena Charlotte Landau**; [1]*Embrapa Milho e Sorgo - Brazil*

014 GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE SEMENTES DE *EUGENIA INVOLUCRATA* DC. EM DIFERENTES MEIOS NUTRITIVOS NA AUSÊNSIA DE LUMINOSIDADE
Larissa Bittencourt[1], **Charlene Stefanel**[1], **Lia Rejane Silveira Reiniger**[1], **Karol Buuron**[1], **Silvia Machado Rabaiolli**[1]; [1]*Universidade Federal de Santa Maria - Brazil*

015 DESINFESTAÇÃO E GERMINAÇÃO IN VITRO DE GUAPURUVU [SCHIZOLOBIUM PARAHYBA (VELL.) BLAKE]
Adriana dos Santos de Oliveira[1], **Danieli Ferneda Candido**[1]; [1]*Universidade do Oeste de Santa Catarina - Brazil*

016 BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE QUIVI DA FEPAGRO
Cláudia Martellet Fogaça, **Adeliano Cargnin**[1], **Gabriele Becker Delwing Sartori**; [1]*Embrapa Uva e Vinho - Brazil*

017 DETERMINAÇÃO DE ÁREAS PRIORITÁRIAS PARA A CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS FLORESTAIS NATIVOS
Renara Bittencourt Vieira[1], **Valdir Marcos Stefenon**[1]; [1]*Fundação Universidade Federal do Pampa - Brazil*

018 AVALIAÇÃO DA INFLUÊNCIA DA MATURIDADE FISIOLÓGICA NA CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES DE PASSIFLORA SUBEROSA L. UTILIZANDO A TÉCNICA DE VITRIFICAÇÃO EM CRIOPLACAS (V-CRIOPLACAS)
Marcela Gomes Vianna[1], **Marina Kaiate Bento**[1], **Renata Oliveira Garcia**[1], **Florent Engelmann**, **Elisabeth Atalla Mansur**[1], **Georgia Pacheco Peters**[1]; [1]*Universidade do Estado do Rio de Janeiro - Brazil*

019 EFEITO DO PERIODO DE ARMAZENAMENTO NA GERMINAÇÃO E VIGOR DE SEMENTES DE CAPIM-LANUDO
Josiane Oliveira Maximino, **Marco Aurélio Schiavon Machado**, **Caroline Jácome Costa**, **Andréa Mittelmann**[1]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

020 METODOLOGIA DE DESIDRATAÇÃO DO PÓLEN DE CANA-DE-AÇÚCAR
Adriane Leite do Amaral[1], **Tassiano Maxwell Marinho Camara**[1], **João Messias Santos**[2], **Geraldo Verissimo de Souza Barbosa**[2], **Luiz Sergio Costa Duarte Filho**[2]; [1]*TABULEIROS COSTEIROS - Brazil*,[2]*Universidade Federal de Alagoas - Brazil*

021 CRIOPRESERVAÇÃO DE CULTURAS EMBRIOGÊNICAS DE ARAUCARIA ANGUSTIFOLIA (BERTOL.) KUNTZE: OTIMIZAÇÃO DAS CONDIÇÕES DE CRIOTRATAMENTO
Jamily Machado da Silva[1], **Hugo Pacheco de Freitas Fraga**, **Leila do Nascimento Vieira**, **Catarina Corrêa Puttkammer**, **Miguel Pedro Guerra**; [1]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

022 CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES DE BATATA (SOLANUM TUBEROSUM L.) \'BRS CLARA\' POR ENCAPSULAMENTO-VITRIFICAÇÃO
Daniele de Souza Masiero[1], **Daiane Peixoto Vargas**[2], **Liana Viviam Ferreira**[1], **Rafaela Silva Formoso**[1], **Juliana Hey Coradin**[2], **Leonardo Ferreira Dutra**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

023 EFEITOS DE ESPECTRO DE DIODOS EMISSORES DE LUZ (LEDS) NO CRESCIMENTO IN VITRO DE GERMOPLASMA DE BATATA E GINSENG BRASILEIRO.
Luciene Dionízio Cardoso[1], **Tamillys C. L. A. Luz**[2], **Kazumitsu Matsumoto**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*, [2]*Embrapa Arroz e Feijão - Brazil*

024 CONSERVAÇÃO IN SITU DE BUTIA ODORATA: DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DE INDIVÍDUOS NA PAISAGEM
Taíse Carbonari[1], **Enio Egon Sosinski Junior**, **Rosa Lia Barbieri**, **Fábia Amorim da Costa**, **Anelise Hagemann**[1], **Fábio Azzolin Dutra**; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

025 ETNOBOTÂNICA DE BUTIÁ EM ÁREA URBANA, BALNEÁRIO LARANJAL, PELOTAS-RS
Rafaela de Sousa Corrêa de Magalhães[1], **Juliana Castelo Branco Villela**[2], **Francine Cassana**[1], **Claudete Mistura**[3], **Gustavo Heiden**[3], **Rosa Lia Barbieri**[3]; [1]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Sul-Rio-Grandense - Brazil*, [2]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Sul - Brazil*, [3]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

026 ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM UM TESTE DE PROGÊNIES E PROCEDÊNCIAS DE GENIPA AMERICANA L.
Angélica Leonel Coleto[1], **Wanderley dos Santos**[2], **Alonso Angelo da Silva**[2], **José Cambuim**[2], **Marcela Aparecida Moraes**[2], **Mario Luiz Teixeira Moraes**[2], **Miguel Luiz Menezes Freitas**[3]; [1]*Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho - Brazil*, [2]*UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JúLIO DE MESQUITA FILHO" - Brazil*, [3]*Instituto Florestal - Brazil*

027 GENETIC DIVERSITY AND POTENTIAL VALORIZATION OF THE PERUVIAN PEPPER TREE SCHINUS MOLLE IN BRAZILIAN PAMPA
Alcemir da Silva Marques Junior[1], **Rafael Plá Matielo Lemos**[1], **Cristiane Barbosa D'oliveira**[1], **Deise Schröder Sarzi**[1], **Valdir Marcos Stefenon**; [1]*Fundação Universidade Federal do Pampa - Brazil*

GENETIC VARIATION FOR GROWTH TRAITS IN PROGENIES TEST OF PINUS CARIBAEA VAR. HONDURENSIS

028 **Wanderley dos Santos**, **Ananda Virginia Aguiar**, **Camila R. B. Recco**, **José Arimatéia Rabelo Machado**[1], **Danilla C. L. Souza**, **Daniela Araújo**, **Mario Luiz Teixeira Moraes**, **Miguel Luiz Menezes Freitas**[2];[1]*UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JúLIO DE MESQUITA FILHO" - Brazil*, [2]*Instituto Florestal - Brazil*

GEOGRAPHIC DISTRIBUTION OF BLACKBERRY SPECIES (RUBUS, ROSACEAE) NATIVE TO BRAZIL

029 **Laisa Boechel Barcelos**[1], **Gustavo Heiden**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE ESENBECKIA LEIOCARPA ENGL.

030 **Miguel Luiz Menezes Freitas**[1], **José Arimatéia Rabelo Machado**[2,1], **Wanderley dos Santos**[3], **José Cambuim**[3], **Mario Luiz Teixeira Moraes**[3], **Ananda Virginia Aguiar**[4], **Alexandre Magno Sebbenn**; [1]*Instituto Florestal - Brazil*, [2]*UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JúLIO DE MESQUITA FILHO" - Brazil*, [3]*Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho - Brazil*, [4]*Embrapa Florestas - Brazil*

IN VITRO CONSERVATION OF EUGENIA GENETIC RESOURCES: II. MICROPROPAGATION OF NODAL SEGMENTS AND SHOOT APEXES UNDER LOW SUGAR CONCENTRATION

031 **Paulo Roberto Diniz da Silva**[1], **Fernanda Illamas Gallon**[1], **Tatiana Silveira Moura**, **Suelen Martinez Guterres**, **Valdir Marcos Stefenon**; [1]*Fundação Universidade Federal do Pampa - Brazil*

BUTIA (ARECACEAE): DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA NO BIOMA PAMPA

032 **Marcelo Piske Eslabão**[1], **Paulo Ellert**[1], **Rosa Lia Barbieri**[2], **Gustavo Heiden**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

CORRELACIÓN ENTRE GERMINACIÓN Y ESTRUCTURAS DE SEMILLA DE PINUS DEVONIANA LINDL ANALIZADAS CON RAYOS X

033 **Martin Quintana Camargo**[1], **Adriana Natividad Avendaño López**[2], **Juan Manuel Pichardo González**[1], **Edgar Torres García**[1], **Esmeralda Judith Cruz Gutierrez**[1], **Moises Alberto Cortes Cruz**[1];[1]*INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES FORESTALES AGRICOLAS Y PECUARIAS - Mexico*, [2]*Universidad de Guadalajara - Mexico*

ANÁLISIS CON RAYOS X A SEMILLAS DE DOS ESPECIES FORESTALES Y SU CORRELACIÓN CON LA GERMINACIÓN

034 **Juan Manuel Pichardo González**, **Martin Quintana Camargo**[1], **Esmeralda Judith Cruz Gutierrez**[1], **Moises Alberto Cortes Cruz**[1], **Edgar Torres García**; [1]*INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES FORESTALES AGRICOLAS Y PECUARIAS - Mexico*

BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE PRUNOIDEAS.

035 **Maria do Carmo Bassols Raseira**[1], **Rodrigo Cezar Franzon**[1], **Caroline Marques Castro**[1]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MORANGUEIRO - SITUAÇÃO ATUAL

036 **Priscila Monalisa Marchi**[1], **Michél Aldrighi Gonçalves**[2], **Murielli Sabrina Gemeli**[3], **Angélica Beugebauer Voigt**[1], **Sandro Bonow**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [3]*Fundação Universidade do Estado de Santa Catarina - Brazil*

ORIGEM E TEMPO DE CULTIVO DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO DOCE E ADOCICADO NO OESTE DE SANTA CATARINA

037 **Rosenilda de Souza**[1], **Tassiane Terezinha Pinto**[1], **Wagner Bastos**[1], **Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves**, **Juliana Bernardi Ogliari**; [1]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE FRUTAS NATIVAS DO SUL DO BRASIL

038 **Rodrigo Cezar Franzon**[1], **Maria do Carmo Bassols Raseira**[1], **Caroline Marques Castro**[1]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

CONSERVAÇÃO *IN VITRO* DOS RECURSOS GENÉTICOS DE *EUGENIA UNIFLORA L.*: I. NANOPARTÍCULAS DE PRATA COMO FERRAMENTA PARA A DESINFESTAÇÃO DE EXPLANTES

039 **Fernanda Illamas Gallon**[1], **Paulo Roberto Diniz da Silva**[1], **Tatiana Silveira Moura**[1], **Marina Junges**[1], **Valdir Marcos Stefenon**; [1]*Fundação Universidade Federal do Pampa - Brazil*

FATORES SOCIO-ECONÔMICOS E CULTURAIS QUE INFLUENCIAM A CONSERVAÇÃO DE VARIEDADES LOCAISDE FEIJÃO COMUM NO RIO DE JANEIRO

040 **Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti**[1], **Rosana Rodrigues**, **Cláudia Pombo Sudré**; [1]*Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Brazil*

041 CONSERVAÇÃO E USO SUSTENTÁVEL DE POPULAÇÕES DE PILOCARPUS MICROPHYLLUS STAPF EX WARDLEW NA FLORESTA NACIONAL DO CARAJÁS
Gracialda Costa Ferreira[1], **Selma Toyoko Ohashi**[1], **Juhn Henin da Silva Muroi**, **Charles Alves Maciel Neto**, **Rômulo Serrão da Costa**, **Afonso Raniery Gomes Pinto**, **Nelson Hitoshi Hiramizu**[1], **Gabriele do Nascimeto Furtado**, **Ramille Batista da Silva**[1], **Arthur Viana Lau**; [1]*Universidade Federal Rural da Amazônia - Brazil*

042 RNA INTEGRITY IN SOYBEAN SEED (GLYCINE MAX (L.) MERR.) ARTIFICIALLY AGED
Renata Miranda Lopes[1,2], **Juliano Gomes Pádua**[2], **Solange Carvalho Barrios Roveri José**[2], **Marcos Gimenes**[2]; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*, [2]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

043 PODER GERMINATIVO DE SEMENTES DE QUEBRA-PEDRA(PHYLLANTHUS SPP.) - PHYLLANTACEAE
Larissa Sales Azevedo[1], **Rosa de Belem Das Neves Alves**[2], **Roberto Fontes Vieira**[2], **Dijalma Barbosa Silva**[2], **Marcos José Silva**[3], **Antonieta Nassif Salomão**[2]; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*, [2]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*, [3]*Universidade Federal de Goiás - Brazil*

044 BANCO DE GERMOPLASMA DE PLANTAS MEDICINAIS E AROMÁTICAS DE IMPORTÂNCIA PARA A REGIÃO CENTRO-OESTE
Dijalma Barbosa Silva[1], **Kazumitsu Matsumoto**[1], **Luciene Dionízio Cardoso**[1], **Rosa de Belem Das Neves Alves**[1], **Ismael Gomes**[1], **Roberto Fontes Vieira**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

046 EFEITO DE VARIAÇÕES TERMICAS SOBRE A GERMINAÇÃO DE QUATRO ESPÉCIES ARBÓREAS COM AMPLA DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA NO BRASIL
Antonieta Nassif Salomão[1], **Izulmé Rita Imaculada Santos**[1], **Marcos Gimenes**[1], **Bruno Machado Teles Walter**; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

047 CRITÉRIOS PARA A AVALIAÇÃO DE GERMOPLASMA VEGETAL APÓS CONGELAMENTO EM NITROGÊNIO LÍQUIDO
Izulmé Rita Imaculada Santos[1], **Antonieta Nassif Salomão**[1], **Solange Carvalho Barrios Roveri José**, **Rosangela Caldas Mundim**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

048 RESPOSTAS DE SEMENTES DE CYBISTAX ANTISYPHILITICA (MART.) MART. (BIGNONIACEAE) À DESIDRATAÇÃO E AO CONGELAMENTO EM NITROGÊNIO LÍQUIDO
Rosangela Caldas Mundim[1], **Izulmé Rita Imaculada Santos**[1], **Antonieta Nassif Salomão**[1], **Lucimar Silva Padilha**; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

049 GERMINAÇÃO DA ESPÉCIE RECALCITRANTE *TRICHILIA PALLIDA* SWARTZ NA ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA
Léo Zimback[1], **Edson Seizo Mori**, **João N**; [1]*Instituto Florestal - Brazil*

050 REGULADORES OSMÓTICOS E TEMPERATURA NA CONSERVAÇÃO IN VITRO DE MORANGUEIRO 'BENÍCIA'
Liana Viviam Ferreira, **Daiane Peixoto Vargas**, **Daniele de Souza Masiero**[1], **Rafaela Silva Formoso**[1], **Juliana Hey Coradin**, **Leonardo Ferreira Dutra**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

051 BANCO ATIVO GERMOPLASMA DE CAJU: RESULTADOS ALCANÇADOS E ATIVIDADES ATUAIS
Ana Cecilia Ribeiro Castro[1], **Patrícia do Nascimento Bordallo**, **Levi de Moura Barros**, **Dheyne Silva Melo**, **Francisco Das Chagas Vidal Neto**, **Dario Grattapaglia**; [1]*Embrapa Agroindústria Tropical - Brazil*

052 SITUAÇÃO ATUAL DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE CAPSICUM DA EMBRAPA CLIMA TEMPERADO
Henrique Kuhn Massot Padilha[1], **Gustavo Crizel Gomes**, **Juliana Castelo Branco Villela**, **Carla Sigales de Vasconcelos**[1], **Raquel Silviana Neitzke**, **Márcia Vizzotto**[2], **Rosa Lia Barbieri**; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

053 DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE BATATA-DOCE MANTIDO NA EMBRAPA HORTALIÇAS.
Geovani Bernardo Amaro[1,2,3], **Rosa Maria de Deus de Sousa**[4], **José Flávio Lopes**[3], **José Ricardo Peixoto**[4]; [1]*Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças - Brazil*, [2]*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Brazil*, [3]*Embrapa Hortaliças - Brazil*, [4]*Universidade de Brasília - Brazil*

054 EFEITO DE DUAS CONCENTRAÇÕES DE ÁGAR SOBRE A RIZOGÊNESE IN VITRO EM LUEHEA DIVARICATA MART. & ZUCC.
Amistrong Kila Mafaldo[1], **Lia Rejane Silveira Reiniger**[1], **Karol Buuron**[1], **Charlene Stefanel**[1], **Silvia Machado Rabaiolli**[1]; [1]*Universidade Federal de Santa Maria - Brazil*

055 GÊNERO CAPSICUM NA REGIÃO MEIO-NORTE DO BRASIL.
Joanderson Marques Silva[1], **Darciana de Sousa**, **Lucas Gabriel Guse**, **Jardel Oliveira Santos**[1]; [1]*Universidade Federal do Maranhão - Brazil*

056 DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE CAPSICUM CULTIVADOSNO ESTADO DO MARANHÃO

Matheus Lima Silva, **Joanderson Marques Silva**[1], **Darciana de Sousa**, **Lucas Gabriel Guse**, **Jardel Oliveira Santos**[1], **Maria da Cruz Lima Moura**; [1]*Universidade Federal do Maranhão - Brazil*

057 POPULATION STRUCTURE OF GRAIN AMARANTHS (AMARANTHUS HYPOCHONDRIACUS L.) REVEALED BY MICROSATELLITE MARKERS.

Ryoko Machida-Hirano[1], **Carlos Fernando Santos**, **Moises Alberto Cortes Cruz**[2], **Juan Manuel Pichardo González**, **Eduardo Espitia**; [1]*University of Tsukuba - Japan*, [2]*INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES FORESTALES AGRICOLAS Y PECUARIAS - Mexico*

058 DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA ESTUDOS DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM GUADUA CHACOENSIS

Márcia Denise Rossarolla[1], **Ramon Felipe Scherer**[2], **Leila do Nascimento Vieira**[1], **Gustavo Henrique Ferrero Klabunde**[1], **Karina Goulart dos Anjos**[1], **Rubens Onofre Nodari**[1], **Miguel Pedro Guerra**[1],**Rosete Pescador**[1]; [1]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*, [2]*Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Brazil*

059 EFEITO DE DIFERENTES MÉTODOS DE SECAGEM SOBRE A QUALIDADE DE SEMENTES DE CEVADA

Juliano Gomes Pádua[1], **Flavia Francisca Almeida**[2], **Fernanda Marins Soares**[2], **Ana Paula Queiroz**[1], **Valdemiro Oliveira Pais**[1], **Lucimar Silva Padilha**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*,[2]*Faculdade Anhanguera de Brasília - Brazil*

060 FESTA DO BUTIÁ: VALORIZAÇÃO E CONSERVAÇÃO DE *BUTIA YATAY* NO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL

Ana Paula Noronha[1], **Rosa Lia Barbieri**, **Enio Egon Sosinski Junior**[1,2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

061 AVALIAÇÃO ON FARM DE CULTIVARES CRIOULAS DE FEIJÃO (PHASEOLUS VULGARIS L.) EM REGIÕES PRODUTORAS DO RIO GRANDE DO SUL/BRASIL.

Alexandre Terracciano Villela[1,2], **Irajá Ferreira Antunes**, **Gilberto Antonio Bevilaqua**, **Cristine Fonseca**, **Claiton Joel Eicholz**; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

062 CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE PIMENTAS COLETADAS NAS REGIÕES SUL E SERRANA DO ESTADO DOESPÍRITO SANTO

Monique Moreira Moulin[1], **Paola Alvares Bianchi**[2], **José Dias Souza Neto**[1], **Jardel Oliveira Santos**[3], **Alexandre Cristiano Santos Júnior**[2]; [1]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo - Brazil*, [2]*Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Brazil*, [3]*Universidade Federal do Maranhão - Brazil*

063 CARACTERIZAÇÃO MORFOMÉTRICA DE FRUTOS E SEMENTES EM ACESSOS DE CASTANHEIRA-DO-BRASIL

Walnice Oliveira Nascimento[1], **Lyanne Tie Miyagawa**; [1]*Embrapa amazônia Oriental - Brazil*

064 O AQUECIMENTO GLOBAL EM +2ºC ALTERA O PERÍODO DE ABERTURA FLORAL E A FREQUENCIA DE VISITANTES FLORAIS NA ESPÉCIE STYLOSANTHES CAPITATA VOGEL CULTIVADA EM SISTEMA TROP-T-FACE

Ana Lilia Alzate-Marin[1], **Fernando Bonifácio-Anacleto**[1], **Juliana S.g Teixeira**[2], **Carlos Alberto Martinez Y Huaman**[2]; [1]*Universidade de São Paulo/Campus de Ribeirão Preto-SP - Brazil*, [2]*Universidade de São Paulo/Campus de Ribeirão Preto - Brazil*

065 AVES DISPERSORAS DE SEMENTES DOS ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE ESPINHEIRA-SANTA.

Tângela Denise Perleberg[1,2], **Tamires Ebeling da Silva**[2], **Josiane Mendonça Vitória**[2], **Rafaela de Soua Corrêa Magalhães**[2], **Gustavo Crizel Gomes**[3], **Márcio Paim Mariot**[2], **Rosa Lia Barbieri**[3]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Instituto Federal Sul-rio-grandense - Brazil*, [3]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

066 CARACTERIZAÇÃO DO GERMOPLASMA DE BATATA QUANTO À APTIDÃO PARA FRITURA

Gabriela Guerra da Cunha[1], **Raquel Bartz Kneib**[1], **Fernanda Quintanilha Azevedo**[2], **Ricardo Alexandre Valgas**[2], **Arione da Silva Pereira**[2], **Caroline Marques Castro**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

067 AVALIAÇÃO DE ACESSOS DE PIMENTEIRAS COM BASE EM CARACTERÍSTICAS FÍSICAS E QUÍMICAS DE FRUTOS

Alexandre Cristiano Santos Júnior[1], **Bruno Guimarães Nascimento**[2], **Yuri Ferreira Quirido Veiga**[2], **Erlan Pirovani Silva**[2], **Iris Dutra Petronilia**[2], **Gisely Azevedo Costa**[2], **Monique Moreira Moulin**[2];[1]*Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Brazil*, [2]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Espírito Santo - Brazil*

068 AVALIAÇÃO DO POTENCIAL ADAPTATIVO E PRODUTIVO DE GENÓTIPOS DE AMEIXEIRA NA SERRA GAÚCHA
Rosiendi Polesello Menin[1], **Rafael Anzanello**[2]; [1]*Universidade de Caxias do Sul - Brazil*, [2]*Fundação Estadual de Pesquisa Agropecuária - Brazil*

069 VARIABILIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS DE FEIJÃO PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS
Sandra Maria Maziero[1], **Nerinéia Dalfollo Ribeiro**[2], **Guilherme Godoy dos Santos**[2]; [1]*EMATER/RS - ASCAR - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Santa Maria - Brazil*

070 DIVERGÊNCIA GENÉTICA E CONTRIBUIÇÃO DE DESCRITORES PARA CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE MELANCIA
Gerffeson Thiago Mota de Almeida Silva[1], **Rayanne Maria Paula Ribeiro**[2], **Hugo Ferreira**[2], **Giordanio Bruno Silva Oliveira**[2], **Lindomar Maria da Silveira**[2], **Rafaela Priscila Antônio**[3], **Aurélio Paes Barros Júnior**[2]; [1]*Universidade Federal Rural de Pernambuco - Brazil*, [2]*Universidade Federal Rural do Semi-Árido - Brazil*, [3]*EMBRAPA SEMIÁRIDO - Brazil*

071 RESISTÊNCIA EM MELANCIA A ESPÉCIES DE VÍRUS DO GÊNERO POTYVIRUS
Gerffeson Thiago Mota de Almeida Silva[1], **Rayanne Maria Paula Ribeiro**[2], **Graziela da Silva Barbosa**[3], **Aurélio Paes Barros Júnior**[2], **José Albersio Lima**[4], **Manoel Abilio de Queiróz**[3], **Lindomar Maria da Silveira**[2]; [1]*Universidade Federal Rural de Pernambuco - Brazil*, [2]*Universidade Federal Rural do Semi-Árido - Brazil*, [3]*Universidade do Estado da Bahia - Brazil*, [4]*Universidade Federal do Ceará - Brazil*

072 AVALIAÇÃO DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM MATRIZES DE INAJAZEIRO DO NORDESTE PARAENSE.
Meirevalda do Socorro Ferreira Redig[1], **Maria do Socorro Padilha de Oliveira**[2], **Milton Guilherme da Costa Mota**; [1]*Universidade Federal do Pará - Brazil*, [2]*Embrapa amazônia Oriental - Brazil*

073 SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO COM BASE EM CARACTERES FENOLÓGICOS E DA PRODUÇÃO
Nerinéia Dalfollo Ribeiro[1], **Guilherme Godoy dos Santos**, **Sandra Maria Maziero**[2]; [1]*Universidade Federal de Santa Maria - Brazil*, [2]*EMATER/RS - ASCAR - Brazil*

074 AVALIAÇÃO DA INCIDÊNCIA DE DOENÇAS FOLIARES EM CEBOLA EM CULTIVO DE BASE ECOLÓGICA.
Bruno Freitas Farias[1], **Daniela Lopes Leite**[2], **Valter Rodrigues Oliveira**[3], **Antonio Williams Moita**[3], **José Ernani Schwengber**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*,[3]*Embrapa Hortaliças - Brazil*

075 ARIÁ CALATHEA ALLOUIA (AUBL.) LINDL.:UM IMPORTANTE RECURSO GENÉTICO PARA USO ALTERNATIVO NA OLERICULTURA DA AMAZÔNIA
Danilo Fernandes Silva Filho[1], **Cesar Augusto Ticona-Benavente**[1], **Hiroshi Noda**[1], **Ariel Dotto Blind**[1], **José Nilton Rodrigues Figueiredo**[1], **Francisco Manoares Machado**[1]; [1]*Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia - Brazil*

076 DETERMINAÇÃO QUANTITATIVA DE ÁCIDOS FENÓLICOS E FLAVONOIDES IDENTIFICADAS EM ASEMEIA OVATA (POLYGALACEAE).
José Luiz Carneiro da Rocha[1], **Danielle Figuerêdo da Silva**[1], **Anne Ramos de Santana**[1], **Clayton Queiroz Alves**[1], **Hugo Neves Brandão**[1]; [1]*Universidade Estadual de Feira de Santana - Brazil*

077 CARACTERISTICAS DAS SEMENTES DE MILHO CRIOULO CONSERVADOS PELA CPACT
Eberson Diedrich Eicholz[1], **Marcel Diedrich Eicholz**[2], **Rudmar Seiter**, **Tamara Foster Acosta**, **Francis Radael Tatto**; [1]*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

078 SEQUENCIAMENTO DO GENOMA PLASTIDIAL DE *MEROSTACHYS SP*.
Karina Goulart dos Anjos[1], **Leila do Nascimento Vieira**, **Miguel Pedro Guerra**, **Hugo Pacheco de Freitas Fraga**, **Helisson Faoro**, **Emanuel Maltempi de Souza**, **Fabio de Oliveira Pedrosa**, **Marcelo Rogalski**,**Rubens Onofre Nodari**; [1]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

079 CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE RAÍZES DE ACESSOS DE BATATA-DOCE EM COLEÇÃO DIDÁTICA DA UFERSA
José Ricardo Tavares de Albuquerque[1], **Manoel Galdino dos Santos**[2], **Rayanne Maria Paula Ribeiro**[3], **Luiz Aurelio Freitas Pereira**[3], **Fernando Sarmento de Oliveira**[2], **Almir Rogerio Evangelista de Souza**[2],**Lindomar Maria da Silveira**[3], **Aurélio Paes Barros Júnior**[3]; [1]*Universidade Federal Rural de Pernambuco - Brazil*, [2]*Universidade Federal Rural do Semi-Árido - Brazil*, [3]*Universidade Federal Rural do Semi - Brazil*

080 PRODUÇÃO POTENCIAL DE SEMENTES E SEUS COMPONENTES EM ACESSOS DE POACEAS PARA FORMAÇÃO DE GRAMADOS
Andréa Mittelmann[1], **Josiane Vargas Oliveira Maximino**[2,1], **Marco Aurélio Schiavon Machado**[2,1], **Eliézer da Cunha Pinheiro**[2,1], **Angélica Halfen**[2,1], **Ana Carolina de Oliveira Alves**[3,1], **Francisco Dübbern de Souza**[1]; [1]*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [3]*Instituto Federal Sul-rio-grandense - Brazil*

081 CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA DE TRÊS ESPÉCIES DORSTENIA (MORACEAE)
Lucas Mesquita Barreto[1], **Milene Miranda Praça Fontes**[1], **Wellington Ronildo Clarindo**[1], **Tatiana Tavares Carrijo**[1]; [1]*UNIVERSIDADE FEDERAL DO ESPÍRITO SANTO - Brazil*

082 CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE TUNGUE
Marcel Diedrich Eicholz[1], **Milena Moreira Peres**, **Alexssandra Dayane Soares de Campos**, **Eberson Eicholz**, **Sérgio Delmar dos Anjos e Silva**[1]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

083 VARIAÇÃO NO ÓLEO ESSENCIAL NUMA POPULAÇÃO NATURAL DE ALECRIM-PIMENTA (LIPPIA ORIGANOIDES KUNTH) EM DUAS ÉPOCAS DE AVALIAÇÃO
Luciana Mendes Souza, **Francine Souza Alves da Fonseca**[1], **Júlio César Lopes Rodrigues**[1], **Sofia Maria Gonçalves Rocha**[1], **Ernane Ronie Martins**[1]; [1]*Universidade Federal de Minas Gerais - Brazil*

084 RELATIONSHIP BETWEEN PHENOTYPIC TRAITS OF AUSTRALIAN KING PALM
Keny Henrique Mariguele[1], **Fábio Martinho Zambonim**[1], **Alexandre Visconti**[1], **Terezinha Catarina Heck**[1]; [1]*Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Brazil*

085 NOVAS OPÇÕES DE PASPALUM SPP. PARA GRAMADOS
Liana Jank[1], **Francisco Dübbern de Souza**[2], **Frederico de Pina Matta**[2], **Rosangela Maria Simeão**[1]; [1]*Embrapa Gado de Corte - Brazil*, [2]*Embrapa Pecuária Sudeste - Brazil*

086 CARACTERIZAÇÃO PÓS-COLHEITA DE ACESSOS DE MANGABA
Priscilla Santana Santos[1], **Josefa Grasiela Silva Santana**[2], **Lisiane Santos Freitas**[1], **Mayra Crystiane de Aragão Batista**[1], **Álida Siqueira Perrucho Mittaraquis**[1], **Evandro Neves Muniz**[2], **Ana Veruska Cruz da Silva**[2]; [1]*Universidade Federal de Sergipe - Brazil*, [2]*Embrapa Tabuleiros Costeiros - Brazil*

087 ANÁLISE CITOLÓGICA DE ACESSOS DE ARAÇAZEIRO VISANDO ESTIMAR A FREQUENCIA DE GAMETAS NÃO REDUZIDOS, TIPO 2N.
Rodrigo Miranda Barbosa[1], **Telma Nair Santana Pereira**[1], **Maria Lorraine Fonseca Oliveira**[1], **Matheus Henriques Tavares Benvindo Ribeiro**[1], **Cláudia Sales Marinho**[1], **Alexandre Pio Viana**[1];[1]*Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Brazil*

088 QUANTIFICAÇÃO DE FLAVONOIDES E FENÓLICOS TOTAIS EM EXTRATOS DE FOLHA DE PASSIFLORA RACEMOSA, PASSIFLORA MUCRONATA E HÍBRIDO (PASSIFLORACEAE).
Anne Ramos de Santana[1], **José Luiz Carneiro da Rocha**[1], **Igor Kenedy Pereira de Oliveira**, **Phablo Vinicius dos Santos Carneiro**, **Clayton Queiroz Alves**, **Hugo Neves Brandão**; [1]*Universidade Estadual de Feira de Santana - Brazil*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Terça-feira, 27 de outubro

C - Recursos genéticos vegetais

COLETA DE GERMOPLASMA DE PASPALUM NOTATUM E PASPALUM LEPTON

João Carlos Pinto Oliveira[1]; Maurício Marini Köpp[1]; Ana Cristina Mazzocato[2]; Régis Ivan Hindersmann[3]

[1] Engenheiro Agrônomo D.Sc., Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil, joao-carlos.oliveira@embrapa.br, mauricio.kopp@embrapa.br

[2] Bióloga D.Sc., Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil, ana.mazzocato@embrapa.br

[3] Estudante de graduação em Agronomia, Universidade da Região da Campanha, Bagé, RS, Brasil, regishindersmann@hotmail.com

No Brasil o Bioma Pampa ocupa uma área de 17 milhões de hectares, mas apenas 36% desta área ainda está conservada. O avanço da agricultura, principalmente a soja, e o florestamento com espécies exóticas tem sido a principal causa de degradação do Bioma. O gênero *Paspalum* tem seu centro de origem na América e sua maior diversidade é encontrada neste Bioma. A maior parte das espécies deste gênero tem potencial valor econômico para serem utilizadas como plantas forrageiras. Tais fatores demonstram a importância da coleta e conservação do germoplasma deste gênero em Bancos de Germoplasma com vistas a avaliação e caracterização para uso deste patrimônio. *Paspalum lepton* Schult é uma gramínea nativa, perene, apomítica, tetraploide, tem hábito de crescimento rizomatoso e é bastante agressiva. Apresenta resistência moderada ao frio e a seca, adaptando-se bem a solos arenosos com substrato frágil. *Paspalum notatum* Flügge, também é uma gramínea nativa e perene, apomítica ou sexual, diploide ou tetraplóde, e apresenta rizomas curtos e vigorosos. O objetivo deste trabalho foi coletar acessos dessas duas espécies em áreas preservadas de pastagens naturais para a posterior conservação, caracterização e avaliação. Para isso foram realizadas três expedições de coleta entre os meses de fevereiro e março de 2015. As expedições foram financiadas pela Embrapa e percorreram a metade sul do estado do Rio Grande do Sul, nas regiões fisiográficas da Campanha, Depressão Central, Serra do Sudeste e Planície Costeira. De cada acesso coletado, foram colhidas mudas para o BAG de Forrageiras do Sul do Brasil e exsicatas para o Herbário CNPO. Ao todo foram colhidos 27 acessos, sendo doze de *P. lepton* e quinze de *P. notatum*. Os acessos de *P. lepton* foram encontrados vegetando em Luvissolos, Argissolos e Neossolos, distróficos (menos férteis) e normalmente com afloramento de rochas, nas regiões da Depressão Central, Serra do Sudeste e da Planície Costeira. Os acessos de *P. notatum* foram encontrados em Planossolos, Chernossolos e Neossolos, eutróficos (mais férteis), rasos, normalmente com deficiente drenagem, e basicamente na região oeste da Campanha.

AMPLIAÇÃO DO ACERVO DE GERMOPLASMA DE *PASPALUM URVILLEI* DA EMBRAPA PECUÁRIA SUL

Maurício Marini Köpp[1]; João Carlos Pinto Oliveira[1]; Ana Cristina Mazzocato[2]; Régis Ivan Hindersmann[3]; Juliano Lino Ferreira[1]

[1] Engenheiro Agrônomo D.Sc., Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil, mauricio.kopp@embrapa.br; joao-carlos.oliveira@embrapa.br; juliano.ferreira@embrapa.br

[2] Bióloga D.Sc., Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil, ana.mazzocato@embrapa.br

[3] Estudante de graduação em Agronomia, Universidade da Região da Campanha, Bagé, RS, Brasil, regishindersmann@hotmail.com

O gênero *Paspalum*, altamente frequente nos campos sul brasileiros, da família poaceae, perene e de crescimento estival, engloba o maior número de espécies nativas dos campos sul americanos e é também aquele que reúne o maior número de espécies de elevado valor forrageiro. Suas espécies ocorrem em praticamente todas as comunidades campestres e, em muitas dessas formações vegetais, são dominantes e responsáveis pela produção da maior parcela da forragem disponível. *Paspalum urvillei* é a espécie do gênero com maior área de ocorrência no Brasil, sendo encontrado frequentemente em terrenos perturbados dos estados do sul até o norte do país. É uma espécie perene, estival com florescimento de novembro a abril, hábito de crescimento cespitoso e ereto, apresentando excelentes características forrageiras e vegetando em campos extremamente variados. Observações de campo indicam que é bem consumida por bovinos e equinos, consorciando-se bem com outras espécies inclusive leguminosas. Considera-se que *P. urvillei* (2n=40) seja o tetraploide sexual mais envolvido na origem de novos petaloides, em virtude de suas características de polinização atuando tanto como doadora de pólen quanto como receptora. Apesar de suas características desejáveis como planta forrageira, possui algumas desvantagens como queda de qualidade com o avanço da maturação fisiológica, produção de sementes com excesso de pilosidade dificultando sua colheita e beneficiamento, entre outras. Apesar de suas desvantagens a espécie se mostrou extremamente promissora para forragicultura, pois estudos prévios demonstraram sua elevada produção de matéria seca, boa qualidade nutricional, fácil estabelecimento e tolerância a frio. Neste sentido foi iniciado um trabalho de melhoramento genético, onde o primeiro passo foi a busca por variabilidade genética da espécie. Para tal finalidade foram realizadas seis expedições de coleta entre dezembro de 2014 e março de 2015 na região sul do Brasil. Foram coletados 86 acessos de 48 cidades do estado, com elevações variando de zero a aproximadamente 1500 m, em solos de origem basáltica e granítica de diversas unidades de mapeamento com texturas de muito arenosas a muito argilosas e em ambientes muito diversos variando de bem drenados a muito alagados, bem conservados a muito alterados, não pastejados a muito pastejados, além de outros. Foi constatado a ocorrência de variabilidade entre os acesso coletados, inclusive com fortes indícios da formação de pelo menos 3 grupos distintos para a espécie. Verificou-se que apenas em regiões de solos muito arenosos houve uma redução na frequência de ocorrência da espécie, porém nunca deixando de ser encontrada. O banco de germoplasma está sendo mantido na Embrapa Pecuária Sul para ser caracterizado e avaliado no próximo ciclo produtivo.

Agradecimentos: Os autores são gratos à EMBRAPA pelo financiamento concedido e ao funcionário Harry Ebert da Embrapa Pecuária Sul.

DISTRIBUIÇÃO ECOGEOGRÁFICA DE ACESSOS CRIOULOS DE FEIJÃO-COMUM COLETADOS NO ESTADO DE GOIÁS

Flávio Pereira dos Santos[1]; Jaison Pereira de Oliveira[2]; Ana Cláudia de Lima Silva[3]; Lázaro José Chaves[4]

[1] Mestrando, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, GO, Brasil, flavioagron@gmail.com

[2] Pesquisador, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, Brasil, jaison.oliveira@embrapa.br

[3] Doutoranda, UNESP – FCA, Botucatu, SP, Brasil, analima.agro@gmail.com

[4] Professor Doutor, UFG – PGMP, Goiânia, GO, Brasil, lchaves@ufg.br

A ecogeografia é a ciência que estuda a distribuição geográfica dos seres vivos, procurando entender padrões de organização espacial e processos que resultaram em tais padrões. É uma ciência multidisciplinar que relaciona informações de diversas áreas, essencialmente descritiva, pois as escalas temporais e espaciais de abordagem tornam a prática experimental inviável. A ecogeografia baseia-se nos conceitos de evolução das espécies, em que diferentes condições ecológicas criam pressões seletivas diferentes que levam a alguma coincidência entre as transições ecológicas e os limites de distribuição de espécies aparentadas. As variáveis ecogeográficas podem ser importantes fontes de estudo da diversidade entre e dentro de espécies. Os acessos podem ser agrupados de acordo com dados ecogeográficos, tais como: região geográfica, ano de coleta, dentre outras, que podem ser utilizadas em modelos estatísticos, com o propósito de gerar resultados da frequência de ocorrência de indivíduos coletados. Assim é possível conhecer a frequência de coletas e os locais visitados bem como as coletas realizadas em cada ano ou período. Diante disto, o objetivo deste trabalho foi caracterizar a distribuição ecogeográfica e anos de coletas em 156 acessos tradicionais de feijão-comum oriundos de coletas realizadas no Estado de Goiás. Com a organização do banco de dados de parte dos acessos crioulos de feijão-comum, procurou-se agrupar a variabilidade ecogeográfica existente entre 156 acessos tradicionais de feijão-comum coletados no Estado de Goiás. Os 156 acessos crioulos foram coletados em 35 municípios do Estado de Goiás, sendo 11 acessos sem a identificação do município de coleta, município desconhecido. A frequência do número de acessos em cada município variou de 0,64% a 10,90%. Nesse caso, destacam-se os municípios de Inhumas e Silvania, com 21,80% dos acessos coletados (34 acessos). Por outro lado, 31,43% dos municípios tiveram a menor frequência de acessos coletados, ou seja, 0,64% (1 acesso). Ressalta-se que a região metropolitana da capital do Estado, teve uma baixa frequência de coletas, 1,28%. Com relação ao tempo de coleta, foram realizadas expedições de coletas entre 1980 a 2003. O ano de 1981, foi o que teve maior frequência de coletas, 82,05%, sendo realizados coletas em 25 municípios e coletados 128 acessos. Na coloração de grão, a maior frequência foi de coletas de acessos com cor amarela, 26,92%, seguida pelos acessos de cor preta, 23,08%. Os estudos apontam para a necessidade de novas coletas, cobrindo, principalmente o sul e o norte do Estado de Goiás. A região metropolitana da capital do Estado, também deve ser melhor amostrada, visto ser uma região com grande atividade de agricultura familiar com intensa produção para venda direta em feiras livres. Feijões amarelos tipo banha de galinha, são muito apreciados na culinária de agricultores familiares.

Agradecimentos: À Capes, pela bolsa concedida ao Flávio Pereira dos Santos (bolsa de Mestrado) e a Embrapa Arroz e Feijão pela estrutura e condições para o experimento ser conduzido.

COLETAS E CARACTERIZAÇÃO *IN SITU* DE ALGODOEIROS ARBÓREO (*GOSSYPIUM BARBADENSE*) PRESENTES NO SUDESTE GOIANO, BRASIL

Dahis[1]; Andrezza Arantes Castro[2]; Juliana Oliveira da Silva[3]; Lúcia Vieira Hoffmann[4]; Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes[5]

[1] Mestrado do PPG de Proteção de Plantas, IF Goiano, Urutaí, GO, Brasil, dahis_ramalho@hotmail.com

[2] Graduanda em Ciências Biológicas, IF Goiano, Urutaí, GO, Brasil, andrezzaarantes@hotmail.com

[3] Graduanda em Agronomia, IF Goiano, Urutaí, GO, joliveira_silva@yahoo.com.br

[4] Pesquisador a Engenheira Agrônomo, Embrapa Algodão, Santo Antônio de Goiás, GO, Brasil, lucia.hoffmann@embrapa.br

[5] Professor de Genética, IF Goiano, Urutaí, GO, Brasil, ivan.menezes@ifgoiano.edu.br.

O algodoeiro *G. barbadense* é uma importante fonte de variabilidade genética que pode ser explorada para o melhoramento do algodão comercial. Até 2014, pode-se constatar 119 acessos de 20 municípios do estado de Goiás coletados por pesquisadores da Embrapa, contudo ainda há muito ser feito para resguardar a variabilidade genética desta espécie no estado, principalmente, quando se refere a região do Sudeste Goiano, ainda não representada. Este algodoeiro perene é forte candidato a hospedar e disseminar pragas, assim a região Centro-Oeste motivada pela legislação de erradicação ameaça sua existência na região. Estudos de coleta e conservação deste algodoeiro são primordiais para sua preservação. Objetivo com este trabalho foi mapear, coletar e caracterizar o modo de ocorrência de *G. barbadense* presentes na região do Sudeste Goiano. Aumentando, desta forma, a informação a cerca dos recursos genéticos desta espécie no Estado de Goiás. No período de 08/2014 a 07/2015 foram realizadas expedições de a coleta de *G. barbadense* nos municípios de Ipameri, Urutaí, Pires do Rio, Palmelo, Santa Cruz, Cristinópolis e Piracanjuba. Para a caracterização *in situ* foi usado um formulário semi-estruturado, no qual anotou observações diretas do ambiente e da planta, além das coordenadas geográficas (latitude, longitude, altitude) utilizando GPS, com base no banco de dados do ALBRANA. Foram coletados 32 algodoeiros pertencentes a espécies *G. barbadense*. O maior número de espécimes foi coletado em Ipameri, seguido de Pires do Rio, Cristianópolis, Urutaí, Palmelo, Santa Cruz de Goiás e Piracanjuba, 10, 8, 5, 4, 3, 1 e 1, respectivamente. As plantas foram localizadas predominantemente em fundos de quintais, sendo o tipo beira de estrada menos frequentes. Diferente das outras regiões de coleta no Brasil, encontrou-se também plantas mantidas em lotes residenciais. Está ocorrência indica a incerteza da sua permanência *in situ*, visto que sua sobrevivência está associada ao habito cultural dos proprietários, que usa as folhas e sementes quase que exclusivamente para fins medicinais. Apenas 25% das plantas caracterizadas não havia presença de flores, sendo 75% com flores e essas ainda apresentavam manchas, característico da espécie. Estas manchas foram fracas ou fortes. Essa diferença de intensidade de cores assim como as diferentes formas de estigmas observadas demonstra a existência de variabilidade deste germoplasma coletado. Presença de macha na região adaxial das pétalas representa um marcador morfológico que, também, indica ausência de fluxo gênico com espécie cultivada comercialmente *G. hirsutum*, que não apresenta manchas nas pétalas. Resultado já esperado visto à ocorrência quase individual e isolada dos algodoeiros *G. barbadense*, gerando condições menos atrativas para presença de seus polinizadores, aumentando assim a taxa de autopolinização devido ao seu sistema misto de reprodução. De forma geral, verifica-se que os algodoeiros *G. barbadense* de zonas urbanas ocorrem quase que exclusivamente como planta única em fundo de quintal para fins medicinais. Desta maneira, a ameaça a sua permanência nos locais que ocorrem está associada, principalmente, aos hábitos culturais dos mais velhos que pode ser perdidos nas novas gerações. Com os nossos resultados, pôde-se introduzir acessos presentes no Sudeste Goiano e indicar que medidas de amostragem e a conservação *ex situ* devem continuar para resguardar os recursos genéticos de *G. barbadense* do estado de Goiás.

Agradecimentos: FAPEG, Embrapa Algodão e IF Goiano Câmpus Urutaí

COLECTA DE ESPECIES NATIVAS EN ÁREAS DE CAMPO NATURAL EN RIESGO POR EXPANSIÓN DE LA AGRICULTURA

Federico Condón[1], Rodolfo Franco[2], Guadalupe Tiscornia[3], Martín Jaurena[4], Rafael Reyno[5], y Elena Beyhaut[6]

[1]Ing. Agr. (Phd). Banco de Germoplasma INIA La Estanzuela, Uruguay, fcondon@inia.org.uy;

[2]Ing. Agr, Profesor Asistente, Centro Universitario de Tacuarembó, Universidad de la República, rodolfo.franco@cut.edu.uy;

[3]Lic. Unidad GRAS, INIA Las Brujas, Uruguay, gtiscornia@inia .org.uy;

[4] Ing. Agr. (Msc). Programa de Pasturas y forrajes, INIA Tacuarembó, Uruguay, mjaurena@inia.org.uy.

[5]Ing. Agr. (Phd). Programa de Pasturas y forrajes, INIA Tacuarembó, Uruguay, rreyno@inia.org.uy;

[6] Ing. Agr. (Phd). Laboratorio de microbiología INIA Las Brujas, Uruguay, ebeyhaut@inia.org.uy

Introducción. El campo natural cubre más del 70% del Uruguay y es parte de las praderas templadas que cubren el este de Argentina y el sur de Brasil, con un áreas de pastizales que cubre 39: de km^2. El Uruguay se ubica en una región de transición bioclimática, sobre una amplia diversidad edáfica y con una vegetación natural muy diversa y heterogénea. El campo natural presenta más de 350 especies. En esta diversidad ambiental, la diversidad intra-específica es un aspecto importante a explorar en especies de interés forrajero. La expansión de la agricultura en los últimos 15 años ha llevado a la reducción del área ocupada por el campo natural, estimándose perdidas mayores al 23%, lo que pone en riesgo a poblaciones y ecotipos de las especies que constituyen el campo natural. Objetivos. 1) identificación de áreas de riesgo potencial de pérdida de especies nativas, 2) colectar especies nativas de potencial forrajero, tanto gramíneas como leguminosas y sus rizobios asociados y 3) generar colecciones conservadas a largo plazo con el objetivos de caracterizar germoplasma para reintroducción en áreas degradas o hacer mejoramiento genético. Estas colecciones de germoplasma vegetal y microbiano serán conservadas en el Bando de Germoplasma de INIA La Estanzuela y el Banco de Microorganismos de INIA Las Brujas, para ser utilizadas en la recuperación de Campos Naturales y/o regeneración de la vegetación natural. Metodología. Basado en el diagnóstico de uso del suelo (Baeza et al, 2012), se identificaron las unidades de suelo (cartografía de suelo 1:1 millón MGAP-MSA, 1976), con un área en agricultura mayor al 10%. Dentro de estas, las áreas clasificadas como de aptitud agrícola-pastoril y pastoril-agrícola que no se encuentran en agricultura se asumieron como la frontera agrícola potencial, y con un riesgo mayor en función de su índice productivo (CONEAT -MGAP, 1996). Se determinaron el número de sitios de colecta en función de la superficie de las unidades, siendo las principales unidades identificadas Itapebí - Tres Arboles, San Gabriel – Guaycurú, Río Tacuarembó, Alferez, Chapicuy , La Carolina y Rincón de Zamora (31% de los sitios a cubrir, 3 o más sitios por unidad) y 61 unidades con 1 o 2 sitios a cubrir. Las expediciones de colecta se iniciaron en diciembre de 2012 y continuaran hasta principios de 2016. Las áreas de colecta de semillas han sido tanto áreas remanentes de agricultura y forestación al igual que campo natural en descanso. Principales resultados. Se han visitado un total de 178 sitios de colecta, representando el 80% de las unidades de suelo identificadas como objetivos de colecta, colectándose un total de 409 muestras de semillas y 22 muestras de raíces de leguminosas para la aislación de cepas de rizobios. Las especies colectadas han sido *Paspalum dilatatum* (63 accesiones)*)*, *Briza subaristata* (41), *Piptochaetium stipoides* (28), *Bothriocloa laguroides* (44), *Stipa Setigera* (22), *Bromus auleticus* (21), *Paspalum plicatulum* (24), *Stipa hialina* (14), *Axonopus affinis* (21), *Coelorachis selloana* (28), *Bromus catharticus* (8), *Paspalum notatum* (14), *Panicum hians* (22), *Desmanthus* virgatus (7), *Adesmia bicolor* (4), *Adesmia punctata* (3), *Adesmmia incana* (2), *Desmodium incanum* (2) *y Adesmia securigerifolia* (1).

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

ANALYSIS OF MOLECULAR MARKERS SSR AND RAPD IN *MALPIGHIA EMARGINATA*

Adson Leonardo Mendes Souza[1]; Adillio Luiz de França[1]; Jotta Júnior Novaes[1]; Jessica Nayara Basilio Silva[1]; Kamylla Teixeira Santos[1]; Darlyson Dos Santos Silva[1]; Victor Hugo Dantas Guimarães[1]; Matheus Ferreira Inacio[1]; Kennia Karolline Goncalves Pereira[2]; Gustavo Antunes Marques Silveira[3]

[1]Scholastic of the Biological Sciences Baccalaureate course, Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Montes Claros, Minas Gerais, Brasil.

[2]Scholastic of the Agronomic Engineering, Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Janúba, Minas Gerais, Brasil.

[3]Master's Degree in Plant Genetics, Universidade Federal Rural de Pernambuco – UFRPE, Recife, Pernambuco, Brasil.

Malpighia emarginata, an shrub of the malpigiaceae family, have its origin on the Antilles, Central America and north of the South America. Introduced in Brazil on the year of 1955 in the Pernambuco state, from where spread to all national territory, developing in tropical regions, adaptating mainly to the tropical and subtropical weather. With a pleasant taste and scent, accepted by most consumers, the precocity production and C vitamin richness, the acerola has aroused great interest by the consumers, producers, industry and exporters inside the national and international horticulture. The absence of defined acerola varieties in Brazil and the seed plantation triggers a desuniformity on the yearly production of fruit per plant, generating difficulties with the product, losses on the production and fruit quality. Because of this, the preservation of the acerola's genetic variability, by the constitution of germplasm banks have great significance both in biological conservation as in the application on genetic improvement. The genetic researches with acerola are based on agronomic characters and morphological markers, however, the markers exists on limited number and it's genomic expression are subject to the ambient variation. Techniques s that make use of the polymerase chain reaction (PCR) has speeding up the development of new systems to the obtainment of DNA markers such as microsatellite or SSR (Simple Sequence Repeats) and RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). The present study had as goal use molecular markers obtained by DNA amplification with PCR with RPDA and SSR primers to access the genetic variability contained in 32 genotypes of acerola (*M. emarginata*). The experiment was lead by the Universidade Federal Rural do Pernambuco, where 32 types of acerola provided of the commercial orchards from the south region of the state were submitted to analysis and about 40mg of fresh leaves were used for DNA analysis. The adopted procedure was adapted from the CTAB (Cethyltrimethylammonium Bromide, Sigma) method, described by Doyle & Doyle (1987), where the CTAB was substituted for MATAB (Mixed Alyltrimethylammonium Bromide, Sigma) on the extraction tampon. After all the realized methods, the markers were analyzed with the software NTSYS-PC (Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System for personal computers, Version 2.1, Applied Biostatistics, Inc.). It was constructed a genetic similarity matrix, using the Jaccard coefficient (J), calculated according the formula: J=N/P, where N is the number of positive concordances and P is the total number of variables, except the positive concordances. In the dendogram construction was used the UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average) grouping method. The high polymorphism degree detected with the RAPD markers agreed with the variability of acerola's morphologic and agronomic characters. The analysis of the similarity matrix and the dendogram allows identifying five distinct groups at the 32 types of acerola. Conclusion: The polymorphism generated with the RAPD markers showed that, despite the narrow genetic base, that features the acerola collections found in Brazil, the variability is relatively high. The RAPD markers allowed higher polymorphism levels; the similarity identified with the SSR generated primers suggests a higher correlation with morphological characters obtained with associations. The results obtained from DNA markers can help in the definition of strategies more efficient to be used in the improvement program of acerola.

Acknowledgments: The autors thanks Facepe and UFRPE for the financial support and the Unimontes for the contribution in the analysis.

COLETA, INTRODUÇÃO E AVALIAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MILHO

Gabriela Inocente[1]; Willian Tsuyoshi Ogasawara[2]; Pedro Mario de Araújo[3]

[1]Mestranda em Agricultura Conservacionista, Instituto Agronômico do Paraná- IAPAR, Londrina-PR/Brasil, gab_inocente@hotmail.com

[2] Estagiário, Instituto Agronômico do Paraná- IAPAR, Londrina-PR/Brasil, willianogasawara@gmail.com

[3] Pesquisador, Instituto Agronômico do Paraná - IAPAR, Londrina-PR/Brasil, pmaraujo@iapar.br

A coleta e conservação de germoplasma crioulo de milho são de grande importância, porém, por se tratar de espécie alógama, também bastante trabalhosa. As raças e variedades de milho são populações de indivíduos em que cada qual se constitui em um genótipo único, requerendo um número considerável de sementes para manutenção de suas características genéticas. Os objetivos do presente trabalho foram: a renovação de sementes de populações de milho do Banco Ativo de Germoplasma do IAPAR e o ensaio de avaliação e caracterização do germoplasma crioulo. Foram avaliadas 37 populações do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) do IAPAR, a multiplicação e caracterização foi realizada na Estação Sede do IAPAR em Londrina-PR, sendo a multiplicação realizada por meio de polinização controlada e cruzamentos manuais com polinização manual por cruzamentos manuais e proteção da inflorescência masculina e feminina. Parte dessas sementes foi armazenadas em câmara fria e a outra parte destinada ao ensaio de avaliação. Esses ensaios foram realizados na safra 2012/2013 em três localidades no Paraná: Londrina, Guarapuava e Pato Branco, com duas repetições em cada local. Foi realizada, análise de variância com delineamento de blocos casualisados para os caracteres altura de planta (AP), altura de espiga (AE), florescimento feminino (FF) e rendimento de grãos (REND). A partir dos resultados obtivemos a média geral dos caracteres avaliados nos três locais, apresentando 72,5 dias para florescimento, 2,80 metros para altura de planta, 1,65 metros para altura de espiga e 6576,1 $kg.ha^{-1}$ para peso de grãos, evidenciando que as populações apresentam florescimento tardio e elevada altura de planta e espiga, características predominantes nas populações nativas do Brasil. Em Londrina, a média geral de florescimento feminino foi de 65,3 dias e de 2,82 e 1,63 m para altura de plantas e espigas respectivamente, e a que apresentou maior produtividade (9740 $kg.ha^{-1}$) foi a população IPR 127. Em Guarapuava, a população GI 165 apresentou a maior produtividade (9780 $kg.ha^{-1}$), a média geral do ensaio foi de 81,3 dias para o florescimento feminino e 2,82 e 1,78 m para altura de plantas e altura de espigas. Em Pato Branco, o híbrido simples IPR 127 apresentou a maior produtividade (10855 $kg.ha^{-1}$), a média geral do ensaio foi de 70,9 dias para o florescimento feminino e 2,74 e 1,55 cm para altura de plantas e altura de espigas respectivamente. A localidade que obteve a melhor média de produção foi Pato Branco quando comparado às três cidades em conjunto, a testemunha IPR 127 que é um híbrido simples apresentou a maior produtividade geral (10045,0 $kg.ha^{-1}$). Considerando-se, que as testemunhas são híbridos simples tivemos seis materiais promissores que apresentou características semelhantes, e com mínimo de 69% de produtividade quando comparado com a testemunha, obtendo um indicativo de bom potencial para uso no programa de melhoramento.

Agradecimentos: Apoio financeiro IAPAR, e CNPq pela concessão de bolsa de mestrado.

IDENTIFICATION AND CARACTERIZATION GENETIC FROM *ANNONNA CRASSIFLORA* POPULATION ON NORTHERN OF MINAS GERAIS, USING MICROSSATELITES MARKERS

Adillio Luiz de França[1]; Adson Leonardo Mendes Souza[1]; Jotta Junior Novaes[1]; Anna Clara Azevedo Silveira[1]; Vitelhe Ferreira de Almeida[1]; Fabiana da Silva Vieira Matrangolo[3]; Jessica Nayara Basilio Silva[1]; Kamylla Teixeira Santos[1]; Victor Hugo Dantas Guimarães[1]; Darlyson Dos Santos Silva[1]; Matheus Ferreira Inacio[1]; Kennia Karolline Goncalves Pereira[2]; Roberto Allan Ribeiro Silva[5]; Cristiano Paiva Souto Braga[4]

[1]Scholastic of the Biological Sciences Baccalaureate course, Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Montes Claros, Minas Gerais, Brasil. adillioalf@yahoo.com.br

[2]Scholastic of the Agronomic Engineering, Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Janaúba, Minas Gerais, Brasil.

[3]Teacher, PhD Health Sciences - Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Montes Claros, Minas Gerais, Brasil. fabianasvm@gmail.com

[4]Teacher, PhD in Plant Genetics, Universidade Federal Rural do Pernambuco - UFRPE, Recife, Pernambuco, Brasil. cristiano.braga@ufrpe.com.br

[5]Scholastic of the Nursing, Faculdade Vale do Gorutuba, Nova Porteirinha, Minas Gerais, Brasil.

Among the fruit trees species, araticum (Panã) is a fruit native from Cerrado. Araticum is the name given to several species of the Annonaceae family, same of the custard apple (*Annona squamosa*), as know as ata or pinha, depending on the region. Distributed by the north of Minas Gerais, presents a great agronomic potential and enhances the local economy. The species is distributed in the Brazilian biome cerrado from the central plateau in the height variations from 800 to 1200 meters, covering the Brazilian states of Bahia, Goiás, Maranhão, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul and Minas Gerais and the Distrito Federal. Watching the high potential of the fruit and comparing the other non domesticated species from Cerrado, the araticum supplies a short fructification period, making its production and commercialization unfeasible beyond harvests. Regarding the natural population's genetics studies, the molecular markers represent an effective tool in the quantification of the specie's genetic diversity. Among all the markers, the microsatellites stand out on the characterization of genetics structures of natural population studies, by presenting higher informative content per gene locus between all the molecular makers currently used. The present study had as goal quantify the genetic structure of 64 populations of *A. crassiflora*, the viability of primers and genetic diversity of the types distributed in the north of Minas Gerais. The vegetative part used in this work was collected in the north of Minas Gerais, in the cities of Montes Claros 16° 44'02.8" S. 43° 51'23.3" W., Juramento 16° 50' 50.4" S. 43° 35' 14.9" W. and Grão Mogol 16° 33' 40.4" S 42° 53' 21.3" W. It was sampled 64 individuals from each population. The collected material constituted of young leaves that was packed in ice and after stored in freezers with -20° C temperature until the DNA extraction for analysis. For the DNA extraction it was used the modified protocol described by Ferreira & Grattaplagia (1998). With the DNA samples was made the amplification reactions in thermocycler PTC-100 (MJ Research) model. Each reaction was constituted by 13 micro liters containing: 4,5 mg of DNA, 0,25 micro Mol of each primer (forward and reverse), 0,25 mM of each on of the dNTPs, cap Tris-HCl, 1U Taq DNA polymerase and ultrapure water. In the PCR the cycles and temperature were established by a primer test, in the temperatures of 94º C 5 min/ 72º C/ 72º C 7 min. After all the analysis made, was used the statistical program GDA (Lewis & Zaykin, 2000). The dendogram (UPGMA) was generated with the program NTDYD (Rohlf, 1989). The heterozygosity average values were high, indicating high genetic variability levels in the natural populations of araticum evaluated. The allele numbers was high, averaging twenty alleles per locus. The average heterozygosity expected was higher than the observed, indicating excess of homozygote. Conclusions: There has an elevated level of genetic variability in the natural population of *A. crassiflora*. The results points to the occurrence of 2 genetic diversity gradients in the north of Minas Gerais. More detailed studies will be making about the species and it occurrences in the north of the state, since the studies leaved many gaps for a new branch of researches in the region.

Acknowledgments: The authors thank the Fapemig and Fadenor for the financial support.

RECURSOS GENÉTICOS DE CUCURBITÁCEAS DA SERRA GAÚCHA (RS – BRASIL)

Eduardo Valduga[1]; Rosa Lia Barbieri[2]; Daniela Priori[3]

[1] Biólogo, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, valduedu10@yahoo.com.br.

[2] Dr. ª, Pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, lia.barbieri@embrapa.br.

[3] Dr. ª, Pós-Doutoranda CAPES/Embrapa, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, dani_priori@yahoo.com.br.

Abóbora, bucha, chuchu, melão, melão-de-são-caetano, melancia, pepino e porongo, são alguns representantes populares dos recursos genéticos da família Cucurbitaceae cultivados no Rio Grande do Sul. Os indígenas apreciavam as abóboras através de sua rotina cultural, os conquistadores europeus no século 16, aprovaram estes recursos genéticos e coletaram diversas sementes, as quais foram distribuídas pelos países europeus. No século 19, as cucurbitáceas retornaram ao Brasil com os imigrantes, entre eles italianos, na forma de diferentes variedades com distintos usos. Essas variedades, denominadas de crioulas, possuem alta diversidade genética. A região de colonização italiana da Serra Gaúcha caracteriza-se pelas pequenas propriedades rurais com agricultura familiar. A colonização da região data de 1875 quando as famílias iniciaram a agricultura, produzindo milho, feijão, trigo e diversas cucurbitáceas. As abóboras crioulas fazem parte da culinária típica. Este trabalho teve objetivo de verificar o cultivo de variedades crioulas de espécies da família Cucurbitaceae, coletar sementes desses recursos genéticos para conservação *ex situ* e resgatar o conhecimento associado a estes recursos genéticos em comunidades rurais da Serra Gaúcha. A metodologia foi baseada na utilização de entrevistas semiestruturadas aplicadas a agricultores familiares de três municípios, Bento Gonçalves, Garibaldi e Monte Belo do Sul. A doação das sementes foi realizada voluntariamente pelos agricultores, após questionamento sobre o interesse em conservar as sementes no banco ativo de germoplasma da Embrapa Clima Temperado. No total foram 15 famílias de agricultores visitados de maio a julho de 2015, 12 entrevistas foram respondidas por mulheres e três por homens. Foram obtidas nove doações de variedades crioulas de cucurbitáceas, as sementes em sua maioria estão misturadas em duas ou mais variedades, dificultando a contagem das espécies, que será possível apenas após o plantio das sementes doadas. Todas as famílias entrevistadas cultivam mais de uma variedade crioula, principalmente de abóboras, as quais apresentam grande diversidade e usos na alimentação humana e animal. Foram relatadas pelos entrevistados diversas receitas típicas com origem no tempo da colonização italiana, como o “tortéi”, a “abóbora em calda” e a “marmelada de abóbora”. As formas de cultivo variaram desde o plantio sob os parreirais até bordas de matas e capoeiras. Quanto ao armazenamento das sementes, as técnicas são diversificadas, sobressaindo aquelas onde o agricultor as retira dos frutos no momento em que as utiliza e depois as seca sobre um papel e guarda em potes fechados até o momento ideal do plantio. Outra técnica comum é a de secar diversas variedades de abóboras juntas e guardar no mesmo recipiente. Essas variedades são cultivadas todas na mesma área e, na hora de guardar as sementes novamente, os agricultores selecionam os melhores frutos de cada espécie para realizar a retirada das sementes. Essa prática aumenta a variabilidade genética nas variedades crioulas, pois ocorrem cruzamentos, gerando novas combinações alélicas a cada geração. De todas as entrevistas realizadas, não houve relatos de desvantagens associados à produção de variedades crioulas de abóboras.

Agradecimentos: Ao CNPq pelo fomento à pesquisa e aos agricultores, essenciais para o desenvolvimento do trabalho.

ESTRATÉGIAS DE MANEJO PARA CONSERVAÇÃO *IN SITU* DE RECURSOS GENÉTICOS DE *BUTIA ODORATA* (BARB. RODR.) NOBLICK

Anelise Hagemann[1]; Fabio Dutra; Taíse Carbonari; Claudete Clarice Mistura; Enio Egon Sosinski Junior; Rosa Lia Barbieri[3]

[1] Engenheira Agrônoma, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, anehagemann@gmail.com.

[2] Engenheiro Agrônomo, Doutor, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, enio.sosinski@embrapa.br

[3] Bióloga, Doutora, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS Brasil, lia.barbieri@embrapa.br

Butia odorata (Barb. Rodr.) Noblick é uma planta da família Arecaceae, cujas populações gregárias são chamadas de butiazais ou palmares. É uma espécie nativa nos ecossistemas campestres meridionais da América do Sul, no Bioma Pampa, especificamente no litoral médio e sul do Rio Grande do Sul, no Brasil, e nos departamentos do leste do Uruguai. A conservação desta espécie passa pelo reconhecimento da importância destas áreas, pois os butiazais apresentam um elevado potencial de geração de renda quando associados ao turismo, ornamentação, alimentação e recursos genéticos ainda inexplorados. Diversos fatores ameaçam a manutenção dos butiazais, entre eles a conversão das áreas em agricultura ou florestamento e a pecuária intensiva, uma vez que essa influencia diretamente no estabelecimento de novas plântulas, prejudicando a renovação dessas populações, as quais são formadas em geral por indivíduos centenários, com poucas plantas jovens. O objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes estratégias de manejo conservativo visando fomentar a conservação *in situ* de uma população de *Butia odorata*. O trabalho foi realizado em parceria entre a Embrapa Clima Temperado e a Fazenda São Miguel, no município de Tapes, estado do Rio Grande do Sul. Nesta fazenda existe um butiazal ocupando uma área de 650 hectares, com cerca de 70 mil butiazeiros adultos, onde é realizada pecuária de corte. Foram avaliadas diferentes estratégias de manejo para favorecer a regeneração do butiazal, isto é, o desenvolvimento de plântulas de *B. odorata* para recomposição da população natural. Em seis parcelas de 400m^2, sendo uma com pastejo contínuo convencional (0,9 animal/ha), quatro parcelas com manejo conservativo (com a exclusão do pastejo durante o inverno e carga animal mais baixa, de 0,8 animal/ha) adotado desde 2013, e uma parcela com exclusão total de pastejo desde 2010. As áreas avaliadas não tinham plantas adultas, para evitar erros de avaliação. Em cada área foi realizada a contagem do número de plântulas em 2014 e em 2015. Foi também registrada a estatura, o número de folhas, a proximidade de plantas protetoras e os danos pelo pastejo. Os resultados mostraram que na área sob manejo conservativo, o número de plantas novas de *B. odorata* por parcela aumentou de um ano para outro, passando de uma densidade média de plântulas por metro quadrado nas quatro parcelas de 1,155 plantas/m² em 2014 para 1,8425 plantas/m² em 2015. Para o pastejo contínuo convencional da fazenda, apesar de haver um aumento no número de plântulas – densidade média de 0,025 planta/m² e 0,075 planta/m² respectivamente nos dois anos, este ainda foi menor do que na área de manejo conservativo. Na parcela excluída do pastejo observou-se uma estabilidade no número de plântulas, de 0,5975 planta/m² no primeiro ano e 0,5750 planta/m² no segundo ano. Foi notado o papel do gado e de outros animais, como o graxaim, na dispersão de sementes de butiá, após se alimentarem dos frutos, com posterior eliminação de sementes junto as fezes. Foi observado que a proximidade de plantas pouco palatáveis e espinhosas favorece o estabelecimento de plântulas novas de butiá, pois ajudam a evitar o pastejo. Neste aspecto, o manejo conservativo atua favorecendo o desenvolvimento de touceiras formadas por estas plantas fibrosas e pouco palatáveis, rejeitadas pelo gado durante o pastejo, onde é possível encontrar aglomerados condensados de plântulas de *B. odorata*.

Agradecimentos: CNPq, Fapergs, Capes, Probio 2, RS Biodiversidade.

GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *LUEHEA DIVARICATA* MART. & ZUCC. COM O USO DE ÁCIDO GIERÉLICO

Clarissa S. Gomes[1]; Lia R. S. Reiniger[2]; Larissa Bittencourt[3]; Enrique A. B. Léon[4]

[1] Engª Ftal., Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, clastahlgomes@gmail.com

[2] Engª Agrôn., UFSM, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, liarsr@ufsm.br

[3] Engª Ftal., UFSM, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, larybittencourt@gmail.com

[4] Eng. Ftal., UNA, Assunção, Paraguai, ebenitzleon@gmail.com

A América Latina engloba alguns dos biomas com maior diversidade vegetal do planeta, entretanto, também sofre com um índice elevado de exploração da vegetação nativa, o que prejudica a conservação de muitas espécies. Nesse sentindo, as pesquisas em ambiente controlado atuam como grandes aliadas na implantação de bancos de germoplasma, possibilitando a conservação de genótipos e sua eventual alocação *in vivo* por meio da produção de mudas sadias e vigorosas. Na cultura de tecidos, a germinação e o subsequente estabelecimento *in vitro* de explantes de origem seminal constituem as primeiras etapas da micropropagação e são essenciais para o sucesso de todo o processo. O objetivo do trabalho foi verificar o efeito do ácido giberélico (GA_3) na germinação de sementes de açoita-cavalo (*Luehea divaricata* Mart. & Zucc.). O teste foi realizado no Laboratório de Cultura de Tecidos do Núcleo de Biotecnologia e Melhoramento, do Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Rurais da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), em Santa Maria, RS. Utilizou-se um lote de sementes de açoita-cavalo coletadas no município de Ijuí – RS. O experimento consistiu em um teste de germinação em caixas plásticas tipos *gerbox*, em delineamento inteiramente casualizado, com arranjo bifatorial A x B, sendo o fator A as concentrações de GA_3 (0; 50; 250 ou 500 mg L^{-1}) e o fator B, os tempos de exposição das sementes à giberelina (0; 6; 12 ou 24 h), totalizando 16 tratamentos. As sementes, previamente desinfestadas, foram imersas em soluções contendo GA_3 conforme o tratamento e acomodadas nas caixas, com quatro repetições por tratamento, cada uma composta por 25 sementes. O experimento foi mantido em sala de crescimento com temperatura controlada de 25±3°C, fotoperíodo de 16h e intensidade luminosa de 20 μmol m^{-2} s^{-1}. As avaliações foram feitas ao final de um período de 45 dias de inoculação nas caixas, sendo considerada germinação a emissão de radícula. Não houve interação significativa entre os fatores principais, porém considerados de maneira isolada, houve efeito significativo para todas as variáveis analisadas. As sementes submetidas ao tratamento testemunha (apenas imersão em água) apresentaram a maior média de germinação (76,75%). Dentre as que foram imersas em soluções de giberelina, a maior média foi de 58,75% na concentração 500 mg L^{-1}, seguida pelas médias 52% a 50 mg L^{-1} e 41% a 250 mg L^{-1} de GA_3. Para o fator tempo, a germinação foi diretamente proporcional ao aumento do tempo de imersão das sementes nas soluções de GA_3, obtendo-se 71,75% de germinação para o maior tempo testado (24 h). A simples imersão em água por até 24h já promove um aumento na germinação das sementes, sendo desnecessário o uso de ácido giberélico como pré-tratamento na germinação de sementes de açoita-cavalo.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

ESTABELECIMENTO *IN VITRO* DE BUTIÁ A PARTIR DE SEMENTES COM E SEM CORTE DO OPÉRCULO

Paulo Sérgio Gomes da Rocha[1]; Claudete Clarice Mistura[2]; Giovani Bolson Gomes[3]; Rosa Lia Barbieri[4]

[1] Dr. Engº Agrônomo, URI Campus Erechim, Erechim-RS, Brasil, e-mail: rocha@uricer.edu.br

[2] Eng. Agr. bolsista PDJ/CNPq, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, e-mail: c.mistura@uol.com.br

[3] Acadêmico de Agronomia, URI Campus Erechim, Erechim-RS, Brasil, e-mail: giovani_bols@hotmail.com

[4] Bióloga, Dra. em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora, Embrapa Clima Temperado, lia.barbieri@embrapa.br

Butia odorata (Barb. Rodr.) Noblick é uma espécie de palmeira nativa do Sul da América do Sul. Seu fruto, conhecido como butiá, é apreciado para consumo *in natura*, sendo também utilizado no preparo de sucos, licores e geléias. Suas folhas são utilizadas no artesanato e, no passado, foram usadas para estofaria. Vastos butiazais desta espécie existiam no Bioma Pampa, estendendo-se desde o Rio Grande do Sul até o Uruguai. Porém, devido à ação antrópica, existem poucos remanescentes. É um importante recurso genético, com potencial de uso pouco explorado no Brasil, e que se apresenta como alternativa para geração de renda, principalmente, em pequenas propriedades rurais. A propagação convencional é dificultada pelo conhecimento incipiente sobre a fisiologia das sementes, e pelo longo tempo necessário para a germinação e formação de mudas. Diante deste contexto, o presente trabalho teve por objetivo avaliar o efeito do corte do opérculo e diferentes concentrações de hipoclorito de sódio no estabelecimento *in vitro* de butiá. Duzentos diásporos de *B. odorata* coletados em Tapes (RS) foram abertos (quebrados), as sementes foram separadas e as danificadas descartadas. As sementes foram desinfestadas com álcool 70% por 30 segundos e hipoclorito de sódio por 15 minutos e após enxaguadas três vezes com água destilada autoclavada. Os tratamentos foram constituídos por diferentes concentrações de hipoclorito de sódio (1,0; 1,5% e 2,0%) e sementes sem opérculo removido e com remoção do opérculo, tendo a cavidade embrionária totalmente aberta. As sementes desinfestadas foram inoculados em tubos de ensaio contendo 8mL de meio de cultura MS suplementado com 30 g L^{-1} de sacarose, 100 mg L^{-1} de mio-inositol e o pH foi ajustado para 5,8 antes da adição de 7,0 g L^{-1} de ágar. Os 120 tubos de ensaio contendo as sementes foram colocados em ambiente escuro com temperatura de 25 $\pm$ 1 ºC, por sete dias, após transferidos para sala de crescimento com 16 horas de fotoperíodo, com fluxo de fótons de 20 µmol m^{-2} s^{-1} e mesma temperatura. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado com 20 repetições por tratamento, sendo a unidade experimental, em cada repetição, composta de um tubo de ensaio contendo uma semente (explante). As variáveis analisadas ao final de 30 dias de cultivo foram porcentagem de contaminação (bacteriana e fúngica) e porcentagem de germinação. Os dados obtidos foram submetidos à análise da variância e a média foi comparada pelo teste de Duncan ao nível de 5% de probabilidade. Houve interação entre o corte do opérculo e concentração de hipoclorito de sódio para a porcentagem de estabelecimento. A maior porcentagem de germinação (87,9%) ocorreu com as sementes com corte do opérculo na concentração de 2%. As sementes sem o corte do opérculo não germinaram em nenhuma das concentrações de hipoclorito. A maior porcentagem de contaminação (98%) foi causada por fungos na concentração de 1% de hipoclorito e a menor (9%) com 2% de hipoclorito de sódio. Em relação à porcentagem de contaminação por bactéria não houve efeito dos tratamentos. Os resultados obtidos possibilitam inferir que a desinfestação das sementes de butiá na concentração de hipoclorito de sódio 2,0% com corte da região do opérculo contribuem significativamente para o aumento da germinação *in vitro*.

VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MILHO COLETADOS NO RIO GRANDE DO SUL

Flavia França Teixeira[1]; Elena Charlotte Landau[2]

[1] Eng. Agrônoma, Dra. em Genética em Melhoramento de Plantas, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil, flavia.teixeira@embrapa.br

[2] Bióloga, Dra. em Ecologia, Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil, charlotte.landau@embrapa.br

O banco ativo de germoplasma de milho (BAGMilho) engloba mais de 4.000 acessos que vêm sendo preservados na Embrapa Milho e Sorgo. A maior parte desses acessos é originário de coletas em todos os Estados do Brasil. O Rio Grande do Sul (RS) é o Estado em que houve o maior número de acessos coletados. O objetivo desse trabalho é apresentar a variabilidade genética dos acessos do BAGMilho coletados no RS por meio da análise de seus dados de passaporte e de caracterização. Os acessos do BAGMilho coletados no RS foram selecionados com base nos dados de passaporte armazenados no programa ALELO. Os dados de caracterização deste conjunto de acessos foram selecionados visando, por meio de médias, máximos, mínimos e distribuição de frequência, quantificar, analisar e apresentar a variabilidade genética dos acessos do BAGMilho coletados no RS. Os resultados mostraram que são preservados 718 acessos no BAGMilho coletados no RS, o que corresponde a 17,9% de todo o acervo. A distribuição geográfica destes pontos de coleta abrange mais de 90 municípios do RS. A maior concentração dos pontos de coletas é na região Norte do Estado. Em cada município há um pequeno número de amostras coletadas, com exceção de Catuípe, Chiapetta, e Entre-Ijuís, onde foram coletados mais de 50 acessos em cada município. Cerca de 54% destes acessos já foram caracterizados por pelo menos um dos descritores do milho. Os valores mínimo (min), máximo (max) e médio (med) para alguns descritores quantitativos observados em média entre plantas dentro de cada acesso são apresentados a seguir: número de dias para florescimento feminino (min: 49, max: 103, med: 68 dias), altura de planta (min: 141, max: 396, med: 276 cm), altura de espiga (min: 52, max: 216, med: 146 cm), comprimento de espiga (min: 6, max: 19,0, med: 13,1 cm), diâmetro de espiga (min: 20, max: 56, med: 46,0 mm); número de fileiras (min:8; max: 24, med: 14,6), número de grãos por fileira (min: 20, max: 44, med: 30,11), peso da espiga (min: 56, max: 239, med: 143,9) peso dos grãos por espiga (min:47, max: 202, med: 119,0 g), peso de mil sementes (min: 162; max: 575, med: 372,4 g). Quanto aos caracteres qualitativos, foi possível observar que predominam espigas do tipo cilíndrica, entretanto foram observados acessos com espiga dos tipos cônica e intermediária. Grande variabilidade genética também foi observada na aparência dos grãos. Quanto à textura do endosperma, predominam acessos com grãos do tipo dentado, entretanto foram coletados no RS acessos de milho com grãos dos tipos semidentado, duro, semiduro, farináceo e pipoca. Quanto à coloração dos grãos, há predominância de grãos amarelos e alaranjados, porém foram coletados acessos com grãos brancos, vermelhos e púrpura e, ainda, pretos, como cor secundária. Desta forma, tendo como base os dados de caracterização dos acessos do BAGMilho, é possível inferir que os acessos coletados no RS preservam grande variabilidade genética, além de serem um conjunto numeroso.

GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE SEMENTES DE *EUGENIA INVOLUCRATA* D.C. EM DIFERENTES MEIOS NUTRITIVOS NA AUSÊNCIA DE LUMINOSIDADE

Larissa Bittencourt[1]; Charlene Stefanel[2]; Lia R. S. Reiniger[3]; Karol Buuron da Silva [4]; Silvia M. Rabaiolli[5]

[1] Engª Ftal., Universidade federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil, larybittencourt@gmail.com.

[2] Engª Ftal., UFSM, Santa Maria, RS, Brasil, chenistefanel@hotmail.com.

[3] Engª Agrôn., UFSM, Santa Maria, RS, Brasil, liarsr@ufsm.br.

[4] Engª Ftal., UFSM, Santa Maria, RS, Brasil, karolbuuron@hotmail.com.

[5] Engª Ftal., UFSM, Santa Maria, RS, Brasil, silviaufsm@gmail.com.

A Cerejeira-do-mato (*Eugenia involucrata* DC.) é uma espécie florestal frutífera, empregada, também, para fins energéticos (lenha e carvão), na arborização urbana e em projetos de recuperação de áreas degradadas. O cultivo *in vitro* da espécie pode contribuir com informações para a conservação *in vitro* de germoplasma e, também, para a produção de mudas, já que seu crescimento é lento. Suas sementes possuem baixo poder germinativo, além de serem recalcitrantes, não sendo recomendado o seu armazenamento por longos períodos, já que sofrem perda da viabilidade duas semanas após a colheita. O trabalho teve como objetivo avaliar a germinação *in vitro* de sementes de *Eugenia involucrata*. Foi realizado um experimento em delineamento inteiramente casualizado, em arranjo unifatorial, com quatro tratamentos, constituídos pelos meios nutritivos: MS, ½ MS; WPM ou ½ WPM, sendo utilizadas seis repetições, cada uma composta por um frasco de vidro com capacidade para 150 mL, contendo 25 mL de meio nutritivo (conforme o tratamento) e duas sementes em cada frasco. Em câmara de fluxo laminar, as sementes foram imersas por 1min em solução de etanol a 70% (v/v), seguido de um enxágue com água estéril, as quais, após, foram imersas em solução de hipoclorito de sódio a 2,5% durante 20min, sob agitação constante. Na sequência, as sementes passaram por três enxágues com água estéril. Após a inoculação, os frascos foram vedados com papel alumínio e mantidos em sala de crescimento com temperatura controlada de 25°C±2 na ausência de luminosidade. Aos 60 dias, foram avaliadas as variáveis: germinação *in vitro*, contaminação fúngica e contaminação bacteriana, expressas em porcentagem. Para a variável germinação não foi observado efeito significativo (p= 0,4132), obtendo-se média geral reduzida (4,1%). Para a contaminação fúngica foi observado efeito significativo (p= 0,0027), sendo que nos meios MS e WPM não foi observada a presença desses micro-organismos. Já nos meios ½ MS e ½ WPM foram observadas médias de 58,33% e 8,33%, respectivamente, diferindo significativamente entre si, pelo teste Scott-knott a 5%. Não se observou efeito significativo para contaminação bacteriana (p= 0,4132), com média geral elevada (95,8%). Acredita-se que a germinação *in vitro* foi reduzida devido à recalcitrância das sementes. A contaminação por fungos é menor naqueles meios com composição integral de sais. Os meios nutritivos não interferem na contaminação por bactérias.

DESINFESTAÇÃO E GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE GUAPURUVU [*SCHIZOLOBIUM PARAHYBA* (VELL.) BLAKE]

Adriana dos Santos de Oliveira[1]; Danieli Ferneda Candido[2]

[1] Acadêmica do Curso de Engenheira Florestal, Universidade do Oeste de Santa Catarina-UNOESC, Xanxerê, SC, Brasil, adri-oliveira90@hotmail.com.

[2] Mestra em Engenharia Florestal, Universidade do Oeste de Santa Catarina-UNOESC, Xanxerê, SC, Brasil, danieli.candido@unoesc.edu.br.

O guapuruvu [*Schizolobium parahyba* (Vell.) S. F. Blake], pertencente à família Fabaceae, é uma espécie florestal nativa de rápido crescimento e com grande potencial de utilização no setor florestal, contudo, as pesquisas relacionadas as suas aplicações, principalmente no que diz respeito ao cultivo *in vitro*, ainda são escassas. A micropropagação, técnica da cultura de tecidos vegetais, consiste em uma alternativa eficiente para a multiplicação desta espécie em larga escala, visto que, em relação aos métodos clássicos de propagação, possui como vantagem a possibilidade de regenerar, a partir de um pequeno número de explantes, milhares de plantas. Face ao exposto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar metodologias para a desinfestação e germinação *in vitro* de sementes de *S. parahyba*, visando contribuir para a micropropagação da espécie. As sementes de *S. parahyba* foram submetidas a um pré-tratamento de desinfestação, que consistiu na lavagem em água corrente e, após, imersão em água destilada por 10 minutos. Em seguida, realizou-se a superação de dormência por meio do corte do tegumento, com auxílio de tesoura de poda, na região oposta ao embrião, até a exposição do endosperma. Posteriormente, em capela de fluxo laminar, as sementes foram imersas em etanol 70% por 2 minutos e, após, foram aplicados os tratamentos que consistiram de diferentes concentrações de hipoclorito de sódio (NaOCl) (0,0; 2,5 ou 5%) e tempos de imersão (0, 10, 15 ou 20 minutos) no agente desinfestante, acrescidos de uma gota de detergente comercial Tween 20 e triplo enxágue em água estéril. Visando a germinação asséptica, as sementes foram inoculadas em meio nutritivo ágar-água 0,7% (m/v), previamente autoclavado por um período de 40 minutos a 120 ºC e 1 atm de pressão e, então, permaneceram acondicionados em sala de cultivo a uma temperatura de 25±2 ºC e fotoperíodo de 16 horas. A avaliação do experimento foi realizada aos 15 dias de cultivo *in vitro*, sendo consideradas as variáveis contaminação fúngica, contaminação bacteriana e germinação *in vitro* das sementes, expressas em porcentagem. Utilizou-se o delineamento experimental inteiramente casualizado, em arranjo bifatorial 3 x 4 (concentrações de NaOCl x tempos de imersão), totalizando 12 tratamentos, com 10 repetições cada, sendo cada repetição composta por um frasco com três sementes. Para a germinação *in vitro*, houve efeito significativo para as concentrações de NaOCl. Verificou-se alta porcentagem de germinação, sendo que, as maiores porcentagens foram observadas nos tratamentos em que se utilizou 2,5% de NaOCl (94,1%) e na ausência do agente desinfestante (94,9%), os quais não diferiram significativamente entre si. A menor porcentagem de germinação (87,3%), por sua vez, observou-se no tratamento em que as sementes foram desinfestadas com 5,0% de NaOCl, tal resultado demonstra que concentrações mais elevadas de NaOCl podem diminuir a porcentagem de germinação das sementes. Para a variável contaminação fúngica não houve efeito significativo para as concentrações de NaOCl, tempos de imersão e nem para a interação entre os fatores, sendo observada uma porcentagem de contaminação fúngica média (23,3%). Em relação à contaminação bacteriana, também não houve efeito significativo dos fatores principais (concentrações de NaOCl e tempos de imersão) e nem da interação entre os fatores, sendo que, verificou-se uma baixa porcentagem de contaminação por bactérias (6,9%). Não foram observados efeitos significativos dos fatores avaliados para a contaminação fúngica e bacteriana, nas condições avaliadas. Pode-se inferir que maiores porcentagens de germinação de sementes de *S. parahyba* são asseguradas com a desinfestação em NaOCl a 2,5% ou na ausência do agente desinfestante.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE QUIVI DA FEPAGRO

Cláudia Martellet Fogaça[1]; Adeliano Cargnin[2]; Gabriele Becker Delwing Sartori[3]

[1] Doutora em Genética e Melhoramento, Fepagro Serra, Veranópolis, RS, Brasil, claudia-fogaca@fepagro.rs.gov.br

[2] Doutor em Genética e Melhoramento, Embrapa Uva e Vinho, Bento Gonçalves, RS, Brasil, adeliano.cargnin@embrapa.br

[3] Técnica em Pesquisa: Laboratório, Fepagro Serra, Veranópolis, RS, Brasil, gabriele-sartori@fepagro.rs.gov.br

O quivizeiro é uma frutífera de clima temperado, cujo fruto, denominado quivi ou kiwi. Nos últimos anos vem despertando grande interesse dos agricultores, especialmente da região da Serra do Rio Grande do Sul, Brasil. Apresenta bom potencial produtivo, época de colheita não coincidente com a maioria das outras fruteiras e baixo custo de produção. Os recursos fitogenéticos são as bases da subsistência da humanidade. Fora do seu habitat natural, os recursos fitogenéticos se conservam em bancos de germoplasma. O quivi embora originário da China foi melhorado e introduzido comercialmente na Nova Zelândia. Desse país, se originaram as principais cultivares plantadas até hoje. No Brasil, na década de 90 houve a introdução dessas cultivares de quivi pelo Centro de Pesquisa Carlos Gayer – Unidade Fepagro Serra, em Veranópolis, Rio Grande do Sul, Brasil. Com o objetivo de conservar a variabilidade genética do quivi, bem como de caracterizar e selecionar novas cultivares, foi criado o Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de quivi da Fepagro. O BAG de quivi da Fepagro Serra é constituído de 25 acessos, resultando na maior coleção de acessos de quivi do Brasil. Os acessos estão distribuídos entre as espécies *Actinídea deliciosa, Actinídea chinensis e Actinídea arguta.* Os acessos são mantidos numa coleção a campo na área experimental da Fepagro Serra. As plantas são conduzidas no sistema latada, espaçadas 5 metros entre fileiras e 4 metros entre plantas. Cada acesso está representado por 3 a 5 plantas. Apesar de ser uma espécie dioica as plantas apresentam os dois sexos na mesma flor, sendo um deles estéril. Assim, dos 25 acessos, 19 são femininos e seis são masculinos. As flores das plantas masculinas contém na posição central grande número de estames (100 ou mais), com anteras produzindo pólen, sendo o pistilo atrofiado e não funcional Já as flores das plantas femininas apresentam grande número de estigmas funcionais ao centro, enquanto suas anteras produzem pólen estéril. Treze acessos pertencentes ao BAG são da espécie *A. deliciosa*, e caracterizam-se por apresentar frutos de polpa de cor verde e pilosos. Quatro acessos são da espécie *A. chinensis*, e produzem frutos de polpa amarela e glabra (sem pelos). Por fim, dois acessos são da espécie *A. arguta*, os quais podem ter frutos, tanto de polpa verde, como de polpa vermelha e glabra (sem pelos). Os frutos produzidos pelos acessos da espécie *A. chinensis* são mais susceptíveis ao ataque da mosca-das-frutas, possibilitando o desenvolvimento de fungos e por consequência ocasionando a podridão dos frutos. A necessidade de frio hibernal dos acessos da espécie *A. chinensis* é inferior ao da espécie *A. deliciosa*, enquanto que *A. deliciosa* necessita de um grande acúmulo de horas de frio (HF), de 300 a 1000HF. A necessidade de frio dos acessos da espécie *A. chinensis* fica abaixo de 300HF, produzindo frutos doces e pouco ácidos e sua colheita é realizada ainda no mês de março, devido ao ciclo mais precoce desses acessos. Já os acessos da *A. deliciosa* produzem frutos com maior acidez, tendo ciclo tardio, resultando em colheita entre os meses de abril e maio. Os acessos polinizadores mais hábeis (eficientes) são Matua (precoce) e Tomuri (tardia).

DETERMINAÇÃO DE ÁREAS PRIORITÁRIAS PARA A CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS FLORESTAIS NATIVOS

Renara Vieira Bittencourt[1], Valdir Marcos Stefenon[2]

[1] Estudante do curso de Bacharelado em Gestão Ambiental, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, RS, Brasil, renaramariabittencourt@gmail.com

[2] PhD, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, RS, Brasil, luizroesch@unipampa.edu.br, valdirstefenon@unipampa.edu.br

A grande quantidade de bens e serviços providos pelas florestas cria um desafio aos tomadores de decisões a respeito de manejo, assim como na determinação de quais áreas devem ser priorizadas para a conservação de recursos genéticos florestais nativos. Esse trabalho teve por objetivo desenvolver um indicador que permita classificar quantitativamente populações naturais, tendo por base índices de diversidade genética sumarizando esses componentes de maneira padronizada. O índice de conservação (*c*) foi testado utilizando dados estimados a partir de marcadores microssatélites para cinco populações de *Luehea divaricata*. Para a computação do índice *c*, valores de $c = 1$ a $c = 10$ foram determinados para as estimativas de cada componente de diversidade genética. Para os índices heterozigosidade esperada e observada (H_e e H_o), cuja estimativa varia de 0,0 a 1,0, foram determinados valores de 1 a 10 em escala crescente. Para os índices número efetivo de alelos e estrutura espacial intrapopulacional (A_e e Sp), cujas estimativas variam de 0,01 a ∞, o valor $c = 10$ foi determinado para o maior valor de estimativa obtida entre as populações estudadas e para os demais realizou-se regra de três para obter os valores correspondentes. O índice de endogamia F, por sua vez, varia de $F = -1{,}0$ a $F = +1{,}0$, sendo $F = 0{,}0$ indicador de que a população está em equilíbrio genético. Para esse índice genético, zero é considerada a melhor condição e equivale ao índice de conservação $c = 10$. Os demais valores, positivos ou negativos, determinam o desvio da população deste equilíbrio e foram valorados em módulo, onde o valor $F = -1{,}0$ e $F = +1{,}0$ recebem o mesmo valor para *c*, por demonstrarem a mesma proporção de desvio da população em relação ao equilíbrio genético. A soma dos valores de conservação provenientes de cada índice genético determinam o valor de importância (c_t) de cada população, sendo o maior valor determinado para a população com maior importância para a conservação dos recursos. Nenhum dos indicadores genéticos se sobressaiu na determinação do índice de conservação. A combinação dos diferentes índices determina o real valor de conservação de cada população. Essa resultado é coerente, visto que uma população com baixo número de alelos pode apresentar uma alta proporção de heterozigotos. Da mesma forma, o nível de parentesco relacionado à distribuição geográfica dos indivíduos dentro da população (Sp) é importante pois está diretamente relacionado com o aumento do índice de endogamia e redução dos índices de diversidade H_o, H_e e A_e. A riqueza alélica é um importante fator na manutenção da diversidade genética e, consequentemente, maior capacidade adaptativa e de sobrevivência. Por outro lado, a heterozigosidade também é um importante fator na manutenção da diversidade genética, capacidade adaptativa e de sobrevivência. Assim, uma população depende da interação entre os diferentes índices genéticos para apresentar um alto valor para conservação dos recursos genéticos. Sumarizando os índices genéticos estimados para populações naturais é possível ampliar os indicadores utilizados para a determinação de áreas prioritárias para a conservação. A quantificação destes índices em uma escala padronizada e sua união em um único índice permitirá uma fácil avaliação dos diferentes aspectos genéticos que determinam a capacidade adaptativa, de sobrevivência e de reprodução. Este índice também permitirá a comparação entre diversas populações, desde que o mesmo marcador e os mesmos índices genéticos sejam avaliados.

Agradecimentos: CNPq e UNIPAMPA pelo suporte financeiro e bolsas.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

AVALIAÇÃO DA INFLUÊNCIA DA MATURIDADE FISIOLÓGICA NA CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES DE *PASSIFLORA SUBEROSA* L. UTILIZANDO A TÉCNICA DE VITRIFICAÇÃO EM CRIOPLACAS (V-CRIOPLACAS)

Marcela Gomes Vianna[1]; Marina Kaiate[2]; Renata Garcia[3]; Florent Engelmann[4]; Elisabeth Mansur[5]; Georgia Pacheco[6]

[1] Estudante de pós-graduação, Universidade do Estado do Rio de Janeiro - IBRAG/NBV, RJ, Brasil, e-mail: marcelagomes20@gmail.com

[2] Estudante de graduação, Universidade do Estado do Rio de Janeiro - RJ, IBRAG/NBV RJ, Brasil, e-mail: mkaiate@hotmail.com

[3] Bióloga, bolsista de Pós-doc, Universidade do Estado do Rio de Janeiro – RJ, IBRAG/NBV, RJ, Brasil, e-mail: renatagarci@gmail.com

[4] Pesquisador, Institut de Recherche pour le Développement (IRD), França, email: florente.engelmann@ird.fr

[5] Professora Titular, Universidade do Estado do Rio de Janeiro – RJ, IBRAG/NBV, RJ, Brasil, e-mail: elisabeth.mansur@gmail.com

[6] Professora Adjunta, Universidade do Estado do Rio de Janeiro – RJ, IBRAG/NBV, RJ, Brasil, e-mail: georgiappacheco@gmail.com

Passiflora suberosa L., conhecida como maracujá-mirim ou maracujazinho-cortiça-preto, é uma espécie nativa, que ocorre desde o nordeste até o sul do Brasil. Apresenta potencial agronômico, sendo utilizada como porta-enxerto na cultura do maracujá-amarelo devido à resistência ao vírus do endurecimento dos frutos do maracujazeiro (PWV) e ao fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *Passiflorae*. Além disso, é utilizada como planta ornamental e na medicina popular. Contudo, como ocorre em áreas altamente impactadas por pressão antrópica, estratégias que visem à multiplicação e conservação desta espécie são consideradas de grande relevância. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi estabelecer um protocolo de criopreservação para ápices caulinares de *P. suberosa* utilizando a técnica de vitrificação em crioplacas (V-crioplacas), avaliando a influência da maturidade fisiológia dos explantes. Para isso, segmentos nodais foram retirados de plantas mantidas *in vitro* e inoculados em meio MSM ½ para a produção de microestacas. Após diferentes períodos de cultura (20, 30 ou 40 dias), ápices caulinares foram excisados das microestacas, e pré-cultivados em meio MSM ½ sólido suplementado com sacarose a 0,3 M, por 24 horas. Após a pré-cultura, os ápices foram aderidos à crioplacas de alumínio utilizando solução de alginato de cálcio e transferidos para solução de *loading* por 20 minutos. Em seguida, as crioplacas foram expostas à solução de vitrificação PVS2, a 0 °C, por diferentes períodos (0, 30, 45, 60, 90, 120 ou 150 minutos), antes do resfriamento do material em NL. O reaquecimento ocorreu em solução de *unloading*, a 25 °C, por 20 minutos e, após este período, os explantes foram retirados das crioplacas e inoculados em meio de recuperação (MSM suplementado com BAP a 0,44 µM). A avaliação da sobrevivência e recuperação do material vegetal foi realizada 30 e 90 dias, respectivamente, após o reaquecimento. Diferentes taxas de recuperação pós-resfriamento foram observadas, de acordo com a idade do explante e o tempo de exposição à solução de PVS2. A maior taxa de recuperação (50%) foi observada em ápices caulinares de 20 dias expostos ao PVS2 por 90 minutos. Esses resultados demonstraram a influência da maturidade fisiológica de ápices caulinares de *P. suberosa* na tolerância à criopreservação.

Apoio: Capes, CNPq e Faperj.

EFEITO DO PERIODO DE ARMAZENAMENTO NA GERMINAÇÃO E VIGOR DE SEMENTES DE CAPIM-LANUDO

Josiane Vargas de Oliveira Maximino[1]; Marco Aurélio Schiavon Machado[2]; Caroline Jácome Costa[3]; Andréa Mittelmann[4]

[1] Graduanda da Agronomia Universidade Federal de Pelotas (UFPel), bolsista Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, josianemaximino@gmail.com

[2] Estagiário da Embrapa Clima Temperado, estudante do Curso Técnico em Agropecuária da Escola Técnica Estadual de Canguçu e graduando da Agronomia UFPel, Pelotas, RS, Brasil

[3] Eng. Agrônoma, Doutora, pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, caroline.costa@embrapa.br

[4] Eng. Agrônoma, Doutora, pesquisadora da Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil, andrea.mittelmann@embrapa.br

O capim-lanudo (*Holcus lanatus L.)* é uma espécie forrageira perene de inverno, com boa produção de forragem já no ano de implantação. Além disso, é tolerante à seca, à alta umidade, ao frio e a solos pobres, embora apresente boa adaptação a solos mais férteis. Apresenta crescimento inicial lento e período de floração longo, com alta ressemeadura natural e grande aceitabilidade pelos animais. A Embrapa mantém, desde 2002, uma coleção de germoplasma de capim-lanudo e realiza melhoramento da espécie. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito do período de armazenamento e conservação em câmara fria na germinação e vigor das sementes de capim-lanudo. O trabalho foi realizado no Laboratório Oficial de Análise de Sementes (LASO), na Embrapa Clima Temperado, Estação Terras Baixas, Capão do Leão, em fevereiro de 2015. O delineamento foi inteiramente casualizado com um arranjo fatorial entre efeitos de ano de colheita e utilização ou não do tratamento para superação de dormência, sendo realizadas quatro repetições. Os anos de colheita avaliados foram 2002, 2006, 2007 e 2014. Os testes de germinação foram realizados de acordo com as Regras para Análise de Sementes. Os resultados foram expressos em percentagem de germinação e o vigor foi estimado pela primeira contagem da germinação. As análises estatísticas consistiram na análise de variância e teste t (α=0,05). Houve diferença no percentual de germinação e no vigor das sementes entre anos de colheita e interação entre ano de colheita e utilização ou não do tratamento para superação de dormência. Os melhores resultados para o vigor ocorreram nas sementes colhidas nos anos de 2007 e 2006, não submetidas a tratamento para superação da dormência, que apresentaram 93% e 85% de sementes germinadas na primeira contagem, respectivamente, seguidas pelas sementes colhidas nos anos de 2014 e 2002, submetidas a tratamento para superação da dormência, que apresentaram 63% e 6% de sementes germinadas na primeira contagem, respectivamente. Os maiores percentuais de germinação ocorreram nas sementes produzidas nos anos de 2006 e 2007, que foram de 91% e 96%, sem tratamento para superação da dormência, respectivamente, e 79% e 93%, com tratamento para superação da dormência, respectivamente. As sementes produzidas em 2014 apresentaram 9% e 75% de germinação sem e com o tratamento para superação da dormência, respectivamente. As sementes de capim-lanudo geralmente são colhidas no mês de dezembro. As sementes produzidas em 2014 haviam sido colhidas cerca de dois meses antes da instalação do teste de germinação e o grande efeito do tratamento para superação da dormência mostra que havia alto grau de dormência nas sementes. As sementes produzidas em 2002 permaneceram armazenadas por doze anos e dois meses, apresentando baixa germinação e vigor após esse período, sendo que o efeito do tempo de armazenamento pode ter sido influenciado também por sua qualidade inicial e condições de colheita e secagem. É possível manter as sementes de capim-lanudo armazenadas em ambiente com controle de temperatura e umidade por nove anos sem comprometimento da sua capacidade germinativa e vigor.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

METODOLOGIA DE DESIDRATAÇÃO DO PÓLEN DE CANA-DE-AÇÚCAR

Adriane Leite do Amaral [1]; Tassiano Maxwell Marinho Câmara[1]; João Messias dos Santos[2];

Geraldo Veríssimo de Souza Barbosa[2]; Luiz Sérgio Costa Duarte Filho[3]

[1] Engenheiro-agrônomo, pesquisadores da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, Brasil. adriane.amaral@embrapa.br; tassiano.camara@embrapa.br

[2] Engenheiro-agrônomo, professores da Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, AL, Brasil. jms.agronomia@gmail.com; gvsbarbosa@gmail.com

[3] Engenheiro-agrônomo, doutorando em Química e Biotecnologia na Universidade Federal de Alagoas, Rio Largo, AL, Brasil. luizsergiocdfilho@hotmail.com

A desidratação do pólen em cana-de-açúcar é indispensável para a conservação em baixas temperaturas. Seu armazenamento pode viabilizar cruzamentos entre genitores assíncronos e/ou que estejam em regiões distantes, favorecendo também os intercâmbios de germoplasma. Para manter a viabilidade do pólen armazenado e permitir a germinação para a fecundação e formação de sementes viáveis é imprescindível estabelecer uma desidratação eficiente. No entanto, esta eficiência é dependente do grau de dessecação tolerado pelos grãos de pólen que é determinado de acordo com seu teor de água constitucional. O objetivo deste estudo foi propor uma metodologia de desidratação do pólen para aprimorar e ampliar o armazenamento de pólens férteis de cana-de-açúcar. Para o desenvolvimento dessa pesquisa, foi estabelecida parceria entre a Embrapa Tabuleiros Costeiros (CPATC) e o Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-açúcar da Universidade Federal de Alagoas que é integrante da Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA). As coletas de pólen foram realizadas de abril a junho de 2012, no Banco de Germoplasma de cana-de-açúcar da RIDESA, localizado na Estação de Floração e Cruzamentos Serra do Ouro, na cidade de Murici-AL (09º 13’ S, 35º 50’ W). As inflorescências que apresentavam anteras em processo de liberação do pólen (antese) em pelo menos um terço da panícula foram coletadas nas primeiras horas da manhã. A extração de pólen foi realizada manualmente com o auxílio de pincéis sobre superfície lisa. Para os dois tipos tratamentos **(**grãos-de-pólen e grãos-de-pólen + anteras) foram determinados o grau de umidade, seguindo a Regra de Análise de Sementes, e a capacidade de extração de água, com sílica gel azul, adaptando à metodologia da EMBRAPA-RIDESA. Utilizou-se dessecadores de vidro, com uma quantidade de 200.000 mg de sílica gel azul, para quatro frascos (80 mL) contendo amostras dos tratamentos com aproximadamente 500 mg. Os dessecadores foram vedados com parafilme, para evitar a troca de ar e impedir interferências da umidade do ambiente. Durante todo o período de desidratação, as amostras permaneceram em dessecadores no interior de geladeira (4 °C). Os resultados mostraram que grãos-de-pólen de cana-de-açúcar possuem em sua constituição 16,36% de teor de água. A sílica gel azul tem poder de extração de mais de 50% da umidade das amostras (pólen ou anteras + pólen) em 60 minutos de exposição. Como consequência da desidratação com sílica gel azul, amostras de pólen e anteras + pólen puderam ser armazenadas com um grau de umidade de 8,52% e 24,48%, respectivamente. Esse teor de umidade alcançado após desidratação está dentro da faixa ideal (inferior a 10%) para a conservação de pólen indicado para cana-de-açúcar. Para validar a metodologia, foram feitos testes de viabilidade e de germinação dos grãos de pólen após 30 dias de armazenamento. A viabilidade polínica (72%) e a germinação (22%) dos grãos de pólen comprovam a eficiência da metodologia.

Agradecimentos: EMBRAPA e RIDESA pelo suporte financeiro.

CRIOPRESERVAÇÃO DE CULTURAS EMBRIOGÊNICAS DE *ARAUCARIA ANGUSTIFOLIA* (BERTOL.) KUNTZE: OTIMIZAÇÃO DAS CONDIÇÕES DE CRIOTRATAMENTO

Jamily Machado da Silva[1]; Hugo Pacheco de Freitas Fraga[2]; Leila do Nascimento Vieira[2]; Catarina Corrêa Puttkammer[1], Miguel Pedro Guerra[3]

[1]Graduandas em Agronomia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil, miihbn@gmail.com; cputtkammer@gmail.com

[2]Doutorandos em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil. hugopff@gmail.com; leilanvieira@gmail.com

[3]Professor Titular, PPG em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil. miguel.guerra@ufsc.br

A *Araucaria angustifolia* é uma conífera nativa do Bioma Mata Atlântica com grande importância econômica e ecológica e em ameaça crítica de extinção devido à sua intensa e histórica exploração. A embriogênese somática é uma ferramenta biotecnológica apropriada para a sua conservação e propagação massal, principalmente quando associada à criopreservação. A criopreservação é uma tecnologia recente para a conservação em longo prazo de recursos genéticos vegetais, especialmente quando aplicada a espécies com sementes recalcitrantes, como a araucária. A resposta das culturas embriogênicas (CE) após a crioproteção pode influenciar fortemente sua sobrevivência após o congelamento, sendo um parâmetro essencial para o sucesso da criopreservação. No presente estudo buscou-se avaliar o efeito de diferentes tempos de crioproteção na posterior proliferação celular de CE de *A. angustifolia*. CE foram induzidas e mantidas em ciclos de multiplicação em meio líquido (suspensão celular). As CE foram estabelecidas em Erlenmeyers de 250 ml contendo 50 ml de meio de cultura líquido e mantidos no escuro em agitação permanente (90 rpm) e temperatura de 22ºC (±2ºC). Foram testados 5 tempos diferentes de incubação (0, 30, 60, 120 e 240 min) em solução crioprotetora (2M sacarose, 1M glicerol, 1M DMSO e 1% prolina). As CE submetidas à crioproteção foram então transferidas para placas de Petri contendo meio de cultura de multiplicação geleificado com agarose (7.5 g l^{-1}) com 2 discos de papel filtro na superfície e incubadas no escuro a 22 ± 2ºC por 23 dias. As CE foram pesadas após 2, 9, 16 e 23 dias de cultivo e o ganho de massa fresca (GMF) foi calculado. Após 9 dias de cultivo, as CE não submetidas ao criotratamento apresentaram o maior GMF (1,94 mg mg^{-1}), seguido pelas CE submetidas a 30 e 60 min de criotratamento (1,56 e 1,41 mg mg^{-1}, respectivamente) e, finalmente, as CE submetidas a 120 e 240 min. O GMF encontrado nas demais datas de avaliação (16 e 23 dias) não apresentou diferenças significativas entre os diferentes tratamentos avaliados. Os resultados indicam que o tempo de criotratamento afeta o GMF inicial, retardando o início da fase exponencial de multiplicação celular. No entanto, após 16 dias de cultivo, o GMF se torna similar, indicando que o processo de crioproteção, nos tempos testados, não inibe a proliferação subsequente das CE de *A. angustifolia*.

Agradecimentos: FAPESC (Proc. 3770-2012, 2780/2012-4 e 14848/2011-2), CAPES e CNPq (Proc. 478393/2013-0).

CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES DE BATATA (*SOLANUM TUBEROSUM L.*) 'BRS CLARA' POR ENCAPSULAMENTO-VITRIFICAÇÃO

Daniele de Souza Masiero[1]; Daiane Peixoto Vargas[2]; Liana Viviam Ferreira[3]; Rafaela Silva Formoso[4]; Juliana Hey Coradin[5]; Leonardo Ferreira Dutra[6]

[1] Biotecnologista, mestranda no PPG em Fisiologia Vegetal, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, dsmasiero@gmail.com.

[2] Bióloga, Pós doutoranda CNPQ/Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, dvbio@hotmail.com.

[3] Bióloga, Doutoranda em Fisiologia Vegetal, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, lianavferreira@gmail.com.

[4] Biotecnologista, mestranda no PPG em Fisiologia Vegetal, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, rafaelasformoso@gmail.com

[5] Eng. de Bioprocessos e Biotecnologia, Analista Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, juliana.coradin@embrapa.br

[6] Eng. Agrônomo, Doutor, pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, leonardo.dutra@embrapa.br

Uma das técnicas de protocolos de criopreservação de batata é o encapsulamento-vitrificação, no qual as cápsulas que contém os explantes são submetidas a tratamento com solução de vitrificação de plantas (PVS2). No entanto, esta apresenta certa toxicidade aos explantes, havendo necessidade de testes para cada espécie e/ou cultivar. O presente trabalho objetivou estabelecer um protocolo para conservação de germoplasma via encapsulamento-vitrificação de ápices de batata 'BRS Clara', testando tempos de exposição ao PVS2 antes do congelamento por vitrificação. O material vegetal foi proveniente da 'BRS Clara', pré-cultivada in vitro em meio nutritivo MS durante 26 dias em incubadora B.O.D., com fotoperíodo de 16 horas a 4°C ± 2°C. Deste foram excisados ápices em condições assépticas e transferidos para pré-tratamento durante 39 horas em meio de cultura MS com metade da concentração de sais, acrescido de 0,3 M de sacarose. Para o encapsulamento os ápices foram submetidos à solução de alginato de sódio 5% (p/v) formando unidades individualmente resgatadas e gotejadas em solução de Cloreto de Cálcio (0,1M), na qual permaneceram por 30 minutos para complexação. Após lavagem em água esterilizada as cápsulas foram expostas a solução de crioproteção 0,8 M sacarose, juntamente com 2 M de glicerol e então submetidas a 6 tratamentos: cápsulas inoculadas diretamente em meio de recultivo MS, cápsulas congeladas sem a presença de PVS2, cápsulas imersas em PVS2 em criotubo de 2 mL e passadas diretamente para o nitrogênio líquido e cápsulas submetidas a 20, 30 e 40 minutos a solução de PVS2 antes da vitrificação. O congelamento foi realizado em nitrogênio líquido durante 1 hora, as cápsulas foram submetidas à solução contendo 1M de sacarose e transferidas para o meio de recultivo MS durante cinco dias em ausência de luminosidade a 24°C. Finalmente, foram submetidas à fotoperíodo de 16 h. A maior porcentagem de sobrevivência (100%) foi observada nas cápsulas em que o congelamento foi imediatamente após a imersão em PVS2, não diferindo significativamente do tratamento em que houve imersão dos explantes por 20 minutos antes do congelamento em nitrogênio líquido (97,33%) e do controle, no qual as cápsulas não passaram por vitrificação (92%). Todos os explantes do tratamento controle rebrotaram após duas semanas, evidenciando que o protocolo de encapsulamento foi satisfatório. A menor média (48%) foi obtida no tratamento em que as cápsulas foram submetidas a congelamento sem uso de PVS2 e não diferiu estatisticamente do tratamento onde as cápsulas foram imersas por 40 minutos pré-congelamento (52%). Já a imersão em PVS2 por 30 minutos diferiu dos demais, proporcionando 73% de sobrevivência.

Agradecimentos: A Embrapa, UFPel. CAPES e CNPq pelo apoio financeiro e concessão de bolsa.

EFEITOS DE ESPECTRO DE DIODOS EMISSORES DE LUZ (LEDS) NO CRESCIMENTO IN VITRO DE GERMOPLASMA DE BATATA E GINSENG BRASILEIRO

Luciene Dionízio Cardoso[1]; Tamillys Cientielly de Lellis Albernaz Luz[2]; Kazumitsu Matsumoto[3]

[1]Técnica, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, luciene.cardoso@embrapa.br

[2]Engenheira de alimentos, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, Brasil, tamillys.luz@embrapa.br

[3]Engenheiro Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, kazumitsu.matsumoto@embrapa.br

Conservação in vitro por crescimento lento é amplamente usada na conservação de germoplasmas vegetais, particularmente as espécies propagadas vegetativamente. Diodos emissores de luz (LEDs) têm substituído as lâmpadas fluorescentes para iluminação em alguns cultivos in vitro e micropropagação, podendo também ser útil na conservação in vitro de germoplasmas. Foram estudados os efeitos de iluminação pelos diferentes espectros de LEDs no crescimento de germoplasmas in vitro de batata (*Solanum tuberosum* L.) e ginseng brasileiro (*Pfaffia glomerata* Spreng.). Segmentos nodais de três acessos de germoplasmas de cada espécie foram cultivados em meio de cultura MS, sem regulador de crescimento, em tubos de ensaio a 20 °C, sob a iluminação de LEDs brancos (temperatura de cor: 6400K), LEDs azuis (comprimento de onda de pico: 450 nm) e LEDs vermelhos (comprimento de onda de pico: 650 nm) pela intensidade de 30 $\mu mol \cdot m^{-2} \cdot s^{-1}$ de PPFD (Photosynthetic Photon Flux Density) e 12 horas de fotoperíodo. Após dois, quatro, dezesseis, 24 e 34 meses de cultivo, foram avaliados os fatores: altura de plântulas; número de nós; número e comprimento de raízes; número de brotos, frequência (%) de folhas amarelas e de frequência (%) de plântulas sobreviventes. Efeito dos LEDs nas plantas in vitro variou dependendo de período de cultivo e de espécies. Até 16 meses de cultivo, os LEDs brancos, azuis e vermelhos mostraram efeitos similares em crescimento das plântulas, contudo, existindo uma tendência de redução em altura sob LEDs azuis e em comprimento de raiz sob LEDs vermelhos. Depois desse período, ocorreram brotamentos e renovações das plântulas amareladas senescentes, particularmente em batata sob LEDs vermelhos. Em 24 meses de cultivo, as sobrevivências de plântulas de batata foram 43%, 21% e 10% sob LEDs vermelhos, LEDs azuis e LEDs brancos, respectivamente, enquanto de ginseng brasileiro 78%, 77% e 90%, respectivamente. Em 34 meses de cultivo, que foi aproximadamente três anos de manutenção no mesmo meio de cultura, as sobrevivências de batata foram 31%, 0% e 7% sob LEDs vermelhos, LEDs azuis e LEDs brancos, respectivamente, enquanto as sobrevivências de ginseng brasileiro 71%, 61% e 69%, respectivamente. Conclui-se que os germoplasmas de batata e de ginseng brasileiro podem ser conservados mais tempo in vitro quando iluminados pelos LEDs vermelhos do que LEDs brancos e azuis, apesar de que isso pode ser limitado às condições de meio de cultura, temperatura e intensidade luminosa utilizada neste trabalho.

CONSERVAÇÃO *IN SITU* DE *BUTIA ODORATA*: DISTRIBUIÇÃO ESPACIAL DE INDIVÍDUOS NA PAISAGEM

Taíse Carbonari[1]; Enio Egon Sosinski Junior[2]; Rosa Lia Barbieri[3]; Fábia Amorim da Costa[4]; Anelise Hagemann[1]; Fábio Azzolin Dutra[5]

[1] Eng. Agrônoma, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, taise.carbonari@gmail.com; anehagemann@gmail.com

[2] Eng. Agrônomo, Doutor, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, enio.sosinski@embrapa.br

[3] Bióloga, Doutora, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, lia.barbieri@embrapa.br

[4] Geógrafa, Mestre, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, fabia.amorim@embrapa.br

[5] Ecólogo, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, fabiodutra@gmail.com

No Rio Grande do Sul ocorrem oito espécies de palmeiras nativas do gênero *Butia*, cujos frutos, conhecidos como butiás, são apreciados para consumo in natura e produção de alimentos e bebidas. As populações naturais dessas palmeiras são os butiazais, os quais ocorrem preferencialmente em áreas abertas, onde o solo é plano ou levemente ondulado. Os butiazais estão cada vez mais raros em função do avanço da fronteira agrícola e da expansão urbana. Uma forma de restaurar os processos naturais de regeneração das populações de *Butia odorata* vem sendo proposto pela Embrapa Clima Temperado através do manejo conservativo do campo natural com pecuária. Este manejo consiste em adotar uma carga animal moderada e um período de descanso do pastejo durante o inverno para recuperação da biodiversidade natural, de modo a viabilizar a regeneração natural de indivíduos jovens de *B. odorata* e a conservação *in situ* de recursos genéticos. O objetivo deste trabalho foi avaliar a relação das diferentes densidades de palmeiras adultas com a regeneração do butiazal em área com presença moderada do gado. O trabalho está sendo realizado em parceria entre a Embrapa Clima Temperado e a Fazenda São Miguel, no município de Tapes, Rio Grande do Sul. Numa parcela desta fazenda, com cerca de 700 hectares, está localizado um dos maiores butiazais remanescentes do estado, contando com mais de 70 mil butiazeiros adultos, entremeado por florestas, áreas de campo e pastagens onde é realizada atividade pecuária. O manejo conservativo vem sendo acompanhado em 55,86 ha, onde foram estabelecidas desde 2013 quatro parcelas de 400m^2 para monitoramento da regeneração do butiazal. As parcelas foram dispostas evitando a presença de palmeiras adultas, visando evitar erros de avaliação. Em cada uma foi realizada a contagem do número de plântulas em 2014 e em 2015. O número de plântulas avaliadas em 400m² foi convertido para o número de plântulas por hectare, para comparação dos resultados. Imagens de satélite de alta resolução da área total de manejo foram obtidas para a identificação, contagem e monitoramento do número de indivíduos adultos. Através do método de Kernel Density foi possível definir manchas de butiás adultos na área de manejo, com diferentes estimativas de densidade (1 até 239 palmeiras por ha) e compará-las com os resultados do número de regenerantes nas parcelas monitoradas. Todas as parcelas analisadas apresentaram número de indivíduos jovens superior à estimativa de palmeiras adultas localizadas nas regiões em que a parcela está inserida. Na densidade de 18 a 53 palmeiras por hectare foi observada a presença de 1225 a 3725 plântulas por hectare. Porém, na região com menor densidade (até 18 palmeiras/ha) foram observadas 1550 plântulas recém-emergidas. Já na região com maior número de plântulas contabilizadas (11850), a densidade de adultos estimada foi de 53 a 90 palmeiras por hectare. Foi observado que regiões com menor densidade de palmeiras adultas é onde também ocorre um pastejo mais intenso, por serem locais abertos (com menos palmeiras adultas e, portanto, maior incidência de luz) mais apreciadas pelo gado e com maior oferta de pasto. Este pastejo mais intenso retarda o desenvolvimento das plantas jovens, uma vez que estas são pastejadas juntamente com a forragem. Porém, isso não interfere negativamente na regeneração do butiazal, pois o gado atua como um dos dispersores das sementes de butiá.

Agradecimentos: Capes, CNPq, Fapergs, Probio 2, Projeto RS Biodiversidade e Fazenda São Miguel.

ETNOBOTÂNICA DE BUTIÁ EM ÁREA URBANA, BALNEÁRIO LARANJAL, PELOTAS-RS

Rafaela de Sousa Corrêa de Magalhães[1]; Juliana Castelo Branco Villela[2]; Francine Cassana[2]; Claudete Mistura[3]; Gustavo Heiden[4]; Rosa Lia Barbieri[4]

[1]Licenciada em Ciências Biológicas, Graduanda no Curso Superior de Tecnologia em Gestão Ambiental, Instituto Federal de Educação e Tecnologia Sul-rio-grandense, Pelotas, RS, Brasil, rafaelascm@live.com

[2]Doutora, Instituto Federal de Educação e Tecnologia Sul-rio-grandense, Pelotas, RS, Brasil, julianavillela@cavg.ifsul.edu.br, francinecassana@cavg.ifsul.edu.br

[3]Doutora, CNPq/ Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, c.mistura@hotmail.com.br

[4]Doutor (a), Pesquisador (a) da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, gustavo.heiden@embrapa.br lia.barbieri@embrapa.br

O Rio Grande do Sul apresenta várias espécies nativas de palmeiras, das quais os frutos mais conhecidos e apreciados são os de butiá. O butiá (*Butia*, Arecaceae) faz parte da cultura popular, estando presente no dia-a-dia das pessoas que habitam a Região Sul do Brasil, através de seus usos, costumes e tradições. Apesar da grande potencialidade de uso, os butiazais vêm sendo gradativamente destruídos no Rio Grande do Sul, devido ao manejo inadequado de atividades agropecuárias e expansão da área urbana. Entender o processo de interação das pessoas com os recursos genéticos vegetais, aliando fatores culturais, ambientais e as concepções sobre as plantas e o seu aproveitamento, oferece parâmetros para a conservação de germoplasma de *Butia*. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi resgatar o conhecimento dos moradores do bairro Laranjal, situado na cidade de Pelotas-RS, sobre os butiazeiros cultivados em área urbana. O bairro Laranjal foi selecionado por fazer parte da área urbana, ser um balneário às margens da Laguna dos Patos, com ocorrência de plantas do gênero *Butia*. Esta pesquisa foi divulgada através de convites em formato de cartazes fixados em pontos comerciais do bairro, igreja e associações da comunidade, além da publicação no grupo de moradores do bairro em rede social. Foram aplicadas entrevistas semiestruturadas aos onze moradores interessados em participar da pesquisa, em suas residências. Aos entrevistados, foi explicado o objetivo do trabalho, e coletados os dados de identificação: nome, idade, profissão e sexo. Foram questionados sobre a origem dos butiazeiros na propriedade, seu uso principal, a razão de eles estarem na propriedade e há quanto tempo, quais os demais usos, existência de algum tipo de manejo e, ainda, se existia alguma renda associada ao butiá. As plantas existentes na propriedade foram georreferenciadas com GPS (*Global Position System*) para determinação das coordenadas geográficas correspondentes. Foi feito também o registro fotográfico das plantas e, quando possível, dos entrevistados e dos produtos derivados de butiá da propriedade. Os butiazeiros encontrados foram, em sua maioria, da espécie *B. odorata*, com exceção de uma planta de *B. eriospatha* trazida do estado de Santa Catarina. Estas duas espécies foram declaradas como espécies da flora nativa em perigo de extinção no Estado do Rio Grande do Sul, de acordo com decreto n°52.109, de 1º de dezembro de 2014. Os moradores entrevistados relataram manter seus butiazeiros no jardim pelos usos atribuídos aos frutos e por motivos paisagísticos e culturais. Nenhum morador utiliza qualquer parte da planta como fonte de renda. Utilizam os frutos de diversas maneiras, *in natura*, como suco, licor, cachaça de butiá e geleia. São necessários esforços a fim de aprofundar o conhecimento sobre as plantas estudadas, servindo como instrumento para definição de estratégias de conservação e uso de espécies nativas em áreas urbanas, além da exploração de seus usos potenciais no futuro.

Agradecimentos: Aos moradores do bairro Laranjal – Pelotas/ RS, e à FAPERGS.

ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM UM TESTE DE PROGÊNIES E PROCEDÊNCIAS DE *GENIPA AMERICANA* L.

Angélica Leonel Coleto[1]; Wanderley dos Santos[2]; Alonso A. Silva[3], José Cambuim[2]; Marcela A. Moraes[2], Mario L. T. Moraes[4]; Miguel L. M. Freitas[5]

[1] Graduanda em Ciências Biológicas, UNESP/FEIS, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil, angelicalcoleto@gmail.com

[2] Doutorandos em Agronomia – UNESP/FEIS, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil

[3] Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão – UNESP/FEIS, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil

[4] Professor Dr. Titular da UNESP/FEIS, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil

[5] Pesquisador Científico do Instituto Florestal de São Paulo- IFSP, São Paulo, Brasil

Encontrada em toda América tropical, *Genipa americana* L. (Rubiacea) é conhecida popularmente como Jenipapo. Espécie arbórea, de importância ecológica, para a composição em Áreas de Preservação Permanentes (APPs) e alimentação para a fauna, e econômica, na produção de licor e doces. Assim, por sua importância, o objetivo da pesquisa foi estimar a divergência genética entre progênies de *G. americana* dentro de duas procedências: Selvíria-MS e Mogi Guaçu-SP com a finalidade de identificar as progênies mais divergentes, para serem utilizadas em programas de conservação genética. O teste foi instalado em 30/03/2004 na região de Selvíria-MS e o espaçamento utilizado foi de 3,0 m x 2,0 m. O delineamento utilizado foi em blocos completos casualizados, com 36 tratamentos (15 progênies de Selvíria e 21 de Mogi Guaçu), 4 repetições e 6 plantas por parcela. A divergência genética foi estimada entre os caracteres, diâmetro da altura do peito (DAP), altura total (ALT), bifurcação do tronco e retidão do tronco, aos 10 anos de idade, utilizando-se a Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) e agrupadas pelo Método de Otimização de Tocher. As análises foram realizadas pelo método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). A maior distância generalizada de Mahalanobis (D^2) para a população de Mogi Guaçu foi 23,8 entre as progênies 12 e 30, e para a população de Selvíria 22,9 entre as progênies 35 e 37. Já a menor distância, foi 0,16 entre a 2 e 27, e 0,33 entre a 2 e 29, respectivamente para as populações de Mogi Guaçu e Selvíria. Com base na distância generalizada de Mahalanobis e pelo método de otimização de Tocher verificou-se que na população local (Selvíria-MS) apresentou a formação de quatro grupos divergentes, sendo o primeiro composto por 12 progênies e os demais por 1 progênie cada um. Em relação à população de Mogi Guaçu, foi possível encontrar cinco grupos divergentes, sendo que o primeiro foi constituído por 15 progênies, o segundo e o terceiro por duas e o quarto e o quinto por apenas uma progênie. Portanto, com a presença marcante de diferença genética entre as progênies de ambas as populações, seria oportuno estabelecer um banco de germoplasma na forma de conservação genética *ex situ* da espécie.

Agradecimentos: À FAPESP, pela bolsa de iniciação científica concedida, nº do processo 2013/08655-6.

GENETIC DIVERSITY AND POTENTIAL VALORIZATION OF THE PERUVIAN PEPPER TREE *SCHINUS MOLLE* IN BRAZILIAN PAMPA

Alcemir da Silva Marques Jr.[1], Rafael Plá Matielo Lemos[2], Cristiane Barbosa D'Oliveira[2], Deise Schröder Sarzi[3], Valdir Marcos Stefenon[4]

[1]Undergraduate student, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, alcemirjunior@hotmail.com

[2] PhD student, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, rafael.matielo@unipampa.edu.br, crixdoliveira@gmail.com.

[3] Master student, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, deiesarzi@gmail.com.

[4] PhD, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, valdirstefenon@unipampa.edu.br.

The Pampa biome is one of the most neglected biomes in the world. It covers about 176,496 km2 of the South Brazilian region, comprising a mosaic of different vegetation physiognomies, dominated by grassland environments with tree species observed mainly as riparian forests and scattered forest formations within the grassy areas. *Schinus molle* L. (Anacardiaceae) is an evergreen dioecious tree species with natural occurrence in the Pampa Biome. It has economical, ecological and ornamental importance as its fruits are worldwide consumed as the pink pepper, its essential oil is source of many compounds for pharmaceutical industry and it is largely used in afforestation of city roads and parks. This study aimed to test the hypothesis that *S. molle* has the genetic features required to harbor forest expansion over grassland in the Pampa biome. To corroborate this hypothesis, *S. molle* populations may have the capability of expand over large areas of the Pampa and retain high genetic diversity, enabling elevated adaptive potential. For the population genetic analyses, healthy leaves from 108 adult trees from five populations of *S. molle* (Dom Pedrito, DP; Bagé, BG; Caçapava do Sul, CS; Vila Nova do Sul, VN; São Gabriel, SG) were sampled. Total DNA was extracted from 50 mg of plant material using the DNeasy Plant Mini Kit (Qiagen). Amplification of seven microsatellite loci characterized in *Schinus terebinthifolius* were carried out in an Eppendorf Thermal Cycler with the forward primer labelled using AlexaFluor® 680nm (Invitrogen). Amplified fragments were separated using a Li-Cor 4300L automated DNA sequencer. Genetic parameters were estimated using the software GenAlEx 5.3. Out of the seven tested microsatellite loci for the cross-transferability, only loci StAAT1 and StAAT25 revealed reliable amplifications in *S. molle*, within the expected range size. The multilocus analysis of *S. molle* populations based on these two microsatellite loci showed mean gene diversity H = 0.73, fixation index f = - 0.08, mean effective number of alleles AE = 3.26 and mean total number of alleles A = 4.90. The highest genetic diversity was observed in the two southernmost populations (BG, Ho = 0.86 and DP, Ho = 0.85). Although only two of the tested microsatellite loci successfully amplified in *S. molle*, moderate to high levels of within population genetic variability was revealed. For the same two loci, natural populations of *S. terebinthifolius* from Argentina revealed a lower level of genetic diversity when compared to *S. molle* (H = 0.58 and H = 0.73, respectively). Such high genetic diversity may promote high adaptive power, being a crucial factor for the species expansion over different environmental conditions. Pondering these patterns of population genetic diversity in *S. molle*, it is recommended to implement studies towards establishment of commercial plantations of this species in the Pampa biome. The seeds and the essential oil of *S. molle* may be commercially exploited in such plantations, aggregating value for this under-exploited genetic resource.

Acknowledgements: CNPq, CAPES and UNIPAMPA by the financial support and scholarships.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

GENETIC VARIATION FOR GROWTH TRAITS IN PROGENIES TEST OF *PINUS CARIBAEA* VAR. *HONDURENSIS*

Wanderley dos Santos[1]; Ananda V. Aguiar[2]; Camila R. B. Recco[3]; José A. R. Machado[4]; Danilla C. L. Souza[5]; Daniela Araújo[6]; Mario L. T. Moraes[7]; Miguel L. M. Freitas[8]

[1]Doutorando em Agronomia, UNESP/ FEIS, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil, wanderley.dossantos@hotmail.com

[2]Pesquisadora Dra., Embrapa Floresta, Colombo, Paraná, Brasil, ananda.aguiar@embrapa.br

[3]Professora Dra., Faculdades Integradas Stella Maris, Andradina, São Paulo, Brasil, milbaleroni@ig.com.br

[4]Doutorando em Agronomia, UNESP/ FEIS, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil, j.rabelomachado@yahoo.com.br

[5]Doutorando em Ciência Florestal, UNESP/FCA, Botucatu, São Paulo, Brasil, danillacls@yahoo.com.br

[6] Mestrando em Agronomia, UNESP/ FEIS, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil, danykieds@gmail.com

[7]Professor Dr., UNESP/ FEIS, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil, teixeira@agr.feis.unesp.br

[8]Pesquisador Científico Dr., Instituto Florestal, São Paulo, São Paulo, Brasil, miguellmfreitas@yahoo.com.br

Pinus caribaea var. *hondurensis* is a tropical conifer widely planted in the world. This variety usually has a straight trunk, without excess branches and can reach 45 m in height and 135 cm dbh. The main objective was estimates the variability and performance of *Pinus caribaea* var. *hondurensis* progeny test. It was set up in June, 1986 in municipality Selvíria, Brazil. The trial was composed for 96 progenies and 4 commercial controls of *P. caribaea* var. *hondurensis*. The design was a 10 x 10 lattice triple, with 10 plants by linear plot with the spacing of 3.0 x 3.0 meter plants. Twelve years after the planting was done selective thinning all trial and left only six plants per plot. The remaining trees in each plot were evaluated for the following traits: total height and diameter at breast height. Quantitative variables were analyzed using the REML/BLUP procedure. Significant genetic variation was observed at 1 % probability among the progenies and individuals for dbh and height. The genetic variation among progenies coefficient was 4.50% and 31.4%, respectively for dbh and height. The estimates of narrow-sense individual heritability in plants were 0.25 to 0.31 for dbh and height, respectively. The heritability of average progeny showed high values for two traits. These results indicate genetic gains can be obtained with the application of different selection methods.

GEOGRAPHIC DISTRIBUTION OF BLACKBERRY SPECIES (*RUBUS, ROSACEAE*) NATIVE TO BRAZIL

Laísa Boechel Barcelos[1]; Gustavo Heiden[2]

[1] Undergraduate Agronomy Student, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, barceloslaisa@gmail.com

[2] Researcher, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, gustavo.heiden@embrapa.br

Wild blackberries (*Rubus* L., Rosaceae) are rustic plants known by their fruits, which can be consumed fresh or used in the production of pulp, jams and juices. Blackberries are also popularly known by its medicinal and therapeutic properties. Although native species occur in Brazil, little is known about its occurrence and distribution. The information about species' geographic distribution is essential to support studies on its potential uses and to propose conservation strategies. The data used for the mapping of Brazilian wild blackberries' were obtained using information available in the SpeciesLink database. The georreferencing of the records was obtained from the collecting labels. If not available, the coordinates were obtained using the Google Earth software version 7.1.5.1557. Non identified specimens at *species level and incomplete locality records* were excluded. The occurrence maps were created using the software DIVA-GIS version 7.5. In total, 1068 occurrence records were found, with locality data and geographical coordinates checked. Seven native species of *Rubus* were registered in Brazil, occurring in the Northeast Region (BA, PE), Central-West (DF, GO), Southeast (MG, SP, ES, RJ) and South (PR, SC, RS). The native species recorded were *R. boliviensis* Focke, *R. brasiliensis* Mart, *R. erythrocladus* Mart, *R..imperialis* Cham. & Schltdl., *R. schottii* Pohl ex Focke, *R. sellowii* Cham. & Schltdl. and *R. urticifolius* Poir. Among the native species, *R. brasiliensis* has the widest geographical distribution, occurring in the Northeast Region (BA, PE), Central-West (DF, GO), Southeast (MG, SP, ES, RJ) and South (PR, SC, RS). The species *R. urticifolius* was registered in the regions Northeast (BA), Central-West (DF, GO), Southeast (MG, SP, ES, RJ) and South (PR, SC, RS). *Rubus erythrocladus* is an endemic species to Brazil, distributed in the regions Central-West (DF), Southeast (MG, SP, ES, RJ) and South (PR, SC, RS). *Rubus sellowii* was registered in the regions Northeast (BA), Southeast (MG, SP, ES) and South (PR, SC, RS), while *R. imperialis* was registered in the regions Northeast (BA), Central-West (DF), Southeast (ES, MG, SP) and South (PR, RS). The species *R. boliviensis* and *R. schottii* were recorded strictly in the states of Minas Gerais and São Paulo, respectively. The low number of records and the restrict occurrence to those regions indicate the possibility of rarity and endemism of these species, respectively, suggesting the need for directed conservation efforts. The areas with higher species diversity are the mountain regions in the Paraná state, Santa Catarina and Rio Grande do Sul, characterized by temperate and subtropical or high latitude tropical climate. The wild blackberries present wide distribution in mild climate regions of Brazil, commonly associated to mountain areas, although it may occur in different environments with lower frequency or abundance. Seven species are native to Brazil with diversity center in the Southeast and South Region of the country, from which some species appear as rare (*R. boliviensis)* or endemic (*R. erythrocladus, R. schottii*). The mapping of wild blackberries distribution will contribute to future studies on its potential uses and help to develop strategies for its conservation. The next steps are to include new records from other databases and review the species identification in order to improve the databank and refine the information on each species geographical distribution.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM PROGÊNIES DE *ESENBECKIA LEIOCARPA* ENGL.

José A. R. Machado[1]; Wanderley dos Santos[1]; José Cambuim[1]; Mario L.T. Moraes[2]; Ananda V. Aguiar[3]; Alexandre M. Sebbenn[4]; Miguel L. M. Freitas[4]

[1] Doutorando em Agronomia – UNESP/ FEIS- Ilha Solteira, São Paulo, Brasil, j.rabelomachado@yahoo.com.br; wanderley.dossantos@hotmail.com; josecambuim@yahoo.com.br

[2]Professor Dr. Titular da UNESP/FEIS, Ilha Solteira, São Paulo, Brasil, teixeira@agr.feis.unesp.br

[3] Pesquisadora da Embrapa Floresta, Colombo, PR, Brasil, ananda.aguiar@embrapa.br

[4] Pesquisador Científico do Instituto Florestal de São Paulo- IFSP, São Paulo, Brasil, alexandresebbenn@yahoo.com.br miguellmfreitas@yahoo.com.br

Esenbeckia leiocarpa (Rutaceae) é uma espécie secundária tardia a clímax característica da floresta primária, com distribuição espacial agregada na forma de reboleiras. A espécie produz compostos orgânicos, como alcalóides, que têm grande relevância para a medicina na síntese de novos fármacos. Devido a fragmentação florestal as populações naturais dessa espécie vêm reduzindo de tamanho. Isso têm comprometido o fluxo gênico entre as remanescentes e a possibilidade de erosão genética por efeito de deriva genética a longo prazo. Com a proposta de viabilizar a conservação genética de germoplasma, foram estimados os parâmetros genéticos para caráter de crescimento em teste de progênies de *E. leiocarpa*, consorciado com *Peltophorum dubium* e *Myracrodruon urundeuva*. O experimento foi instalado na Floresta Estadual de Pederneiras (SP), utilizando o delineamento experimental de blocos completos casualizados com 25 progênies, cinco plantas por parcela e cinco blocos no espaçamento de 3 x 3 m. Aos 22 anos após o plantio foi avaliado o DAP. A análise dos dados foi realizada utilizando o método REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não viciada). Não foram constatadas diferenças significativas entre progênies. A média do DAP foi de 6,82 cm. Os coeficientes de variação genéticos individuais e entre progênies foram de alta magnitude (20,7% e 10,3%, respectivamente). A herdabilidade em nível individual ($\hat{h}_a^2$) e aditiva dentro de parcela ($\hat{h}_{ad}^2$) foram baixas (17% e 14%, respectivamente), mas a em nível de média de progênies ($\hat{h}_m^2$) foi média (47%). Os resultados indicam a necessidade de enriquecimento do teste de progênies ou o estabelecimento de um novo teste com o objetivo de aumentar a variação genética, bem como a caracterização genética dessa população com base em outras variáveis para propor adequadas estratégias de conservação e uso do germoplasma. Um desbaste seletivo de baixa intensidade com base no crescimento em diâmetro das progênies e indivíduos dentro de cada progênies é recomendado para formação de áreas de produção de sementes.

IN VITRO CONSERVATION OF *EUGENIA* GENETIC RESOURCES:

II. MICROPROPAGATION OF NODAL SEGMENTS AND SHOOT APEXES UNDER LOW SUGAR CONCENTRATION

Paulo Roberto Diniz da Silva[1], Fernanda Illamas Gallon [1], Tatiana Silveira Moura[2], Suelen Martinez Guterrez[2], Valdir Marcos Stefenon[3]

[1] Master student, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, paulorobertodinizdasilva@gmail.com; fernandagallon@yahoo.com.br

[2] Undergraduate student, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, tatianasilveiramoura@outlook.com; suelen_guterres@yahoo.com.br.

[3] PhD, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, valdirstefenon@unipampa.edu.br.

Eugenia uniflora L. (surinam cherry) is a fruit species native in the Pampa biome, with economic and pharmacological potential. Currently, plants are rare due to agricultural activities. Modern regeneration systems are prerequisites for the methodologies of *in vitro* conservation of germplasm. These systems use addition of sucrose in the culture medium, inhibiting photosynthetic metabolism, reducing the enzyme activity of phosphoenol-pyruvate carboxylase and the attachment of inorganic carbon. The adaptation of micropropagated plants to *ex vitro* conditions are an eternal search of new strategies in the acclimatization. Highlighting the importance of the preparation of the plants *in vitro* to autotrophic conditions is one of the main problems of surinam cherry in vitro propagation. Studies report that decreased sucrose medium *in vitro* aid in the maturation of chloroplast and increase the explants survival rate in the acclimatization. This work aimed to determine the best concentration of sucrose and photosynthetic efficiency rate for *Eugenia uniflora* in micropropagation. The experiment was conducted in a completely randomized design and divided into four replications. Seeds were germinated in vitro and after 45 days, 480 seedlings were incised in apical and nodal segments totalizing 960 explants. Explants were inoculated in tubes containing vermiculite (2.7 g per tube) and ½MS medium supplemented with 0.1 mg L^{-1} indolbutiric acid, 0.2 mg L^{-1} of 6-benzylaminopurine and one of four concentrations of sucrose (T0 = 0g L^{-1}, T1 = 10g L^{-1} , T2 = 20g L^{-1} and T3 = 30g L^{-1}). Test tubes were kept at 25±2°C, 16 h photoperiod with irradiance of 60 µmol m^{-2} s^{-1}. After 30 days we evaluated A) the photosynthetic efficiency of the older leaves in µmol CO_2 m^{-2} s^{-1}, and (B) the size of the buds. Data were subjected to t-test; the analysis of variance and means compared by Tukey test ($p \leq 0.05$) and chi-square. The highest photosynthetic efficiency (45.46) was obtained in T2, significantly higher than T1 (11.59) and not different from T3 (37.76). T0 did not develop measurable plants. The longest buds were observed in T1 (4.32 mm), not different from T3 (3.24 mm), both different from T2 (2.98 mm). T0 did not develop buds. Our results demonstrated that 20 g L^{-1} sucrose in the culture medium is efficient for the *in vitro* propagation of *E. uniflora*, with the advantages of lower cost and higher photosynthetic efficiency. This study increases the amount of researches about establishment of plant regeneration systems towards photoautotrophic micropropagation.

Acknowledgements: CNPq, CAPES, FAPERGS and UNIPAMPA by the financial support and scholarships.

BUTIA (ARECACEAE): DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA NO BIOMA PAMPA

Marcelo Piske Eslabão[1]; Paulo Eduardo Ellert-Pereira[1]; Rosa Lia Barbieri[3]; Gustavo Heiden[4]

[1]Biólogo, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, marceloesl7@gmail.com; pauloellert@yahoo.com.br

[3]Biólogo(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, lia.barbieri@embrapa.br; gustavo.heiden@embrapa.br

Butia é um gênero de palmeiras com 19 espécies sul-americanas. Os butiazeiros podem formar populações gregárias naturais (butiazais ou palmares) e produzem frutos comestíveis conhecidos como butiás. O gênero possui importância econômica no paisagismo, na produção de fibras, frutos e amêndoas. O Bioma Pampa cobre o extremo sul do Brasil, o Uruguai e parte da Argentina, apresentando várias fisionomias, com diferentes composições florísticas, influenciadas por características geomorfológicas, além das climáticas e relacionadas ao manejo e uso do solo. O objetivo do presente estudo é mapear a distribuição geográfica das espécies de *Butia* no Bioma Pampa. Os registros de ocorrência das espécies de *Butia* foram obtidos nas bases de dados *Global Biodiversity Information Facility* e *SpeciesLink;* revisão de espécimes em herbários (BHCB, ECT, ESA, HPL, HURG, PEL, SPF); consulta de material bibliográfico e observações de campo. Para o georreferenciamento foram consideradas as coordenadas informadas nas etiquetas de coleta. Quando estas informações não estavam disponíveis, as coordenadas foram obtidas com o auxílio da ferramenta geoLoc – *SpeciesLink* ou do aplicativo Google Earth versão 7.1.5.1557. Espécimes dos quais não foi possível confirmar a identificação em nível de espécie, exemplares cultivados e registros com dados incompletos de localidade foram excluídos do banco de dados. Os dados georreferenciados de ocorrência foram plotados utilizando o aplicativo DIVA-GIS versão 7.5. A avaliação dos registros de ocorrência foi realizada para determinar quais espécies de *Butia* ocorrem no Pampa. Após limpeza e conferência dos dados de determinação taxonômica, precisão das informações de localidade de coleta e remoção de espécimes cultivados foram registradas seis espécies nativas (*B. catarinensis*, *B. lallemantii*, *B. odorata*, *B. paraguayensis*, *B. witeckii*e *B. yatay*). A diversidade registrada no Bioma Pampa é maior do que o número de espécies citado na bibliografia. Dentre as espécies ocorrentes no Pampa, *B. paraguayensis* e *B. yatay* apresentam distribuição mais ampla, com ocorrência no nordeste da Argentina, noroeste do Uruguai e sul do Brasil. Há registros de *B. catarinensis* para os municípios de Osório e Torres, em áreas de transição entre o Pampa e a Mata Atlântica. *B. lallemantii*, *B. odorata*e *B. witeckii* são endêmicas do Bioma Pampa. *Butia lallemantii* foi registrada nos municípios de Alegrete, Manoel Viana e São Francisco de Assis, no Brasil, e no Departamento de Rivera, no Uruguai. *Butia odorata* ocorre no sul do Brasil desde o município de Viamão até o sudeste do Uruguai no Departamento de Rocha. Já os espécimes de *B. witeckii* estão restritos a uma pequena área no município de Quevedos na região central do Rio Grande do Sul. De dezenove espécies de *Butia*, seis estão no Bioma Pampa, que abriga um terço da diversidade conhecida do gênero. O mapeamento permitiu o reconhecimento de áreas prioritárias para a conservação *in situ*, onde ocorre maior diversidade, e de espécies endêmicas prioritárias para conservação *ex situ*, devido à área de ocorrência restrita.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, FAPERGS.

CORRELACIÓN ENTRE GERMINACIÓN Y ESTRUCTURAS DE SEMILLA DE *PINUS DEVONIANA* LINDL ANALIZADAS CON RAYOS X

Quintana-Camargo , Martín[1], Avendaño-López A. N.[2], Pichardo-González, Juan[3], Torres-García Edgar[4], Cruz-Gutiérrez E. J.[5], Cortés-Cruz, Moisés[6]

[1]MC. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco. México. quintana.martin@inifap.gob.mx

[2] Dra. Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad de Guadalajara. Zapopan, Jalisco México.

[3]Dr. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco. México.

[4]Ing. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco. México.

[5]Dra. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco. México.

[6]Ph.D. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco. México.

El análisis de calidad física de la semilla por medio del uso de los rayos X es un método de diferenciación rápido y no destructivo, de gran utilidad para la mayoría de las especies vegetales, sobre todo en aquellas semillas que presentan una testa gruesa y/o lignificada como en algunas especies forestales, donde es imposible tener una apreciación del llenado, la integridad física o la presencia de plagas al interior de la semilla. El objetivo del presente trabajo fue evaluar la efectividad del análisis físico de la semilla por medio de los rayos X en la detección de tejido interno y la posible correlación con germinación estándar y el ensayo de viabilidad con tetrazolio. Se evaluaron 2 lotes de semilla de *Pinus devoniana*; para realizar el ensayo físico, 800 semillas de cada lote se expusieron a varias intensidades de rayos X, obtenidas las imágenes, se realizó la clasificación en función de: llenado de cavidad embrionaria, aspecto de tejido, identificación de estructuras embrionarias y anormalidades morfológicas. Los diferentes tipos de semilla clasificada fueron evaluados mediante el ensayo topográfico de tetrazolio, para lo cual las semillas fueron previamente acondicionadas e incubadas a la temperatura y tiempo establecidos en la ISTA. Así mismo, se evaluó la calidad fisiológica mediante la prueba estándar de germinación; cuatro repeticiones de 100 semillas fueron sembradas en toallas de papel e incubadas a 25°C constantes sin iluminación por 14 días. Los resultados obtenidos demostraron que las plántulas anormales y las semillas muertas se asociaron con malformaciones en el embrión, o bien con aquellas semillas que exhibieron menos del 70% de llenado de cavidad embrionaria. Se obtuvieron coeficientes de correlación de 0.790** con germinación estándar, de 0.796** para viabilidad con tetrazolio; de 0.818** con llenado de cavidad y una correlación de 0.948 ** con plántulas normales; en base a los coeficientes obtenidos, se concluye que un análisis de Rayos X, además de ser una herramienta útil en el ensayo de la calidad física de la semilla, conlleva a la estimación de la respuesta fisiológica en semilla de *Pinus devoniana*, por lo que es posible estimar la relación entre variables morfológicas y la respuesta fisiológica de la semilla; con esto se reafirma la importancia del uso de los rayos X en el análisis de semillas, máxime en aquellos casos cuando se dispone de cantidades limitadas de germoplasma.

Agradecimiento: Esta investigación fue apoyada por la Comisión Nacional Forestal (CONAFOR).

ANÁLISIS CON RAYOS X A SEMILLAS DE DOS ESPECIES FORESTALES Y SU CORRELACIÓN CON LA GERMINACIÓN

Pichardo-González Juan[1]; Quintana-Camargo, Martín[2]; Cruz-Gutiérrez, Esmeralda[3]; Cortés-Cruz, Moisés[4]; Torres-García Edgar[5]

[1] Dr. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México pichardo.juan@inifap.gob.mx

[2] M.C. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[3] Dra. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[4] Dr. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[5] Ing. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

El análisis con rayos X ha sido desarrollado para varias semillas forestales y está muy avanzado para *Pinus y Picea*. Es un método no destructivo y rápido para la determinación del desarrollo embrionario (madurez), así como para la detección de daños mecánicos y daño por insectos en semillas. Algunos estudios lo proponen como un método indirecto para evaluar la viabilidad. El objetivo de este trabajo fue evaluar la integridad física de semillas con un equipo de rayos X y la germinación de *Liquidambar styraciflua* y *Pinus montezumae* con fines de conservación en el banco de germoplasma del CNRG-INIFAP y correlacionar los resultados para saber si los análisis de rayos X pudieran ser considerados en la determinación de la viabilidad. Se usó semilla de siete accesiones de *Liquidambar styraciflua* provenientes de Agua Zarca, Landa de Matamoros, Querétaro, México, y 10 accesiones de *Pinus montezumae* provenientes de Nuevo Paranguricutiro, Michoacán, México. Se utilizaron cuatro repeticiones de 25 semillas de cada accesión en el análisis de rayos X, evaluándose semillas llenas, semillas vacías y dañadas físicamente. Se realizó una prueba de germinación con las mismas semillas y se evaluó el porcentaje de germinación. Los experimentos se establecieron en un diseño completamente al azar, los análisis estadísticos se hicieron con el paquete estadístico SAS 9.3® realizando un ANOVA y la comparación de medias de Tukey. Los datos fueron transformados con el arco seno $\sqrt{X/100}$ debido a que se expresaron en porcentaje; además, se hizo un análisis de correlación entre semillas llenas, semillas vacías y germinación. Se encontró que las accesiones afectaron ($p \leq 0.01$) a semillas llenas, semillas vacías y germinación en ambas especies. En lo que respecta a *Liquidambar styraciflua* todas las accesiones tuvieron porcentajes altos de semillas llenas (90 al 99%). Asimismo, las accesiones 3, 5 y 1 tuvieron una germinación aceptable para ingresar a resguardo (90 al 94%), mientras que las accesiones 7, 6, 4 y 2 presentaron bajos porcentajes (26 al 79%). En esta especie no hubo correlación significativa entre semillas llenas y germinación ($r = -0.10$; $P > 0.05$). En cuanto a *Pinus montezumae* todas las accesiones presentaron porcentajes altos de semillas llenas (92 al 100%). Las accesiones 7, 10, 8, 6, 1, 4 y 5 tuvieron una germinación aceptable para ingresar a resguardo (89 al 100%). En contraste, las accesiones 2, 3 y 10 la germinación fue baja (67 al 84%). En *P. montezumae* tampoco hubo correlación significativa entre semillas llenas y germinación ($r = 0.49$; $P \leq 0.01$). Estos resultados sugieren que con el análisis de rayos X no es posible determinar la viabilidad en semillas de las dos especies forestales, debido a que el porcentaje de semillas llenas en el análisis de rayos X no asegura un porcentaje similar en la germinación, ya que otros factores como latencia, el genotipo, o que la semilla no esté viva también están involucrados. Por ello, el análisis de rayos X es una evaluación complementaria a la germinación.

Agradecimientos: a la Comisión Nacional Forestal como fuente financiadora a través del proyecto CONAFOR No. 11385232709.

BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE PRUNOIDEAS

Maria do C. Bassols Raseira[1]; Rodrigo Cezar Franzon[2]; Caroline Marques Castro[2]

[1] PhD, Embrapa Clima Temperado, Bolsista CNPq, Pelotas, RS, maria.bassols@embrapa.br.

[2] Dr,., Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, rodrigo.franzon@embrapa.br; caroline.castro@embrapa.br

O BAG de Prunóideas foi iniciado em 1984, sendo mantido pela Embrapa Clima Temperado, Pelotas-RS, em sua sede ($32^0$46'19'' S; $52^0$20´33'' W; altitude 60m). Desde seu início, este BAG tem sido coordenado por melhoristas, sendo muito difícil separar o trabalho relativo aos programas de melhoramento das atividades restritas ao Banco. Assim, seus objetivos principais são conservar a variabilidade e fornecer suporte aos programas de melhoramento. O BAG de Prunoideas conta atualmente com 991 acessos sendo 203 deles antigas seleções do programa de melhoramento e 788, o total de cultivares da Embrapa ou de outros programas. Cerca de 85% do total, são de *Prunus persica* e o restante, em sua maioria, de *P. salicina* ou híbridos desta espécie. As demais espécies que fazem parte do BAG são *P. domestica*, *P. mume*, *P. mahaleb*, *P. amygdalus*, *P. serotina*, *P. armeniaca* e *P. manshurica*, com um ou dois acessos de cada uma dessas espécies. Há anos atrás, *P. domestica* teve uma representatividade maior, entretanto devido à falta de frio hibernal na região, as plantas acabaram definhando. Os acessos têm diversas origens: do programa de melhoramento da Embrapa, de outros programas nacionais de melhoramento (como o Instituto Agronômico de Campinas, por exemplo), antigas cultivares ou seleções realizadas por produtores de diversas localidades, e germoplasma do exterior, como Estados Unidos, Bolívia, México, Espanha, Itália, Ilhas Canárias, Japão.Porém, no que se refere a *P. persica*, mais de 30% dos acessos são originários do programa de melhoramento da Embrapa. A conservação dos acessos é *ex situ*, a campo, e são mantidos, em geral, três exemplares por acesso. Faz-se também conservação de pólen, em freezer, por três a quatro anos, dos acessos mais interessantes aos programas de melhoramento. Entretanto, estudo realizado em 302 acessos de *P. persica* mostrou que cerca de 5% desses eram macho-estéreis. Dos acessos dessa espécie, menos de 10% são de nectarineiras e aproximadamente 8% do total de acessos *P .persica* é de polpa branca. A necessidade em frio hibernal varia de menos de 100 horas até 500 horas ou pouco mais, abaixo de 7,2°C. Há variabilidade quanto à resistência a doenças: acessos imunes à ferrugem da folha (como por exemplo, Cristal Taquari) e outros muito suscetíveis; acessos com algum grau de resistência à *Monilinia*, como a cv. Bolinha e outros extremamente suscetíveis, como a cv. Lord; acessos com diferentes graus de suscetibilidade à *Bothryosphaera*, bem como diferenças em suscetibilidade à *Xanthomonas*. Do total de acessos, apenas três deles têm hábito de crescimento tipo chorão, com ramos pendentes, enquanto os demais tem hábito aberto (em menor número) ou vertical ou semi-vertical (maior parte dos acessos). As flores variam do branco ao rosa escuro, praticamente vermelho. Há acessos com pétalas múltiplas (20 ou mais) e de diferentes tamanhos. O tipo, textura e coloração da polpa das frutas é também variável, bem como o sabor. Toda esta variabilidade tem servido a diversos trabalhos de pesquisa e, principalmente, têm servido aos trabalhos de melhoramento como fontes de algumas características desejáveis. Recentemente, parte desse BAG foi genotipado e está sendo fenotipado para reação à *M. fructicola* e *X. campestris* pv. *pruni*, a fim de possibilitar a associação com marcadores moleculares.

Agradecimentos: Ao CNPq pelo apoio em diversas atividades.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

BANCO ATIVO DE GERMOPLOSMA DE MORANGUEIRO – SITUAÇÃO ATUAL

Priscila Monalisa Marchi[1]; Michél Aldrighi Gonçalves[2]; Murielli Sabrina Gemeli[3]; Angélica Neugebauer Voigt[4], Sandro Bonow[5]

[1]Engenheira Agrônoma, Doutoranda em Agronomia PPGA-Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, priscilammarchi@yahoo.com.br.

[2]Engenheiro Agrônomo, Doutor em Agronomia, PPGA-Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, aldrighimichel@gmail.com

[3]Engenheira Agrônoma, Mestranda em Produção Vegetal, Universidade do Estado de Santa Catarina, Lages, SC, Brasil, murigemeli@gmail.com

[4]Graduanda em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, angelicavoigt@hotmail.com

[5] Engenheiro Agrônomo, Doutor, Pesquisador Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, sandro.bonow@embrapa.br

O Banco Ativo de Germoplasma de Morangueiro (BAG Morangueiro), situado na Embrapa Clima Temperado, Pelotas-RS, teve seu início em 2009, por ocasião da retomada das pesquisas com melhoramento genético de morangueiro na Embrapa. Desde então, ações visando o enriquecimento, a conservação, caracterização e uso do germoplasma disponível tem sido realizadas. O presente resumo procura relatar a situação atual do BAG Morangueiro, assim como as principais atividades realizadas nos últimos anos. Atualmente, o BAG Morangueiro possui conservados 38 acessos do Gênero *Fragaria*, incluindo principalmente *Fragaria x ananassa* e um acesso de *Fragaria virginiana*, originárias de diversos países, como Estados Unidos, Coréia do Sul, Espanha, Japão, Itália e Brasil. As introduções têm sido realizadas principalmente por meio de intercâmbio com o repositório de Corvallis, Oregon, Estados Unidos e Coréia do Sul. Entre os anos de 2013 e 2015, 10 novos acessos foram introduzidos no BAG. Quanto à conservação, os acessos pertencentes ao BAG são mantidos em casa de vegetação e multiplicados por meio de propagação vegetativa de estolões, em média, a cada dois anos. São mantidas seis plantas por acesso. Além disso, atualmente, 50% dos acessos é conservado *in vitro*, sendo que, a cada ano, novos acessos são acrescidos a esse tipo de conservação. A caracterização agronômica tem sido realizada a campo, sendo avaliadas as principais características de planta, como vigor, porte, posição da inflorescência e precocidade de produção. Também são avaliadas características referentes à fruta, como tipo agronômico de fruta, tamanho, massa média, formato, coloração interna e externa, firmeza, etc., e demais características de interesse econômico e alguns descritores selecionados entre aqueles recomendados. Além disso, os acessos do BAG foram caracterizados por meio de marcadores moleculares microssatélites, e a diversidade genética entre os genótipos disponíveis foi conhecida. Quanto ao uso, a principal utilização dos acessos tem sido disponibilizar diversidade genética das características de maior interesse do programa de melhoramento genético de morangueiro conduzido pela Embrapa Clima Temperado.

Agradecimentos: à Embrapa Clima Temperado, à CAPES e ao CNpQ.

ORIGEM E TEMPO DE CULTIVO DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO DOCE E ADOCICADO NO OESTE DE SANTA CATARINA

Rosenilda de Souza[1]; Tassiane Terezinha Pinto[1]; Wagner Bastos dos Santos Oliveira[1]; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves[2]; Juliana Bernardi Ogliari[3]

[1] Doutoranda (o) no PPG Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, rosenilda.agro@hotmail.com, tassi.tp@gmail.com, wobastos@yahoo.com.br.

[2] Mestrando no PPG Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, gabriel.agrobio@gmail.com.

[3] Professora da Universidade Federal de Santa Catarina, CCA, e-mail: juliana.bernardi@ufsc.br.

O Oeste de Santa Catarina destaca-se no cenário científico nacional por conservar uma rica diversidade de variedades crioulas, incluindo variedades de milho doce. O tempo de cultivo e os locais de origem das variedades crioulas assumem um papel fundamental na definição e caracterização destes materiais. Além disso, o tempo em que uma variedade está sendo mantida em uma determinada região influencia na adaptação local da variedade a contextos culturais e socioambientais específicos, que se estabelecem ao longo dos anos de cultivo. Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo analisar a origem, o tempo de cultivo e a influência da origem sobre o tempo de cultivo das variedades crioulas de milho doce e adocicado mantidas por agricultores dos municípios de Anchieta e Guaraciaba, localizados no oeste Santa Catarina. Para tanto, no ano de 2013 foi realizado o Diagnóstico da Diversidade II de milho doce e adocicado, por meio de entrevistas semiestruturadas com 29 agricultores familiares, destes, 19 mantinham variedades crioulas de milho doce (grão enrugado) e 10 variedades crioulas de milho adocicado (grão dentado). Os dados foram avaliados por meio de estatística descritiva. Com base nas informações dos agricultores mantenedores constatou-se que as variedades de milho doce e adocicado conservadas em Anchieta e Guaraciaba possuem diferentes origens, sendo que dentre as variedades doce, 53,0% foram adquiridas na própria comunidade ou família, por meio de *herança* (26%), *vizinho* (16,0%) e *parente* (11,0%). As variedades de milho de grãos adocicado foram obtidas, principalmente, de *vizinhos* (40,0%) ou em *feiras de sementes* (20,0%). Com relação ao tempo de cultivo das variedades, as de milho doce apresentaram uma média de 11,1 anos na propriedade, variando de 1 a 50 anos. Entre as variedades de milho adocicado, a média de tempo na propriedade foi de 5 anos, variando de 1 a 15 anos. A análise do tempo de cultivo de acordo com a origem das variedades demonstrou que a média de tempo das variedades com origem de *vizinho, parente* ou *herança* é maior (12,5 anos), quando comparada com a média de tempo de cultivo das variedades obtidas pelos agricultores em *instituições públicas*, *feira de sementes*, *sindicatos* e *encontros comunitários de grupo de idosos* (4,6 anos). As respostas dos mantenedores sobre a origem e tempo de cultivo das variedades crioulas de milho doce a adocicado permitem afirmar que existem redes de troca de sementes ativas nos municípios de Anchieta e Guaraciaba e que as variedades de milho doce estão sendo conservadas a mais tempo pelos agricultores. A análise da influência da origem sobre o tempo de cultivo demonstrou que as variedades adquiridas recentemente (menos de 10 anos) são advindas de resultados de trabalhos desenvolvidos na região por entidades locais e universidades que incentivam os agricultores a voltarem a cultivar sementes crioulas.

Agradecimentos: Aos agricultores dos municípios de Anchieta e Guaraciaba, por realizarem o importante trabalho de conservação das variedades crioulas. Ao CNPq pelo apoio financeiro.

BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE FRUTAS NATIVAS DO SUL DO BRASIL

Rodrigo Cezar Franzon[1]; Maria do Carmo Bassols Raseira[1]; Caroline Marques Castro[1]

[1] Eng. Agrônomo(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, rodrigo.franzon@embrapa.br; maria.bassols@embrapa.br; caroline.castro@embrapa.br

O Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Fruteiras Nativas do Sul do Brasil foi iniciado em 1985, como uma pequena coleção. Atualmente conta com 76 acessos de 16 espécies nativas identificadas. É mantido pela Embrapa Clima Temperado, em Pelotas, RS, e tem como objetivo principal preservar e estudar o potencial de algumas destas espécies, para que possam ser melhoradas e incorporadas aos sistemas produtivos de frutas. São mantidas as espécies nativas: araçazeiro (*Psidium cattleyanum*); pitangueira (*Eugenia uniflora*); uvalheira (*E. pyriformis*); cerejeira-do-rio-grande (*E. involucrata*); guabirobeira (*Campomanesia xanthocarpa*); feijoa ou goiabeira serrana (*Acca sellowiana*); ingazeiro (*Inga uruguensis*); guabijuzeiro (*Myrcianthes pungens*); araticunzeiro (*Rollinia sylvatica*); butiazeiro (*Butia* spp., 5 espécies); jabuticabeira (*Plinia* spp.); e amoreira nativa (*Rubus* sp.). Quase todos os acessos mantidos no BAG foram obtidos por doações, excetuando-se aqueles coletados na década de 80 e as progênies obtidas por polinização livre dos acessos já existentes. A conservação é ex situ, a campo. Os acessos vêm sendo caracterizados especialmente quanto às frutas, considerando-se época de maturação, forma, cor, sólidos solúveis totais (°Brix), diâmetro, peso médio e sabor. Também tem sido realizada a seleção de genótipos com características superiores, observando-se principalmente qualidade das frutas e produtividade; a caracterização fitoquímica, determinando compostos químicos presentes nas frutas e possíveis funções nutracêuticas de extratos das mesmas; tem-se estudado aspectos de pós-colheita e processamento de frutas nativas, buscando produtos diferenciados com alto valor agregado; bem como estão sendo realizados trabalhos para se desenvolver um método eficiente de propagação vegetativa para a pitangueira, visando a produção de mudas de qualidade. São parceiros da Embrapa nestes estudos, a Universidade Federal de Pelotas, a Universidade Federal do Rio Grande do Sul, a Universidade Federal Tecnológica do Paraná (Campus Pato Branco e Dois Vizinhos), a EPAGRI, em SC, e a EMATER/RS. Especialmente para a pitangueira e para o araçazeiro, os acessos mais promissores têm sido usados para desenvolver genótipos visando a utilização para fins comerciais. Existem, atualmente, em torno de 120 seleções de araçazeiro e 200 seleções de pitangueira. Destes trabalhos, duas cultivares de araçazeiro foram lançadas na década de 1990, a 'Ya-cy', produtora de frutos de coloração amarela, e 'Irapuã', com frutos vermelhos. Genótipos promissores de araçazeiro e de pitangueira estão testados em unidades de observação. Devido ao estágio mais avançado de estudos, dentre as espécies de fruteiras nativas mantidas no BAG, o araçazeiro e a pitangueira destacam-se com maior potencial de aproveitamento, a curto e médio prazo. A terceira espécie com seleção de genótipos é a uvalheira. Porém, para esta espécie há apenas 20 genótipos selecionados. Espera-se, nos próximos três a quatro anos, disponibilizar pelo menos uma nova cultivar de araçazeiro e um cultivar de pitangueira para cultivo.

CONSERVAÇÃO *IN VITRO* DOS RECURSOS GENÉTICOS DE *EUGENIA UNIFLORA L.*: I. NANOPARTÍCULAS DE PRATA COMO FERRAMENTA PARA A DESINFESTAÇÃO DE EXPLANTES

Fernanda Illamas Gallon[1], Paulo Roberto Diniz da Silva[1], Tatiana Silveira Moura[2], Marina Junges[3], Valdir Marcos Stefenon[4]

[1]Aluno de mestrado, Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, Rio Grande do Sul, Brasil, fernandagallon@yahoo.com.br; paulorobertodinizdasilva@gmail.com

[2] Estudante de graduação, Bacharelado em Biotecnologia, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, tatianasilveiramoura@outlook.com

[3] Bacharel em Biotecnologia, Universidade Federal do Pampa, São Gabriel, marinajunges@gmail.com

[4] PhD, Programa de Pós Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal do Pampa, RS, Brasil, valdirstefenon@unipampa.edu.br

A *Eugenia uniflora L.* é uma espécie nativa do Sul do Brasil com potencial de exploração econômica e largamente empregada na medicina popular, na indústria de cosméticos e alimentícia. A micropropagação in vitro constitui um modo de se manter sempre disponíveis explantes sadios e livres de contaminação para aplicação de técnicas de regeneração por cultura de tecidos e transformação genética, visando melhoramento genético e/ou conservação de espécies. Este trabalho objetivou desenvolver um processo de desinfestação de explantes de *E. uniflora* utilizando-se nanopartículas de prata. As nanopartículas foram sintetizadas através da redução do nitrato de prata com citrato de sódio. A coloração amarelada da solução foi utilizada como indicador da redução da prata e a formação de nanopartículas. A confirmação das dimensões das nanopartículas foi realizada através de espectrometria de UV-vis, microscopia eletrônica de varredura e microscopia de força atômica. Gemas apicais de *E. uniflora* foram coletadas em uma população natural e desinfestadas através da lavagem água corrente, seguido de imersão em solução Tween 20 μL.L-¹ por 10 min. Os explantes foram transferidos para câmara de fluxo laminar e submetidas a desinfestação com álcool 70% e hipoclorito de sódio 1,25%, seguido de 3 lavagens com água destilada autoclavada. Em seguida, lotes de 25 gemas foram empregados em dois tratamentos com nanopartículas de prata: 30 min e 60 min. O controle foi composto por 25 gemas sem o tratamento com nanopartículas. Os explantes foram inoculados em tubos de ensaio contendo meio MS suplementado com sacarose e solidificado com ágar. Os tubos de ensaio foram vedados com papel alumínio, lacrados com papel filme e cultivados em B.O.D em temperatura de 25±2ºC sob fotoperíodo de 16 horas luz. A taxa de contaminação foi avaliada nove dias no após a inoculação dos explantes. Foi possível evidenciar que nanopartículas de pratas tiveram efeito sobre bactérias e fungos, havendo redução no número de contaminação quando comparadas ao controle. O tratamento com nanopartículas de prata por 1 hora apresentou uma redução de 40% no número de explantes contaminados, enquanto o tratamento por 20 min reduziu em 20% as contaminações. A maior incidência de contaminação foi de origem bacteriana, possivelmente ocasionada por bactérias endógenas, mais frequentes em explantes derivados de plantas coletadas no campo. Os resultados obtidos neste trabalho demonstram o potencial das nanopartículas como agente desinfestante na micropropagação de *E. uniflora*. Experimentos adicionais estão sendo desenvolvidos para otimizar o processo e ampliar a desinfestação.

Agradecimentos: CNPq, CAPES e UNIPAMPA pelo suporte financeiro e bolsas de estudo.

FATORES SOCIO-ECONÔMICOS E CULTURAIS QUE INFLUENCIAM A CONSERVAÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE FEIJÃO COMUM NO RIO DE JANEIRO

Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti; Rosana Rodrigues; Cláudia Pombo Sudré

Engenharia Agronômica, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias – CCTA, Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal – LMGV, Campos dos Goytacazes, RJ, Brazil - thamara_fmc@yahoo.com.br

Os sistemas agrícolas tradicionais sempre comportaram grande diversidade de espécies e variedades cultivadas que coevoluíram nos próprios agroecossistemas, em estreita sintonia com as condições ambientais da região e atendendo a interesses socioeconômicos e culturais dos agricultores. Embora essa diversidade seja importante para a segurança alimentar e a sustentabilidade da agricultura, há um acentuado processo de erosão genética em curso e múltiplos fatores estão envolvidos. O objetivo deste trabalho foi compreender os elementos socioeconômicos e culturais que influenciam a conservação de variedades locais do feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) em cinco municípios do estado do Rio de Janeiro. Os municípios amostrados foram Campos dos Goytacazes, Macaé, Rio das Ostras, Itaocara e Araruama, sendo entrevistados 23 agricultores, com idade variando de 40 a 76 anos. Quarenta e três variedades locais de feijão comum foram identificadas e apenas dois agricultores são responsáveis por 87,7% dos acessos encontrados. Registrou-se a existência de um banco de sementes comunitário de feijão, resultado da organização dos agricultores de Tapinoã (Araruama), em parceria com a EMATER local e a Articulação Nacional de Agroecologia, para abastecimento e intercâmbio de sementes entre as famílias rurais, que mantém 26 variedades. Outras 10 variedades são mantidas por um único agricultor, que além do feijão comum conserva uma diversidade de sementes de outras espécies. Metade dos entrevistados, embora plantem feijão todos os anos, não tinha sementes armazenadas para a safra seguinte, provavelmente devido ao fato de que 34% dos produtores recebem as sementes de prefeituras, como em Rio das Ostras e Macaé, onde existe uma política de fomento à produção de feijão, que inclui a distribuição de sementes. Entretanto, é comum entre os agricultores assistidos por essas políticas reclamações quanto à perda de variedades tradicionais e quanto aos atrasos no repasse das sementes. Outros 21% dos produtores adquirem as sementes no comércio, denotando que muitos agricultores perderam o hábito de reproduzir suas próprias sementes. A escassez de chuva dos últimos três anos acarretou em redução na conservação de variedades crioulas, e 17% dos agricultores afirmaram ter perdido variedades que estavam sendo conservadas por várias gerações. Porém, observou-se que os agricultores ainda mantêm importantes mecanismos sociais de intercâmbio de sementes, como a troca entre familiares e vizinhos (17%), bancos comunitários (14%) e feiras (14%). As principais ameaças à conservação da diversidade de variedades locais de feijão, nos municípios estudados, têm sido a erosão de um conjunto de práticas geradoras da agrobiodiversidade, com destaque para a falta de armazenamento das próprias sementes, além das mudanças climáticas que já estão afetando drasticamente a regularidade das chuvas na região. Por outro lado, a organização comunitária e ações que valorizem as práticas de conservação da agrobiodiversidade, foram preponderantes para a conservação da diversidade de variedades locais de feijão.

Agradecimentos: Faperj, Capes, CNPq e UENF.

CONSERVAÇÃO E USO SUSTENTÁVEL DE POPULAÇÕES DE *PILOCARPUS MICROPHYLLUS* STAPF EX WARDLEW NA FLORESTA NACIONAL DO CARAJÁS

Gracialda C. Ferreira[1]; Selma T. Ohashi[1]; Juhn Muroi[1]; Charles A. Maciel Neto[2]; Afonso R. G. Pinto[2]; Romulo S. da Costa[1]; Nelson H. Hiramizu[3]; Gabriele C. Furtado[3]; Ramille B. da Silva[3]; Arthur Viana Lau[3]

[1]Engenheira Florestal, UFRA, Belém, Pará, Brasil, gracialda.ferreira@ufra.edu.br; ohashi.selma@gmail.com; juhnmuroi@gmail.com; romuloserrao@yahoo.com.br

[2]Engenheiro Florestal, Mestrando UFRA, Belém, Pará, Brasil, charlesmneto2@yahoo.com.br; raniery.afonso@gmail.com

[3]Graduando Engenharia Florestal, UFRA, Belém, Pará, Brasil, nelsonhitoshi@gmail.com; gabriele.ufra@gmail.com; ramillebs19@yahoo.com.br; arthurvianalau@gmail.com

Pilocarpus microphyllus Stapf ex Wardlew (Rutaceae) - jaborandi - é uma planta arbustiva de importância industrial por produzir diversas substâncias, destacando-se a pilocarpina, a qual é utilizada para produção de colírio para tratamento de glaucoma e xerostomia. É uma das espécies da flora brasileira ameaçada de extinção pela perda de populações naturais e qualidade de seu habitat. Em termos sociais, o jaborandi tem sido fonte de renda para comunidades de regiões do Pará, Maranhão e Piauí, que vivem da colheita e comercialização das folhas das populações naturais. A Floresta Nacional de Carajás (FLONACA) destaca-se pela grande ocorrência da espécie em sítios específicos, formando agrupamentos (reboleira) em vegetação de savana metalófila ou áreas de transição savana floresta. Devido a importância econômica e social do jaborandi, está sendo executado um programa de conservação e uso sustentável da espécie na FLONACA abrangendo estudos de mapeamento de todas as áreas de ocorrência com obtenção de dados de solos, relevo e vegetação, acompanhamento de crescimento e fenologia reprodutiva, estudos botânicos e de biologia reprodutiva, colheita de sementes e produção de mudas identificadas por matriz, implantação de um banco de germoplasma, treinamento dos coletores de folha (folheiros) para o uso sustentável do jaborandi e uso de outras espécies da FLONA. O mapeamento das áreas de ocorrência está sendo efetuado com base em imagens de satélite, comprovação da ocorrência em campo, georreferenciamento das áreas de ocorrência, coleta de material botânico e obtenção de dados de solos, vegetação e relevo. Para conhecer as populações foi efetuado o inventário florestal com base na área ocupada por cada reboleira, sendo assim definidas três classes de tamanho: Classe I: reboleiras com 0 – 2 ha; Classe II: reboleiras 2,1 – 5 ha; Classe III: reboleiras > 5 ha. Para o acompanhamento da fenologia foram demarcadas seis áreas para coleta de sementes e selecionadas 416 matrizes para acompanhamento fenológico quinzenal. A biologia reprodutiva foi realizada em abril de 2015 com observações, durante três dias de 6 as 18h, de visitantes florais, presença ou ausência de odor, receptividade estigmática. Estudos de tecnologia de sementes foram efetuadas com identificação de procedências, e matriz está sendo efetuada para estudos de produção de mudas e implantação de um banco de germoplasma. Os resultados do programa são parciais e até o momento foram mapeadas 25 reboleiras em altitudes variando de 600 a 1000 metros sendo que 92% das reboleiras situaram-se nas altitudes entre 600 a 800 m e 8% entre 800 e 1000m. Em termos de fenologia reprodutiva baseado em um ano de observação foi encontrado que o maior índice de atividade para a fenofase botão floral foi registrado em fevereiro, março e abril com valores em torno 45% e a floração registrou um aumento gradual iniciando com índice de 15%, aumentando gradativamente em abril e evidenciando decréscimo em maio. Para a fenofase frutificação, a atividade foi baixa em fevereiro, aumentando progressivamente nos demais meses, porém com valor em torno de 20% em abril, chegando a 33,6% em maio e com o máximo de 22% em junho. O inventário florestal efetuado na Serra Norte, até o momento, identificou seis reboleiras na classe de tamanho I (0-2ha) e seis na classe de tamanho II (2-5ha). Nestas parcelas foram registrados 814 indivíduos de jaborandi distribuídos em duas classes de tamanho de reboleira: Classe I: 550 indivíduos, e Classe II: 264 indivíduos, que equivalem a 1.356,7 ind.ha^{-1}. Em termos de tecnologia de sementes foi encontrado nos lotes de sementes obtidos uma pureza de 93,7% e o peso médio de mil sementes foi de 42,87 g com um teor de agua de 14,4%. As dimensões médias da semente em relação ao comprimento, largura e espessura foram de 5,94, 4,41 3,89 mm respectivamente. Para sementes recém coletadas a emergência é em média 92,33 % com índice de velocidade de emergência de 5,93 e tempo médio de emergência de 3,96 dias. Com este programa espera-se aumentar o conhecimento e contribuir para a conservação *in situ* e *ex situ* e para o uso sustentável da espécie.

Agradecimentos: Vale S.A e CNPq, pelo apoio financeiro, ICMBio, Cooperativa de Folheiros de Jaborandi- COEx. pelo incentivo e apoio em campo.

RNA INTEGRITY IN SOYBEAN SEED (*GLYCINE MAX* (L.) MERR.) ARTIFICIALLY AGED

Renata Miranda Lopes[1]; Juliano Gomes Pádua[2]; Solange C. B. R. José[3]; Marcos Aparecido Gimenes[4]

[1] Bióloga, doutoranda em Botânica, Universidade de Brasília (UnB), Distrito Federal, Brasil, renatamiranda@unb.br

[2] Agrônomo, Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil juliano.padua@embrapa.br

[3] Agrônoma, Pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil solange.jose@embrapa.br

[4] Biólogo, Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Distrito Federal, Brasil marcos.gimenes@embrapa.br

Germination and tetrazolium tests are not able to detect stages of seeds deterioration, indicating just the final stages of process, i.e., the death of the seed. Before the visible loss of seed viability, it occurs a series of events as membrane disruption, reduced DNA repair efficiency and loss of nucleic acids integrity. The aim of this study was to evaluate rRNA integrity in soybean seeds aged artificially. Soybean seeds (BRS Flora) were aged at 42 ºC for 0h, 24h and 48h. The germination test was performed in triplicate (n = 50) at 25 ºC. RNA extraction was performed in triplicate. It was added 200 mg of powdered seeds to 900 µL of extraction buffer (100 mM Tris pH 9.0, 20 mM EDTA, 4% laurylsarcosine, 200 mM NaCl, 2% β-mercaptoethanol) and an equal volume of chloroform: isoamyl alcohol: phenol (24:1:25). The solution was vortexed for 2 min, and centrifuged (14,000 rpm). It was added to the supernatant an equal volume of chloroform: phenol (25:25), which was vortexed and recovered by centrifugation. The RNA was precipitated with 1/3 of 8M LiCl and incubated overnight at 4 ºC. After centrifugation, the *pellet* was dissolved in 400 µL of water, reprecipitated in 2/10 of 3M NaOAc and two volumes of ethanol and then it was incubated for 1h at -20ºC. The *pellet* was washed with 70% ethanol, dried and redissolved in 50 µL of water. 450 ng of RNA was loaded in denaturing gel. The control seeds showed 68% of germination power (GP), the 24h aged seeds 11% and 48h 4%. The accelerated aging decreased 83.8% for 24h and 94.1% for 48h aging compared to the initial GP. Analysis of the fluorescence intensity of the rRNA showed a decrease in the intensity of 28s RNA compared to the control (0h), but it was not statistically significant. The relative fluorescence (x 10^{-4}) found for 28s rRNA were 7.5 ± (0.6); 5.3 ± (1.5) and 5.5 ± (2.0) for the treatment 0h, 24h and 48h respectively. The 18s rRNA, was different in treatment among 24h and 0h. The relative fluorescence found to 18s rRNA was higher than those found for 28s, that were 12.3 ± (1.8); 9.7 ± (0.4) and 10.8 ± (0.4) for the treatment 0h, 24h and 48h respectively. Little variation in the integrity of 28S and 18S rRNAs may be due to the fact that the initial seed PG was already below 80%. Analysis with more repetitions and initial PG ≤ 80% can improve the assessment of RNA integrity during accelerated aging and help assess the integrity of the seeds before visible loss its, since the success of good germination and seedling growth depend on protein synthesis which requires that seeds have an adequate supply of functional ribosomes.

keywords: aging, conservation, nuclei acids, rRNA, seed germplasm.

Acknowledgments: To Capes, to Embrapa by research financing and to UnB.

PODER GERMINATIVO DE SEMENTES DE QUEBRA-PEDRA (*PHYLLANTHUS* SPP.) - PHYLLANTACEAE

Larissa S. Azevedo[1]; Rosa B. N. Alves[2]; Roberto Fontes Vieira[3]; Dijalma Barbosa da Silva[4]; Marcos José da Silva[4]; Antonieta N. Salomão[6]

[1] Estagiária, Curso de Agronomia, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, larissajob1@yahoo.com.br

[2] Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, rosa.belem@embrapa.br

[3] Eng. Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, roberto.vieira@embrapa.br

[4] Eng. Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, dijalma.barbosa@embrapa.br

[5] Eng. Agrônomo, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, marcos_agrorural@hotmail.com

[6] Eng. Florestal, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, antonieta.salomao@embrapa.br

No Brasil é muito comum o uso popular do chá de Quebra-pedra (*Phyllanthus* spp) para o tratamento de cálculos renais e das vias urinárias. Várias espécies têm sido estudadas há décadas para esta indicação e estudos experimentais e clínicos têm demonstrado que *P. niruri* não apresenta toxicidade aguda ou crônica, além disso, sugerem efeitos que promovem a eliminação urinária de cálculos. A grande variabilidade genética entre as várias espécies de *Phyllanthus* leva, usualmente, à sua comercialização, conjunta ou misturada, comprometendo a sua eficácia. Incluídas no projeto "Qualifito" (Matéria-prima de qualidade para atender ao Programa Nacional de Plantas Medicinais e Fitoterápicos) essas espécies possuem escassos estudos sobre o processo germinativo de suas sementes. O objetivo desse trabalho foi avaliar a qualidade fisiológica do germoplasma semente de *Phyllanthus* spp. coletado em programas de Fitoterapia, coleções de germoplasma e jardins visando sua conservação *ex situ*. As espécies estudadas foram *P. amarus* (seis acessos), *P. niruri* (cinco acessos), *P. tenellus* (18 acessos) *P. stipulatus* (um acesso), *P. urinaria* (três acessos) e *Phyllanthus* spp (dois acessos). Devido ao heteromorfismo das sementes, foi feita uma seleção separando-se as que apresentavam testa de coloração marrom e maior tamanho para os testes de germinação. Antes do semeio sobre papel, as sementes foram lavadas com solução de detergente a 5%, enxaguadas e imersas em solução de GA_3 10^{-3}M / 24h. Percentuais de germinação > 50% foram obtidos em quatro amostras de *P. amarus*; duas amostras de *P. niruri*, duas amostras de *P. tenellus*, duas amostras de *P. urinaria*, uma de *P. stipulatus* e uma de *Phyllanthus* spp. Ainda que as sementes tenham sido selecionadas, submetidas à assepsia e expostas ao promotor de germinação, os maiores percentuais de germinação das amostras de *P. tenellus* e *P. urinaria* foram de 44% e 5%, respectivamente. Possivelmente, estes resultados se devem à imaturidade das sementes e sua má formação. Foi observado em lupa que muitas sementes, independente da coloração da testa, estavam desprovidas de embrião.

Fonte de financiamento: Projeto Qualifito – Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

BANCO DE GERMOPLASMA DE PLANTAS MEDICINAIS E AROMÁTICAS DE IMPORTÂNCIA PARA A REGIÃO CENTRO-OESTE

Dijalma Barbosa da Silva[1]; Kazumitsu Matsumoto[1]; Luciene Dionízio Cardoso[2]; Rosa B. N. Alves[3]; Ismael Gomes da Silva[4]; Roberto Fontes Vieira[1]

[1]Eng. Agronômo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, dijalma.barbosa@embrapa.br; kazumitsu.matsumoto@embrapa.br; roberto.vieira@embrapa.br

[2]Técnica, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, luciene.cardoso@embrapa.br

[3]Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, rosa.belem@embrapa.br

[4]Químico, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, Ismael.gomes@embrapa.br

A região centro-oeste apresenta uma grande aptidão para produção de plantas medicinais e aromáticas nativas e exóticas. A introdução, avaliação, conservação e adaptação de material genético, às condições locais são de fundamental importância para atender as demandas das indústrias de alimentos, cosméticos, farmacêuticas, higiene e programas de fitoterapia. O objetivo deste trabalho foi coletar, documentar, caracterizar e conservar (in vitro, campo, telado e câmara fria) um Banco de Germoplasma de espécies medicinais e aromáticas de interesse socioeconômico para esta região, incluindo aquelas recomendadas pelo Sistema Único de Saúde (SUS). As espécies foram coletadas em Programas de Fitoterapia, Áreas de Conservação, Universidades e Instituições de pesquisa do país, e depositadas na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, em conformidade com as metas dos projetos: "Recursos Genéticos de Plantas Medicinais e Aromáticas de importância para a região Centro-Oeste" e "Matéria prima de qualidade para atender ao programa Nacional de Plantas Medicinais e Fitoterápicos". Foram estabelecidas uma coleção genérica (com aproximadamente 100 acessos) e cinco coleções específicas, descritas a seguir: *Pfaffia glomerata*, com 22 populações (280 indivíduos) coletados nos estados de São Paulo, Paraná e Mato Grosso do Sul, conservados in vitro (29% caracterizados quimicamente); *Mentha*: 89 acessos (*M. aquatica*, 2; *M suaveolens*, 7; *M. canadensis*, 3; *M. piperita*, 14; *M. spicata*, 15; *M. arvensis*, 6; *M. longilolia* 3; *M. sylvestris*, 1; *M. gracilis*, 3; *M. pulegium*, 1; *M. rotundifolia*, 1; *Mentha* sp., 19; híbridos, 14 conservados in vitro e telado, dos quais 62% caracterizados quimicamente; *Mikania*: 43 acessos, coletados em nove unidades da federação (*Mikania laevigata*, 22; *Mikania glomerata*,5: *Mikania sp.*,16) conservados em telado e campo; *Lippia*: 67 acessos coletados em 11 estados da federação (*L .sidoides*, 24; *L. alba*, 43) conservados a campo/telado e in vitro (85% caracterizados quimicamente); *Phyllanthus* sp: 35 acessos coletados em 12 unidades da federação (*P. tenellus*,16; *P. stpulatus*,1; *P. niruri*, 5; *P. urinaria*, 2; *P. amarus*, 4 e *Phyllanthus* sp., 7) conservados em câmara fria (100% caracterizados molecularmente, 91% com estudo de germinação). Os acessos dessas coleções têm sido intercambiados com várias instituições parceiras (CPQBA/Unicamp, UnB, UFC, UFJF; UFV; UFPR, UFS, Unesp e UNAERP), unidades da Embrapa e Programas de Fitoterapia. O estabelecimento deste Banco tem propiciado a realização de pesquisa, ensino e treinamento de técnicos da extensão rural da região geo-economica de Brasília, DF. Todos os acessos estão disponibilizados para intercâmbio em conformidade com as leis brasileiras.

Agradecimentos: Embrapa, Programas de Fitoterapia e instituições parceiras.

EFEITO DE VARIAÇÕES TERMICAS SOBRE A GERMINAÇÃO DE QUATRO ESPÉCIES ARBÓREAS COM AMPLA DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA NO BRASIL

Antonieta N. Salomão[1]; Izulmé R. I. Santos[2]; Marcos A. Gimenes[3]; Bruno M. T. Walter[4]

[1] Eng. Florestal, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, antonieta.salomao@embrapa.br

[2] Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, izulme.santos@embrapa.br

[3] Biólogo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, marcos.gimenes@embrapa.br

[4] Eng. Florestal, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, bruno.walter@embrapa.br

Os desequilíbrios climáticos, como consequência do aquecimento global, podem, provavelmente, comprometer os complexos mecanismos de sobrevivência de muitas espécies vegetais. Plantas com ampla distribuição geográfica, por sua vez, estão mais habilitadas à formação de ecótipos, possuindo maiores possibilidades intrínsecas de tolerar estresses. Entretanto, variações térmicas acentuadas podem alterar o processo germinativo de suas sementes, reduzindo a germinabilidade e o desenvolvimento de plântulas. Com o objetivo de avaliar o efeito de variações de temperatura sobre a germinação de sementes de *Amburana cearensis* (Fabaceae), *Genipa americana* (Rubiaceae), *Hancornia speciosa* (Apocynaceae) e *Tabebuia aurea* (Bignoniaceae) foram testadas oito temperaturas: 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35 e 40ºC. Inicialmente, mapas de ocorrência das quatro espécies no Brasil foram confeccionados, utilizando-se informações das coordenadas geográficas indicadas em *vouchers* de coletas de germoplasma, exsicatas de herbários e dados de literatura. As coordenadas de ocorrência foram plotadas no mapa de biomas do Brasil, sendo que todas as espécies se distribuem por cinco dos seis principais biomas brasileiros, exceto o Pampa. Os testes de germinação foram conduzidos em câmaras de germinação, com lotes compostos por sementes de distintas procedências para cada uma das espécies. Os dados de germinação (plântulas normais) foram submetidos à análise de variância (P > 95%) e à regressão não-linear. Sementes de *A. cearensis*, cuja dispersão é concentrada nos biomas Caatinga e Cerrado, germinaram no intervalo de temperatura de 10ºC a 40ºC, sendo o maior percentual de germinação (97%) obtido a 35ºC. Para sementes de *G. americana*, espécie amplamente distribuída pelo Brasil, mas com menor ocorrência na área nuclear da Caatinga e na faixa meridional da Mata Atlântica, o processo germinativo iniciou-se à temperatura de 10ºC terminando à 35ºC e o maior percentual de germinação (95%) se deu a 30ºC. Sementes de *H. speciosa*, que distribui-se também nos biomas Caatinga, Cerrado e Pantanal, além da faixa litorânea da Mata Atlântica, germinaram no intervalo de temperatura de 10ºC a 40ºC, porém com o maior percentual de germinação (100%) atingido a 25ºC. Para *T. aurea*, que tem sua ocorrência concentrada nos biomas Caatinga, Cerrado e Pantanal, a germinação das sementes ocorreu a partir de 15ºC até 40ºC, sendo que o maior percentual germinativo (89%) foi obtido a 25ºC. Ainda que sementes destas quatro espécies tenham germinado em amplo intervalo de temperaturas, exceto naquelas mais baixas de 5ºC (*A. cearensis, G. americana* e *H. speciosa)* e 10ºC (*T. aurea*), o maior percentual de germinação de cada uma variou entre 25ºC e 35ºC. As quatro espécies mostraram-se tolerantes e adaptadas à germinação em temperaturas mais altas, especialmente *A. cearensis* e *G. americana*. Não obstante, outras variáveis e a combinação destas com a temperatura deverão ser avaliadas visando identificar seus efeitos sobre os processos germinativos das sementes dessas espécies.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

CRITÉRIOS PARA A AVALIAÇÃO DE GERMOPLASMA VEGETAL APÓS CONGELAMENTO EM NITROGÊNIO LÍQUIDO

Izulmé R. I. Santos[1]; Antonieta N. Salomão[2]; Solange C. B. R. José[3]; Rosângela C. Mundim[4]

[1] Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, izulme.santos@embrapa.br

[2] Eng. Florestal, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, antonieta.salomao@embrapa.br

[3] Agrônoma, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, solange.jose@embrapa.br

[4]Técnica, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, rosangela.mundim@embrapa.br

As técnicas disponíveis para a criopreservação de estruturas vegetativas e reprodutivas de um grande número de espécies vegetais são imersão direta em nitrogênio líquido; vitrificação; encapsulamento-vitrificação; vitrificação-encapsulamento-vitrificação; pré-cultivo; pré-cultivo-vitrificação; gota-vitrificação; "cryo-plates". Uma das etapas essenciais dos protocolos, em função da técnica adotada e da estrutura vegetal a ser criopreservada, é a avaliação de sobrevivência e integridade estrutural do material, após seu armazenamento em Nitrogênio líquido. Assim sendo, devido à diversidade de espécies utilizadas em práticas rotineiras do Laboratório de Criobiologia Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia foram estabelecidos critérios visando definir os conceitos de sobrevivência e integridade estrutural, bem como aprimorar, adequar ou desenvolver as etapas dos protocolos de criopreservação. Dentre os critérios estabelecidos estão aqueles que são utilizados não só para avaliar a regeneração dos explantes após o congelamento, como também para avaliar o desenvolvimento e a capacidade de multiplicação do germoplasma. O primeiro critério identifica em que meio de cultura a regeneração do explante é mais robusta (ex: *Dorstenia tenuis* - Moraceae e *Butia eriospatha* - Arecaceae). O segundo critério considera como sobreviventes ao congelamento apenas os explantes que apresentam formação de partes aérea e radicular, estruturas essenciais às plantas normais (ex: *Ipomoea batatas* - Convolvulaceae). O terceiro critério consiste em identificar as melhores condições tanto para a regeneração quanto para o desenvolvimento de plantas normais e a multiplicação destas (ex: *Clethra scabra* - Clethraceae). O quarto critério diferencia o tipo de dano sofrido pelo explante por meio da anormalidade apresentada, assim como a desuniformidade de desenvolvimento de plantas normais (ex: *Genipa americana* - Rubiaceae e *Syagrus romanzoffiana* - Arecaceae). Na avaliação, explantes apresentando anormalidades estruturais não são considerados sobreviventes, porém plantas normais com desenvolvimento assincronico são consideradas como explantes sobreviventes, uma vez que esta característica é comum às espécies não domesticadas. O quinto critério identifica as melhores metodologias para o desenvolvimento de estruturas vegetativas e reprodutivas de uma mesma espécie, como por exemplo, vitrificação e encapsulamento-desidratação (ex: *Maytenus ilicifolia* - Celastraceae) ou imersão direta em nitrogênio líquido (ex: *Arachis magna* - Fabaceae). O sexto critério estabelece como percentual mínimo aceitável de regeneração e desenvolvimento o valor de 50%, independente da técnica e do material utilizados para a criopreservação. Tais procedimentos têm assegurado maiores precisão e repetibilidade às atividades rotineiras do Laboratório de Criobiologia Vegetal.

RESPOSTAS DE SEMENTES DE *CYBISTAX ANTISYPHILITICA* (MART.) MART. (BIGNONIACEAE) À DESIDRATAÇÃO E AO CONGELAMENTO EM NITROGÊNIO LÍQUIDO

Izulmé R. I. Santos[1]; Antonieta N. Salomão[2]; Rosângela C. Mundim[3]; Lucimar Silva Padilha[4]

[1] Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, izulme.santos@embrapa.br

[2] Eng. Florestal, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, antonieta.salomao@embrapa.br

[3] Técnica, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, rosangela.mundim@embrapa.br

[4] Técnica, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, lucimar.padilha@embrapa.br

Ipê verde ou caroba (*Cybistax antisyphilitica*) é uma espécie de múltiplos usos que ocorre em distintas fitofisionomias do Bioma Cerrado. Este trabalho foi conduzido visando identificar as melhores condições para a criopreservação de sementes desta espécie. As sementes foram extraídas das síliquas lenhosas semiabertas. Estas sementes, com teor de água inicial de 24,1%, foram desidratadas sobre sílica gel (4g sílica/ 1g semente) por 0 (controle), 24, 48, 72 e 96 horas. Seguindo-se a cada período de dessecação as sementes foram divididas em três subamostras. Uma subamostra foi submetida aos testes de: a) umidade com 2 x 50 sementes, por meio do método de estufa (105ºC/24h); b) viabilidade com 2 x 50 sementes imersas em solução de tetrazólio à concentração de 1% e incubadas a 25ºC/4h; c) germinabilidade com 4 x 50 sementes em rolo de papel, a 25ºC, fotoperíodo 12h, com contagens de plântulas normais por 20 dias; d) sanidade com 4 x 50 sementes, pelo método de papel filtro, incubação a 25ºC, por sete dias sob regime alternado de luz (12h ultravioleta/12h escuro) e as identificações e quantificações de fungos foram feitas utilizando-se microscópio estereoscópico. As outras duas subamostras foram submersas em nitrogênio líquido, à velocidade de congelamento >-200ºC.min.$^{-1}$ por três e seis meses. Para cada combinação dos tratamentos período de desidratação e período de congelamento foram repetidos os testes de germinabilidade e sanidade. As sementes mantiveram-se viáveis após a redução dos teores de água de 24,1% (controle) a 4,0% (96h desidratação), apresentando 78% e 74% de viabilidade, respectivamente. Entretanto, houve perda de germinabilidade de 62% (24,1% de umidade) para 37% (4% de umidade). Em sementes de todos os tratamentos houve contaminação fúngica, sendo os fungos *Phomopsis* sp. e *Lasiodiplodia theobromae* os mais incidentes. Os percentuais médios de incidência de *Phomopsis* sp. foram 57% (desidratação), 57% (três meses armazenamento) e 63% (seis meses armazenamento) e de *Lasiodiplodia theobromae* foram 32%(desidratação), 36% (três meses armazenamento) e 23% (seis meses armazenamento). Possivelmente, a incidência desses fungos interferiu negativamente no processo germinativo das sementes, o que se refletiu nos percentuais de germinação observados em sementes com diferentes valores de umidade. Independente do teor de água das sementes, não foi verificado nenhum dano físico como rompimento de suas estruturas, separação dos cotilédones ou plântulas anormais após os dois períodos de congelamento. Assim sendo, foram consideradas como condições favoráveis à criopreservação de *C. antisyphilitica*, o ajuste do teor de água das sementes para 4,8% (72h desidratação) e 4,0% (96h desidratação) e congelamento rápido por imersão direta em nitrogênio líquido. Com estes procedimentos, sementes armazenadas por três ou seis meses em nitrogênio líquido atingiram percentuais de germinação superiores a 56% após o descongelamento.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

GERMINAÇÃO DA ESPÉCIE RECALCITRANTE *TRICHILIA PALLIDA* SWARTZ NA ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO GENÉTICA

Léo Zimback[1]; Edson Seizo Mori[2]; João Nakagawa[3]

[1] Eng. Agrônomo, Instituto Florestal, Avaré, São Paulo, Brasil, lzimback@terra.com.br.

[2] Eng. Florestal, FCA/UNESP, Botucatu, São Paulo, Brasil, esmori@fca.unesp.br

[2] Eng. Agrônomo, FCA/UNESP, Botucatu, São Paulo, Brasil, jnakagawa@fca.unesp.br

A espécie *Trichilia pallida* Swartz tem potencial como planta inseticida, por possuir o alcaloide trichilina, além de ser uma espécie clímax da floresta estacional semidecidual. Seu potencial uso na propriedade agrícola justifica um estudo da capacidade de germinação sob algumas condições de conservação da semente por ser uma espécie recalcitrante de embrião imaturo, o que dificulta o trabalho de coleta e conservação de sementes em câmara fria e seca. A semente tem um arilo vermelho macio por cima de seu tegumento preto, estratégia da espécie para atração de pássaros na síndrome de dispersão, possui cerca de 28 a 29% de umidade quando o fruto drupa de três quilhas se abre para a dispersão das sementes. A metodologia foi de delineamento inteiramente casualizado com duas repetições e 50 sementes em cada repetição, colocadas em um Gerbox com papel de filtro umedecido com água destilada em cada teste a 30^{o}C. Os tratamentos foram: semente com arilo recém-colhida, semente sem arilo recém-colhida, semente recém-colhida macerada em água e lavada, semente recém-colhida sem arilo lavada com hipoclorito a 0,7%, semente sem arilo seca a sombra, semente sem arilo armazenada por um mês a 4^{o}C em saco plástico e semente sem arilo armazenada por um mês a -70^{o}C em tubos ventilados. Nos testes verificou-se que o arilo inibia a germinação e tinha alto índice de ataque por fungos, sua remoção e a maceração para fermentar o arilo permitia a germinação que ocorria a partir de 30 dias, até 90 dias depois da semeadura. O uso de hipoclorito para esterilizar a superfície da semente diminuiu a germinação, embora controlasse a presença de fungos que atacam sementes. Na conservação de sementes sem arilo a 4^{o}C a germinação foi muito baixa em relação a sementes sem arilo e o uso de -70^{o}C provocou estouro das sementes e as mesmas não foram colocadas para germinar. Sementes secas à sombra tinham casca quebradiça e os cotilédones murchos, todas foram atacadas por fungos no Gerbox. Após o término do experimento as plântulas germinadas foram transplantadas para saquinhos com substrato, observou-se que a radícula era bem desenvolvida e resistente ao manuseio e que esta se desenvolve antes do hipocótilo, atentando para a possibilidade de conservar, para transporte, plântulas pré-germinadas em sacos de vermiculita úmida, como ocorre na espécie recalcitrante *Euterpe edulis*. Devido à dificuldade de conservar a semente, é indicado plantio de pomares de sementes, para utilização de sementes recém-colhidas sem o arilo seja por limpeza mecânica ou por maceração.

Agradecimentos: À FAPESP por apoio ao projeto.

REGULADORES OSMÓTICOS E TEMPERATURA NA CONSERVAÇÃO IN VITRO DE MORANGUEIRO 'BENÍCIA'

Liana Viviam Ferreira[1]; Daiane Peixoto Vargas[2]; Daniele de Souza Masiero[3]; Rafaela Silva Formoso[4]; Juliana Hey Coradin[5]; Leonardo Ferreira Dutra[6]

[1] Bióloga, Doutoranda PPG em Fisiologia Vegetal - UFPel, Pelotas, Brasil, lianavferreira@gmail.com

[2] Bióloga, Pós-doutoranda CNPQ - Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Brasil, dvbio@hotmail.com

[3] Biotecnóloga, Mestranda PPG em Fisiologia Vegetal - UFPel, Pelotas, Brasil, dsmasiero@gmail.com

[4] Biotecnóloga, Mestranda PPG em Fisiologia Vegetal - UFPel, Pelotas, Brasil, rafaelasformoso@gmail.com

[5] Eng. de Bioprocessos e Biotecnologia, Analista Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, juliana.coradin@embrapa.br

[6] Eng. Agrônomo, Doutor Pesq. - Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Brasil, leonardo.dutra@embrapa.br

Um dos sistemas básicos de conservação in vitro, o crescimento lento, proporciona opções de conservação a curto e médio prazo. No caso do morangueiro, isto é desejável pois aumenta o intervalo de tempo entre os subcultivos, possibilitando manter o material por mais tempo in vitro sem a ocorrência de variação somaclonal. Além disso, diminui a intensividade de mão-de-obra e, por consequência, há redução de custos. Como não há protocolos definidos foram testados os reguladores osmóticos manitol e sorbitol combinados com temperaturas na conservação in vitro de diferentes fontes de explantes de morangueiro 'Benícia'. O Experimento foi realizado no laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS. Explantes (sistema aéreo e planta inteira) obtidos a partir de brotações in vitro de morangueiro 'Benícia' foram inoculados em meio MS (previamente autoclavado a 1,5 atm por 15 minutos a 121°C) suplementado com 3% de sacarose, 100 mg L^{-1} de mio-inositol, 7 g L^{-1} de ágar, manitol ou sorbitol (0, 20 e 40 g L^{-1}). Os explantes foram mantidos em sala de crescimento a 24°C e em BOD a 4°C por 9 meses com fotoperíodo de 16 horas, após este período, avaliou-se a taxa de sobrevivência. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com 19 tratamentos, cada tratamento com 3 repetições contendo 10 explantes cada, individualizados em tubos de ensaio contendo 10 ml de meio (totalizando 30 explantes por tratamento). Não houve interação significativa entre a fonte de explante (sistema aéreo ou planta inteira). A adição de 40 g L^{-1} de manitol ao meio de cultura proporcionou maior sobrevivência dos explantes (60,83%), diferindo significativamente dos demais tratamentos. Houve 97,99% de sobrevivência quando os explantes foram submetidos a 4°C, em contrapartida, apenas 5,33% quando os explantes foram mantidos a 24ºC. Na redução do metabolismo das plantas, têm-se utilizado como estratégia, modificações nas condições físicas (temperatura) ou químicas do meio de cultivo (nutrientes orgânicos e inorgânicos, reguladores osmóticos ou inibidores de crescimento). De acordo com os resultados obtidos, é possível manter explantes de morangueiro Benícia in vitro por até 9 meses a 4 °C em meio de cultivo contendo 40 g L^{-1} de manitol.

Agradecimentos: CAPES, FAPERGS, CNPQ e Embrapa Clima Temperado pelo apoio financeiro e bolsas concedidas.

BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE CAJU: RESULTADOS ALCANÇADOS E ATIVIDADES ATUAIS

Ana Cecília Ribeiro de Castro[1]; Patrícia do Nascimento Bordallo, Levi de Moura Barros[1]; Dheyne Silva Melo[1]; Francisco das Chagas Vidal Neto, Dario Grattapaglia, Ravena FerreiraVidal[2]

[1] Pesquisador, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-Embrapa, Fortaleza, CE, Brasil. cecilia.castro@embrapa.br

[1] Bolsista DTI B -CNPq, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária-Embrapa, Fortaleza, CE, Brasil

A importância da agroindústria do caju para a economia da região Nordeste, associada à expansão do cultivo em diversos ecossistemas e a falta de cultivares adaptadas a esses ambientes, são fatores que ampliam a necessidade de se conhecer, avaliar e usar a base genética disponível no Banco Ativo de Germoplasma do Caju da Embrapa Agroindústria Tropical (BAG Caju). O BAG Caju, localizado no município de Pacajus-CE, conta com 588 acessos, sendo a maior parte dos acessos da espécie *Anacardium occidentale*. Os principais objetivos do banco são a conservação e enriquecimento da variabilidade genética, a caracterização agronômica e morfológica dos acessos, documentação e o apoio aos programas de melhoramento genético da cultura. A conservação de acessos, mantidos a campo, conta com tratos culturais básicos anuais: poda, coroamento e capina das áreas. Atualmente, todo o acervo está sendo totalmente renovado, os acessos estão sendo clonados e plantados em triplicata em uma área nova e contínua, resolvendo um problema de número irregular de plantas introduzidas e arvores velhas e improdutivas. Em relação às atividades de enriquecimento foi feito um mapa de coletas históricas e levantadas áreas de ocorrência natural do caju ainda não contempladas, com destaque para os estados do Piauí e Maranhão. Estas áreas já estão no calendário de coletas anuais, que acontecem no período de frutificação. A caracterização vem sendo realizada por 25 descritores adaptados, previamente estabelecidos para a cultura do cajueiro, que incluem características vegetativas, caracteres da inflorescência e do fruto, caracteres relativos às sementes e características físicas e físico-químicas dos frutos. A partir deste ano foram iniciadas as atividades com abordagem mais modernas na caracterização do BAG, com destaque para os experimentos de genômica que estão sendo desenvolvidos de forma integrada, a uma fenotipagem intensiva com modernos métodos de cromatografia de alta performance, espectrometria de massa e infravermelho próximo, no sentido de capturar a variabilidade existente de compostos bioativos do caju, potencializando projetos futuros de melhoramento, genética, bioquímica e biologia molecular da cultura. Em relação as atividades de documentação, todos os dados de passaporte do Banco encontram-se disponíveis no Alelo, que é a Base de dados de recursos genéticos da Embrapa. O próximo passo será alimentar o sistema com os dados de caracterização morfológica do acervo. O BAG caju tem sido uma fonte de variabilidade e dentre os caracteres melhorados com o uso de seus acessos, destacam-se: produtividade, qualidade do pedúnculo e peso da amêndoa; resistência à doenças. Isto levou ao lançamento de diversos clones comerciais, incluindo o CCP 06, CCP 09, CCP 76, CCP 1001, Embrapa 51 e BRS 226, que tem tido impacto direto no agronegócio cajucultura. Existe ainda, espaço para maximizar o uso do BAG caju através da conservação e enriquecimento do acervo, bem como na geração e disponibilização de informações sobre seus acessos.

Agradecimentos: Embrapa, CNPq.

SITUAÇÃO ATUAL DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE *CAPSICUM* DA EMBRAPA CLIMA TEMPERADO

Henrique K. M. Padilha[1]; Gustavo Crizel Gomes[2]; Juliana Castelo Branco Villela[3]; Carla Sigales de Vasconcelos[4]; Raquel Silviana Neitzke[5]; Márcia Vizzotto[6]; Rosa Lia Barbieri[6]

[1] M.Sc. Eng. Agr., Doutorando em Agronomia, UFPel, Pelotas, RS, Brasil, henriquepadilha@gmail.com

[2] Dr. em Agronomia, Eng. Agr., Bolsista PNPD/CNPq Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, crizelgomes@gmail.com

[3] Drª. em Agronomia, Professora do Instituto Federal Rio-grandense, Pelotas, RS, Brasil, jcbrancov@gmail.com

[4] M.Sc. Bióloga, Doutoranda em Agronomia, UFPel, Pelotas, RS, carla_sigales@hotmail.com

[5] Drª. em Agronomia, Eng. Agr. da Prefeitura de Arroio do Padre, RS, Brasil, raquelsilviana@gmail.com

[6] Drª., Pesquisadora, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, marcia.vizzotto@embrapa.br; lia.barbieri@embrapa.br

As pimentas do gênero *Capsicum* são conhecidas principalmente pela pungência (ardência) de seus frutos, o que os torna um importante condimento utilizado na culinária mundial. Mas, além de frutos pungentes, também há pimentas doces, sem ardência. No Brasil são cultivadas muitas variedades crioulas de pimentas do gênero *Capsicum*, com grande diversidade genética. Os Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) são importantes para a conservação e caracterização da diversidade genética das espécies cultivadas e de seus parentes silvestres, evitando a perda dos recursos genéticos e favorecendo a disponibilidade de genótipos para uso imediato ou futuro. Em 2002, foi instituído o BAG de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado, em Pelotas (RS). O objetivo deste trabalho é descrever a situação atual do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado. Foram consultados os dados de passaporte e de caracterização dos acessos. Foi verificado que os acessos são provenientes da coleta de variedades crioulas, de compra de frutos em feiras livres e mercados populares, e de doações realizadas por agricultores e colecionadores de pimentas. Não há acessos oriundos de intercâmbios ou introduções de outros bancos ou coleções de germoplasma. Atualmente, o BAG de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado mantém em seu acervo 332 acessos. Dentre os acessos conservados, 80,42% (267) tem a espécie determinada taxonomicamente, e 19,58% (65) estão identificados apenas em nível de gênero. No banco existem acessos das cinco espécies domesticadas: *C. annuum* (58 acessos), *C. baccatum* (103 acessos), *C. chinense* (79 acessos), *C. frutescens* (18 acessos) e *C. pubescens* (7 acessos). No BAG também está conservado um acesso de uma espécie semidomesticada (*C. galapagoense*) e um de uma espécie silvestre (*C. lanceolatum*). Foi realizado o registro fotográfico de 157 acessos de *Capsicum*, ou seja, 58,80% dos acessos identificados taxonomicamente. A maioria dos acessos tem origem no estado do Rio Grande do Sul (184 acessos), seguido do Rio de Janeiro (28), Paraná (20), Pará (19), Santa Catarina (18), Piauí (16), Bahia (13), São Paulo (11), Mato Grosso (10) Amazonas (10), Tocantins (6) e Minas Gerais (5), além de alguns acessos coletados em outros estados. Dos acessos conservados, 74,40% (247) foram caracterizados morfologicamente, 18,07% (60) foram caracterizados quanto a compostos bioativos (compostos fenólicos, carotenoides e antocianinas) e atividade antioxidante nos frutos e 6,93% (23) foram submetidos à caracterização molecular com marcadores microssatélites. De 2004 até o momento, foram publicados 11 artigos científicos em periódicos indexados relacionados aos acessos deste BAG. A conservação e caracterização destes recursos genéticos no Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado é importante para a manutenção de genótipos adaptados às condições de cultivos dos agricultores, especialmente na Região Sul do Brasil.

Agradecimentos: Os autores agradecem à Capes e ao CNPq pelo apoio financeiro.

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE BATATA-DOCE MANTIDO NA EMBRAPA HORTALIÇAS

Geovani Bernardo Amaro[1]; Rosa Maria de Deus de Sousa[2]; José Flávio Lopes[1]; José Ricardo Peixoto[3]

[1]Engenheiro Agrônomo, Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, Pesquisador da Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil, geovani.amaro@embrapa.br e jose.lopes@embrapa.br

[2]Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, rosamdsf@yahoo.com.br

[3]Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, Prof. Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, peixoto@unb.br

A batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] é uma hortaliça de fácil cultivo, de ampla adaptação, alta tolerância à seca e baixo custo de produção, é muito popular e apreciada em todo o país. É uma planta com diferentes aptidões de uso das suas raízes e hastes. A Embrapa Hortaliças mantém um Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de batata-doce com mais de oitocentos acessos *in vivo* que representam a diversidade genética das variedades locais cultivadas nas diferentes regiões do Brasil e também de outros países. Esse BAG recebeu os primeiros acessos em 1980 e cerca de 50% deles já foram caracterizados morfologicamente e de onde já foram selecionados seis acessos para lançamento das cultivares: Beauregard, Brazlândia Branca, Brazlândia Rosada, Brazlândia Roxa, Coquinho e Princesa. Entre dezembro de 2014 e junho de 2015 uma amostra de 100 acessos desse BAG foi plantada nos campos experimentais da Embrapa Hortaliças, em Brasília, DF, para caracterização morfológica e agronômica. Foram avaliados 120 tratamentos em um experimento no delineamento em blocos aumentados de Federer, onde cada parcela foi constituída por dez plantas. O experimento foi instalado com 10 blocos, onde cada bloco foi constituído de 12 tratamentos, em que 10 acessos foram considerados como tratamentos regulares e as cultivares Beauregard e Brazlândia Roxa foram utilizadas como tratamentos comuns. Foram avaliadas 28 características morfológicas da planta e raízes conforme os descritores mínimos recomendados para batata-doce pelo IPGRI e mais 7 características agronômicas de interesse. As análises de diversidade apresentaram ampla variabilidade genética entre os acessos para as diferentes características avaliadas, mas também apresentaram a ocorrência de alguns acessos muito próximos, evidenciando a possibilidade de duplicatas na coleção, uma vez que a batata-doce é uma cultura comercialmente propagada vegetativamente por meio de ramas e alguns acessos, apesar de terem sidos coletados em diferentes locais, podem apresentar o mesmo genótipo. Essas avaliações foram importantes para estimar a diversidade genética desse BAG e evidenciar a possibilidade de duplicatas, mas também para fornecer informações para seleção de clones com características morfológicas e agronômicas desejáveis para o mercado com potencial de serem recomendados como novas cultivares ou utilizadas como genitores para cruzamentos em programas de melhoramento genético. A batata-doce é da família Convolvulaceae originária da América Central e do Sul. É uma espécie alógama e hexaploide (2n=6x=90). Alguns genótipos florescem com facilidade, mas em geral são auto-incompatíveis, consequentemente, dificilmente se obtém sementes com o plantio de um genótipo isoladamente, por outro lado, cruzam e formam sementes quando se planta diferentes genótipos. As suas flores ocorrem em inflorescências axilares e seus frutos podem conter até 4 sementes. As suas sementes têm tegumento duro, e em geral exigem escarificação física ou química para germinar. A produção de sementes é importante para fins de conservação e melhoramento. Assim, existe uma enorme variabilidade para ser explorada dentro desse BAG. Os métodos de melhoramento recomendados são os indicados para plantas alógamas, tendo em vista que cada semente botânica é geneticamente diferente de todas as outras, e pode potencialmente originar um genótipo superior que se avaliado, selecionado e multiplicado vegetativamente poderá dar origem a uma nova cultivar.

EFEITO DE DUAS CONCENTRAÇÕES DE ÁGAR SOBRE A RIZOGÊNESE *IN VITRO* EM *LUEHEA DIVARICATA* MART. & ZUCC.

Amistrong Mafaldo[1], Lia Rejane Silveira Reiniger[2], Karol Buuron da Silva[3], Charlene Moro Stefanel[4], Silvia M. Rabaiolli[5]

[1] Eng. Ftal., UFSM, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, amistrong.mafaldo@outlook.com

[2] Engª Agrôn., UFSM, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, liarsr@ufsm.br

[3] Engª Ftal., UFSM, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, karolbuuron@hotmail.com

[4] Engª Ftal., UFSM, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, chenistefanel@hotmail.com

[5] Engª Ftal., UFSM, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, silviaufsm@gmail.com

A necessidade de propagação de indivíduos de *Luehea divaricata* com características superiores torna-se de interesse quando se trata de repovoamento das áreas naturais que estejam sob processo de degradação. Como aliada a métodos clássicos de propagação vegetativa de plantas, a cultura de tecidos apresenta baixo custo, fácil manejo e pouca utilização de espaço físico, além de ser uma importante ferramenta para programas de melhoramento genético. Na cultura de tecidos, o ágar cumpre a função de gelificante dos meios nutritivos, mantendo-se estável nas temperaturas de incubação sem reagir com os demais componentes. Em concentrações elevadas de ágar, o meio nutritivo adquire maior rigidez, dificultando o contato com explante, o que pode limitar a absorção de compostos. Frente ao exposto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a influência de duas concentrações de ágar no meio nutritivo sobre o enraizamento *in vitro* de *Luehea divaricata*. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, em que os tratamentos consistiram da combinação entre concentrações de ágar (5g L^{-1} ou 7 g L^{-1}) e três períodos de cultivo *in vitro*, totalizando seis tratamentos com cinco repetições. Cada unidade experimental foi composta por um frasco com três explantes. Foram utilizados, como explantes, segmentos nodais isolados de culturas *in vitro*. Após a inoculação dos explantes, os frascos foram mantidos em sala de cultivo com temperatura de 25±3 ºC, fotoperíodo de 16 h e intensidade luminosa de 20 µmol $m^{-2}s^{-2}$ fornecida por lâmpadas fluorescentes brancas frias tipo luz do dia. As avaliações foram realizadas após 15, 30 ou 45 dias de cultivo *in vitro*, e as variáveis analisadas foram: sobrevivência e estabelecimento *in vitro*, contaminação por microrganismos e explantes com formação de raiz, todas expressas em porcentagem. A totalidade dos explantes sobreviveu em todos os tratamentos avaliados. Para o estabelecimento *in vitro* (IV=1,57) houve efeito significativo apenas do período de cultivo, sendo que aos 15 dias, a média foi de 89%, e aos 30 e 45 dias, houve 100%. Para a contaminação microbiana (IV=3,26) não houve efeito significativo de nenhum dos fatores, e a média foi de apenas 2,2% de contaminação. Houve efeito significativo para a presença de raiz (IV=5,79) tanto da concentração de ágar, quanto do período, porém a interação não foi significativa. A maior rizogênese *in vitro* ocorreu a 7 g L^{-1} de ágar, com formação média de 30,8%, e um estabelecimento de 97%. Já a 5 g L^{-1} de ágar, a rizogênese foi de apenas 8,8%. No período de 45 dias de cultivo, a presença de raízes foi 36,30%, indicando a necessidade deste tempo adicional de cultivo *in vitro* para ocorrer uma rizogênese satisfatória em *Luehea divaricata*. Aos 15 dias de cultivo não houve formação de raízes, e aos 30 dias formou-se um número reduzido. Conclui-se que a concentração 7 g L^{-1}, que é a atualmente recomendada para espécies florestais, proporciona maior rizogênese em explantes de *Luehea divaricata*.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

GÊNERO *CAPSICUM* NA REGIÃO MEIO-NORTE DO BRASIL

Joanderson Marques Silva[1]; Darciana de Sousa[2]; Lucas Gabriel Guse[3]; Jardel Oliveira Santos[4]

[1] Graduando em Agronomia, CCAA, Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brasil, marquesjoanderson@hotmail.com.

[2] Graduanda em Agronomia, CCAA, Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brasil, cianny@hotmail.com.br.

[3] Graduando em Agronomia, CCAA, Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brasil, lucaasguse@hotmail.com.

[4] Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, Professor Adjunto, CCAA, Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brasil, jardel.os@ufma.br.

O Brasil é considerado um importante centro de diversidade genética do gênero *Capsicum*, embora seja reconhecido como habitat natural de algumas espécies deste gênero, poucas informações científicas sobre as espécies do referido gênero, principalmente na região Meio-Norte do Brasil são disponíveis. O cultivo de pimentas possui bom rendimento econômico no país, porém esta atividade ainda é pouco explorada no Estado do Maranhão e Piauí, e principalmente relacionando a condução de trabalhos científicos. Diante desta situação, o presente estudo teve como objetivo a busca e análise de trabalhos científicos desenvolvidos na região Meio-Norte do país envolvendo o gênero *Capsicum* e apresentar informações da Coleção de pimentas (*Capsicum*) do CCAA, UFMA, visando incentivar pesquisadores sobre o estudo desse gênero na região Meio-Norte do Brasil. Foi realizado um levantamento quantitativo, consultando teses, dissertações, monografias e artigos científicos, relacionados com o gênero e disponíveis até o mês de julho de 2015, tendo como palavras chaves o gênero *Capsicum*. Foram selecionadas 19 publicações. O estado do Piauí foi o que apresentou o maior número de pesquisas, totalizando 15 trabalhos com pimentas do gênero *Capsicum*. Seis dos trabalhos, descrevem a utilização de genótipos de *Capsicum*, oriundos do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí (BAG/UFPI), cinco são voltados para caracterização e diversidade genética das espécies, ferramenta essencial para a conservação de recursos genéticos e posterior utilização em programas de melhoramento, o que demonstra a preocupação dos pesquisadores para conservação de germoplasma no Estado. No Maranhão, trabalhos científicos com *Capsicum* ainda são escassos, somente quatro publicações disponíveis foram encontradas com a mesma temática estudada no Piuaí. Todavia, o Centro de Ciências Agrárias e Ambientais da Universidade Federal do Maranhão (CCAA/UFMA), localizado na cidade de Chapadinha, conta com um banco ativo de germoplasma em formação com 67 acessos incluindo doações e intercâmbio com outros BAG's, que tem como principal intuito a conservação do germoplasma de pimenta cultivado e comercializado no Estado do Maranhão. Os estudos dessa coleção estão voltados para a caracterização citogenética e descrição morfoagronômica dos acessos coletados e identificação de possíveis novas espécies na região. Dessa forma, o BAG do CCAA/UFMA irá contribuir para a mudança do atual cenário que se encontra o Estado em relação ao desenvolvimento de pesquisas voltadas para o gênero *Capsicum*, e impulsionará diversos outros estudos como a caracterização química e ou uso medicinal das espécies conservadas. Diante da importância econômica e social do gênero *Capsicum* para o país, pode se considerar os trabalhos desenvolvidos na região Meio-Norte incipientes e que as coleções de germoplasma de cada Estado, contribuem para o avanço de pesquisas, e consequentemente valorização dos recursos genéticos.

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE *CAPSICUM* CULTIVADOS NO ESTADO DO MARANHÃO

Matheus Lima da Silva[1]; Joanderson Marques Silva[1]; Darciana de Sousa[1]; Lucas Gabriel Guse[1]; Jardel Oliveira Santos[2]; Maria da Cruz Chaves Lima Moura[3]

[1] Graduandos em Agronomia, CCAA, Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brasil, matheuslimacr07@hotmail.com, marquesjoanderson@hotmail.com, cianny@hotmail.com.br, lucaasguse@hotmail.com.

[2] Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, Professor Adjunto, CCAA, Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brasil, jardel.os@ufma.br.

[3]Doutora em Fitotecnia, Professor Adjunto, CCAA, Universidade Federal do Maranhão, Chapadinha, Maranhão, Brasil, maria.moura@ufma.br.

A quantificação da divergência genética entre acessos de bancos de germoplasma é de grande importância para compor programas de hibridação e contribuir para a geração de novas cultivares. Assim, objetivou-se estimar a divergência genética entre 14 acessos de pimentas (*Capsicum* sp.) com base em técnicas multivariadas. Os acessos de pimentas pertencem a "Coleção de pimentas (*Capsicum* sp.) do CCAA-UFMA". O experimento foi conduzido na unidade de apoio à pesquisa do CCAA, *Campus* Chapadinha-MA, em condições de casa de vegetação. 19 descritores morfológicos qualitativos foram avaliados: Cor do hipocótilo (CH), Pubescência do hipocótilo (PH), Formato da Folha (FF), Cor da Folha (CF), Cor do fruto antes da maturação (CFAM), Intensidade cor do fruto antes da maturação (ICAM), Cor do fruto na maturação (CFM), Intensidade da cor do fruto na maturação (ICFM), Coloração da antocianina (CA), Presença de pescoço na base do fruto (PBF), Formato do fruto (FDF), Formato do pedicelo (FP), Junção cálice ao pedúnculo (JCP), Pigmentação no cálice (PC), Margem do Cálice (MC), Número de lócus (NL), Formato da placenta em corte transversal (FPCT) e Forma da ponta do fruto (FPF), de acordo com o IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute, 1995).O experimento foi conduzido sob o delineamento inteiramente casualisado, com três repetições, sendo cultivadas duas plantas por vaso, e obtida a moda dos descritores avaliados para constituir a matriz de diversidade. Os métodos de agrupamento utilizado foram o método hierárquico de Ligação média entre grupo (UPGMA) e o método de otimização Tocher. Evidenciou-se divergência genética entre os acessos analisados da "Coleção de pimentas (*Capsicum* sp.) do CCAA-UFMA" a partir dos19 descritores qualitativos avaliados com métodos Tocher e distância média entre grupo (UPGMA). O método de agrupamento de Tocher alocou os 14 acessos de pimentas em dois grupos de diversidade. O grupo I foi formado pelos acessos UFMA-06, UFMA-15, UFMA-10, UFMA-02, UFMA-01, UFMA-05, UFMA-11, UFMA-12, UFMA-13, UFMA-08, UFMA-07, UFMA-04, UFMA-09, caracterizando-se por possuir CH verde; PH densa; FF alongada; CF verde; CFAM verde; CFM vermelho; ICMF clara; CA presente; PBF ausente; FDF alongados; JCP ausente; PC ausente; MC inteiro; NL três; FPCT circular; FP pontiagudo. O grupo II foi formado apenas por um acesso UFMA-14 que caracterizou-se por CF verde; PH intermediaria lanceolada; CF verde; CFAM verde; ICFAM clara; CFM vermelho; ICMF claro; CA ausente; PBF ausente; FDF triangular; JCP presente; PC presente; MC inteiro; NL dois; FPCT angular, FDP pontiagudo. O método hierárquico UPGMA formou quatro grupos de diversidade entre os acessos da coleção de *Capsicum* sp. avaliados, com o ponto de corte em 71,16 % no dendrograma. O grupo I concordante com o método Tocher também alocou isoladamente o acesso UFMA-14. O grupo II encontra-se os acessos: UFMA-09, UFMA-11, UFMA-01, UFMA-05, UFMA-12, UFMA-13, CH verde; PH denso; FF alongada, CFAM verde, ICFAM clara, CFM vermelho, ICFM clara, CA presente, PBF ausente, FDF alongado;FP agudo; JCP ausente; PC ausente; MC intermediário; NL 2; FCPT circular; FPF pontiagudo. O grupo III foi composto por acessos UFMA-07, UFMA-08, UFAMA-04 pode-se observar que os acessos tiveram a CH verde; PH hipocótilo intermediária; FF alongada; CF verde; CFAM verde; ICFAM clara; CFM vermelho; ICFM escura; CA ausente; PBF ausente; FDP alongado; JCP ausente; PC presente; NL 3; FPCT 33% elíptica, 33% angular e 33% circular, FPF afundada. O grupo IV é formado pelos acessos UFMA-06, UFMA-15, UFMA-10, UFMA-02, verificou-se CH verde, PH 50% denso e 50% intermediário, FF alongada; CF verde; ICFAM branco esverdeado; ICFAM clara; CA ausente; PBF ausente; FDF 50% blocos e 50% triangular; FP truncar; JCP ausente; PC ausente; MC inteiro; NL3; FPCT angular, FPF sem corte. Os métodos multivariados possibilitam evidenciar a diversidade genética dos acessos da Coleção de pimentas (*Capsicum* sp.) e possibilitando a utilização dos acessos em futuros programas de melhoramento do gênero.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

POPULATION STRUCTURE OF GRAIN AMARANTHS (*AMARANTHUS HYPOCHONDRIACUS* L.) REVEALED BY MICROSATELLITE MARKERS

Ryoko Machida-Hirano[1], Carlos Fernando Santos Martin[2], Cortés-Cruz, Moisés[3], Juan Manuel Pichardo González[4], Eduardo Espitia Rangel[5]

[1]Ph. D., Gene Research Center, University of Tsukuba, Tsukuba, Ibaraki, Japan. machida.ryoko.fm@u.tsukuba.ac.jp

[2]B. Sc. Centro Nacional de Recursos Genéticos, INIFAP, Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México

[3]Ph. D., Centro Nacional de Recursos Genéticos, INIFAP, Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México

[4]Ph .D., Centro Nacional de Recursos Genéticos, INIFAP, Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México

[5]Ph. D., Campo Experimental Valle de México, INIFAP, Texcoco, México

Amaranthus hypochondriacus is one of the tree grain-producing species of Amaranths native to Mexico. The species have been domesticated and used as food sources since pre-hispanic ages. *Amaranthus hypochondriacus* are further classified in different races based on their morphological characteristics, 'Azteca', 'Nepal', and 'Mixteco'; however, morphological variations can be affected by interactions between genotype-environment. Morphological variations are frequently observed among individuals within a single population. We evaluated a set of *A. hypochondriacus* collection conserved at the Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Valle de México, aiming 1) to estimate genetic diversity and genetic variation wihtin ppopulations, and 2) to elucidate genetic relations among three races of *A. hypochondriacus*. A total of 96 individuals of *A. hypocondriacus* which consisted of eight populations (Three populations from the Mexico State belonging to the 'Azteca' race, three populations from the Puebla State belonging to the 'Azteca' race, one population belongs to the 'Nepal' race, and one population belongs to the 'Mixteca' race). Twelve individuals per population were used to evaluate heterogeneity within population. The materials were genotyped with ten microsatellite markers (AHAC019, AHAC042, AHAC045, AHAAT148, AHAC049, AHAC002, AHAAT010, AHAAT095, AHAAC021, AHAC028). A combination of Universal tailed primers with multiplex PCR approach was applied for genotyping and the PCR products were determined by capillary sequencer. General genetic diversity values were calculated GenAlEx 6.5 and genetic structure was assessed by a model-based method in STRUCTURE v. 2.3.4 software. Expected heterozygosity (*He*) and observed genetic diversity (*Ho*) of the populations ranged 0.31-0.50 and 0.33-0.55, respectively. Relative high *He* value indicate broad gentic diversity within the populations. Although the species is considered as dominantly self-pollinated, high value of *Ho* indicate cross-pollination is occuring among individuals. STRUCTURE analysis suggested that three populations exist in the materials set. Interestingly, the grouping did not coincide exactyl with the classification of races 'Azteca', 'Nepal', and 'Mixteco' based on the morphological characteristics. Further investigation on the genetic relationship between different races needs to be carried out increasing number of populations of each races. Results of this study suggest that high heterogeneity and heterozygosity of *A. hypochondriacus* is conserved within INIFAP collections and complex genetic background of the species.

Acknowledgements: This research was supported by JST/JICA, Science and Technology Research Partnership for Sustainable Development (SATREPS) "Diversity Assessment and Development of Sustainable Use of Mexican Genetic Resources", and Project INIFAP Number 13401032575.

DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA ESTUDOS DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM *GUADUA CHACOENSIS*

Márcia Denise Rossarolla[1]; Ramon Felipe Scherer[2]; Leila do Nascimento Vieira[1]; Gustavo Henrique Ferrero Klabunde[1]; Karina Goulart dos Anjos[3]; Rubens Onofre Nodari[4]; Miguel Pedro Guerra[4]; Rosete Pescador[4]

[1] Eng. Agr., Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC, Brasil, mdrossarolla@gmail.com; leilanvieira@gmail.com; klabunde.gustavo@gmail.com.

[2] Eng. Agr. Dr., Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil, ramonrrs@gmail.com.

[3] Estudante de Agronomia, UFSC, Florianópolis, SC, Brasil, karynagoulart@hotmail.com.

[4] Eng. Agr. Dr. Porf. Titular, UFSC, Florianópolis, SC, Brasil, rubens.nodari@ufsc.br; miguel.guerra@ufsc.br; rosete.pescador@ufsc.br.

O bambu (Poaceae: Bambusoidae) é uma das plantas mais utilizadas e dispersas no mundo, estando presente em diversas regiões, com espécies originarias de praticamente todos os continentes, com exceção de Antártida e Europa. Contudo, mesmo com elevada diversidade genética, dado o número de espécies e gêneros que o compõe, pouco se conhece a respeito de sua base genética. No bioma Mata Atlântica, encontram-se diversas espécies e gêneros de bambu, contudo, destaca-se as populações da espécie *Guadua chacoensis*, devido ao seu uso tradicional por povos nativos e sua distribuição no bioma, devido a isto, o objetivo com este trabalho foi desenhar e testar marcadores microssatélites para serem utilizados em estudos genéticos com a espécie *G. chacoensis*. Foi realizada a extração do DNA a partir de folhas de *G. chacoensis* e posteriormente sequenciado utilizando a plataforma Illumina, as sequências obtidas foram utilizadas para encontrar regiões microssatélites (SSR) através do software WebSat, considerando para isto motivos di, tri, tetra e penta nucleotídeos com ao menos 4 repetições e mononucleotídeos com ao menos 6 repetições. O software Primer3 foi utilizado para desenhar marcadores (forward|reverse) que flanqueiam as regiões onde se encontravam os motivos SSR e posteriormente o software GeneRunner foi empregado para verificar a possível formação de estruturas secundárias nos oligonúcleotídeos marcadores. Os marcadores gerados foram testados utilizando material genético de 8 plantas provindas de populações do ocorrência natural distintas, possibilitando capturar o maior número de alelos possíveis de serem observados, para a reação de PCR utilizou-se 35 ciclos, com seis temperaturas de anelamento (52, 54, 56, 58, 60 e 62 ºC). O produto de PCR foi posteriormente corados com GelRed submetidos a eletroforese em gel de agarose (2%) para confirmar a amplificação e os resultados foram obtidos através da eletroforese em gel de poliacrilamida. Ao total, foi possível desenhar e testar 35 marcadores moleculares flanqueadores de regiões SSR, dos quais,5 não foram amplificados em nenhuma temperatura de anelamento empregada. Sendo descartados das análises posteriores. Os demais 30 loci apresentaram mais de um alelo nos indivíduos utilizados para teste, apresentando potencial de serem empregados em estudos da diversidade genética desta espécie, os melhores resultados da amplificação dos fragmentos ocorreu entre as temperaturas de anelamento de 56 ºC e 58 ºC, dependendo do marcador a ser empregado. A utilização dos loci estudados pode trazer informações sobre a diversidade e estrutura genética das populações da espécie *G. chacoensis*. Devendo ser aplicados em estudos posteriores para validarem sua aplicabilidade para estas inferências.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

EFEITO DE DIFERENTES MÉTODOS DE SECAGEM SOBRE A QUALIDADE DE SEMENTES DE CEVADA

Juliano Gomes Pádua[1]; Flávia Francisca de Almeida[2]; Fernanda Marins Soares[2]; Ana Paula de Queiroz[3]; Valdemiro de Oliveira Pais[4]; Lucimar Silva Padilha[5]

[1]Engenheiro Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, juliano.padua@embrapa.br

[2]Bióloga, Faculdade Anhanguera, Brasília, DF, Brasil, flavia.luka@yahoo.com.br; fernanda.marins@aedu.com

[3]Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, ana.paula.queiroz@embrapa.br

[4] Técnico, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, valdemiro.pais@embrapa.br; lucimar.padilha@embrapa.br

O presente estudo teve por objetivo determinar o efeito de métodos de dessecação sobre a qualidade fisiológica de sementes de quatro acessos de cevada (*Hordeum vulgare* L.). As sementes apresentavam conteúdo de água variando de 4 a 6%. Essas foram mantidas em ambiente com 100% de umidade e temperatura de 20°C para uniformização do conteúdo de água. Foram submetidas a três diferentes métodos de secagem: sílica gel, estufa de renovação/circulação de ar e câmara de secagem. Os efeitos da dessecação foram verificados por meio do índice de velocidade de germinação, comprimento de plântula, de parte aérea e de radícula. Para cada variável experimental aplicou-se uma análise de variância *one-way* mista com o intuito de comparar as diferentes formas de desidratação (efeito fixo). Não foi observada diferença estatística significativa entre os métodos de secagem em relação às variáveis germinação, índice de velocidade de germinação e comprimento de radícula. Porém, observou-se diferença significativa para as variáveis comprimento da parte aérea e comprimento total. Foi verificado que os acessos respondem de forma distinta em relação aos métodos de secagem. Dessa forma, as análises foram feitas de forma isolada para cada acesso. Para dois acessos, 1 e 4, não foram identificadas diferenças significativas entre os métodos de secagem, para os acessos 2 e 3 os métodos de secagem resultaram em médias menores e estatisticamente significativas, em relação ao controle úmido para a variável comprimento de parte aérea. Apesar de não haver diferença estatística entre os tratamentos (métodos de secagem), a dessecação com sílica apresentou os menores valores de comprimento de radícula, parte aérea e total, em relação à dessecação em câmara e em estufa. Assim, para fins de conservação de germoplasma semente de cevada, a dessecação em câmara apresenta a vantagem de se permitir a pré-definição do conteúdo de água final das sementes em função da umidade relativa ser constante no ambiente, além de permitir que uma grande quantidade de sementes possa ser dessecada, diferentemente dos outros métodos.

FESTA DO BUTIÁ: VALORIZAÇÃO E CONSERVAÇÃO DE *BUTIA YATAY* NO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL

Ana Paula Noronha[1]; Rosa Lia Barbieri[2]; Enio Egon Sosinski Junior[3]

[1]Doutoranda, Universidade Federal de Pelotas / PPG em Agronomia, Pelotas, RS, Brasil, anatchebr@gmail.com

[2]Doutora, Pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, lia.barbieri@embrapa.br

[3]Doutor, Pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, enio.sosinski@embrapa.br

A valorização da biodiversidade pela comunidade local é fundamental para a conservação e o manejo sustentável dos recursos genéticos autóctones. O município de Giruá (RS/Brasil) destaca-se pela realização da Festa do Butiá, a qual conta com a exposição de trabalhos realizados pela comunidade local, a partir de diversos usos de *Butia yatay* (Mart.) Becc., uma palmeira nativa conhecida como butiá, que produz frutos comestíveis e cujas folhas, caroços e espatas são empregadas para o artesanato. A 9 ª Festa do Butiá – Edição Internacional, ocorreu entre os dias 5 a 8 de março de 2015, contou com a exposição de artesanatos, bebidas, comidas típicas e a realização do 1º Festival "Um Canto de Amor a Giruá" e do 4º concurso gastronômico "Balaio de Sabores". Estiveram presentes gestores públicos, agricultores, artesãos, educadores, estudantes, poetas e cantores oriundos do Brasil, Argentina e Uruguai. O objetivo do trabalho foi identificar os diversos usos da planta apresentados na Festa do Butiá, e como estes contribuem para a valorização e preservação das populações de *Butia yatay* na região. Para tanto, foram usadas técnicas de observação participante e entrevistas abertas. Foram entrevistados 20 participantes representando profissionais, agricultores e gestores públicos, sendo 12 mulheres e 8 homens, com idades entre 17 e 83 anos. Os usos típicos desta planta são na alimentação (frutos *in natura*, pratos e bebidas típicas - como o sagu de butiá e os licores) e no artesanato (as folhas e caroços - endocarpos). Também foram identificadas inovações no uso destas matérias-primas na elaboração de produtos, como luminárias, chaveiros, relógios, ornamentação de móveis, chapéus, bolsas, capas para garrafas térmicas, biojoias, fotografia, pintura, poesia e música. Neste ano foram inscritas 18 canções no Festival "Um canto de amor a Giruá", relacionadas à história do município e à relação da comunidade com os butiás. Além disso, o butiá serviu de base para a criação de 23 pratos apresentados no Concurso Gastronômico. De acordo com os relatos dos entrevistados a Festa do Butiá representa um espaço de construção coletiva e de aprendizagem baseada na troca de saberes e experiências de usos típicos e manejo da planta, além de permitir a divulgação de novos usos, sem deixar de lado a preocupação com a manutenção e ampliação das populações remanescentes de *B. yatay*. Esta diversidade de usos pode ser resumida pelo seguinte relato: "Do butiá tudo se aproveita, até o caroço!" (M. H., artesã, 48 anos), pois o caroço que esta artesã emprega em suas peças é um subproduto comprado de um agricultor familiar que usa a polpa da fruta para a produção de suco. Este fato demonstra a relevância econômica da espécie, através da construção de cadeias produtivas que viabilizam a geração de emprego, renda e desenvolvimento no município a partir das novas relações socioambientais da comunidade. No entanto, os depoimentos dos entrevistados também evidenciam a necessidade de estudos sobre a dinâmica populacional e manejo deste recurso, para que volte a ganhar espaço frente às atividades agrícolas do município e região. Deste modo, fica evidente a importância da Festa do Butiá como uma estratégia para a troca de informações e experiências de uso e manejo dos recursos genéticos dessa palmeira nativa, as quais devem ser fortalecidas através da produção de conhecimentos que viabilizem não só a conservação *on farm* da espécie, como de toda a diversidade sociocultural a ela associada.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

AVALIAÇÃO *ON FARM* DE CULTIVARES CRIOULAS DE FEIJÃO (*PHASEOLUS VULGARIS* L.) EM REGIÕES PRODUTORAS DO RIO GRANDE DO SUL/BRASIL

Alexandre Terracciano Villela[1]; Irajá Ferreira Antunes[2]; Gilberto Antônio P. Bevilaqua[2]; Claiton Eicholz[3], Cristine Fonseca[3].

[1] Doutorando, Sistema de Produção Agrícola Familiar, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas/RS, Brasil, villelaat@hotmail.com.

[2] [2]Doutor, Pesquisador da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, Iraja.antunes@embrapa.br gilberto.bevilaqua@embrapa.br

[3] Graduando Universidade Federal de Pelotas, Pelotas/RS, Brasil. cristinefonseca@hotmail.com claiton_sls@hotmail.com

A submissão de cultivares crioulas de feijão oriundas das mais diversas regiões do Rio Grande do Sul a agricultores tradicionalmente cultivadores de feijão, além de favorecer a sua preservação, pela sua possível adoção, oferece a oportunidade de resgate de algumas destas cultivares que possam ter sido perdidas, em um dado momento, como fruto de muitas e distintas causas, por estes agricultores. A adoção, adicionalmente, pode caracterizar uma nova fonte de renda, ao que pode somar-se sua caracterização como adicional fonte alimentar. Possuidora potencial de todas estas alternativas, a Partitura de Biodiversidade (PBio), uma coleção de cultivares crioulas de feijão, foi delineada na Embrapa Clima Temperado, Pelotas/RS, em 2007 e, desde então, distribuída aos agricultores com a participação efetiva da Emater/RS, órgão de extensão rural. A partir da distribuição de cerca de 200 PBios, que foram compostas, em sua trajetória, por um acervo de aproximadamente 140 cultivares, resgata-se no presente trabalho as avaliações de 37 cultivares, conduzidas *on farm*, realizadas por agricultores e pelos respectivos extensionistas nos anos agrícolas 2009/2010 e 2010/2011, em um total de oito PBios, registradas em cadernos de campo que as acompanham, cuja composição individual compreende 12 cultivares, sendo duas, testemunhas. PBios são instaladas obedecendo as práticas próprias de cada agricultor. Avaliações que englobaram as características sanidade geral, produção, arquitetura de planta e valor cultural, foram expressas concedendo-se o peso 10 à cultivar considerada como a melhor, 9 à segunda melhor e 8 à terceira, segundo observações do agricultor e do extensionista, individualmente, sendo estas posteriormente combinadas. Contrariamente, as piores cultivares receberam notas negativas; -10, -9 e -8, para a pior, para a penúltima e para a antepenúltima, respectivamente. A soma aritmética dos valores positivos e negativos observada para cada cultivar foi usada para apontar as cultivares consideradas como melhores ou como piores. As avaliações foram conduzidas nos municípios de Arroio do Tigre, São Pedro do Sul, Carlos Barbosa, Venâncio Aires, Boqueirão do Leão, Imigrante, Marques de Sousa e Sinimbu. Os resultados revelaram a cultivar Mato Grosso 101 como a melhor (com um total 74 pontos de um total de 160 possíveis), destacando-se positivamente em cinco dos oitos municípios, seguida pelas cultivares Carioca, testemunha (com 64 pontos); Rosa 242 (com 28 pontos) e Amendoim 184, TB 02-25 e Guabiju 273 (todas com 20 pontos). Segundo os avaliadores as piores cultivares foram: Feijão Preguiçoso 366 (-40 pontos), Roxinho Fazenda Alegre 335 (-36 pontos), Preto Graúdo 198 (-34 pontos) e Roxinho 370 (-28 pontos). Foi possível detectar interações entre cultivares e locais.

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE PIMENTAS COLETADAS NAS REGIÕES SUL E SERRANA DO ESTADO DO ESPÍRITO SANTO

Monique Moreira Moulin[1]; Paola Alvares Bianchi[2]; José Dias de Souza Neto[3]; Jardel Oliveira Santos[4]; Alexandre Cristiano Santos Júnior[5]

[1] Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, IFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, mmmoulin@ifes.edu.br

[2] Mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, pahbianchi@hotmail.com

[3] Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, UFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, jdiassneto@gmail.com

[4] Doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, UFMA, Chapadinha, Maranhão, Brasil, jrdl_2@yahoo.com.br

[5] Mestre em Ciências de Alimentos, IFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, acsjunior@ifes.edu.br

As pimentas pertencem ao gênero *Capsicum*, que possui uma imensa variedade de tipos, tamanhos, cores, sabores e pungências, fazendo parte da riqueza cultural brasileira e é um importante recurso genético. Objetivou-se com o presente estudo realizar a caracterização morfoagronômica e estimar a divergência genética entre 40 acessos de pimenta coletados junto a produtores rurais nas regiões Sul e Serrana do Estado do Espírito Santo, Brasil. O trabalho foi desenvolvido em condições de campo no Setor de Olericultura do Instituto Federal do Espírito Santo (IFES), *Campus* de Alegre. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com seis repetições, totalizando 240 plantas. Os acessos foram caracterizados com base em doze marcadores morfoagronômicos, a saber: altura da planta, diâmetro da copa, forma do fruto, comprimento e diâmetro do fruto, peso do fruto, espessura do pericarpo, número de sementes por fruto, número de lóculos por fruto, largura do caule, e largura e comprimento da folha. Constatou-se uma grande variabilidade fenotípica para os doze marcadores utilizados. A divergência genética entre os acessos foi estimada pelo método de agrupamento de Tocher, com o emprego da distância de Mahalanobis, como medida de dissimilaridade, formando-se sete grupos. Não foi possível constatar correlação entre a diversidade genética, baseada no estudo de atributos morfológicos, e o local de procedência dos acessos, pois no mesmo grupo ficaram dispostos genótipos coletados em propriedades rurais bastante distantes. O método de Singh, utilizado para estimar a contribuição relativa de cada caráter na expressão da divergência genética, indicou que o diâmetro do fruto (28,77%) e o peso do fruto (21,33%) foram os que mais contribuíram para a divergência total (50,10%) entre os acessos de pimenta avaliados. A largura e comprimento da folha foram os que menos contribuíram, representando um percentual de 2,04% e 1,26% respectivamente. A caracterização morfoagronômica foi eficiente para estimar a diversidade genética entre os acessos, evidenciando significativa divergência, proporcionando o melhor conhecimento e uso dos acessos, demonstrando o potencial dos mesmos para utilização como genitores em programas de melhoramento. Todos os acessos foram considerados distintos, o que permitiu desconsiderar a hipótese de duplicatas. Não foi observada correlação entre distância genética e a procedência dos acessos, o que pode ser reflexo da prática comum de trocas de pimenta entre os produtores rurais.

Agradecimentos: ao Ifes e à Fapes pelo auxílio financeiro para execução do projeto.

CARACTERIZAÇÃO MORFOMÉTRICA DE FRUTOS E SEMENTES EM ACESSOS DE CASTANHEIRA-DO-BRASIL

Walnice Maria Oliveira do Nascimento; Lyanne Tie Miyagawa[2]

[1] Engª Agrônoma, Embrapa Amazônia Oriental, Belém, Pará, Brasil, walnice.nascimento@embrapa.br.

[2] Bolsista PIBIC - Estudante de Engenharia Ambiental, Universidade do Estado do Pará, UEPA, Belém, Pará, Brasil, lyanne_tie@hotmail.com

A castanheira-do-brasil (*Bertholletia excelsa* Bonpth.) é espécies arbórea da família botânica Lecythidaceae, nativa emergente da floresta Amazônica sendo a única espécie do gênero *Bertholletia*. Apresenta ampla distribuição em florestas de terra firme da Bacia Amazônica. Nativa das Guianas, Bolívia, Venezuela e Brasil. A espécie *B. excelsa* é de uso múltiplo, isto é, pode ser manejada tanto para a produção de frutos quanto para madeira. Existem ainda poucos plantios comerciais de castanheira-do-brasil, sendo o mais expressivo o cultivo na Fazenda Aruanã no estado do Amazonas, com 318 mil pés de castanheiras enxertadas para produção de frutos e 679 mil para produção de madeira. A mais antiga coleção de germoplasma de castanheira-do-brasil encontra-se na Embrapa Amazônia Oriental, em Belém, PA, estando, presentemente representada por 10 acessos, estabelecida na forma de clones, implantada no ano de 1968, sendo a totalidade dos acessos procedentes do estado do Pará coletados nos municípios de Alenquer e Oriximiná. A coleção encontra-se credenciada junto ao CGEN com registro: 038/2010 SECEX-CGEN. Em estudo com a caracterização genética dos clones utilizando marcadores moleculares RAPD foi encontrado divergência genética entre os acessos, com o isolamento dos clones CPATU-606 e CPATU-609. O trabalho teve por objetivo realizar a caracterização morfométrica de frutos e sementes dos acessos de castanheira-do-brasil estabelecidas na forma de clone. Foram utilizados nove clones com frutos coletados na safra 2014-2015. Os tratamentos utilizados foram os seguintes clones: Manoel Pedro-1, Manoel Pedro-2, Santa Fé-1, Santa Fé-2, CPATU-722, CPATU-614, CPATU-612, CPATU-609 e CPATU-606. A caracterização física foi efetuada com base em uma amostra casual de cinco frutos, os quais foram individualmente analisados quanto às seguintes características: peso (g), comprimento, diâmetro (cm), espessura do fruto (cm), peso do umbigo, peso da casca, peso das sementes, peso das amêndoas (g) e número de sementes por fruto. Os dados obtidos foram analisados por meio de estatística simples, envolvendo médias e desvio padrão. A característica peso do fruto foi a que apresentou a maior variação, com peso mínimo de 245,3 g e máximo de 818,9 g. Para o número de sementes por fruto, o clone Santa Fé-1 apresentou o maior número de sementes, com média de 22 sementes. Os dados de caracterização morfométrica dos clones, comprovam a divergência entre os clones CPATU-606 (Alenquer) e o CPATU-609 (Oriximiná). Para o peso de frutos e das sementes, o clone CPATU-606 teve as maiores médias com, 818,9 e 12,0 g, respectivamente. E as menores médias foram encontradas do clone CPATU-609, com frutos pesando 245,3 g e as sementes 4,0 gramas.

O AQUECIMENTO GLOBAL EM +2ºC ALTERA O PERÍODO DE ABERTURA FLORAL E A FREQUENCIA DE VISITANTES FLORAIS NA ESPÉCIE *STYLOSANTHES CAPITATA* VOG. CULTIVADA EM SISTEMA TROP-T-FACE

Ana Lilia Alzate-Marin[1], Fernando Bonifácio-Anacleto[2]; Juliana S.G. Teixeira[3], Carlos Alberto Martinez[4]

[1]DSc, Professora Programa de Pós-graduação em Genética/FMRP, Universidade de São Paulo, Ribeirão Preto, SP, Brasil, anaalzate@fmrp.usp.br

[2]Biólogo, Departamento de Genética / FMRP, USP/RP/SP, Brasil, fbonifacio@hotmail.com

[3]DSc, Departamento de Biologia, FFCLRP, USP/RP/SP, Brasil, julianagalaschi@gmail.com

[3]DSc, Professor Departamento de Biologia, FFCLRP, USP/RP/SP, carlosamh@ffclrp.usp.br

Atualmente há consenso de que o incremento na concentração de CO_2 e de outros gases de efeito estufa (GEE) tem como consequência o aquecimento global podendo causar efeitos sobre os seres vivos. Um dos sistemas biológicos sensíveis é a interação entre plantas e polinizadores. Assim, neste trabalho investigou-se em campo os efeitos do aquecimento e da elevada concentração atmosférica de CO_2 sobre o período de abertura do botão floral (ABF), o inicio de fechamento das flores (IFF) e o fechamento total da flor (FTF), bem como suas interações com visitantes florais da espécie leguminosa forrageira *Stylosanthes capitata* Vogel, utilizando um sistema de simulação climática futura denominado Trop-T-FACE (*Temperature Free-air Controlled Enhancement* [T-FACE] *and Free-air Carbon Dioxide Enrichment* [FACE] *system*) instalado na Universidade de São Paulo em Ribeirão Preto, SP, Brasil. As plantas foram expostas aos seguintes tratamentos: aumento da temperatura em +2°C da ambiental [*eT*], aumento da concentração de CO_2 atmosférico até 600 ppm [*eC*], a combinação [*eC+eT*] e o controle [*C*] com temperatura e CO_2 ambiental. Seguiu-se um desenho experimental de blocos ao acaso com 4 tratamentos e 4 repetições. A coleta de dados de abertura e fechamento floral foram realizadas entre as 8:00 e 14:00 hs, e os visitantes florais foram observados durante 10 minutos, a cada hora, em cada parcela. A diferença estatística entre os tratamentos foi analisada utilizando análises ANOVA e testes de t. Foram observadas diferenças nas 3 características estudadas (ABF, IFF e FTF) nos tratamentos *C* vs. *eT* e *C* vs. *eC+eT* ($p<0,05$) e entre os tratamentos *eC* vs. *eT* e *eC* vs. *eC+eT* ($p<0,05$). Os dados mostram que sob uma temperatura media de 20,3º C nos tratamentos aquecidos (*eT* e *eT+eC*) houve uma antecipação da abertura dos botões florais em aproximadamente 1 hora em relação ao controle e ao tratamento *eC*. Aproximadamente duas horas após a abertura, as flores das plantas dos tratamentos aquecidos iniciaram seu fechamento (temperatura média de 22,5º C), concluindo esse processo 60 minutos depois (com temperatura média de 24,4º C). Já as flores dos tratamentos *C* e *eC* iniciaram sua abertura sob uma temperatura media de 21,3º C, e começaram a fechar com temperatura média de 24,4º C e fecharam totalmente a uma temperatura média de 24,9º C. O maior número de visitantes florais foi registrado para o tratamento *eT+eC* em todos os horários de coleta, com exceção do intervalo das 13:00 horas quando não houve registro de visitas devido ao fechamento das flores. *Apis mellifera* apresentou o maior número de visitas observando-se que acionava o complexo alas-quilha, entrando em contato direto com as estruturas reprodutivas. As parcelas correspondentes aos tratamentos *C* e *eC* apresentaram menor número de visitantes em relação aos tratamentos aquecidos. Estes resultados evidenciam que os tratamentos com elevada temperatura (*eT*) modificam drasticamente o período de abertura floral, com implicações importantes no horário e intensidade da visitação de insetos polinizadores e, possivelmente, nas taxas de cruzamentos entre as plantas. Estas modificações podem implicar mudanças importantes nos hábitos de forrageamento dos visitantes florais o que pode ter consequências em cascata nos ecossistemas.

Agradecimentos: Suporte Financeiro: CNPq (PDS 150737/2014-9), FAPESP (2013/23416-8) e FAPESP (2008/58075-8).

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

AVES DISPERSORAS DE SEMENTES DOS ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE ESPINHEIRA-SANTA

Tângela Denise Perleberg[1]; Tamires Ebeling da Silva[2]; Josiane Mendonça Vitória[3]; Rafaela de Sousa Corrêa de Magalhães[4]; Gustavo Crizel Gomes[5]; Márcio Paim Mariot[6]; Rosa Lia Barbieri[7]

[1] Biologia, UFPEL, IFSul, Pelotas, RS, Brasil, tangelaperleberg@gmail.com

[2] Gestão Ambiental, IFSul, Pelotas, RS, Brasil, tamires_ebeling@hotmail.com

[3]Gestão Ambiental, IFSul, Pelotas, RS, Brasil, josiane_mendonça@hotmail.com

[4] Biologia, IFSul, Pelotas, RS, Brasil, rafaelascm@gmail.com

[5]Agronomia, Embrapa ClimaTemperado, Pelotas, RS, Brasil, crizelgomes@gmail.com

[6] Agronomia, IFSul,Pelotas, RS, Brasil, marciomariot@cavg.ifsul.edu.br

[7] Biologia, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, lia.barbieri@embrapa.br

Maytenus ilicifolia Mart. ex Reissek (Celastraceae), conhecida por espinheira-santa ou cancorosa, é uma espécie nativa de porte arbustivo ou arbóreo, que ocorre no Brasil, Paraguai, Uruguai e Argentina. A planta possui uso medicinal comprovado, a infusão de suas folhas é usada no tratamento de gastrites e úlceras gástricas. A Embrapa Clima Temperado em parceria com o Instituto Federal-Sul-rio-grandense, Câmpus Pelotas Visconde da Graça (CaVG), mantém um Banco Ativo de Germoplasma de Espinheira-Santa com 129 acessos. O Banco está instalado em duas áreas, uma na Embrapa Clima Temperado, na Estação Experimental Cascata, e outra, nas dependências do IFSul/CaVG, ambas em Pelotas (RS). A espinheira-santa produz frutos de coloração alaranjada a avermelhada, expondo um arilo branco e suculento quando os frutos estão maduros. Este trabalho teve como objetivo identificar aves dispersoras de sementes dos acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Espinheira-Santa do IFSul/CaVG. Registros de aves visitantes foram realizados com auxílio de binóculo, entre o amanhecer (6h) e o entardecer (18h), em novembro e dezembro de 2014, período em que os frutos estavam maduros. As espécies de aves visitantes, o horário e a duração da visita, e o comportamento de manipulação dos frutos foram observados. Quatro espécies de aves pertencentes à ordem Passeriformes foram observadas visitando os acessos de espinheira-santa: o sanhaçu-cinzento (*Tangara sayaca*), *Elaenia* sp., o sabiá-poca (*Turdus amaurochalinus*) e o sanhaçu-papa-laranja (*Pipraeidea bonariensis*). As visitas foram mais frequentes entre 7h e 9h30 e entre 16h e 18h. Todas as aves permaneceram por curtos períodos de tempo sobre a planta e consumiram os arilos inteiros com as sementes, sem o pericarpo, após os frutos estarem abertos. Frutos inteiros não foram consumidos. O sabiá-poca e o sanhaço-cinzento, em duas ocasiões, consumiram somente o arilo, removendo as sementes com uso do bico ou esfregando o arilo contra ramos de árvores. A coloração dos frutos quando maduros serve de atração para as aves que se alimentam do arilo suculento e levemente adocicado. As espécies registradas foram consideradas potenciais dispersoras da espinheira-santa por engolir as sementes junto com o arilo, possibilitando que as mesmas sejam dispersas nas fezes em locais distantes da planta-mãe. As espécies mais frequentes foram sanhaçu-cinzento e *Elaenia* sp., as outras duas foram registradas apenas uma ou duas vezes se alimentando dos arilos de espinheira-santa. Neste sentido o sanhaçu-cinzento e *Elaenia* sp podem ser consideradas as aves mais importantes para a dispersão de sementes de acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Espinheira-Santa do CaVG/IFSul.

CARACTERIZAÇÃO DO GERMOPLASMA DE BATATA QUANTO À APTIDÃO PARA FRITURA

Gabriela Guerra dos Santos da Cunha[1]; Raquel Kneib[2]; Fernanda Quintanilha Azevedo[3]; Ricardo Alexandre Valgas[4]; Arione da Silva Pereira[5]; Caroline Marques Castro[6]

[1,2] Alunas de Doutorado do Programa de Fitomelhoramento e Genômica; Universidade Federal de Pelotas; Pelotas; RS, Brasil; autor: gabiguerra0305@hotmail.com;

[3] Analista da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Clima Temperado; Pelotas; RS, Brasil;

[4,5,6] Pesquisadores da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Clima Temperado; Pelotas; RS, Brasil;

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é uma importante fonte alimentar, sendo superada, mundialmente, apenas pelo arroz e trigo. Seu consumo é crescente nas formas processadas de "chips", batata palha e palitos pré-fritos congelados. Para que uma cultivar seja aceita pelo mercado de processamento na forma frita, o produto final tem que ser de cor clara. É conhecido que há uma forte associação positiva entre a coloração do produto frito e o teor de açúcares redutores durante o processamento, onde um alto teor resulta em produto de cor escura e sabor amargo, oriundos da Reação de Maillard. Neste contexto, o objetivo desse trabalho foi caracterizar os acessos de batata do Banco Ativo de Germoplasma de Batata (BAG) da Embrapa, quanto à aptidão para fritura, com base na cor de "chips". Foram avaliados 43 acessos, incluindo as testemunhas, BRSIPRBel com aptidão para fritura e, BR3, padrão com alto teor de açúcares redutores. O experimento foi conduzido em campo experimental, na Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, na primavera de 2014. O delineamento foi blocos casualizados, com três repetições, sendo as parcelas compostas de cinco plantas. Após a colheita, os tubérculos foram processados em laboratório. A qualidade de fritura foi avaliada com base na cor de "chips", utilizando dois métodos. Uma avaliação visual, seguindo uma escala de cor, com atribuição das notas 1 (mais claro) a 9 (mais escuro). E, uma segunda avaliação, com o uso do colorímetro Fotovolt, onde os valores são dados em porcentagem de reflectância. Os valores de reflectância foram convertidos em uma escala de 1 a 4, sendo as notas 1 e 2 aceitas para fritura, seguindo escala proposta pelo USDA. Os dados de percentual de reflectância foram submetidos à ANOVA e as médias ao teste de Scott Knott a 5% de probabilidade do erro. Também foi feita uma análise de correlação entre as escalas de notas obtidas pelos dois métodos. Com base nos dados de percentual de reflectância, obteve-se a separação do germoplasma em três grupos distintos. No grupo A, ficou a testemunha BRSIPRBel, junto com 26 acessos. No B, agruparam-se 11 acessos e, no grupo C, seis acessos, incluindo a testemunha BR3. Verificou-se uma forte correlação entre as notas visuais de cor de fritura e as notas oriundas de reflectância obtidas com colorímetro (r = 0,63). Concluiu-se que há grande variabilidade no germoplasma do BAG da Embrapa, quanto à cor de fritura, indicando a presença de genótipos contrastantes e seus intermediários.

Agradecimentos: CAPES e a Embrapa Clima Temperado.

AVALIAÇÃO DE ACESSOS DE PIMENTEIRAS COM BASE EM CARACTERÍSTICAS FÍSICAS E QUÍMICAS DE FRUTOS

Alexandre Cristiano Santos Júnior[1]; Bruno Guimarães Nascimento[2]; Yuri Ferreira Quirido Veiga[3]; Erlan Pirovani Silva[4]; Iris Petronilia Dutra[5]; Gizely Azevedo Costa[6]; Monique Moreira Moulin[7]

[1] Mestre em Ciências de Alimentos, IFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, acsjunior@ifes.edu.br

[2] Graduando em Cafeicultura, IFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, bruno.gnascimento@gmail.com

[3] Graduando em Ciências Biológicas, IFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, yfqv@gmail.com

[4] Graduando em Ciências Biológicas, IFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, erlanpirovanisilva@gmail.com

[5] Graduando em Cafeicultura, IFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, iriisdutra@gmail.com

[6] Graduando em Ciências Biológicas, IFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, gizelyac.11@hotmail.com

[7] Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, IFES, Alegre, Espírito Santo, Brasil, mmmoulin@ifes.edu.br

A modernização da agricultura associada ao abandono de atividades agrícolas têm provocado a perda de diversidade genética de culturas como a pimenta. A caracterização e avaliação do germoplasma de pimenta permite indicar plantas com potencial de uso imediato para os agricultores, assim como identificar acessos com características interessantes para o melhoramento de plantas. O presente trabalho objetivou caracterizar 40 acessos de pimenta do Banco Ativo de Germoplasma do Ifes, coletados nas regiões Sul e Serrana do Estado do Espírito Santo, com base em descritores físico-químicos. O experimento foi mantido nas condições de campo no Setor de Olericultura do IFES *Campus* de Alegre, sendo colhidos aleatoriamente seis frutos por acesso, completamente maduros e ainda firmes. A caracterização físico-química foi realizada no Laboratório de Bromatologia e Química Aplicada do IFES *Campus* de Alegre. Para a avaliação das características foram mensuradas a umidade, sólidos solúveis totais, acidez total titulável, pH e teor de cinzas. Sendo posteriormente feito o estudo da diversidade genética pelo método UPGMA para obtenção do dendrograma e por Mahalanobis, e pelo método de Singh para averiguar a contribuição relativa de cada característica físico-química. Para as características avaliadas foi verificada uma variação média entre os acessos estudados, o que pode estar correlacionada as constantes trocas de sementes entre os produtores rurais da região Sul e Serrana do Estado do Espírito Santo. Para análise da diversidade genética, a técnica UPGMA foi eficiente no ajuste entre as distâncias, com correlação cofenética de 0,86 e formação de seis grupos. Por intermédio da medida de dissimilaridade genética entre os pares de acessos, expressa pela distância generalizada de Mahalanobis (D2), foi verificado que os genótipos mais distantes são IFES 08 e IFES 22, com uma distância de 52,04, enquanto os acessos IFES 23 e IFES 31 foram considerados os mais próximos geneticamente, com uma distância de 0,09. O método de Singh indicou que a acidez total titulável (28,48%), seguida pelo sólidos solúveis totais (21,71%) foram os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética. Constatou-se que a caracterização físico-química foi eficiente para estimar a diversidade genética entre os acessos, evidenciando divergência mediana, sendo importante ferramenta para o conhecimento e uso dos acessos tradicionalmente cultivados no Estado do Espírito Santo.

Agradecimentos: à Fapes, pela concessão da bolsa.

AVALIAÇÃO DO POTENCIAL ADAPTATIVO E PRODUTIVO DE GENÓTIPOS DE AMEIXEIRA NA SERRA GAÚCHA

Rosiendi Polesello Menin[1]; Rafael Anzanello[2]

[1] Graduanda em Ciências Biológicas, Universidade de Caxias do Sul - UCS, Caxias do Sul, RS, Brasil, rosiendi@hotmail.com

[2] Eng. Agr., Dr. Fitotecnia/Fruticultura, Fundação Estadual de Pesquisa e Agropecuária - FEPAGRO Serra, Veranópolis, RS, Brasil, rafael-anzanello@fepagro.rs.gov.br

A cultura da ameixeira apresenta grande importância nacional e mundial. No Brasil, a área ocupada com ameixeira é de 4.515 ha e uma produção de 63.381 ton ano^{-1}, sendo os principais estados produtores, em ordem decrescente: SC, SP, PR, RS e MG, com percentual de participação de 23,77; 23,01; 21,86; 21,30 e 10,06 %, respectivamente. A ameixa ocupa a 3ª posição nas importações de frutas frescas, necessitando-se explorar melhor os materiais potenciais para atender e preencher o nicho de mercado interno. Este trabalho objetivou avaliar o potencial adaptativo e produtivo de genótipos de ameixeira na região da Serra Gaúcha. O trabalho foi realizado na Fepagro Serra - Veranópolis-RS, no ciclo vegetativo de 2014/2015. As cultivares avaliadas foram: Gufrubi, Gulfblaze, Iraty, Amarelinha, Reubennel, Polirosa, Fortune, América, Santa Rosa e Letícia, com 10 anos de idade, enxertadas sob Capdeboscq e conduzidas em sistema de vaso. As avaliações consistiram no registro de fenologia, compreendendo início da brotação (50% de gemas brotadas), início da floração (10% de flores abertas), plena floração (70% de flores abertas), final da floração (100% de pétalas caídas), início e fim de colheita e início e fim de queda de folhas. Dados meteorológicos obtidos da estação automática da Fepagro Serra foram confrontados com os dados fenológicos das cultivares, para computar a necessidade de frio (Horas de Frio ≤ 7,2ºC – HF), durante o período de repouso, e a soma térmica, em graus-dia, durante o período vegetativo. Os dados produtivos incluíram a produção por planta, em kg, massa de fruto, em g, comprimento e diâmetro de fruto, em cm, firmeza de polpa, em kg, sólidos solúveis totais, em ºBrix, e acidez titulável, em cmol L^{-1}. Os genótipos de ameixeira mostraram que as cultivares Gulfblaze e Gulfrubi são as mais precoces, com brotação ocorrida nos dias 18 e 22 de julho e a colheita realizada nos dias 13 e 14 de novembro, respectivamente, e as cultivares Letícia e Santa Rosa são as mais tardias, com brotação ocorrida nos dias 01 e 20 de setembro e a colheita realizada em 12 de janeiro e 20 de janeiro, respectivamente. As demais cultivares apresentaram-se de ciclo intermediário. Com base no acúmulo de frio registrado até a data de início do ciclo vegetativo, a exigência em frio hibernal foi de aproximadamente 150 HF para as cultivares Gulfblaze e Gulfrubi, de 200 a 300 HF para Iraty, Amarelinha, Reubennel, Fortune e acima de 350 HF para as cultivares Santa Rosa e Letícia. A soma térmica para o ciclo vegetativo, compreendendo da brotação à queda das folhas, variou de 2.165 graus-dia para a cultivar América a 3.605 graus-dia para a cultivar Reubennel, com média de 2.994 graus-dia para os genótipos estudados. As cultivares de ameixeira mais produtivas foram Iraty, Poli Rosa e Reubennel, com produção média de 30,9, 7,9 e 6,7 kg planta^{-1}. As cultivares Gulfblaze e Fortune apresentaram maior tamanho de fruto (102 g e 98 g, respectivamente), assim como comprimento e diâmetro de fruto. Em termos de sólidos solúveis totais, as cultivares mais doces foram Reubennel, com 20,3ºBrix, e Letícia, com 12,8ºBrix. Já, as cultivares mais ácidas foram Gulfblaze com 10,2 cmol L^{-1} e Amarelinha com 8 cmol L^{-1}. A avaliação de materiais de ameixeira é de suma importância na região da Serra Gaúcha, possibilitando indicar as melhores cultivares para plantio na região ecofisiográfica e/ou gerar informações para futuros lançamentos de cultivares ou realização de novos cruzamentos genéticos.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

VARIABILIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS DE FEIJÃO PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

Sandra Maria Maziero[1]; Nerinéia Dalfollo Ribeiro[2]; Guilherme Godoy dos Santos[1]

[1] Engenheiro Agrônomo, aluno do Programa de Pós-graduação em Agronomia da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, maziero.sandra@gmail.com; guilhermepassamani@hotmail.com

[2] Engenheiro Agrônomo, Professora da UFSM, Santa Maria, Rio Grande do Sul, Brasil, nerineia@hotmail.com

O desenvolvimento de linhagens de feijão de arquitetura de planta ereta e com alta produtividade de grãos atende a demanda dos produtores que cultivam feijão em alta tecnologia e na agricultura familiar. Assim, os objetivos desse trabalho foram avaliar se as linhagens de feijão diferem quanto aos caracteres morfológicos que caracterizam a arquitetura de planta ereta e à produtividade de grãos e selecionar linhagens com alto desempenho agronômico. Para tanto, dois experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Fitotecnia, da Universidade Federal de Santa Maria, em Santa Maria-RS, em cultivo de safra 2012/2013 e de safrinha 2013. O delineamento experimental utilizado foi blocos ao acaso, com três repetições. Os tratamentos consistiram da avaliação de 14 linhagens de feijão, sendo 10 linhagens de diferentes obtentores e quatro cultivares (testemunhas: BRS Valente, Guapo Brilhante, Pérola e Carioca). Interação linhagem x época de cultivo significativa foi observada para o acamamento, o número de ramos laterais e a produtividade de grãos. Já, efeito significativo de linhagem foi observado para a altura de inserção da última vagem, a altura de planta e o número de nós no ramo principal. Portanto, as linhagens de feijão diferiram para todos os caracteres avaliados, exceto para a altura de inserção da primeira vagem. As linhagens DF 06-09, CHP 01-238, LP 09-181 e CNFP 10794 apresentaram as menores notas de acamamento (inferior a 2,67), ou seja, exibiram o menor porcentual de plantas caídas e/ou inclinadas no cultivo de safra 2012/2013. Quatro linhagens (DF 06-09, CHP 01-238, CNFC 10762 e DF 06-17) exibiram menor altura de inserção da última vagem quando comparadas às testemunhas Guapo Brilhante, Carioca e Pérola. Já, as linhagens LP 09-40, CHC 98-42, GEN C4-7-7-2-2, GEN C4-7-8-1-2, LP 09-181 e CNFP 10794 mostraram altura de planta inferior aos valores observados nas testemunhas BRS Valente, Guapo Brilhante e Carioca. Plantas de feijão com menores alturas de inserção da última vagem e de planta, normalmente, são mais resistentes ao acamamento e, por isso, devem ser selecionadas pelo programa de melhoramento. O número de ramos laterais variou de 5,90 (DF 06-17, safra) a 12,40 (CNFP 10794, safrinha). As linhagens avaliadas apresentaram número de nós no ramo principal similar às testemunhas avaliadas, exceto a DF 06-17 que mostrou o menor valor para esse caractere. As linhagens LP 09-40 e CNFP 10794 exibiram alta produtividade de grãos nas duas épocas de cultivo. As linhagens LP 09-40 e CNFP 10794 apresentam arquitetura de planta ereta e alta produtividade de grãos e serão selecionadas pelo programa de melhoramento.

Agradecimentos: CNPq; CAPES.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA E CONTRIBUIÇÃO DE DESCRITORES PARA CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE MELANCIA

Gerffeson Thiago Mota de Almeida Silva[1]; Rayanne Maria Paula Ribeiro[2]; Hugo Ferreira[3]; Giordanio Bruno Silva Oliveira[3]; Lindomar Maria da Silveira[4]; Rafaela Priscila Antônio[5;] Aurélio Paes Barros Júnior[6]

[1] M.Sc. Produção Vegetal, Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada, Serra Talhada, PE, Brasil, gtmas@hotmail.com

[2] Mestranda em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, rayanne_tab@hotmail.com

[3] Graduando em Agronomia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, hugopinheiro35@gmail.com, giordaniobruno_1@hotmail.com

[4] D.Sc. em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, lindomarmaria@ufersa.edu.br.

[5] D.Sc. em Genética e melhoramento de plantas, Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, Brasil, rafaela.antonio@embrapa.br

[6] D.Sc. em Produção Vegetal, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil aurelio.barros@ufersa.edu.br

A melancia [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai], uma das cucurbitáceas mais cultivadas no mundo, tem como um dos fatores limitantes de produção sua estreita base genética, que contribui para a sua elevada suscetibilidade a problemas fitossanitários. Contudo, a utilização de cultivares tradicionais tem contribuído para o melhoramento da cultura. Assim, objetivou-se com esse trabalho caracterizar genótipos de melancia provenientes do Nordeste brasileiro em duas épocas de cultivo. Os experimentos foram conduzidos na Horta Experimental do Departamento de Ciências Vegetais da Universidade Federal Rural do Semi-Árido, DCV – UFERSA, Mossoró-RN. Trinta sementes de cada genótipo, acesso/cultivar, foram semeadas em bandejas de poliestireno expandido com 128 células, contendo substrato comercial para produção de mudas de cucurbitáceas. As bandejas foram mantidas em casa de vegetação até o transplantio para campo que foi realizado quando as plântulas apresentaram a segunda folha definitiva. A irrigação adotada foi a localizada por gotejamento realizada duas vezes ao dia. Em campo adotou-se delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e 22 tratamentos (20 acessos e duas cultivares comerciais). A parcela experimental foi constituída por cinco plantas espaçadas por 3,0 m entre fileiras e 0,9 m entre plantas. A adubação e os tratos culturais foram os recomendados para a cultura. Quando da floração as plantas foram submetidas a polinizações controladas para obtenção de progênies endogâmicas. Foram aplicados os descritores: comprimento do ramo principal (CRP); número de ramos secundários (NRS); diâmetro do ramo principal (DRP); massa dos frutos (MF); formato do fruto (FF); Diâmetro transversal (DT); espessura da casca na região peduncular (EP); comprimento do fruto (CF); espessura da casca na região inferior (EI); espessura da casca na lateral esquerda (EE); espessura da casca na região lateral direita (ED); cor da polpa (CP); cor externa do fruto (CF); padrão de listras (PL) e teor de sólidos solúveis (SS). Os dados foram submetidos à análise de variância individual e conjunta. Para os estudos de diversidade genética realizou-se agrupamento pelo método de Tocher e avaliou-se a contribuição relativa dos descritores para a divergência genética. Observou-se diferença entre a maioria dos genótipos avaliados. O agrupamento de Tocher foi eficiente em separar os acessos em sete grupos. Com relação a contribuição dos descritores para a divergência genética observou-se variação quando consideradas as diferentes épocas de cultivo. Os descritores PL, CP, CF, DT, FF, EP, PF e C contribuíram com 79,12% para a determinação da divergência genética entre os acessos quando avaliados na primeira época de cultivo. Na segunda época, os descritores que mais contribuíram para a expressão da divergência foram CP, FF, PL, SS, ED, PF, EE, CF, EI e EP, explicando 80,23% da dissimilaridade total. Para a análise conjunta, os descritores PL, CP, FF, CF, EP, EE, PF, ED e SS explicaram 82,91 % das diferenças. Existe variabilidade genética entre os acessos estudados. Embora a maior parte dos descritores responsáveis pela divergência observada na primeira época também tenham contribuído para explicar a divergência na segunda época, sua contribuição relativa foi diferenciada, bem como para a análise conjunta, podendo-se inferir que os descritores podem ter sido influenciados pela época de cultivo.

Agradecimentos: CNPq/INSA, UFERSA, UFRPE/UAST.

RESISTÊNCIA EM MELANCIA A ESPÉCIES DE VÍRUS DO GÊNERO *POTYVIRUS*

Gerffeson Thiago Mota de Almeida Silva[1]; Rayanne Maria Paula Ribeiro[2]; Graziela da Silva Barbosa[3]; Aurélio Paes Barros Júnior[4]; José Albersio de Araújo Lima[5]; Manoel Abílio de Queiróz[6]; Lindomar Maria da Silveira[7]

[1]M.Sc. em Produção Vegetal, Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada, Serra Talhada, PE, Brasil, gtmas@hotmail.com

[2]Mestranda em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, rayanne_tab@hotmail.com

[3] D.Sc. em Agronomia/Fitotecnia, Universidade do Estado da Bahia, Juazeiro, BA, Brasil, grazzy22@hotmail.com.

[4]D.Sc. em Prod. Vegetal, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil aurelio.barros@ufersa.edu.br

[5]Ph.D. em Virologia Vegetal, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Ceará, Brasil, albersio@ufc.br.

[6]Ph.D. em Genética e melhoramento de plantas, Universidade do Estado da Bahia, Juazeiro, BA, Brasil, manoelabiliomaq@gmail.com

[7]D.Sc. em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil lindomarmaria@ufersa.edu.br

Entre os principais problemas que ocorrem na cultura da melancia (*Citrullus lanatus*) no Brasil, as doenças ocasionadas por vírus apresentam papel de destaque, podendo reduzir a produtividade, tanto quantitativa como qualitativamente e até inviabilizar seu cultivo em algumas regiões. Entre os vírus de maior importância para a cultura destacam-se os pertencentes à família *Ppotyviridae* gênero *Potyvirus*: *Papaya ringspot virus* tipo waremelon (PRSV-W); Watermelon *mosaic virus* (WMV) e *Zucchini yellow mosaic virus* (ZYMV). Assim, o presente trabalho teve como objetivo avaliar 16 acessos de melancia provenientes de estados do Nordeste brasileiro para resistência a PRSV-W, WMV e ZYMV. Como testemunha utilizou-se a cultivar de melancia *Crimson sweet* descrita como suscetível aos três vírus e um híbrido comercial descrito como resistente a ZYMV e WMV. As avaliações foram realizadas em condições controladas de casa de vegetação, sendo o experimento desenvolvido em delineamento inteiramente casualizado com cinco repetições, cada repetição constituída por um vaso com quatro plantas. A primeira inoculação foi realizada na fase inicial de desenvolvimento das plantas, antes do surgimento da primeira folha definitiva. Dez dias depois da inoculação foi realizada a avaliação sintomatológica de acordo com a escala descritiva, que estabelece notas de 1 a 4 de acordo o grau de severidade, e por PTA-ELISA contra antissoros específicos para cada vírus. As plantas assintomáticas e negativas em PTA-ELISA foram submetidas a uma segunda inoculação. Dez dias após, realizou-se nova avaliação sintomatológica seguida de avaliação sorológica, para confirmar possíveis resistências. As plantas que permaneceram negativas em PTA-ELISA foram avaliadas por RT-PCR para confirmação da ausência de vírus nas plantas com resistência, as quais foram transferidas para campo. Quatro dias após as inoculações foram observados sintomas nas plantas infectadas, variando em função do vírus e de sua associação com os genótipos. Os sintomas observados variaram desde mosaico leve ao mosaico severo, bolhosidade e deformação foliar, com algumas plantas necrosadas ao fim das avaliações. Os resultados sorológicos confirmaram o verificado através da sintomatologia. Dois acessos apresentaram resistência isolada ao PRSV-W, um ao WMV e três ao ZYMV. O híbrido comercial apresentou plantas com resistência aos três vírus, contudo a frequência dessa resistência variou conforme o vírus (WMV- 60%; ZYMV- 50%; PRSV-30%). Verificou-se resistência aos três vírus individualmente em vários genótipos testados, sendo que em alguns acessos foi possível encontrar plantas individuais com resistência aos três vírus. Os acessos com resistência podem ser utilizados para iniciar um programa de melhoramento para a cultura da melancia, visando resistência aos referidos vírus.

Agradecimentos: CNPq/INSA, UFERSA, UFRPE/UAST.

AVALIAÇÃO DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM MATRIZES DE INAJAZEIRO DO NORDESTE PARAENSE

Meirevalda do Socorro Ferreira Redig[1]; Maria do Socorro Padilha de Oliveira[2]; Milton Guilherme da Costa Mota[3]

[1] Profa. UFPA, Campus Cametá, Pará, Brasil, mfredig@yahoo.com.br;

[2] Pesquisadora, Embrapa Amazônia Oriental, Belém, Pará, Brasil, socorro-padilha.oliveira@embrapa.br;

3 Prof. UFRA, Belém, Pará, Brasil.

O inajazeiro (*Attalea maripa*) é uma palmeira nativa da Amazônia Legal de ampla distribuição em todos os Estados dessa região, principalmente no Pará. Possui frutos com polpa comestível e amêndoas ricas em óleo com potencial de utilização nas indústrias alimentícias, cosméticas e como matéria prima na obtenção de biocombustíveis. Em vista de suas potencialidades, suas populações vêm sendo exploradas para atender diversos mercados, mas pouco se sabe sobre elas. Objetivou-se avaliar caracteres agronômicos em matrizes de inajazeiro do nordeste paraense. Foram selecionadas ao acaso, em cinco localidades do Nordeste Paraense, 25 matrizes em cada local. As matrizes foram avaliadas para cinco caracteres agronômicos. As análises descritivas foram realizadas por meio das estimativas dos parâmetros populacionais (média, desvio padrão e coeficiente de variação) para cada caráter e correlação entre os caracteres, sendo obtidas no software GENES e a distribuição de frequência no software MINITAB 14.0. As maiores médias foram registradas nas matrizes de dois locais, Capitão Poço, Comprimento Altura do Peito, Altura do Estipe, Comprimento do Entre No, Comprimento da Raquia Foliar, com 151,40 cm, 340,80 cm, 116,60 cm, 776,4 cm respectivamente. Para os demais caracteres as maiores médias ocorreram nas matrizes das populações de Cametá, para Número de Frutos com 22 folhas por planta, e de São João de Pirabas para comprimento e largura do folíolo com 94,36 cm e 3,60 cm. Por outro lado, as menores médias foram registradas nas matrizes das populações de São Caetano de Odivelas para os caracteres Comprimento a Altura do Peito, Comprimento do Entre No e Número de Folhas; Cametá para Altura do Estipe e Comprimento do Folíolo; e Abaetetuba e São João de Pirabas para os caracteres Largura do Folíolo e Comprimento da Raquia Foliar, respectivamente. Dos caracteres avaliados merece destaque o caráter Altura da Estipe, pois ao instala-se um sistema de produção deve-se levar em consideração os métodos mais rápidos de coleta, pois os estipes mais baixos facilitam a colheita desses cachos. Foram obtidas correlações positas e de altas magnitudes entre vários caracteres principalmente envolvendo Peso de Fruto, destacando-se Peso de Fruto x Espessura de Polpa (r = 0,84); Peso de Fruto x Número de Frutos por Cacho (r = 0,81), e Peso de Fruto x Número de Cachos (r = 0,74), assim como entre o Diâmetro Transversal do Fruto x Espessura de Polpa (r = 0,99) e Comprimento do Cacho x Circunferência do Cacho (r = 0,89). Para a maioria dos caracteres das distribuições de frequências exibiram tendência de normalidade.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE FEIJÃO COM BASE EM CARACTERES FENOLÓGICOS E DA PRODUÇÃO

Nerinéia Dalfollo Ribeiro[1]; Guilherme Godoy dos Santos[2]; Sandra Maria Maziero[2]

[1] Engenheiro Agrônomo, Professora da Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), Santa Maria, RS, Brasil, nerineia@hotmail.com

[2] Engenheiro Agrônomo, aluno do Programa de Pós-graduação em Agronomia da UFSM, Santa Maria, RS, Brasil, guilhermepassamani@hotmail.com; maziero.sandra@gmail.com

O desenvolvimento de linhagens de feijão de ciclo precoce e de alta produtividade de grãos representa vantagens mercadológicas aos produtores rurais. Sendo assim, os objetivos deste trabalho foram avaliar se as linhagens avançadas de feijão diferem quanto aos caracteres fenológicos e da produção e selecionar linhagens superiores para esses caracteres. Para isso, foram conduzidos dois experimentos em área de campo da Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria-RS, em duas épocas de cultivo: safra 2012 e safrinha 2013. O delineamento experimental adotado foi o de blocos ao acaso, com três repetições, e foram avaliadas 10 linhagens de feijão do Ensaio de Valor Cultivo e Uso Sul-brasileiro de Feijão (LP 09-40, DF 06-09, CHC 98-42, CHP 01-238, CNFC 10762, GEN C4-7-7-2-2, GEN C4-7-8-1-2, LP 09-181, CNFP 10794 e DF 06-17) e quatro testemunhas (Guapo Brilhante, BRS Valente, Pérola e Carioca). Interação linhagem x época de cultivo significativa foi observada para todos os caracteres. Portanto, diferenças significativas entre as linhagens de feijão foram constatadas para floração, duração do período reprodutivo, ciclo, número de vagens por planta, número de grãos por planta, número de grãos por vagem, massa de 100 grãos e produtividade de grãos, possibilitando a seleção de linhagens superiores para os caracteres fenológicos e da produção. As linhagens CHP 01-238, CNFP 10794, DF 06-17 e Guapo Brilhante apresentaram precocidade para a floração nas duas épocas de cultivo. Linhagens com maior duração do período reprodutivo, e similares a cultivar Pérola, foram identificadas apenas no cultivo de safrinha: DF 09-40, CHC 98-42, CNFC 10762, GEN C4-7-7-2-2, GEN C4-7-8-1-2, LP 09-181 e CNFP 10794. O ciclo das linhagens avaliadas variou de 78,20 (CNFP 10794, safra) a 117,33 dias (GEN C4-7-8-1-2, safrinha), caracterizando ciclo intermediário para todas as linhagens avaliadas. A linhagem CNFP 10794 se destacou nas duas épocas de cultivo pelos maiores valores de número de vagens por planta e de massa de 100 grãos, e pelo maior valor obtido de número de grãos por planta no cultivo de safra. O número de grãos por vagem mostrou amplitude de 2,39 (DF 06-09, safra) a 5,72 (Carioca, safrinha), sendo considerado baixo para a espécie *Phaseolus vulgaris*. Apenas as linhagens LP 09-40 e CNFP 10794 apresentaram altos valores de produtividade de grãos nas duas épocas de cultivo. A linhagem CNFP 10794 é de floração precoce, tem maior duração do período reprodutivo, apresenta altos valores para os caracteres da produção e é de alta produtividade de grãos e será selecionada pelo programa de melhoramento.

Agradecimentos: CNPq; CAPES.

AVALIAÇÃO DA INCIDÊNCIA DE DOENÇAS FOLIARES EM CEBOLA EM CULTIVO DE BASE ECOLÓGICA

Bruno F. Farias[1]; Daniela L. Leite[2]; Valter R. Oliveira[3]; Antonio W. Moita[4]; José Ernani Schwengber[5]

[1] Acadêmico, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, bruno.f.far@gmail.com

[2] Eng. Agrôn. , Ph.D. , Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, daniela.leite@embrapa.br

[3] Eng. Agrôn. D. Sc. , Embrapa Hortaliças, Brasília, Distrito Federal, Brasil, valter.oliveira@embrapa.br

[4] Matemático, M. Sc. , Embrapa Hortaliças, Brasília, Distrito Federal, Brasil, antonio.moita@embrapa.br

[5] Eng. Agrôn. , D. Sc. , Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, jose.ernani@embrapa.br

A cebola (*Allium cepa* L.) é uma das plantas cultivadas de mais ampla difusão no mundo. As doenças constituem-se num dos principais problemas da cultura que incidem desde a semeadura, durante todo o desenvolvimento vegetativo e reprodutivo e também no armazenamento. O objetivo do trabalho foi o de avaliar doze genótipos de cebola quanto a resistência das doenças foliares mancha-púrpura (*Alternaria porri*) e queima-acinzentada (*Botrytis squamosa* Walker) como trabalho inicial para o desenvolvimento de cultivares adaptadas ao sistema de cultivo de base ecológica. O experimento foi conduzido de maio a dezembro de 2014 na Estação Experimental Cascata da Embrapa Clima Temperado seguindo as práticas recomendadas para esse sistema de cultivo e adotando-se o sistema de transplante de mudas. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com três repetições e a unidade experimental foi constituída por 10 plantas. As avaliações foram realizadas em três datas distintas durante o desenvolvimento da cultura, por meio de observações visuais nas folhas, atribuindo-se notas de 0 a 5 de acordo com o número de lesões. Quase a totalidade dos genótipos não diferiram estatisticamente quanto ao grau de sintomas apresentados para ambas as doenças avaliadas. A única diferença significativa ocorreu na terceira avaliação quanto a incidência de mancha púrpura no genótipo Ceb 265, onde foi observada a maior nota (0,74), que não diferiu do genótipo Ceb 250 e apresentou maior grau de incidência dos sintomas em relação aos demais (Ceb 44, Ceb 160, Ceb 248, Ceb 249, Ceb 251, Ceb 252, Ceb 260, Ceb 261, Ceb 262 e Ceb 268). Embora os genótipos não tenham diferido significativamente quanto ao grau de incidência de queima-acinzentada, as notas médias das lesões foliares variaram de 1,7 a 2,4. Em geral as plantas apresentaram baixa incidência de doenças durante o período avaliado e demonstram ser potenciais para o desenvolvimento de novas cultivares no campo do melhoramento genético para sistemas de base ecológica.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

ARIÁ *CALATHEA ALLOUIA* (AUBL.) LINDL.: UM IMPORTANTE RECURSO GENÉTICO PARA USO ALTERNATIVO NA OLERICULTURA DA AMAZÔNIA

Danilo Fernandes da Silva Filho[1]; Cesar Augusto Ticona-Benavente[1]; Hiroshi Noda[1]; Ariel Dotto Blind[1]; José Nilton Rodrigues Figueiredo[1]; Francisco Manoares Machado[1]

[1] INPA, Manaus, AM, Brasil, danilo@inpa.gov.br

O ariá é uma espécie olerícola perene, não convencional, originária da América Tropical, cuja parte comestível é a raiz tuberosa. Este recurso genético sempre esteve disponível em pequena escala para consumo e comercialização, mas sem o reconhecimento tanto de sua importância nutricional quanto histórico-cultural. Do ponto de vista morfoagronômico não parece haver informação da diversidade genética e potencial produtivo de raízes de material amazônico. Este trabalho teve o objetivo de caracterizar e avaliar 20 genótipos de clones procedentes de diferentes regiões da Amazônia, com base em sua forma, composição química e produtividade das raízes. O experimento foi conduzido na Estação Experimental do INPA, em Manaus, em solo Argissolo vermelho amarelo, álico, de textura arenosa. Adotou-se o delineamento experimental de blocos inteiramente casualizados, com 20 tratamentos e três repetições, em parcelas constituídas por cinco plantas. A colheita das raízes foi realizada aos sete meses após o plantio. Os resultados experimentais constataram variação fenotípica entre os clones, com diferenças significativas para 90% dos caracteres estudados. Os clones produziram raízes tuberosas nas formas cilíndricas e redondas. A emergência das plântulas iniciou entre os 18 e 33 dias após o plantio dos rizomas. A altura das touceiras foi de 32,0 a 73,5 cm. O número médio de rizomas variou de 15 a 25 por touceira. O clone 2217, originário do município de Manaus, foi identificado como o mais prolífero. Em relação aos componentes da produtividade, o número médio de tubérculos por touceira variou de 12,4 a 34,8 e produtividade de raízes tuberosas foi de 5,33 a 16 $t.ha^{-1}$. Estes resultados mostram que há variabilidade entre os clones, podem ser aplicada seleção para fins de melhoramento. No geral, a análise da composição centesimal das raízes mostrou que, os clones estudados apresentaram conteúdos de proteína, lipídio e carboidrato muito próximo aos encontrados nas raízes de macaxeira, batata inglesa e cenoura. Por isso, pode ser cultivado na região para uso na merenda escolar de estudantes do Amazonas. Entre os microminerais determinados, o ferro (649,58 a 2.383,14 $\mu g.100g^{-1}$) ocorreu em maior concentração nas raízes. Entre os macroelementos analisados, o potássio, com 167,70 a 352,83 $mg.100g^{-1}$, ocorreu em maior concentração nas raízes dos 20 clones. A partir destes resultados, os clones 2070, 2082, 2083, 2217, 2369, 2395, 2396 e 2398, originários, respectivamente, dos municípios amazonenses de Coari, Pauini, São Gabriel da Cachoeira, Manaus, Eirunepé, Benjamin Constant, Lábrea e Atalaia do Norte, poderiam ser multiplicados para fazer outros testes com maior número de plantas em locais diferentes para recomendá-los aos agricultores familiares do Amazonas.

DETERMINAÇÃO QUANTITATIVA DE ÁCIDOS FENÓLICOS E FLAVONOIDES IDENTIFICADAS EM *ASEMEIA OVATA* (POLYGALACEAE)

José Luiz Carneiro da Rocha[1]; Danielle Figuerêdo da Silva [2]; Anne Ramos de Santana[2]; Clayton Queiroz Alves[3]; Hugo Neves Brandão[4]

[1] Doutorando em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA, Brasil, luiz_farmaco@hotmail.com.

[2] Mestranda em Ciências Farmacêuticas, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA, Brasil, danyfigs@hotmail.com, anneramosdesantana@gmail.com.

[3] Doutor em Química, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA, Brasil, cleiroz@yahoo.com.br

[4] Doutor em Química, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA, Brasil, hugo@uefs.br

Introdução: Espécies vegetais da família Polygalaceae são utilizadas tradicionalmente em muitas regiões do mundo. Dentre os gêneros dessa família encontra-se o *Asemeia*, o qual, no Brasil, é composto de 19 espécies de ocorrência sazonal. Atividades como expectorante, sedativa, antipsicótica, antifúngica e analgésica são atribuídas a espécies dessa família, o que as torna fonte de interesse para estudos e desenvolvimento de novos produtos fitoterapêuticos. Objetivos: Identificar e quantificar simultaneamente ácido caféico, rutina, ácido *trans*-ferúlico, ácido *p*-cumárico e luteolina-7-*O*-glicosilada na espécie *Asemeia ovata*, através da técnica de cromatografia a líquido de alta eficiência com detector de arranjo de diodos (CLAE-DAD). Metodologia: O extrato bruto metanólico foi obtido pela secagem, pulverização e maceração do material vegetal. Esse foi particionado com os solventes orgânicos hexano, clorofórmio e acetato de etila. Os extratos secos obtidos foram diluídos com a fase móvel orgânica, em concentração de 3 mg/mL, e submetidos a cromatógrafo Varian e detector de arranjo de diodos Varian ProStar. A separação cromatográfica foi realizada por meio de coluna LiChroCART Purospher StaR® RP18-e (250 mm x 4,6 mm i.d.) (5µm) (Merck, Darmastad, Germany) combinado com pré-coluna propria da Merck. O gradiente de eluição utilizado foi solução de ácido acético 0,7% e acetonitrila (MeCN) com solução de ácido acético 0,7% (8:2). As condições cromatográficas incluíram: volume de injeção de 20µL, faixa de comprimento de onda de 220-400 nm, com aquisição em 280 nm. A validação foi feita segundo a RE Nº899/2003 da ANVISA seguindo os parâmetros seletividade, linearidade, precisão, exatidão, limite de detecção e quantificação e robustez. Resultados e discussão: No extrato bruto foram identificados ácido caféico (52,61±0,005 µg/mL), rutina (36,76±0,002 µg/mL), ácido *trans*-ferúlico (85,16±0,005 µg/mL), ácido *p*-cumárico (50,91±0,001 µg/mL) e luteolina-7-*O*-glicosilada (3,64±0,002 µg/mL); no extrato acetato encontrou-se ácido caféico (203,37±0,001 µg/mL), rutina (94,21±0,002 µg/mL), ácido *trans*-ferúlico (286,46±0,004 µg/mL), ácido *p*-cumárico (87,78±0,003 µg/mL) e luteolina-7-*O*-glicosilada (17,37±0,001 µg/mL); e no extrato clorofórmico foi identificado o ácido caféico (216,01±0,003 µg/mL). Na seletividade foram observados os tempos de retenção e espectro no UV, sem diferenças significativas entre padrões e amostras. Os coeficientes de correlação (R^2), obtidos para linearidade, foram acima de 0,9995. Na análise da precisão, os valores de desvio padrão relativo ficaram todos abaixo do preconizado (<5,0%). As taxas de recuperação, para exatidão, variaram de 85,68-99,12% em todas as concentrações dos 5 compostos. Os limites de detecção e quantificação variaram de 0,64-3,34 µg/mL e de 2,16-11,28 µg/mL, respectivamente. Conclusões: O presente trabalho foi o primeiro estudo a identificar e quantificar as substâncias em questão na espécie *A. ovata*, o que leva ao interesse em continuar os estudos com a mesma.

Agradecimentos: UEFS, FAPESB e CAPES.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

CARACTERÍSTICAS DAS SEMENTES DE MILHO CRIOULO CONSERVADOS NA EMBRAPA CLIMA TEMPERADO

Eberson Diedrich Eicholz[1]; Marcel Eicholz[2]; Rudmar Seiter[3]; Tâmara Foster Acosta[3]; Francis Radael Tatto[4]

[1]Engenheiro Agrônomo, EMBRAPA, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, eberson.eicholz@embrapa.br.

[2]Engenheiro Agrônomo, PPGSPAF/UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, marcel.eicholz@gmail.com.

[3]Estudante de Agronomia, UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil.

[4]Engenheiro Agrônomo, PPGSPAF/UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil.

O milho é uma das espécies com maior investimentos em tecnologia, porém isto acarretou em altos custos de produção, onde a semente representa parte significativa. O milho está presente em quase todas as propriedades familiares e em muitas, as variedades foram passadas de geração para geração. Atualmente muitos agricultores conservam estes genótipos sendo guardiões de sementes. Geralmente o milho é selecionado pelos agricultores para um fim característico da propriedade (alimentação animal, silagem, farinha, etc.) e adaptado ao manejo e características da sua região de cultivo. A Embrapa incentiva a conservação nas propriedades (*on farm*) com trabalhos dirigidos aos guardiões e apoio a feiras de trocas de sementes, bem como, mantêm um Banco Ativo de Germoplasma de sementes de milho crioulo que atualmente tem mais de cem acessos. O germoplasma conservado é mantido sob a forma de sementes, em câmara fria, com umidade e temperatura controladas. O objetivo do trabalho foi verificar a diferenças de características físicas nas sementes do BAG da Embrapa Clima Temperado, para tanto foram avaliados o tipo de grão - duro, dentado, doce, pipoca, farináceo e tunicado; forma do grão - contraído, dentado, plano, redondo e pontiagudo; cor da coroa - branca amarela, alaranjada, vermelha e mista (várias cores no acesso); e cor de grão - branco, amarelo, púrpura, variegado, castanho, laranja, ponteado, capa branca, vermelho e misto. As variedades de milho foram separados em oito grupos pela distância média euclidiana utilizando o programa estatístico SAS. Na análise dos resultados verificou-se que a maioria dos acessos possui o tipo de grão duro ou dentado com o formato grão dentado ou plano prevalecendo a cor de grão laranja ou misto (mais de uma cor de sementes), se considerarmos o mesmo tipo e forma do grão, porém com cor da coroa vermelho ou misto e cor do grão branca ou amarela temos mais de 50 por cento dos acessos. Os milhos dentados com sementes de cor branca ou amarela estão no segundo maior grupo, aproximadamente 25 por cento do total. Os grupos menores são constituídos por acessos farináceos amarelos e brancos, milhos do tipo de grãos duros brancos e amarelos e tipo pipoca. O BAG de sementes crioulas é composto dos mais diversos tipos, forma e cores de sementes, embora os milhos dentados nas cores branco, amarelo e laranja prevalecem. O que pode ser reflexo da seleção e preferência dos agricultores ao longo dos anos.

SEQUENCIAMENTO DO GENOMA PLASTIDIAL DE *MEROSTACHYS SP.*

Karina Goulart dos Anjos[1]; Leila do Nascimento Vieira[1]; Helisson Faoro[2,3]; Hugo Pacheco de Freitas Fraga[1]; Marcelo Rogalski[4]; Fábio de Oliveira Pedrosa[2]; Emanuel Maltempi de Souza[2]; Rubens Onofre Nodari[1]; Miguel Pedro Guerra[1*]

[1] Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil.

[2] Instituto Carlos Chagas - Fundação Oswaldo Cruz, Curitiba, PR, Brasil

[3] Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Núcleo de Fixação Biológica de Nitrogênio, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, PR, Brasil

[4] Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil.

[*]e-mail: miguel.guerra@ufsc.br

O cloroplasto é uma organela de origem procariótica cujo genoma manteve diversas características estruturais de um procarioto, dentre elas a estrutura de genoma do tipo circular. Em geral, os genomas plastidiais são altamente conservados entre espécies no seu conteúdo gênico, mas também contém regiões variáveis e alterações estruturais. O gênero *Merostachys*, também conhecido como taquara, pertence à família Poaceae, e sua distribuição se estende da América Central até a Argentina, apresentando um maior centro de diversidade no Brasil. Estes bambus possuem grande importância para as populações indígenas locais principalmente para o uso de artesanato e nas construções. Até o momento, bambus pertencentes às tribos Arundinarieae, Bambuseae e Olyreae tiveram a sequencia completa do genoma plastidial obtida, permitindo a realização de análises filogenéticas. Estas árvores filogenéticas (máxima verossimilhança e inferência bayesiana) suportam o monofiletismo de Arundinarieae, Bambuseae, formando uma relação bem suportada entre Olyreae e Bambuseae. Nesse contexto, esse trabalho visou sequenciar e caracterizar o genoma plastidial de uma Bambuseae nativa de Florianópolis, Sul do Brasil, o *Merostachys* sp. Foi realizado o isolamento do DNA plastidial seguido pelo sequenciamento em plataforma Illumina MiSeq. Para montagem do genoma plastidial foi adotada uma estratégia *de novo* com auxílio do software CLC Genomics Workbench 7.5v. A anotação do genoma foi realizada na plataforma online DOGMA. Com o sequenciamento foram obtidos 225.233 reads pareados (2x300 pb) referentes ao genoma plastidial, resultando em uma cobertura média de 280x. A sequencia completa do genoma plastidial possui 136.335 pb. Foram encontrados 129 genes e 4 pseudogenes, sendo 8 genes que codificam para rRNA, 38 para tRNA e 83 para proteínas. Esses resultados podem ser futuramente aplicados em estudos evolutivos entre diferentes grupos de plantas e utilizados em aplicações biotecnólogicas, por meio de análises comparativas, estruturais e filogenéticas.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq Proc. 457726/2013-0) pelo financiamento do projeto e concessão das bolsas aos autores.

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE RAÍZES DE ACESSOS DE BATATA-DOCE EM COLEÇÃO DIDÁTICA DA UFERSA

José Ricardo Tavares de Albuquerque[1]; Manoel Galdino dos Santos[2]; Rayanne Maria Paula Ribeiro[2]; Luiz Aurélio Freitas Pereira[3]; Fernando Sarmento de Oliveira[2]; Almir Rogério Evangelista de Souza[4]; Lindomar Maria da Silveira[5], Aurélio Paes Barros Júnior[5]

[1] Mestrando em Produção Vegetal, Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada, Serra Talhada, PE, Brasil, ricardoplay33@hotmail.com

[2] Mestrando em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA, Mossoró, RN, Brasil, manoel.galdino5@gmail.com, rayanne_tab@hotmail.com, fernandosarmentho@hotmail.com

[3] Graduando em Agronomia, UFERSA, Mossoró, RN, Brasil, luizaurelio13@hotmail.com.

[4] Doutorando em Fitotecnia, UFERSA, Mossoró, RN, Brasil, almirrsouza@gmail.com.

[5] D.Sc. em Produção Vegetal, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil lindomarmaria@ufersa.edu.br, aurelio.barros@ufersa.edu.br.

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) teve sua origem na América do Sul. Destaca-se pela facilidade de cultivo, rusticidade, ampla adaptação a diferentes tipos de solo e clima, alta tolerância a seca e baixo custo de produção. Essas características, associadas à sua composição nutricional contribuem para seu cultivo em praticamente todo o Brasil. Embora sejam relatadas grandes áreas plantadas com a cultura, é bastante cultivada em regime de agricultura familiar, onde além de conservarem suas próprias cultivares, os produtores realizam permuta das mesmas entre parentes e vizinhos. A espécie apresenta grande variabilidade para diversas características, constituindo-se em rico germoplasma para uso no melhoramento da cultura. Assim, o presente trabalho teve por objetivo quantificar características de raiz em acessos de batata-doce da coleção didática da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA). A coleção é composta por cultivares regionais e melhoradas. Para caracterização, os acessos foram plantados na Horta Didática da UFERSA em fileiras contínuas, espaçadas entre leiras de 1,0 m e entre covas 0,3 m (duas plantas por covas). Não foi realizada adubação e a irrigação foi localizada por gotejamento. Realizou-se o controle de plantas daninhas quando necessário. Após 120 dias do plantio aplicaram-se os seguintes descritores de raízes: produtividade total (PT) (t.ha^{-1}), produtividade comercial (PC) (t.ha^{-1}), produtividade não comercial (PNC) (t.ha^{-1}), formato de raiz comercial (FRC): Redondo (R), Redondo Elíptico (RE), Elíptico (E), Ovado (Ov), Obovado (Ob), Oblongo (Obl), Longo Oblongo (LO), Longo Elíptico (LE) e Longo Irregular (LI) e massa seca total (MST) (t.ha^{-1}) das raízes. Os dados foram avaliados de forma descritiva. Observou-se variabilidade para todas as características, sendo que 4 acessos não produziram raízes tuberosas. Para PT e PC observaram-se valores de 0 a 15,28 e 0 a 9,53 t.ha^{-1}, respectivamente, sendo que a PNC variou de 0 a 6,28 t.ha^{-1}. Quando considerado FRC, em todos os formatos utilizados para ranquear a características observou-se frequência de acessos exceto para LO e LE como segue: R (4,54%), RE (18,18%), E (31,82%), Ov (13,64%), Ob (9,09%), Obl (4,54%) e LI (18,18%). A característica MST apresentou valores de 0 a 0,78 t.ha^{-1}. À produtividade média relatada para a cultura da batata-doce no Brasil está em torno de 12,0 t.ha^{-1}, enquanto que para o Nordeste brasileiro essa média é de 9,2 t.ha^{-1}. É importante salientar que do conjunto de 20 acessos avaliados, os quais se constituem de cultivares regionais, dois obtiveram média em torno de 12,7 t.ha^{-1}, superando as cultivares comerciais. O mesmo podendo ser observado para o formato, visto que formatos diferentes podem atender diferentes mercados. A massa seca é um parâmetro de grande importância, pois determina o acúmulo de matéria na formação das raízes sem levar em consideração o conteúdo de água, consequentemente indica o acúmulo de massa na expressão produtiva dos acessos. Vale salientar que mesmo os acessos que não puderam ser avaliados quanto aos descritores utilizados podem constituir-se em germoplasma potencial, uma vez que podem ser detentores de alelos para outras características de interesse para a cultura. Assim, embora a coleção represente uma pequena amostra do germoplasma disponível para espécie, pode-se inferir sobre a variabilidade existente na coleção sendo essa uma forma de conservação para o germoplasma da espécie.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, UFRPE/UAST/PGPV e UFERSA.

PRODUÇÃO POTENCIAL DE SEMENTES E SEUS COMPONENTES EM ACESSOS DE POACEAS PARA FORMAÇÃO DE GRAMADOS

Andréa Mittelmann[1]; Josiane Maximino[2]; Marco Aurélio Schiavon Machado[2]; Eliézer da Cunha Pinheiro[3]; Angélica Halfen[2]; Ana Carolina de Oliveira Alves[4]; Francisco H. Dübbern de Souza[5]

[1]Eng. Agrônoma, Doutora, pesquisadora da Embrapa Gado de Leite/ Embrapa Clima Temperado. Pelotas, RS, Brasil, andrea.mittelmann@embrapa.br

[2]Graduandos em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, bolsistas Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil.

[3]Graduando em Zootecnia da Universidade Federal de Pelotas, bolsista Embrapa Gado de Leite, Pelotas, RS, Brasil.

[4]Estudante do Curso Técnico em Agropecuária, Instituto Federal Sul-rio-grandense

[5]Eng. Agrônomo, Doutor, pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, francisco.dubbern-souza@embrapa.br

Espécies da família Poaceae possuem grande número de usos pelo ser humano. Além da alimentação humana e animal, verifica-se crescente interesse por sua utilização como cobertura vegetal de baixa manutenção, em grandes áreas como de parques, aeroportos e margens de rodovias. Desde 2011, a Embrapa tem avaliado e selecionado acessos de *Paspalum* e *Axonopus* com características funcionais para gramados. A propagação desses acessos via sementes pode contribuir para a redução dos custos de formação de gramados e, portanto, para seu uso em áreas maiores. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial de produção de sementes de acessos de gramíneas dos gêneros *Paspalum* e *Axonopus*. O experimento foi conduzido na Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado (Capão do Leão - RS) com base em um delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. Foram avaliados dezoito acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Paspalum* da Embrapa Pecuária Sudeste (São Carlos - SP), tendo como testemunha a grama-batatais (*P. notatum* var. *notatum*). As características avaliadas foram: número de inflorescências por metro quadrado; número de flósculos por inflorescência, contado em dez inflorescências por parcela, e potencial de produção de sementes. O potencial de produção de sementes (sementes por metro quadrado) resultou da multiplicação do número de flósculos por inflorescência pelo número de inflorescências por área. A análise estatística consistiu em análise de variância e teste de Scott-Knot para comparação de médias dos acessos. Houve diferença entre genótipos para as três características avaliadas. O número de inflorescências por metro quadrado variou de 90 a 794, sendo formados quatro grupos de acessos. No grupo de maior número ficaram os acessos BRA-010006, BRA-023591, BRA-025224, BRA-008681 e BRA-025046. O número de flósculos por inflorescência variou de 64 a 173, com os acessos formando cinco grupos e o grupo superior formado pelos acessos BRA-006173 e BRA-20648. A produção potencial variou de 9.974 a 81.536 sementes por metro quadrado. O acesso BRA-010006 foi superior a todos os demais para esta característica, ficando os demais acessos divididos em três grupos. A testemunha, grama-batatais, ficou no penúltimo grupo, com produção potencial de 24.633 sementes por metro quadrado. Alguns dos genótipos avaliados apresentaram alto potencial de produção de sementes, com base na avaliação dos componentes do rendimento; entretanto, é preciso ainda avaliar a produtividade real de sementes dos acessos, uma vez que a ocorrência de cariopses ausentes é um dos grandes problemas relacionados à produção de sementes nos gêneros estudados.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA DE TRÊS ESPÉCIES *DORSTENIA* (MORACEAE)

Lucas Mesquita Barreto[1]; Milene Miranda Praça Fontes[2]; Wellington Ronildo Clarindo[2]; Tatiana Tavares Carrijo[2]

[1] Mestrando em Genética e Melhoramento – Universidade Federal do Espírito Santo; Alegre-ES, Brasil. Bolsista FAPES - E-mail - lucasmesquita@msn.com

[2] Universidade Federal do Espírito Santo; Departamento de Biologia; Alegre-ES, Brasil - E-mail - milenemiranda@yahoo.com.br; welbiologo@gmail.com; tcarrijo@gmail.com

Dorstenia L. é o segundo maior gênero da família Moraceae, compreendendo 110 espécies arbóreas, suarbustivas ou herbáceas, distribuídas na região Neotropical e na África. No Brasil, o gênero abarca cerca de 39 espécies distribuídas em quase todo território, geralmente presentes em subosques, à beira de riachos ou grotões rochosos. O gênero é dividido em nove seções baseadas principalmente em caracteres morfológicos referentes ao hábito e forma de vida. Dentre as nove seções, *Emygdioa*, *Lecania* e *Dorstenia* ocorrem no Neotrópico. Estudos atuais sobre a filogenia do gênero indicam que as seções não são monofiléticas. No entanto, a carência de uma revisão ampla para todo o gênero e de informações adicionais provenientes de outros marcadores, tem dificultado o entendimento dos resultados filogenéticos. A caracterização citogenética das espécies pode auxiliar na interpretação da história evolutiva proposta para o gênero, assim como auxiliar no entendimento do significado taxonômico das seções. No entanto, estes dados são escassos para a maioria das espécies. Neste trabalho foram analisadas *Dorstenia cayapia* Vell. (Seção *Emygdioa*), *D. hirta* Desv. (Seção *Lecania*) e *D. arifolia* Lam. (Seção *Dorstenia*), a fim de gerar dados que contribuam para uma melhor compreensão da taxonomia do gênero. Raízes foram obtidas por meio de sistema hidropônico, tratadas com antitubulínico aminoprofos-metil (APM) na concentração de 4 µM, por 15 h e fixadas em metanol: ácido acético (3:1), para posterior digestão. As lâminas foram preparadas segundo as técnicas de dissociação celular e secagem ao ar e coradas em solução de Giemsa 5%. A metodologia adotada no pré-tratamento com APM e maceração enzimática resultou em cromossomos metafásicos com morfologia adequada para caracterização dos cromossomos. O número diploide das espécies foi caracterizado como 2n = 32 cromossomos, sendo 4 pares metacêntricos, 9 pares submetacêntricos e 3 pares acrocêntricos em *D. cayapia*, 2 pares metacêntricos, 10 pares submetacêntricos e 4 pares acrocêntricos em *D. hirta* e 2 pares metacêntricos, 10 pares submetacêntricos e 4 pares acrocêntricos em *D. arifolia*. Foi possível observar constrição secundária no braço longo do cromossomo 2 em *D. cayapia*, no braço longo do cromossomo 5 em *D. hirta*, no braço curto do cromossomo 3 e no braço longo dos cromossomos 6, 9, 10 e 14 em *D. arifolia*. O comprimento médio dos cromossomos de *D. cayapia* variou de 1,16 a 2,45 µm, de *D. hirta* variou de 1,42 a 2,36 µm e em *D. arifolia* variou de 1,69 a 3,03 µm. Apesar de não apresentar diferenças numéricas, *Dorstenia* mostrou-se um grupo heterogêneo e as espécies analisadas apresentaram alterações estruturais em seus cromossomos, essa alterações podem ter contribuído para a diversificação e evolução cariotípica do gênero. Sendo assim, as informações relatadas no presente trabalho podem contribuir para, taxonomia, evolução e relações filogenéticas do gênero.

Agradecimentos: FAPES.

CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE TUNGUE

Marcel Diedrich Eicholz[1]; Milena Moreira Peres[2]; Alexssandra Dayane Soares de Campos[3]; Eberson Diedrich Eicholz[4;] Sérgio Delmar dos Anjos e Silva[4]

[1] Doutorando, PPGSPAF/UFPel, Pelotas, RS, Brasil, e-mail. marcel.eicholz@gmail.com.

[2] Graduando Agronomia/UFPel, Pelotas, RS, Brasil, e-mail. mmoreiraperes@gmail.com.

[3] Graduação em Tecnologia em Geoprocessamento/UFPel – Pelotas,RS, Brasil, e-mail. alexsandra1_sc@yahoo.com.br

[4] Pesquisador - Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, e-mail. eeicholz@gmail.com; sergio.anjos@embrapa.br

O tungue (*Aleurites fordii* Helms) pertence a familia das *Euphorbiaceae*. São plantas de folha caduca, de porte médio, nativa das regiões subtropicais do leste da Ásia, incluindo sul da China, Taiwan e Birmânia. O óleo extraído das suas sementes contém alta porcentagem de ácido oleostearico, o qual confere características singulares, possibilitando uma ampla aplicação industrial como tintas, plastificante, medicina e reagentes químicos, etc. Em dados preliminares de pesquisa e de plantios no Rio Grande do Sul pode ser considerada uma oleaginosa potencial para cultivo econômico, podendo ser utilizada no reflorestamento e em terrenos acidentados. A cultura pode ser consorciada com plantas anuais nos primeiros anos após plantio. Atualmente não existem cultivares registradas, assim torna-se necessário caracterizar os acessos que servirão de base em programa de melhoramento genético. O conhecimento de particularidades e do comportamento da cultura são indispensáveis para selecionar plantas propícias para cultivo econômico. O objetivo do trabalho foi caracterizar 50 genótipos de tungue quanto a caracteres morfológicos e produtivos. O trabalho foi realizado na Embrapa Clima Temperado, em Pelotas/RS. Os genótipos avaliados são oriundos de propagação sexuada, de sementes obtidas de plantas selecionadas em plantios comerciais da Serra Gaúcha. Foram avaliados os caracteres morfológicos: Altura de planta: (cm), medida com régua graduada do colo até o ápice da planta (AP); Diâmetro do tronco (mm), medido com paquímetro digital, a 20 cm do solo (DC); Altura de inserção dos ramos laterais (cm), realizada com o auxílio de régua graduada, medida da altura do solo até a inserção do primeiro ramo lateral (IR) e dimensões (comprimento, largura e formato) da folha e comprimento do pedúnculo. Também foram avaliados os caracteres produtivos, produção por planta (kg), relação Grão/casca (%) e relação entre flores masculinas e femininas. Foi realizada a análise de agrupamento através da Distância Média Euclidiana utilizando-se o programa estatístico SAS. Pelo agrupamento, formaram-se sete grupos distintos de acordo com a diversidade morfológica e de produtividade existentes na população. O maior grupo foi composto por 68% das plantas da população e apresenta altura de plantas média (3,5 – 4,0 m), altura de inserção de ramos laterais (0,8 – 1,2 m) e baixa relação de flores masculinas/femininas, entretanto apresenta baixa produção de frutos. Porém na população existe variabilidade e um grupo (quatro por cento da população) apresentaram características semelhantes de porte e com boa produção de frutos. O porte e a altura de inserção dos ramos laterais são importantes para mecanizar as operações de manejo e colheita, considerando a baixa disponibilidade de mão-de-obra na agricultura.

Agradecimentos**:** CNPq

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

VARIAÇÃO NO ÓLEO ESSENCIAL NUMA POPULAÇÃO NATURAL DE ALECRIM-PIMENTA (*LIPPIA ORIGANOIDES* KUNTH) EM DUAS ÉPOCAS DE AVALIAÇÃO

Luciana Mendes de Souza[1], Francine Souza Alves da Fonseca[2], Júlio Cesar Lopes Rodrigues[4], Sofia Maria G. Rocha[5], Ernane Ronie Martins[3]

[1] Mestre em Produção Vegetal, UFMG, Montes Claros, MG, lumesouza@yahoo.com.br

[2] Doutor em Química, UFMG, Montes Claros, MG, francinefonseca@yahoo.com.br

[3] Doutor em Produção Vegetal, UFMG, Montes Claros, MG, ernane.ufmg@gmail.com

[4] Graduando em Agronomia, UFMG, Montes Claros, MG, juliocesarls2009@hotmail.com

[5] Graduanda em Engenharia Florestal, UFMG, Montes Claros, MG,sofiamaria.r@hotmail.com

O alecrim-pimenta (*Lippia origanoides* Kunth) é um arbusto nativo do Nordeste da América do Sul e alguns países da América Central e do Caribe, usado como tempero e para fins medicinais. A composição química do óleo de *L. origanoides* pode apresentar variação, levando à classificação em quimiotipos. O objetivo deste trabalho foi estudar a variação na composição química do óleo essencial de uma população natural de *L. origanoides* em duas épocas do ano. Este estudo foi realizado em área de reserva do Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Minas Gerais, localizada na cidade de Montes Claros, MG. As coletas foram realizadas em duas épocas, na estação seca (maio de 2013) e na estação chuvosa (fevereiro de 2014). As folhas do alecrim-pimenta foram coletadas de 30 indivíduos distantes entre si em, pelo menos, 50m. O óleo essencial foi extraído das folhas frescas por hidrodestilação no aparelho de Clevenger e analisado por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (CG-EM). A quantificação relativa do timol e carvacrol foi realizada por meio da cromatografia gasosa acoplada ao detector de ionização de chamas (CG-DIC). Análise multivariada foi empregada para avaliar a divergência genética entre as plantas coletadas nas duas épocas. Utilizou-se como medida de dissimilaridade, a distância euclidiana média e foi realizada a análise de agrupamento, utilizando o método de otimização de Tocher. O teor do óleo essencial obtido das folhas de alecrim-pimenta coletadas no período de seca (maio de 2013) variou de 1,89% a 5,59%. No período chuvoso (fevereiro de 2014), o óleo essencial extraído variou de 2,00% a 8,13%. O carvacrol foi o composto majoritário, na maioria das plantas estudadas, tanto na estação seca quanto na chuvosa. Das trinta plantas estudadas, apenas cinco diferiram na composição química entre as épocas. Na estação chuvosa, a planta 15 apresentou como majoritário o timol e as plantas 16, 27, 28 e 29 apresentaram como majoritário a cânfora. Na estação seca, o timol permaneceu como majoritário da planta 15 e, a cânfora, permaneceu como majoritário das plantas 16, 28 e 29, já a planta 27, nessa estação, apresentou como majoritário o carvacrol. Os compostos que apresentaram maior teor, depois do majoritário carvacrol, foram o γ-terpineno, p-cimeno e o metil-eter-timol. Em geral, o teor desses compostos apresentou variação pouco expressiva durante as estações seca e chuvosa. A variação para esses compostos ocorreu somente nas plantas 1 e 27. Na estação chuvosa, na planta 1 houve diminuição desses compostos em relação à estação seca, e, na planta 27, houve aumento do teor desses compostos em relação à estação seca. O agrupamento de Tocher revelou cinco grupos distintos, sendo que o grupo 1 reuniu a maioria das plantas tanto em estação seca, quanto em chuvosa, indicando que a época do ano avaliada não interferiu de forma significativa na composição do óleo essencial da maioria das plantas. Apenas as plantas 16, 29, 1 e 15 foram alocadas em grupos distintos, ou seja, ocorreram diferenças importantes entre a estaçãoseca e a chuvosa. A estação chuvosa apresentou os maiores teores de óleo essencial. A espécie apresenta variabilidade na composição química entre indivíduos na mesma população e entre épocas de avaliação, o que sugere a necessidade de definir estratégias de coleta de germoplasma apropriadas à variabilidade observada em populações da espécie.

Agradecimentos: Apoio Financeiro FAPEMIG, CNPq, SESU-PET e CAPES.

RELATIONSHIP BETWEEN PHENOTYPIC TRAITS OF AUSTRALIAN KING PALM

Keny Henrique Mariguele[1]; Fábio Martinho Zambonim; Alexandre Visconti; Terezinha Catarina Heck

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina – Estação Experimental de Itajaí (EPAGRI/EEI), Itajaí-SC, Brasil, kmariguele@hotmail.com

Simple correlation allows the magnitude and meaning of an association between two traits to be evaluated, without providing the required information about the direct and indirect effects of a group of traits in relation to a dependent variable of greater importance. In certain cases, simple correlation coefficients may produce significant misunderstandings about the relationship that exists between two variables, and may not represent an actual measurement of cause and effect. A more informative measure of the relationship between variables is the coefficient of partial correlation, which is estimated by removing the effects of other variables on the association under study. Besides, path analysis is a technique that allows the effects of several independent variables on a basic variable to be studied; estimates for those variables are obtained by means of regression equations, in which the variables are initially standardized. The aim of this study was to estimate simple and partial coefficients of correlation, as well as to divide their effects into direct and indirect using path analysis for phenotypic traits of Australian king palm. An Archontophoenix spp population with 539 plants was assessed to five traits: plant height (one year before the harvest), plant height and stem diameter (at harvest), edible basal stem and premium heart-of-palm yield. The harvest occurred in 3.5 year after planting and the data analyses were performed using the GENES software. Based on the eigenvalues of the correlation matrix, we obtained condition numbers of 26.99 for traits. Since these values were below 100, they indicate a weak multicollinearity, and a path analysis could be run, as the estimates were not biased. Among the ten pairs of simple correlation, three were not significant: the two plant heights/edible basal stem yield and edible basal stem yield/premium heart-of-palm yield. The other correlations were significant and ranged from 0.44 - plant height one year before the harvest/premium heart-of-palm yield - up to 0.88 - between the two plant height measurements. However, when the effects of other traits were removed from the model to estimate partial correlations, only two relationships were significant: steam diameter/premium heart-of-palm yield and the two plant height measurements, 0.53 and 0.84, respectively. The premium heart-of-palm was used as the dependent variable, because it is the characteristic of greater economic interest, while the others were considered independent. The direct effects of plant height one year before the harvest, plant height at harvest and the stem diameter on the dependent variable was 0.01, 0.27 and 0.56, respectively. The indirect effects of plant height one year before the harvest via plant height at harvest and stem diameter were 0.24 and 0.22, respectively. The indirect effect of plant height at harvest via stem diameter was 0.28, that value similar to the direct effect (0.27). As for stem diameter, the direct effect was the highest magnitude, compared to the indirect effects. The results of this work led to the conclusion that practicing selection based on simple correlation estimates may not be convenient, since not always a cause and effect relationship can be verified between both traits. Among the traits, stem diameter showed values of larger magnitudes, either by direct or indirect effect, with premium heart-of-palm.

Financial Support: FAPESC

NOVAS OPÇÕES DE *PASPALUM* SPP. PARA GRAMADOS

Liana Jank[1]; Francisco de Souza[2]; Frederico Matta[3]; Rosangela Simeão[4]

[1] Engenheira Agrônoma, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil, liana.jank@embrapa.br.

[2] Engenheiro Agrônomo, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, francisco.dubbern-souza@embrapa.br.

[3] Engenheiro Agrônomo, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, frederico.matta@embrapa.br..

[4] Bióloga, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil, rosangela.simeão@embrapa.br.

Paspalum spp. é um género muito grande composto por mais de 400 espécies identificadas que foram agrupadas em 20 grupos taxonômicos. No Brasil, existem cerca de 220 espécies nativas. A Embrapa Pecuária Sudeste, localizada em São Carlos, Estado de São Paulo, mantém um grande banco de germoplasma do gênero com mais de 320 acessos de 37 espécies coletadas em várias regiões do país. A maior parte desta coleção é de acessos com potencial forrageiro, entretanto, há diversos acessos e espécies que tem potencial para uso como gramados para jardins e aeroportos. Por outro lado, há carência de opções de gramados no país que tenham boa cobertura de solo, sejam persistentes, e necessitem de pouca manutenção. Um projeto coordenado pela Embrapa Pecuária Sudeste está em andamento e tem como objetivos a avaliação de acessos para utilização como gramados em diversas regiões do país. Um experimento foi realizado em Campo Grande, MS, com 27 acessos pertencentes a dez espécies em parcelas de 1,0 a 1,5 m^2 com três repetições. As parcelas foram estabelecidas com mudas individuais espaçadas de 15 cm uma da outra em fevereiro de 2011 e avaliadas quanto à sobrevivência das mudas, cobertura do solo, produção de forragem e número de cortes de manutenção necessários. No começo da estação chuvosa, em novembro, as parcelas foram cortados a uma altura de cinco centímetros do solo e a cada quinze dias, a forragem acima de 5 cm foi cortada. A forragem cortada foi pesada e seca em estufa de ventilação forçada a 65° C durante 72 horas, quando foi novamente pesada para determinação da produção de matéria seca. Os dados foram analisados pelo uso do SAS. Dos 27 acessos, nove apresentaram mais de 80% de sobrevivência 45 dias após o plantio, e mais de 80% de cobertura de solo quatro meses após o plantio. Estes foram: *P. modestum* números 2 e 5, *P. lividum* número 4, *P. rhodopedum* número 8, *P. notatum* números 13, 20 e 22 e *Paspalum* sp. número 18. O acesso *Paspalum oteroi* número 12 mostrou pouca sobrevivência das plantas, mas boa cobertura do solo. Um ano após o plantio, a cobertura do solo dos acessos variou de 3,4 m^2 a 32 m^2. A produção de matéria seca total na estação chuvosa variou de 0,3 a 1,0 kg/m^2 em um máximo de 11 cortes por ano. Os acessos números 2, 4 e 5 produziram menos de 400 g/m^2 em nove cortes, o que é altamente desejável para um gramado. Considerando maior cobertura do solo e menor número de cortes necessários, produção de matéria seca e florescimento adequado para coleta de sementes, os acessos das espécies *P. modestum*, *P. oteroi*, *P. lividum* e *P. notatum* mostraram grande potencial para serem usados como gramado, mostrando o grande potencial deste germoplasma.

CARACTERIZAÇÃO PÓS-COLHEITA DE ACESSOS DE MANGABA

Priscilla Santana Santos[1]; Josefa Grasiela Silva Santana[2]; Lisiane dos Santos Freitas[3]; Mayra Crystiane de Aragão Batista[4]; Álida Siqueira Perrucho Mittaraquis[4]; Evandro Neves Muniz[5]; Ana Veruska Cruz da Silva[5]

[1]Doutoranda em Biotecnologia da Renorbio, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil, priscilla-santana1987@bol.com.br

[2]Mestranda em Agricultura e Biodiversidade, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil, grasi_agronomia@hotmail.com

[3]Docente, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, Sergipe, Brasil, lisiane_santos_freitas@yahoo.com.br

[4]Mestrandas em Ciência e Tecnologia de Alimentos, Universidade Federal de Sergipe, São Cristóvão, SE, Brasil, mcdabatista@hotmail.com; alidamittaraquis@hotmail.com

[5]Pesquisadores da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, Brasil, evandro.muniz@embrapa.br; ana.veruska@embrapa.br

A mangabeira (*Hancornia speciosa*) é uma árvore nativa do Brasil, pertencente à família Apocynaceae, sendo o Estado de Sergipe o maior produtor de frutos de mangaba, que são consumidos de forma *in natura* e processada. A indústria de processamento utiliza as frutas para a fabricação de doces, néctares, sucos e também a comercialização de pequenas frações congeladas. O objetivo do presente trabalho foi caracterizar os atributos de qualidade de frutos de mangaba dos acessos Preguiça (PR), Pontal (PT) e Terra Caída (TC) oriundos do Estado de Sergipe, pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Tabuleiros Costeiros, localizado no município de Itaporanga D'Ajuda (SE). Avaliaram-se as características físicas e físico-químicas dos frutos no estádio de maturação "de vez", tais como peso médio, diâmetros longitudinal e transversal, número de sementes, acidez total titulável (ATT), pH, sólidos solúveis (SS) e vitamina C. Os valores médios paro peso médio, diâmetros longitudinal e transversal e número de sementes dos acessos foram, respectivamente: 20,36g; 36,63mm; 30,75mm e 10 sementes (para o acesso PR); 23,29g; 38,19mm; 31,44mm e 14 (para o acesso PT) e 25,27g; 38,59mm; 33,38mm e 17 (para o acesso TC). O acesso PR foi significativamente o que apresentou menores valores em todas as características físicas avaliadas. Entretanto, seus frutos apresentaram maior conteúdo de vitamina C, juntamente com o acesso PT. Os valores médios de ATT variaram entre 1,36 a 1,48% de ácido cítrico; o pH variou entre 3,32 a 3,45; o teor de SS, entre 17,54 e 18,47ºBrix. O grande destaque foi para os altos conteúdos de vitamina C, que mesmo sendo significativamente menor no acesso TC, foram todos considerados altos: 313,12 (TC); 357,10 (PT) e 409,1515mg de Vit. C 100 g^{-1}MF (PR). Os frutos de mangaba dos acessos estudados apresentaram excelente qualidade nutricional. Estudos de caracterização dos acessos do BAG de mangaba devem ser contínuos para difusão de possibilidades de uso da fruta e conservação desse importante recurso genético.

Agradecimentos: Fapitec-SE; Embrapa Tabuleiros Costeiros.

ANÁLISE CITOLÓGICA DE ACESSOS DE ARAÇAZEIRO VISANDO ESTIMAR A FREQUENCIA DE GAMETAS NÃO REDUZIDOS, TIPO 2N

Rodrigo Miranda Barbosa[1]; Telma Nair Santana Pereira[2]; Maria Lorraine Fonseca Oliveira [3]; Matheus Henriques Tavares Benvindo Ribeiro[4]; Claudia Sales Marinho[5]; Alexandre Pio Viana[5]

[1] Mestrando, Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil, rodrigo_mb@yahoo.com.br.

[2] Ph. D., Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil, telmasp2012@gmail.com

[3] Doutoranda, Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil, fonsecaloliveira@gmail.com

[4] Graduando, Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil, matheushenrique30@hotmail.com

[5] Dr., Universidade Estadual do Norte Fluminense-UENF, Campos dos Goytacazes, RJ, Brasil, clsmarinho@gmail.com; pirapora.alexandre@gmail.com

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) tem um programa de melhoramento de goiabeira que visa o desenvolvimento de cultivares superiores. Uma das fontes de genes utilizadas pelos pesquisadores são os araçás (*Psidium cattleyanum* e *P. guineense*), que são considerados poliploides podendo ser encontrados citótipos tetraploides (4x) a octaploides (8x). A maioria das mirtáceas apresentam o número básico de cromossomos igual a 11. O objetivo desse estudo foi avaliar acessos de araçazeiros conservados na coleção *in vivo* da UENF, a frequência de gametas não reduzidos (2n) e a viabilidade polínica de dois acessos de araçá (*P. cattleyanum*): UENF-F1P1 e UENF-F2P1, ambos araçás amarelos que compõem a coleção de *Psidium* da Universidade. Nesse sentido, botões florais em diferentes estágios de desenvolvimento foram fixados em Carnoy 3:1 para a determinação da frequência de gametas não reduzidos e em álcool 70% para a viabilidade polínica. Para a frequência de gametas, cada lâmina foi preparada com vinte anteras por botão floral e foram *squashed* com gotas de carmim acético 1%. Para cada acesso, três lâminas foram preparadas e 300 produtos pós-meióticos (monades, díades, tríades, tétrades e políades) foram contados por lâmina, onde a tétrade é o produto pós-meiótico normal esperado. A frequência de gametas 2n foi estimada conforme a equação: 2D+Tr/2D+3Tr+4T x100. Para a viabilidade polínica, cerca de dez anteras foram *squashed* em gotas da coloração tripla de Alexander, sendo preparadas três lâminas por acesso, e em cada lâmina foram contados e classificados 300 grãos de pólen. Os grãos de pólen foram classificados em inviáveis e viáveis, sendo os viáveis àqueles com o protoplasma corado de vermelho/purpura; enquanto que os inviáveis apresentaram os grãos de pólen vazios, ou com o protoplasma contraído, ou com formato anormal. A porcentagem da viabilidade foi estimada pela relação entre o total de pólens viáveis/total de pólens. Todas as lâminas foram observadas sob microscópio óptico (Olympus BX60) e as imagens foram capturadas com o auxílio de *cell Sens Standard* 1.8 (Olympus). Os resultados preliminares sugerem que os acessos aqui estudados são tetraploides com 2n=4x=44. O acesso F1P1 apresentou uma frequência de gametas não reduzidos de 11,17%, um valor considerado mediano, e o acesso F2P1 apresentou frequência 2n de 31,28%, um valor considerado alto, sendo a tríade o produto pós-meiótico anormal mais frequente para F1P1, com 26,66% e para F2P1 foi a díade, com frequência de 36%. A alta ocorrência de díades e tríades sugere que o mecanismo de restituição na segunda divisão é o responsável por esses gametas 2n, ocorrendo por falha na citocinese da meiose II. Também foi observado a ocorrência de citomixia, que são conexões citoplasmáticas entre as células mãe do pólen por onde organelas e material genético podem ser trocados, que pode causar a formação de gametas desbalanceados ou 2n. A viabilidade polínica foi de 68% (UENF-F1P1) e 53,77% (UENF-F2P1), valores considerados medianos a baixos. Foram observados, também, muitos grãos com protoplasma contraído e formas e tamanhos irregulares, sendo que UENF-F1P1 apresentou 5,66% de grãos de pólen com quatro poros germinativos, e 3% com cinco poros, e o acesso UENF-F2P1 apresentou 10,66% de grãos com dois poros germinativos, 12% com quatro poros e 16% com 5 poros, característica relacionada a natureza poliploide dos acessos. O normal para o gênero são três poros germinativos.

Agradecimentos: Apoio FAPERJ.

QUANTIFICAÇÃO DE FLAVONOIDES E FENÓLICOS TOTAIS EM EXTRATOS DE FOLHA DE *PASSIFLORA RACEMOSA*, *P. MUCRONATA* E HÍBRIDO (PASSIFLORACEAE)

Anne Ramos de Santana[1]; José Luiz Carneiro da Rocha[2]; Igor Kennedy Pereira de Oliveira[3]; Phablo Vinicius dos Santos Carneiro[3]; Clayton Queiroz Alves[4]; Hugo Neves Brandão[5]

[1] Mestranda em Ciências Farmacêuticas, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, Bahia, Brasil, anneramosdesantana@gmail.com.

[2] Doutorando em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, Bahia, Brasil, luiz_farmaco@hotmail.com.

[3] Graduando em Ciências Farmacêuticas, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, Bahia, Brasil,

igor.kenedy@gmail.com; phablovinicius bio@hotmail.com

[4] Dr. em Química, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, Bahia, Brasil, cleiroz@yahoo.com.br

[5] Dr. em Química, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, Bahia, Brasil, hugo@uefs.br

Introdução: Dentre as espécies vegetais utilizadas com fins medicinais, o gênero *Passiflora* destaca-se pelo emprego em tratamentos de distúrbios da ansiedade. Esse gênero possui mais de 500 espécies catologadas, sendo que destas, apenas 6 tem o uso bem disseminado pela população. Essa atividade deriva da presença de substâncias de interesse farmacológico do gênero, o que o torna fonte de interesse para estudos e desenvolvimento de novos produtos fitoterapêuticos. Objetivos: Determinar o teor de flavonoides e fenólicos totais para caracterizar quimicamente extratos de *P. racemosa*, *P. mucronata* e o Híbrido originado do cruzamento dessas duas espécies. Metodologia: Foi obtido o extrato bruto metanólico através de secagem, pulverização e maceração das folhas coletadas. Esse foi particionado com os solventes orgânicos hexano, clorofórmio e acetato de etila. Para determinação do teor de flavonoides, utilizou-se o método espectrofotométrico, com reagente cloreto de alumínio. Os extratos secos obtidos foram diluídos com 10 mL de metanol e tiveram suas absorbâncias lidas com comprimento de onda em 415 nm. A partir dos resultados obtidos, foi construída uma curva de calibração com padrão quercetina e os resultados expressos em grama de quercetina equivalente (QE) por 100 gramas de extrato. Para determinação do teor de fenólicos totais, foi utilizado o método colorimétrico de Follin Ciocalteau. Os extratos foram diluídos em água e metanol, acrescidos de uma solução com reagente de Follin (1:10) e uma solução de carbonato de sódio 7,5%. Suas absorbâncias lidas no comprimento de onda 760 nm. Os resultados obtidos corroboraram para construção de uma curva de calibração com padrão ácido gálico, que passou pelo mesmo tratamento dos extratos. Os resultados foram expressos em grama de ácido gálico equivalente (AGE) por 100 gramas de extrato. Resultados e discussão: O conteúdo de flavonoides totais encontrados dentro das espécies variou de 1,62 g QE/100g a 6,93 g QE/100g, sendo que a fração acetato da *P. racemosa* não foi analisada, já que o material para análise era insuficiente. A espécie que apresentou teor de flavonoides totais mais alto foi a *P. mucronata* em sua fração de extrato clorofórmica. Já o conteúdo de fenólicos totais variou de 1,52 g AGE/100g a 9,64 g AGE/100g. A espécie que apresentou melhor teor de fenólicos totais foi a *P. mucronata* em seu extrato bruto metanólico. Tais dados mostram que a espécie *P. mucronata* possui melhor concentração de flavonoides e fenólicos totais quando comparada à espécie *P. racemosa*, e quando comparada ao Hibrido originado do seu cruzamento. Conclusões: O presente trabalho foi o primeiro estudo a quantificar as substâncias em questão no Hibrido originado do cruzamento de *P. racemosa* e *P. mucronata*.

Agradecimentos: UEFS, FAPESB e CAPES

A - Recursos genéticos animais

089 TRANSPOSIÇÃO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS PARA O PORTFÓLIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA A ALIMENTAÇÃO, AGRICULTURA E BIOINDÚSTRIA

Maria do Socorro Maues Albuquerque[1], **Alexandre Floriani Ramos**[1], **Samuel Rezende Paiva**[2], **Olivardo Facó**[3], **Kleibe de Moraes Silva**[3], **José Ribamar Felipe Marques**[4], **Paulo César Falanghe Carneiro**[5],**Sandra Aparecida Santos**[6], **Geraldo Magela Cortes Carvalho**[7], **Fábia de Mello Pereira**[7], **Monica Correa Ledur**[8], **Anderson Luiz Alves**[9], **Patricia Ianella**[1], **Clarissa Swilva Pires de Castro**[1], **Arthur Silva Mariante**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*, [2]*Embrapa Labex US - Secretaria Relações Internacionais - Brazil*, [3]*Embrapa Caprinos e Ovinos - Brazil*, [4]*Embrapa amazônia Oriental - Brazil*,[5]*Embrapa Tabuleiros Costeiros - Brazil*, [6]*Embrapa Pantanal - Brazil*, [7]*Embrapa Meio-Norte - Brazil*, [8]*Embrapa Suínos e Aves - Brazil*, [9]*Embrapa Pesca e Aquicultura - Brazil*

090 COLEÇÃO ENTOMOLÓGICA DE ABELHAS DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA

Carmen Sílvia Soares Pires[1], **Lucas Machado de Souza**, **Alex Antonio Torres Cortês de Souza**, **Eliana Maria Gouveia Fontes**[1], **Edison Ryoiti Sujii**; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

091 BANCO DE DNA E TECIDOS ANIMAL: QUANTITATIVO DO MATERIAL ESTOCADO ATÉ JULHO DE 2015

Gleison Ricardo de Biazio[1], **Maria do Socorro Maues Albuquerque**[1], **Alexandre Floriani Ramos**, **Silvia Tereza Ribeiro Castro**[1], **Andrea Alves do Egito**, **Samuel Rezende Paiva**[2], **Patricia Ianella**[1], **Arthur Silva Mariante**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*, [2]*Embrapa Labex US - Secretaria Relações Internacionais - Brazil*

092 EFEITO DO MOMENTO DA APLICAÇÃO DO BENZOATO DE ESTRADIOL EM PROTOCOLOS DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL EM TEMPO FIXO EM FÊMES DA RAÇA CURRALEIRO PÉ-DURO

Renato Santos, **Rodrigo Dorneles Tortorella**, **Heitor Castro Alves Teixeira**, **Manoel Avelino Paiva Neto**[1], **Alexandre Floriani Ramos**; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

093 PERFIL DE PROTEÍNAS TOTAIS DE LINHAGENS DE LEISHMANIA V. GUYANENSIS ANALISADAS POR ELETROFORESE BI-DIMENSIONAL.

Anna Clara Azevedo Silveira[1], **Fernando Fialho Pires**[1], **Vitelhe Ferreira Almeida**[1], **Handressa Magalhães Ferreira**[1], **Fabiana Silva Vieira Matrangolo**[1], **Silvane Maria Fonseca Murta**[2]; [1]*Universidade Estadual de Montes Claros - Brazil*, [2]*Fundação Oswaldo Cruz - Brazil*

094 PARÁMETROS CLÍNICOS DE LAS OVEJAS DE RAZA MORADA NOVA EN REGIÓN SEMIÁRIDA

Josiel Borges Ferreira[1], **Débora Andréa Evangelista Façanha**[2], **Magda Maria Guilhermino**, **Jacinara Hody Gurgel Morais Leite**, **Luís Alberto Bermejo Asensio**, **Walace Sostene Tavares da Silva**;[1]*Universidade Federal do Rio Grande do Norte - Brazil*, [2]*Universidade Federal Rural do Semi-Árido - Brazil*

095 AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO DE PRODUTOS DE CRUZAMENTOS ENTRE CURRALEIRO PÉ-DURO E RAÇAS COMERCIAIS EM SISTEMAS SILVIPASTORIL E EM PLENO SOL

Marcilio Nilton Lopes da Frota[1], **Geraldo Magela Cortes Carvalho**[1], **Maria Socorro de Souza Carneiro**, **Glayde Maria Carvalho Veras**[2], **Anisio Ferreira Lima Neto**, **Fernando Braga Rimá**[2], **Felipe Vieira da Silva**[2], **Raimundo Nonato Moraes Costa**[2]; [1]*Embrapa Meio-Norte - Brazil*, [2]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Maranhão - Brazil*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Terça-feira, 27 de outubro

A - Recursos genéticos animais

TRANSPOSIÇÃO DA REDE DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS PARA O PORTFÓLIO DE RECURSOS GENÉTICOS PARA A ALIMENTAÇÃO, AGRICULTURA E BIOINDÚSTRIA

Maria do Socorro Maués Albuquerque[1]; Alexandre Floriani Ramos[2], Samuel Rezende Paiva[3], Olivardo Facó[4], Kleibe de Moraes Silva[5], José Ribamar Felipe Marques[6], Paulo Sérgio Falanghe Carneiro[7], Sandra Aparecida Santos[8], Geraldo Magela Cortes de Carvalho[9], Fábia de Mello Pereira[10], Mônica Corrêa Ledur[11], Anderson Luiz Alves[12], Patrícia Ianella[13], Clarissa Silva Pires de Castro[14], Arthur da Silva Mariante[15]

[1]Engenheira Agrônoma, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, socorro.maues@embrapa.br

[2]Médico Veterinário, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, alexandre.floriani@embrapa.br

[3]Biólogo, Embrapa Secretaria de Relações Internacionais -SRI, Brasília, DF, samuel.paiva@embrapa.br

[4]Médico Veterinário, Embrapa Caprinos e Ovinos, Sobral, CE, DF, olivardo.faco@embrapa.br

[5]Zootecnista, Embrapa Caprinos e Ovinos, Sobral, CE, kleibe.silva@embrapa.br

[6]Zootecnista, Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA, ribamar.marques@embrapa.br

[7]Engenheiro Agrônomo, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, paulo.carneiro@embrapa.br

[8]Zootecnista, Embrapa Pantanal, Corumbá, MS, sandra.santos@embrapa.br

[9]Zootecnista, Embrapa Meio Norte, Teresina, PI, geraldo.carvalho@embrapa.br

[10]Engenheira Agrônoma, Embrapa Meio Norte, Teresina, PI, fabia.pereira@embrapa.br

[11]Zootecnista, Embrapa Suínos e Aves, Concórdia, SC, monica.ledur@embrapa.br

[12]Biólogo, Embrapa Pesca e Aquicultura, Palmas, TO, anderson.alves@embrapa.br

[13]Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, patrícia.ianella@embrapa.br

[14]Química, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, clarissa.castro@embrapa.br

[15]Engenheiro Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, arthur.mariante@embrapa.br

Diante do rápido desaparecimento das raças localmente adaptadas brasileiras, há três décadas a Embrapa em parceria com outras instituições de pesquisa e ensino, vêm somando esforços no desenvolvimento de ações voltadas à conservação dos recursos genéticos animais (RGA). Atualmente essas ações estão contempladas na Rede de Recursos Genéticos Animais-Rede Animal que é um dos quatro projetos que compõe a Plataforma Nacional de Recursos Genéticos. A Rede Animal é formada por um projeto de gestão e cinco projetos de pesquisa com o foco em caracterização, conservação *ex situ* e conservação *in situ* de RGA de grande porte, de pequeno porte e nativos com potencial econômico. Os projetos de conservação *in situ* estão direcionados para as raças localmente adaptadas das espécies bovina, bubalina, equina, asinina, ovina, caprina, suína e aves, além de abelhas meliponíferas, peixes e quelônios. Criada em 2009, a Plataforma estava prevista para quatro anos podendo ser prorrogada por igual tempo. Por diversos motivos o projeto estendeu-se até dezembro de 2015 quando será sucedido, por outro Projeto em Rede. Para dar continuidade às ações contidas na Rede Animal e assegurar a Conservação dos RGA no Brasil está sendo proposta para os próximos cinco anos uma nova estrutura de Projeto em Rede, denominado Vertente Animal como parte do Portfólio de Recursos Genéticos para a Alimentação Agricultura e Bioindústria - REGEN. A nova estrutura está restrita às ações de manutenção dos acervos, que no caso de animais, trata-se dos Núcleos de Conservação e dos Bancos de Germoplasma e de DNA e Tecidos. A Vertente Animal será estruturada em 11 Projetos Componentes, que englobam um total de 58 Planos de Ação - PAs. Estes PAs estão sob a responsabilidade de 13 Unidades Descentralizadas da Embrapa, distribuídas em diferentes regiões do país e contarão com a parceria de Universidades, Empresas Estaduais de Pesquisa, Associação de Criadores, criadores particulares. A Vertente Animal contempla ações de conservação, enriquecimento da variabilidade genética, caracterização, avaliação e formação da base de dados com foco em Recursos Genéticos Animais a ser disponibilizada ao público, além de ações para a implantação dos requisitos corporativos de qualidade nos NC e Bancos e de legislação em RGA. Desta forma, a Vertente Animal deste Portfólio terá como objetivos garantir a conservação, o enriquecimento e a manutenção dos acervos de recursos genéticos animais, representativos de espécies/raças de uso atual e potencial, atualmente mantidos em Núcleos de Conservação e Bancos de Germoplasma da Embrapa visando a assegurar a máxima variabilidade genética para disponibilização futura.

COLEÇÃO ENTOMOLÓGICA DE ABELHAS DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA

Carmen S. S. Pires[1]; Lucas M. de Souza[1]; Alex A. T. Cortes de Sousa[2]; Eliana M. G. Fontes[1]; Edison R. Sujii[2]

[1] Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, carmen.pires@embrapa.br

[2] Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil

A conservação dos recursos genéticos de abelhas é de grande importância para a sustentabilidade dos agroecossistemas. As abelhas são responsáveis pelo provimento do serviço ecológico de polinização a uma parcela expressiva de espécies silvestres e de plantas usadas, tanto na alimentação quanto outros produtos da agricultura. Além disso, a criação de abelhas indígenas para a produção de mel vem se desenvolvendo em todas as regiões do país e representa uma importante fonte potencial de renda para pequenos agricultores. A conservação e uso adequado desses recursos genéticos dependem primariamente do conhecimento da diversidade de abelhas presentes nos agroecossistemas e de suas interações com as plantas visitadas. A abundância e a diversidade das abelhas podem também servir como indicador biológico da perturbação antrópica e nível de degradação ambiental causado por práticas agronômicas inadequadas, favorecendo a seleção de estratégias mais sustentáveis para a produção agropecuária. Os objetivos desse trabalho são: a) divulgar a estrutura organizacional de uma Coleção Entomológica de Trabalho e os protocolos utilizados para o depósito de novos exemplares; b) disponibilizar o acervo entomológico do Laboratório de Ecologia e Biossegurança (LEB). O LEB da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen) localizado em Brasília, Distrito Federal, mantém a mais de 10 anos uma Coleção Entomológica de Abelhas. Essa é uma Coleção de Trabalho cujos resultados são provenientes de diferentes projetos de pesquisa. Com o propósito de reunir informações sobre a diversidade da fauna de abelhas associadas às áreas agrícolas, os exemplares foram amostrados em diferentes sistemas agrícolas de produção (propriedades orgânicas e/ou agroecológicas e convencionais) e em áreas de vegetação natural presente no entorno das propriedades agrícolas. Grande parte do material depositado na Coleção foi coletada em áreas de plantios de algodoeiro no Distrito Federal, Goiás, Mato Grosso e Paraíba, bem como em áreas de produção de hortaliças no entorno do DF. Atualmente o acervo tem mais de 16 mil exemplares distribuídos nas famílias Andrenidae (1,90%), Apidae (91,39%), Colletidae (0,09%), Halictidae (5,90%) e Megachilidae (0,72%), e está 100% (288) identificado em nível de gênero e 54,51% (157) em nível de espécie. Os espécimes estão depositados também em coleções registradas no Conselho de Gestão do Patrimônio Genético (CGEN) como fiéis depositárias. As seguintes informações dos espécimes são mantidas em bancos de dados: local e data de coleta, coordenadas geográficas, método de coleta, plantas onde os indivíduos foram coletados. Informações sobre horário de coleta e alguns comportamentos das abelhas nas flores também estão armazenados no banco de dados dos respectivos projetos em que foram coletadas. Portanto, a estrutura da Coleção Entomológica do LEB e a diversidade de abelhas ficam disponíveis a estudantes, difusores de tecnologia, extensionistas, pesquisadores e cientistas como material comparativo e de referência para estudos taxonômicos e ecológicos.

Agradecimentos: CNPq, Finep, Facual, UNEP/FAO/GEF, MMA pelo financiamento e aos taxonomistas Fernando A. da Silveira, Antônio Aguiar e Favísia Freitas pela identificação taxonômica do material.

BANCO DE DNA E TECIDOS ANIMAL: QUANTITATIVO DO MATERIAL ESTOCADO ATÉ JULHO DE 2015

Gleison Ricardo de Biazio[1], Maria do Socorro Maués Albuquerque[2], Alexandre Floriani Ramos[3], Silvia Tereza Ribeiro Castro[4], Andréa Alves do Egito[5], Samuel Rezende Paiva[6], Patrícia Ianella[7], Arthur da Silva Mariante[8]

[1]Biólogo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail: gleison.biazio@embrapa.br

[2]Engenheira Agrônoma,Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail: socorro.maues@embrapa.br

[3]Médico Veterinário, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, alexandre.floriani@embrapa.br

[4]Médica Veterinária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail:silvia.castro@embrapa.br

[5]Médica Veterinária, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, e-mail:andrea.egito@embrapa.br

[6]Biólogo, Embrapa Secretaria de Relações Internacionais-SRI, Brasília, DF, e-mail:samuel.paiva@embrapa.br

[7]Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, e-mail:patricia.ianella@embrapa.br

[8]Engenheiro Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, arthur.mariante@embrapa.br

Os bancos de DNA podem ser considerados coleções estratégicas para o estudo da biodiversidade, sendo sua implementação extremamente importante para a moderna ciência da conservação. A caracterização molecular é importante para estimar os parâmetros genéticos que aliados a parâmetros fenotípicos fornecerão subsídios valiosos para os programas de conservação e melhoramento. Com o objetivo de dar suporte aos trabalhos de caracterização genética das raças que fazem parte do programa de conservação de recursos genéticos no Brasil foi criado, em 1998, o Banco de DNA e Tecidos Animais da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, no Laboratório de Genética Animal – LGA. Desde então, o Banco de DNA tem sido enriquecido por pesquisadores da Embrapa e parceiros de diversas universidades, instituições estaduais de pesquisa, associações de raças e criadores particulares, não apenas com material genético de raças localmente adaptadas, como também de raças comerciais e algumas espécies nativas com potencial econômico, necessárias para os trabalhos de caracterização genética. Após a coleta, o material genético (sangue, sêmen, pelos, penas e outros tecidos animais) é enviado para o LGA, onde é processado para posterior extração do DNA e armazenado. Cada amostra de DNA é dividida em duas alíquotas, sendo uma armazenada no Banco (freezer a -80^{o}C) e outra guardada a -20^{o}C, para ser utilizada em trabalhos de pesquisa. Por se tratar de armazenamento por longo prazo, é exigido que o DNA seja de alta qualidade o que justifica a preferência de usar sangue para sua obtenção. Neste caso, o DNA é extraído dos linfócitos, seguindo a metodologia de Miller *et al. (*1988). O Banco mantém atualmente 11.850 amostras de DNA, assim distribuídas: 3.246 bovinos, 638 bubalinos, 799 equinos, 151 asininos, 4.519 ovinos, 1.205 caprinos, 607 suínos, 188 aves, 224 peixes e 273 quelônios, além de 736 amostras de tecidos. A criação do Banco de DNA propiciou o avanço das pesquisas em caracterização dos recursos genéticos animais, já que a partir de sua formação, foi possível disponibilizar o DNA necessário para realizar análises moleculares que possibilitaram a determinação de parâmetros genéticos importantes para a agregação de valor às raças localmente adaptadas. Várias dissertações de mestrado e teses de doutorado realizadas a partir de amostras desse Banco têm permitido um maior conhecimento sobre as raças localmente adaptadas, mantidas nos Núcleos de Conservação da Embrapa e por instituições parceiras.

Agradecimentos: O nosso agradecimento especial aos curadores das Unidades Descentralizadas da Embrapa e aos demais colaboradores pelo esforço para o enriquecimento do Banco.

EFEITO DO MOMENTO DA APLICAÇÃO DO BENZOATO DE ESTRADIOL EM PROTOCOLOS DE INSEMINAÇÃO ARTIFICIAL EM TEMPO FIXO EM FÊMES DA RAÇA CURRALEIRO PÉ-DURO

Renato dos Santos[1]; Rodrigo Dorneles Tortorella[2]; Heitor Castro Alves Teixeira[3]; Manoel Avelino Paiva Neto[4]; Alexandre Floriani Ramos[5]

[1] Médico Veterinário, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, santosc.renato@hotmail.com

[2] Médico Veterinário, Doutor, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, rodrigodtortorella@gmail.com

[3] Médico Veterinário, Doutor, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, heitortx@gmail.com

[4] Técnico, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, manoel.paiva@embrapa.br.

[5] Pesquisador , Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, alexandre.floriani@embrapa.br.

O aumento da população humana levou a uma conjuntura de crescente demanda por proteína animal. Aliado a este fator, o cenário que aponta para mudanças climáticas aumentando a temperatura global e alterando a distribuição pluvial ao longo dos anos fortalece a necessidade da utilização de genótipos mais adaptados à condições hostis. Neste contexto, as regiões de clima tropical seco ainda representam um grande potencial para ser explorado, e o uso de animais localmente adaptados pode ser uma alternativa de produção de carne com baixo investimento e de grande importância para a segurança alimentar. Para isso, aspectos reprodutivos das raças localmente adaptadas precisam ser melhor estudados. O objetivo do trabalho foi caracterizar como o momento da aplicação do benzoato de estradiol (BE) influenciou na resposta folicular de fêmeas da raça Curraleiro Pé-Duro em um protocolo de inseminação artificial em tempo fixo (IATF). No experimento, fêmeas (n=12) cíclicas, solteiras e com condição corporal média 3 (1-5), receberam um dispositivo intravaginal contendo 1g de progesterona (P4) durante oito dias e 2 mg de BE intramuscular (IM) no momento da inserção do dispositivo (dia 0). No dia da retirada do dispositivo (dia 8) todas as vacas receberam 150 µg de D-cloprostenol Sódico IM e 300 UI de gonadotrofina coriônica equina (eCG) IM. As fêmeas foram então separadas para receber 1 mg de BE IM no dia da retirada do dispositivo (BE0; n=6) ou 24 horas após (BE24; n=6). Os animais foram utilizados em um delineamento experimental em que todos participaram de ambos os tratamentos (*crossover*). O crescimento folicular foi acompanhado a partir do dia 8 a cada 24 horas até o dia 10. A partir desse momento, o folículo dominante (FD) foi avaliado a cada seis horas até a identificação da ovulação ou 96 horas da retirada do dispositivo. Os tratamentos BE0 e BE24 foram eficientes em sincronizar 92% (11/12) e 83% (10/12) das fêmeas, respectivamente, sendo considerado o tratamento eficiente, na presença de FD maior que 8 mm após a retirada da P4. O momento da aplicação do BE (BE0 vs BE24) não teve efeito (P<0,05) no tamanho do folículo ovulatório (11,5 ± 0,5 mm vs 12,2 ± 0,5 mm) e na taxa de ovulação (73%, 8/11 vs 100%, 10/10). O tempo para ovulação em relação à retirada da P4 foi menor no tratamento BE0 (58 ± 2 h vs 73 ± 3 h; P<0,05), contudo o tratamento BE24 proporcionou maior sincronia das ovulações (P=0,06). Protocolos hormonais que possibilitam a maior sincronia da ovulação são vantajosos devido à possibilidade da escolha do melhor momento para a IATF. Ainda, o prolongamento do intervalo das ovulações leva a um maior desafio ao sêmen manter-se viável e apto a fecundar o ovócito. Em conclusão, quando o BE foi aplicado no momento da retirada do dispositivo (dia 8), o tempo para ovulação foi menor, entretanto, o intervalo entre a primeira e última ovulação foi maior. Neste contexto, é interessante o uso do tratamento BE24 em função da maior probabilidade de taxa de prenhez em um programa de IATF.

Agradecimentos: Ao CNPq, Capes e FAP-DF pelo apoio financeiro.

PERFIL DE PROTEÍNAS TOTAIS DE LINHAGENS DE *LEISHMANIA V. GUYANENSIS* ANALISADAS POR ELETROFORESE BI-DIMENSIONAL

Anna Clara Azevedo Silveira[1]; Fernando Fialho Pires[1]; Vitelhe Ferreira de Almeida[1]; Handressa Magalhães Ferreira[1]; Fabiana da Silva Vieira Matrangolo[2]; Silvane Maria Fonseca Murta[3].

[1] Acadêmicos de curso de Ciências Biológicas Bacharelado, Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Montes Claros, Minas Gerais, Brasil cakala8@gmail.com

[2] Professora Doutora - Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Montes Claros – Minas Gerais, Brasil. fabianasvm@gmail.com

[3] Professora Doutora, Laboratório de Parasitologia Celular e Molecular, Centro de Pesquisas René Rachou- Fiocruz, Belo Horizonte, Minas Gerais, Brasil - silvane@cpqrr.fiocruz.br

O parasito Leishmania é distribuído em todo o mundo e as leishmanioses correspondem a patologias com sinais e sintomas diversos. Atualmente, a quimioterapia das Leishmanioses se baseia na utilização dos antimoniais pentavalentes e da Anfotericina B. A alta toxicidade desses fármacos, alto custo e a ocorrência de cepas resistentes ao tratamento são pontos relevantes que direcionam para a busca de novos alvos para quimioterapia. Diversos mecanismos de resistência de *Leishmania* aos antimoniais e antifolatos foram descritos na literatura, evidenciando a plasticidade do genoma do parasito. No entanto, muitas questões ainda persistem devidas, em parte, à variabilidade interespecífica do parasito. Como a grande maioria dos estudos realizados nesta área empregou espécies de *Leishmania* do Velho Mundo, pouco se sabe acerca dos mecanismos de resistência a drogas nas espécies endêmicas em nosso país. Estudos do proteoma desses parasitos têm permitido o conhecimento de vias metabólicas celulares e a possibilidade da identificação de novos alvos quimioterapêuticos, marcadores biológicos que possam ser utilizados para diagnósticos ou prognóstico das doenças e novas moléculas bioativas. **Objetivos:** Obter extratos de proteína total concentrados em tampão de lise, em triplicata; e realizar separação das proteínas por eletroforese bi-dimensional utilizando uma faixa de pH 7-13 NL de linhagens de *L.V Guyanensis* sensíveis e resistentes ao tártaro potássico de antimônio (SbIII). **Material e métodos:** As linhagens de *L.V guyanensis* foram crescidas na presença da droga. Para obtenção de extrato protéico, formas promastigotas de Leishmania spp., obtidas na fase exponencial de crescimento em meio M199 foram lavadas e sedimentadas por centrifugação a 200g por 10 min a 4ºC. Após duas lavagens, os sedimentos contendo as massas de parasitos foram armazenados à -70^{o}C. Para preparo do extrato protéico, 100 µL tampão de lise foi adicionado a cada 3 x 10^{8} parasitos. A concentração proteica foi determinada pelo método de Bradford modificado em triplicata. A focalização isoelétrica realizada em fitas de IPG de 17cm com gradientes de pH 3-10 NL BioRad. Posteriormente as fitas IPG foram separadas em eletroforese em gel de poliacrilamida (SDS-PAGE) a 12%. Após a separação as proteínas foram fixadas e os géis foram corados, utilizando-se azul de Coomassie coloidal G-250. **Resultados e Discussão:** O extrato de proteínas totais obtido apresentou em média 10 mg/mL de proteína para o extrato menos concentrado, R1, e 15 mg/mL para o mais concentrado, WT2. Os resultados mostraram que quando as proteínas totais, das formas promastigotas na fase exponencial de crescimento das linhagens LgWTS e LgR, foram aplicadas em fitas IPG de 17cm com gradiente de pH 3-10NL a maioria dos spots proteicos se concentrou na região de pH entre 4 a 7; e os perfis de proteínas obtidos em géis 2-DE foram altamente reprodutíveis em relação ao número total, à localização e à intensidade dos spots.

Agradecimentos a FAPEMIG, PDTIS/CPqRR, CNPq, UNIMONTES.

PARÁMETROS CLÍNICOS DE LAS OVEJAS DE RAZA MORADA NOVA EN REGIÓN SEMIÁRIDA

Josiel Borges Ferreira[1]; Débora Andréa E. Façanha[2]; Magda Maria Guilhermino[1]; Jacinara Hody G. Morais Leite[2]; Luís Alberto B. Asensio[3]; Walace Sostene T. da Silva[2]

[1]Departamento de Zootecnia – UFRN. RN, Brasil. E-mail: jjosielborges@hotmail.com

[2]Departamento de Ciência Animal – UFERSA. RN, Brasil.

[3]Departamento de Ingeniaría, Producción e Economía Agrícola – Universidad de La Laguna. Tenerife – Spain.

Con la introducción de los animales de la raza Morada Nova en un ambiente cálido y seco, con características edafoclimáticas particulares, se produjeron modificaciones en sus estructuras ataptativas. Una adaptación a este tipo de ambientes hizo que estos animales desarrollaran un pelo más corto y adecuado a la región, dando origen a la raza Morada Nova. Los valores de referencia utilizados en la evaluación de una especie para la producción animal, son necesarios para la obtención de informaciones útiles, permitiendo un correcto diagnóstico de los procesos patológicos y homeostáticos. Este trabajo tiene como objetivo analizar los parámetros clínicos de las ovejas de raza Morada Nova, de acuerdo con la condición corporal y la edad, en sistemas de producción extensivos en región semiárido. El trabajo se realizó en 29 rebaños de 5 estados de la región Nordeste de Brasil, estudiando cerca del 90% de los efectivos de ovino de Morada Nova de la región los pastizales nativos de la Caatinga (Sabana). Se estudiaron 382 hembras con buen estado de salud y en edad reproductiva, divididas en grupos de edad (hasta 12 meses, 13–23 meses; 24–35 meses y más de 36 meses). Además, se establecieron 3 intervalos de condición corporal (1–2,25/2,5–3,5/3,75–5). Los parámetros clínicos analizados fueron: FR, TR y la concentración de las hormonas T_3 y T_4, analizadas mediante espectrofotometría utilizando el analizador bioquímico automático HumaStar80. Se realizó el análisis descriptivo de los resultados y posteriormente se realizó un análisis de varianza. Los valores clínicos de FR y TR que permanecen próximos a los valores de referencia para la especie ovina. Sin embargo, los valores medios de T_3 y T_4 se distancian considerablemente de los encontrados en la literatura. Estas hormonas tienen un papel esencial en la síntesis proteica y por tanto, en el aumento del calor metabólico. En esta situación, los animales mostraron valores más elevados de T_3 como resultado de una mayor conversión de T_4 en T_3. Este hecho permite afirmar que las ovejas de raza Morada Nova utilizan este mecanismo hormonal para aumentar su tasa metabólica, mostrando un comportamiento adaptativo diferente en relación a las otras razas. Teniendo en cuenta la condición corporal y la edad, los animales presentan mayores valores en los parámetros clínicos en la medida que aumenta la edad y la condición corporal. Podemos concluir que los parámetros clínicos de los ovinos de raza Morada Nova se diferencia de acuerdo con la condición corporal y la edad, por otra parte, estos parámetros clínicos pueden ser indicadores de homeostasis en el ambiente al que estaban expuestos.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

AVALIAÇÃO DO DESEMPENHO DE PRODUTOS DE CRUZAMENTOS ENTRE CURRALEIRO PÉ-DURO E RAÇAS COMERCIAIS EM SISTEMAS SILVIPASTORIL E EM PLENO SOL

Marcílio da Frota[1], Geraldo Carvalho[1]; Maria Socorro Carneiro[3], Anísio Lima Neto[1]; Gleyde Veras[2], Fernando Rimá[2], Felipe da Silva[2], Raimundo Costa[2]

[1] Embrapa Meio-Norte, Teresina, Piauí, Brasil, marcílio.frota@embrapa.br.

[2] Instituto Federal do Maranhão, Campus de Codó, Maranhão, Brasil,

[3]Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, Ceará

O objetivo deste estudo, ora em andamento, é avaliar o uso de touros Curraleiro Pé-Duro em cruzamentos para carne com qualidade em sistema silvipastoril de integração Babaçu/Mombaça, e em pleno sol (capim Mombaça). Foram avaliados o crescimento (ganho de peso) e nível de infestação de ectoparasitas *(Boophilus microplus)* em dois grupamentos genéticos envolvendo produtos de cruzamentos de Curraleiro Pé-duro (CPD). O trabalho está sendo executado no campo experimental do Instituto Federal do Maranhão, Campus de Codó-MA, localizado em 04º 27’ 19’’ latitude Sul e 43º 53’ 08’’ longitude oeste, com altitude de 47m. Cada sistema é composto de cinco piquetes de 4200 m² em pastejo rotacionado. Cada grupamento genético é composto por 12 animais, sendo o primeiro oriundo do cruzamento CDP x Nelore (Grupo 1) e o segundo oriundo do cruzamento do F_1(CPD-Nelore) + Senepol (Grupo 2). Os bezerros em avaliação foram alocados de forma equivalente nos sistemas, de modo que em cada sistema o pastejo é realizado por seis animais de cada grupamento. As pesagens são realizadas mensalmente com balança eletrônica, oportunidade em que é realizada a contagem de carrapatos em cada bezerro. A infestação por carrapatos é classificada em nula, baixa, moderada e alta, conforme a quantidade de fêmeas teleóginas com tamanho superior ou equivalente a 4 mm. A presença de 1 a 5 fêmeas é classificada como baixa, 6 a 20 moderada e acima de 20 alta, respectivamente. Os resultados parciais obtidos nas avaliações nos dois primeiros meses do período seco (maio e junho/2015) mostra ganho de peso nos dois sistemas, entretanto de forma diferenciada entre os agrupamentos genéticos. Este ganho foi superior no sistema em pleno sol considerando o somatório de todos os bovinos. Os animais ½ CPD + ½ Nelore do Grupo 1 se sobressaíram aos ¼ CPD + ¼ Nelore + ½ Senepol do Grupo 2 em ambos os sistemas. No sistema silvipastoril, o Grupo 1 apresentou ganho de peso de 15,3 kg/mês e a infestação de carrapatos variou de nula (17% dos animais) a baixa (83% dos animais). Já o Grupo 2 perdeu peso (1,6 kg/mês) e a infestação de carrapatos variou de moderada (33% dos animais) a alta (67 % dos animais). No sistema em pleno sol os animais do Grupo 1 ganharam 8,6 kg/mês enquanto que os do Grupo 2 apresentaram ganho de peso de 7,1 kg/mês. A infestação por carrapato no Grupo 1 foi menor no pelono sol e variou de nulo (18 % dos animais) a baixo (83%). Já no Grupo 2 a infestação variou de nula (17%) a baixa(50%) moderada (17%) e alta (16%), respectivamente. Entre os fatores que influenciam o ganho de peso foi observado que a presença de carrapatos é um fator importante. O sistema silvipastoril proporciona uma maior infestação por carrapatos, provavelmente por permitir um microclima mais favorável ao desenvolvimento de larvas infectantes. Entretanto, os animas CPD-Nelore (Grupo 1) parece ter uma menor predisposição a infestação do que os do Grupo 2 (1/2 Senepol) e conseguem ganhar peso mesmo com a pastagem infectada. Todavia as pesquisas ainda necessitam de mais avaliações nas fases de recria e terminação, quando também se avaliará o rendimento de carcaça e a qualidade da carne.

D - Temas transversais

096 USO DO PORTAL ALELO PARA SALVAGUARDA DE DADOS DE PROSPECÇÃO DE COMPOSTOS EFETIVOS NO CONTROLE DE FITONEMATOIDES
Gilberto de Oliveira Hiragi[1], **Thales Lima Rocha**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

097 CONSERVAÇÃO IN SITU EM TERRAS INDÍGENAS NO BRASIL
Terezinha Borges Dias[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

098 FERRAMENTA DE APOIO À PADRONIZAÇÃO DE TERMOS E CONCEITOS DE RECURSOS GENÉTICOS NO ÂMBITO DO PORTAL ALELO
Ana Flávia Nascimento Dias[1], **Gilberto de Oliveira Hiragi**[1], **Ivo Roberto Sias Costa**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

099 ATUAÇÃO DA COMISSÃO DE ÉTICA NO USO ANIMAL - CEUA/CENARGEN
Silvia Tereza Ribeiro Castro[1], **Fernanda Alvares da Silva**, **Margot Alves Nunes Dode**, **Paulo Sérgio Ribeiro de Mattos**, **Regivaldo Vieira de Sousa**, **Maria do Socorro Maues Albuquerque**[1], **Rosa de Belem Das Neves Alves**[1], **Carmen Sílvia Soares Pires**[1], **Maria Carolina Blassioli Moraes**, **Bruno Stéfano Lima Dallago**, **Rafael de Andrade**; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

100 CREACIÓN DEL INSTITUTO MEXICANO DE AGRODIVERSIDAD COMO PROYECTO ESTRATÉGICO PARA EL ESTUDIO, CONSERVACIÓN Y APROVECHAMIENTO DE LOS RECURSOS GENÉTICOS DE MÉXICO
Raúl Nieto Angel[1], **Eugenio Eliseo Santacruz de León**, **Rafael Angel Del Sagrado Corazón Ortega Paczka**[1], **Eduardo Campos Rojas**, **Juan Martínez Solís**, **Alejandro Facundo Barrientos Priego**, **Sergio Segura Ledesma**[1], **Aureliano Peña Lomelí**; [1]*Universidad Autónoma Chapingo - Mexico*

101 CARACTERIZACIÓN DEL PAISAJE DEL PALMAR DE BUTIA ODORATA DESDE LA ETNOBOTÁNICA. UNA PROPUESTA A PARTIR LAS RELACIONES HUMANO - VEGETALES
Juan Martin Dabezies[1,2]; [1]*Universidad de la República - Uruguay*, [2]*Centro Universitario de la Región Este - Uruguay*

102 A REDE DE RECURSOS GENÉTICOS DA REGIÃO SUL DO BRASIL
Juliana Castelo Branco Villela[1], **Rosa Lia Barbieri**[2], **Marene Machado Marchi**[2], **Daniela Priori**[2], **Daniela Werner**[3], **Rubens Onofre Nodari**[3], **Clandio Medeiros da Silva**[4], **Vania Moda Cirino**[4]; [1]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Sul - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [3]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*, [4]*Instituto Agronomico do Parana - Brazil*

103 SÍNTESE VERDE DE NANOPARTÍCULAS METÁLICAS UTILIZANDO PLANTAS DA BIODIVERSIDADE BRASILEIRA
Cínthia Caetano Bonatto[1,2], **Ivy Garcez Reis**, **Marcelo H S Ramada**, **Fernando F.y. Abrão**, **Luciano Paulino Silva**; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*, [2]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

104 FREQUÊNCIA DE VISITAÇÃO DE INSETOS POLINIZADORES EM FLORAÇÃO DE CEBOLA (ALLIUM CEPA)
Juliana Wegner[1], **Bruno Freitas Farias**[1], **Luis Fernando Wolff**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

105 TESTES MOLECULARES NA DETECÇÃO E IDENTIFICAÇÃO DE BACTÉRIAS INTRODUZIDAS VIA GERMOPLASMA VEGETAL
Olinda Maria Martins[1], **Maria do Desterro Mendes dos Santos**; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Terça-feira, 27 de outubro

D - Temas transversais

USO DO PORTAL ALELO PARA SALVAGUARDA DE DADOS DE PROSPECÇÃO DE COMPOSTOS EFETIVOS NO CONTROLE DE FITONEMATOIDES

Gilberto Hiragi[1]; Thales Lima Rocha[2]

[1] Msc. Ciência da Computação, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, gilberto.hiragi@embrapa.br

[2] PhD. Bioquímica e Biológia Molecular, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, thales.rocha@embrapa.br

A produção agrícola mundial tem sido afetada drasticamente com o aquecimento global, as mudanças climáticas, o surgimento de novas pragas e patógenos e a utilização maciça e indiscriminada de pesticidas sintéticos prejudiciais à saúde humana e ao meio ambiente. Patógenos como fitonematoides afetam severamente a absorção de água e nutrientes pelas plantas e representam um dos grandes desafios para a agricultura moderna. As perdas anuais referentes à ação destes organismos se aproximam de 150 milhões de dólares e 95% estão associadas aos nematoides *Meloigogyne incognita*, *M. javanica*, *M. arenaria* e *M. hapla*, sendo o *M. incognita* a espécie mais expressiva quanto às perdas econômicas. Para o controle destes organismos são utilizados a rotação de culturas, o uso de variedades resistentes, o manejo integrado de pragas, o controle biológico e, sobretudo os nematicidas sintéticos, estes últimos causam consideráveis riscos à saúde humana (ex. carcinogênese), ao meio ambiente e a outros organismos não alvos. A busca por alternativas de controle é necessária para a sustentabilidade agrícola. Estima-se que existam na natureza aproximadamente 500.000 variedades de plantas contendo moléculas desconhecidas, incluindo metabólitos, com potencial de uso como biocidas. Ao longo dos últimos 20 anos, numerosas espécies de plantas pertencentes a diferentes famílias e gêneros têm sido relatadas por conterem compostos nematotóxicos, fungicidas, bactericidas e inseticidas. Na Embrapa existe variabilidade genética inter e intraespecífica conservada em Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs). Estes BAGs representam fonte de diversos materiais com inúmeras características físico-química de interesse para a prospecção de extratos, frações e compostos com atividade nematotóxica. Neste âmbito, o Laboratório de Prospecção de Compostos Bioativos (LPCB), sediado na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, vem realizando projetos de pesquisa que objetivam a extração, isolamento e identificação de compostos com ação nematotóxica, a partir de plantas conservadas nos BAGs da Embrapa. Até o momento, os resultados destas pesquisas propiciaram a seleção de extratos e frações advindas de sementes da planta antagonista *Canavalia ensiformis* termoestáveis, atóxicos a células de mamíferos e altamente específicos no controle de *M. incognita*. Nestes estudos, nove compostos com ação nematotóxica foram identificados e isolados, utilizando técnicas metabolômicas. O efeito sinergético desses compostos foi avaliado in vitro e em casa de vegetação com resultados promissores, que culminaram com o depósito de quatro patentes (INPI: BR1020120331462, BR1020120331470, P202616-PCT e P202619-PCT). As referidas plataformas propiciarão o isolamento, a caracterização e a identificação de novos compostos nematotóxicos, bem como a construção de dois bancos de dados, sendo o primeiro constituído de extratos, frações e compostos liofilizados ou criopreservados e o segundo in silico, que estão sendo depositados na base de dados do Portal Alelo (Sistema de Informação de Recursos Genéticos da Embrapa), através da definição de metadados para as informações ligadas aos bioativos e a integração com os dados dos acessos existentes nos BAGs, agregando valor ao germoplasma conservado.

CONSERVAÇÃO *IN SITU* EM TERRAS INDÍGENAS NO BRASIL

Terezinha Dias[1]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. terezinha.dias@embrapa.br

No Brasil os territórios indígenas (TI) totalizam 588 terras e cerca de 1.135.182km^2 e as áreas protegidas por Unidades de Conservação (UC) que são ao todo 1.940 áreas, totalizam 1.513.828 km^2. Os TI são constitucionalmente da União, tendo os povos indígenas usufruto exclusivo. A Fundação Nacional do Índio – Funai é o órgão indigenista oficial do governo brasileiro responsável por implementar a política indigenista. Cabe a Funai o papel de promover políticas voltadas ao desenvolvimento sustentável dos povos indígenas, promover ações de etnodesenvolvimento, conservação e recuperação do meio ambiente nos TI e atuar no controle e mitigação de impactos ambientais decorrentes de interferência externa. Em 2006 o Plano Nacional de Áreas Protegidas (Decreto 5758) incorporou, além das UC, os TI visto que estes desempenham papel chave na conservação da biodiversidade brasileira. No ano de 2012 foi instituída a Política Nacional de Gestão Territorial e Ambiental de Terras Indígenas – PNGATI (Decreto 7.747) cujos objetivos são promover a proteção, recuperação, conservação e uso sustentável dos recursos naturais e assegurar, para estes povos, a melhoria da qualidade de vida e condições plenas para reprodução física e cultural, respeitando a autonomia sociocultural. Entre 2008 e 2012, dados do Projeto Prodes (Instituto Nacional de Pesquisas Espaciais – INPE), demonstraram que a taxa de desmatamento em TI da Amazônia Legal foi decrescente .Tais dados apontam que 57% da floresta remanescente na Amazônia Legal estão localizados em TI e UC. No contexto os TI vem apresentando taxa de desmatamento médio inferior a algumas modalidades de UC como as Unidades de Uso Sustentável. Estes dados ambientais favoráveis as TI certamente estão ligados a forma tradicional como a maioria dos povos indígenas vivem, mas também são resultado de uma maior ação de gerenciamento de informações de monitoramento territorial e ambiental. Em especial, com relação a conservação *in situ* da agrobiodiversidade (*on farm*), a diversidade cultural dos povos indígenas brasileiros (330 povos) contribui para a riqueza de variedades cultivadas e manejadas em seus sistemas agrícolas tradicionais. Apesar deste cenário, é muito incipiente no Brasil as pesquisas sobre a agrobiodiversidade mantida nos TI e sobre os guardiões que a mantém. Tais estudos poderiam embasar a identificação dos territórios bioculturais prioritários para a conservação *in situ*, bem como as estratégias de promoção e valorização da rede de agricultores, guardiões da agrobiodiversidade. No contexto da importância dos TI e da preservação da diversidade cultural para a conservação *in situ* da agrobiodiversidade, foi realizado um levantamento de experiências particularmente promovidas ou relacionadas a Embrapa, que vem promovendo diálogos e reflexões de lideranças indígenas, de profissionais indigenistas e pesquisadores e assim historicamente motivando e fortalecendo estratégias governamentais (por meio de políticas) e locais de conservação da agrobiodiversidade. Entre estas: a) busca de germoplasma de milho (ano 1994) pelos indígenas Krahô nos bancos de germoplasma da Embrapa (relação da conservação *ex situ* e *in situ*); b) Fundação Getúlio Vargas premia o povo Krahô (1997); c) contrato de cooperação Embrapa e Funai (a partir de 1997); d) contrato Embrapa e Associação União das Aldeias Krahô – Kapéy (2000); b) fórum nacional de etnodesenvolvimento dos povos indígenas do Brasil anos 2003 a 2004; e) prêmio International Bioversity e registro da primeira Arca do Gosto (*Slow Food*) para o povo Krahô (2003); f) participação de técnicos da Embrapa na Comissão Permanente de Povos Indígenas – CP6/ Conselho Nacional de Segurança Alimentar e Nutricional - Consea (a partir de 2003); g) criação do programa Carteira de Projetos Indígenas – CI (2004); h) primeiro encontro dos técnicos da Embrapa que trabalham com povos indígenas (2004) e primeiro encontro etnociência na pesquisa agropecuária (2006); i) realização (parceria Funai), de 9 feiras Krahô de sementes tradicionais indígenas (cerca de 2000 indígenas e 20 povos) de 1997 a 2013, replicada em outras 6 TI (13 Feiras); j) realização (parceria Funai) de (5) cursos (2004 a 2015) no contexto de diálogos agroecológicos sobre conservação e uso de recursos genéticos para 160 lideranças indígenas de(5) povos. Estas ações contribuíram para que o tema fortalecimento da conservação *in situ* conste em importantes políticas brasileiras como a Política Nacional de Agroecologia e Produção Orgânica – PNAPO, em especial a integração *(in situ* e *ex situ*) por meio do acesso dos agricultores aos recursos genéticos conservados *ex situ.*

FERRAMENTA DE APOIO À PADRONIZAÇÃO DE TERMOS E CONCEITOS DE RECURSOS GENÉTICOS NO ÂMBITO DO PORTAL ALELO

Ana Flávia do N. Dias[1]; Gilberto Hiragi[2]; Ivo Sias[3]

[1] Especialista em Gestão da Informação, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, ana.dias@embrapa.br

[2] Msc. Ciência da Computação, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, gilberto.hiragi@embrapa.br

[3] Msc. Fitotecnia, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, ivo.sias@embrapa.br

Nas visitas técnicas aos bancos ativos de germoplasma em diferentes Unidades da Embrapa, nos workshops de curadores e na interação com a comunidade científica de recursos genéticos, foi constatado que os conceitos utilizados nem sempre são claros e que a padronização dos termos usados apresentam falhas. Foram prospectados ambientes virtuais que pudessem auxiliar na padronização de termos e conceitos. Neste contexto os wikis podem ser úteis nas mais diversas áreas do conhecimento. Muitas versões de Wiki são de uso livre e podem ser instalados em diversas plataformas. Esses ambientes virtuais e colaborativos permitem a construção coletiva de conteúdos, intensificando a experiência de troca de informações pela web. É uma ferramenta que não exige dos colaboradores conhecimento especializado na construção de sites ou páginas web. Uma das principais características do Wiki é o dinamismo com que as páginas são produzidas e a liberdade de alterar os conteúdos publicados por outros colaboradores. Foi incorporado no Portal Alelo o software MediaWiki como aplicativo de Wiki e um base de dados dos termos hospedada em MySQL. Este ambiente denominado AleloWiki tem como procedimento para formalizar termos e conceitos a moderação do conteúdo. Um agente revisor deve identificar e completar fontes ou referências e manter a integridade das informações. As fontes e referencias são obtidas por meio de legislação e publicações científicas em geral ou diretamente dos especialistas envolvidos. A integridade dos termos é garantida com buscas aproximadas na base de conhecimento existente e a criação de links com termos afins já cadastrados na base. Cada termo tem uma definição, ligações de referência cruzada, termos relacionados e equivalentes em inglês. Os usuários do AleloWiki na maioria são curadores e pesquisadores no tema. O acesso ao AleloWiki é realizado através de senhas individuais, garantindo assim a integridade dos dados registrados e a autoria dos conteúdos. O AleloWiki pretende apoiar os especialistas, minimizando a inconsistências dos termos utilizados no Portal Alelo e empregados pela comunidade científica no seu cotidiano.

ATUAÇÃO DA COMISSÃO DE ÉTICA NO USO ANIMAL CEUA/CENARGEN

Silvia Tereza Ribeiro Castro[1]; Fernanda Alvares da Silva[2]; Margot Alves Dode[3]; Paulo Sérgio Ribeiro de Mattos[4]; Regivaldo Vieira de Sousa[5]; Maria do Socorro Maués Albuquerque[6]; Rosa B. N. Alves[7]; Carmen Silvia Soares Pires[8]; Maria Carolina Blassioli Moraes[9]; Bruno Stéfano Lima Dallago[10]; Rafael Rocha de Andrade[11]

[1] Médica Veterinária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, silvia.castro@embrapa.br

[2] Biológa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, , Brasília, DF, Brasil, fernanda.silva@embrapa.br

[3] Médica Veterinária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, margot.dode@embrapa.br

[4] Médico Veterinário, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, paulo.mattos@embrapa.br

[5] Biológo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, regivaldo.sousa@embrapa.br

[6]Agronôma, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, , Brasília, DF, Brasil, socorro.maues@embrapa.br

[7]Biológa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, rosa.belem@embrapa.br

[8] Biológa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, carmen.pires@embrapa.br

[9]Química, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, carolina.blassioli@embrapa.br

[10] Médico Veterinário, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, dallago@unb.br

[11] Médico Veterinário, Universidade de Brasília , Brasília, DF, Brasil, rafaelandrade@unb.br

A Lei Arouca, No. 11.794 de 08 de outubro de 2008, estabeleceu os procedimentos para o uso científico de animais, no Brasil. No ano seguinte, o Decreto Nº 6.899, de 15 de julho de 2009, regulamenta a Lei, dispõe sobre a composição do Conselho Nacional de Controle de Experimentação Animal-CONCEA e Cria o Cadastro de Instituições Animal-CIUCA. A Resolução Normativa Nº1, de 9 de julho de 2010, dispõe sobre a instalação e funcionamento das Comissões de Ética no Uso Animal-CEUA. A partir de então, toda instituição de Ensino e Pesquisa no país deverá constituir sua CEUA - condição indispensável para o credenciamento das instituições com atividade de ensino e pesquisa com animais. As atividades de pesquisa científica consideradas pela Lei Arouca são todas aquelas relacionadas com ciência básica, ciência aplicada, desenvolvimento tecnológico, produção e controle de qualidade de drogas, medicamentos, alimentos, imunobiológicos, instrumentos ou quaisquer outros testados em animais. O disposto na Lei aplica-se aos animais das espécies classificadas como filo Chordata, subfilo Vertebrata. A fiscalização das atividades reguladas pela Lei Arouca fica a cargo dos órgãos dos Ministérios da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, da Saúde, da Educação, da Ciência e Tecnologia e do Meio Ambiente, nas respectivas áreas de competência. A CEUA é um colegiado multidisciplinar autônomo, deliberativo, consultivo e educativo, de natureza técnico-científica, que fomenta a reflexão ética sobre a pesquisa científica com animais. As CEUAs têm como principal objetivo fiscalizar atividades de criação, ensino e pesquisa científica com animais, garantindo o cumprimento da Lei nº. 11.794 e das resoluções do CONCEA/MCTI. As CEUAs são elemento essencial para aprovação de projetos de pesquisa que incluem a utilização de animais, os quais necessitam de autorização da CEUA local para desenvolvimento de suas atividades. A CEUA/Cenargen foi instituída pela Portaria Nº 1 de 03 de janeiro de 2013. Desde então, divulga suas atividades através de seminários, entrevistas e *link* no *site* da Unidade. No ano de 2014, organizou uma videoconferência transmitida para as 25 Unidades da Embrapa que trabalham com animais em experimentação e coordenou, no III Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, realizado em Santos-SP, um Painel sobre Ética na Experimentação Animal. Em ambos os eventos, teve a participação de membros do CONCEA como palestrantes. A CEUA/Cenargen conta, atualmente, com 11 membros e realiza reuniões ordinárias mensais, tendo no último ano avaliado 15 propostas de projetos. A atuação das CEUAs nas Unidades da Embrapa assume papel relevante, uma vez que mais de 50% das Unidades utilizam animais em seus experimentos de pesquisa.

CREACIÓN DEL INSTITUTO MEXICANO DE AGRODIVERSIDAD COMO PROYECTO ESTRATÉGICO PARA EL ESTUDIO, CONSERVACIÓN Y APROVECHAMIENTO DE LOS RECURSOS GENÉTICOS DE MÉXICO

Raúl Nieto Angel[1]; Eugenio E. Santacruz De León[1]; Rafael Ortega Paczka[1]; Eduardo Campos Rojas[1]; Juan Martínez Solís[1]; Alejandro F. Barrientos Priego[1]; Sergio Segura Ledesma[1]; Aureliano Peña Lomelí[1]

[1]Universidad Autónoma Chapingo, 56230, Chapingo, Méx., México. Correo: r.nietoangel@gmail.com

Datos de la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO) indican que a escala mundial existen 250,000 especies de plantas; identifica además 7,000 especies vegetales que históricamente han sido usadas por el humano, sin embargo actualmente tan sólo 3 especies (arroz, maíz y trigo) proveen el 60 % de la energía alimentaria que se consume. Actualmente tan sólo 15 especies vegetales cultivadas junto con 5 especies animales producen el 75 % de los alimentos. Ello denota un amplio proceso de erosión de la biodiversidad, de los agroecosistemas, procesos que se ven agravados por el cambio climático, disponibilidad de tierras fértiles, pérdida de cubierta vegetal, erosión del suelo, sequía. México es un país ampliamente reconocido como megadiverso y pluricultural. Diversas instituciones de educación e investigación superior han realizado variados esfuerzos por conocer, reconocer y valorar la biodiversidad nacional, que tienen como Política central: "fomentar la conservación y aprovechamiento de la riqueza genética existente en el país: acuática, agrícola, forestal, microbiana y pecuaria, de importancia biológica o económica, para la producción de alimentos, vestido, medicinas, combustible, entre otros bienes, para la población de las presentes y futuras generaciones". El Instituto mexicano de Agrodiversidad (IMA), como proyecto universitario estratégico de la Universidad Autónoma Chapingo (UACh) (México), plantea tres líneas de política: a) Contribuir al rescate, conservación, uso, potenciación y aprovechamiento sustentable de los recursos genéticos; b) Establecer y modernizar infraestructura y equipo para la preservación a largo plazo de los recursos genéticos y, c) Creación de capacidades para la conservación y aprovechamiento sustentable de la biodiversidad de México. La creación del IMA tienen como fin contribuir al logro de los propósitos y fines institucionales plasmados en el Plan Institucional de Desarrollo 2009-2025 de la Universidad Autónoma Chapingo, así como a la Matriz de Marco Lógico específica de la Dirección General de Investigación y Posgrado como parte de la formación de los recursos humanos que la sociedad está demandando. El IMA lo constituyen la mayoría de investigadores de la UACh que se dedican de alguna manera, a los recursos genéticos, siendo esta área en la que Chapingo más ha avanzado y se ha destacado a nivel nacional e internacional; el proyecto contempla aglutinar a todos los investigadores e instituciones relacionados con el tema, al apoyo y gestión de los recursos económicos y a la formación de recursos humanos, mediante Diplomados, Maestrías y Doctorados.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

CARACTERIZACIÓN DEL PAISAJE DEL PALMAR DE *BUTIA ODORATA* DESDE LA ETNOBOTÁNICA. UNA PROPUESTA A PARTIR LAS RELACIONES HUMANO - VEGETALES

Juan Martin Dabezies[1]

[1] Doctor en antropología, Centro Universitario de la Región Este (Universidad de la República), Rocha, Uruguay, jmdabezies@cure.edu.uy

El concepto de paisaje es producto de un entrecruzamiento de miradas teóricas provenientes de diversos ámbitos del saber. En este marco, a la hora de definir un paisaje las disciplinas científicas generalmente privilegian una mirada naturalista o una culturalista. La etnobotánica en tanto disciplina de interface es capaz de contribuir de una manera muy significativa a esta polarización teórica en torno a la definición de paisajes cuyo argumento principal son las relaciones entre seres humanos y vegetales. En este trabajo se presenta el caso del paisaje de Butia ubicado en el sureste del Uruguay cuyo elemento estructurante son las relaciones entre seres humanos y las palmas *Butia odorata* (Barb. Rodr.) Noblick, las cuales conforman unos bosques de palmas con particularidades estéticas, ecológicas y culturales. Estos bosques de palmas se extienden en el sureste del Uruguay y parte del Estado de Río Grande del Sur, Brasil. Este trabajo está focalizado en el palmar de Castillos, ubicado en el sureste del Uruguay. La mirada que se propone se centra en las relaciones actuales entre personas vivas y los vegetales pero también incluye las relaciones pasadas entendidos como saberes y prácticas localizadas. La definición de este paisaje se basó en un abordaje arqueológico y antropológico en el cual se llevaron a cabo prospecciones arqueológicas en el sureste del Departamento de Rocha, estudio de fuentes históricas y trabajo de campo etnográfico utilizando técnicas de entrevistas abiertas y observación participante focalizadas en una pequeña comunidad de familias extractivistas. En base a este trabajo fue posible determinar que existen evidencias arqueológicas que hacen referencia al consumo de los frutos de esta palma y el uso de sus hojas desde hace unos 8500 años. Durante la época de la colonización de la región, entre el siglo XVIII y el XIX, las palmas fueron utilizadas para construir corrales de palmas, utilizados para la gestión del ganado vacuno en la frontera entre Uruguay y Brasil. A finales del siglo XIX y durante el siglo XX, las hojas de la palma fueron utilizadas para extraer fibras y elaborar diversos productos lo cual se realizó a través de la industrialización de estas actividad, marcando un momento muy particular entre las relaciones humano - Butia. A finales del siglo XX y en la actualidad, el fruto de la palma es lo más aprovechado y el uso más frecuente es la elaboración de productos alimenticios que se venden a los turistas y habitantes de la zona. La profundidad temporal del uso de la palma *Butia odorata*, su importancia económica actual para varios actores locales además de su potencial económico a una mayor escala, son parte de las razones que han llevado a que esta palma sea considerada como un importante recurso fitogenético del Uruguay. Si bien la palma *Butia odorata* no está en peligro de conservación, el palmar como ecosistema enfrenta una situación crítica ya que no cuenta con ninguna figura legal de protección y muchas veces representa un obstáculo para algunas prácticas agropecuarias. En este escenario, la propuesta del paisaje del Butia se presenta como una forma de pensar la conservación de un recurso fitogenético y las prácticas que lo han llevado a que sea considerado como tal.

Agradecimentos: Este trabajo fue posible gracias al apoyo económico de Agencia Nacional de Investigación e Innovación, Fondos Concursables para la Cultura (Ministerio de Educación y Cultura) y la Comisión Sectorial de Investigación Científica (UdelaR).

A REDE DE RECURSOS GENÉTICOS DA REGIÃO SUL DO BRASIL

Juliana Castelo Branco Villela[1]; Rosa Lia Barbieri[2]; Marene Machado Marchi[3]; Daniela Priori[3]; Daniela Werner[4]; Rubens Onofre Nodari[5]; Clandio Medeiros da Silva[6]; Vânia Moda-Cirino[6]

[1]Doutora, Instituto Federal de Educação e Tecnologia Sul Rio Grandense, Pelotas, RS, Brasil, julianavillela@cavg.ifsul.edu.br

[2]Doutora, Pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, lia.barbieri@embrapa.br

[3]Doutora, CAPES/ Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, marene.marchi@gmail.com, dani_priori@yahoo.com.br

[4]Mestre, Daniela Werner, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil, wernerdwr@gmail.com

[5]Doutor, Professor da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, SC, Brasil, rubens.nodari@ufsc.br

[6]Doutor (a), pesquisador (a) do Instituto Agronômico do Paraná, Londrina, Paraná, Brasil, clandio@iapar.br, vamoci@iapar.br

Buscando a integração entre as pessoas que trabalham com recursos genéticos, além do fortalecimento da pesquisa nesta área, diferentes Estados brasileiros têm buscado a formação de redes no país. O objetivo deste trabalho é relatar a experiência da formação e atuação da Rede de Recursos Genéticos da Região Sul do Brasil. A Rede de Recursos Genéticos da Região Sul do Brasil foi idealizada em setembro de 2012, como resultado de uma discussão com professores, pesquisadores e estudantes dos Estados do Paraná (PR), Santa Catarina (SC) e Rio Grande do Sul (RS), durante a realização do II Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, em Belém do Pará. Esta discussão foi liderada pelo professor Rubens Onofre Nodari (Universidade Federal de Santa Catarina/UFSC) e pelas pesquisadoras Vânia Moda Cirino (Instituto Agronômico do Paraná/IAPAR) e Rosa Lia Barbieri (Embrapa Clima Temperado). A criação da Rede foi aprovada em uma assembleia geral realizada no Centro de Convenções Hotel Hilton Belém do Pará, no dia 28 de setembro de 2012**.** O I Encontro da Rede de Recursos Genéticos da Região Sul (REGENSUL) foi realizado nos dias 04 e 05 de julho de 2013, no auditório da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri - Sede) em Florianópolis/SC. O evento teve como propósitos a estruturação da Rede, o levantamento das atividades relacionadas aos recursos genéticos que estão sendo realizadas nas instituições de ensino e pesquisa no sul do Brasil, estabelecer cooperação entre estudantes, pesquisadores e instituições e a escolha da primeira diretoria. Os três Estados do Sul (PR, SC e RS) estiveram representados, com 90 participantes de 16 instituições de ensino e pesquisa. Foram realizadas quatro palestras previstas e dez apresentações de Instituições de ensino, pesquisa e extensão na sessão "Atividade sobre Recursos Genéticos no âmbito dos Programas de Pós-graduação e Instituições de Pesquisa". Ficou estabelecido que a REGENSUL deve estimular e apoiar a promoção de eventos (estaduais e locais); motivar ações junto a instituições que desenvolvem atividades com RG na Região Sul; inserir o tema recursos genéticos nas atividades de semanas acadêmicas; ter incidência política; compartilhar informações; promover intercâmbio entre os grupos de pesquisa e colaboradores; criar um grupo de discussão; ter espaço na página da Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos; e organizar espaços para divulgação das atividades na internet. Ficou estabelecido que a diretoria fosse composta por um presidente, um vice-presidente e três secretários, sendo um de cada estado da Região Sul. A diretoria foi escolhida por indicação sendo nomeada presidente a Dra. Rosa Lia Barbieri (Embrapa Clima Temperado), vice-presidente o Dr. Rubens Onofre Nodari (UFSC), primeira-secretária a M.Sc. Patrícia Martins da Silva (UFPel), segunda-secretária a M.Sc. Daniela Werner (UFSC) e terceiro secretário o Dr. Clandio Medeiros da Silva (IAPAR). Motivados pela experiência da REGENSUL, em junho de 2014 os pesquisadores do Paraná promoveram um encontro em Londrina, no IAPAR, ocasião em que foi formada a Rede de Recursos Genéticos do Paraná.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

SÍNTESE VERDE DE NANOPARTÍCULAS METÁLICAS UTILIZANDO PLANTAS DA BIODIVERSIDADE BRASILEIRA

Cínthia C. Bonatto[1]; Ivy G. Reis[2]; Marcelo H.S. Ramada[3]; Fernando F.Y. Abrão[4]; Luciano P. Silva[5]

[1] Biologia Animal, Doutorado, Universidade de Brasília-UnB.

[2] Biotecnologia, Graduação, Universidade de Brasília-UnB.

[3] Biologia Molecular, Doutorado, Universidade de Brasília-UnB.

[4] Farmácia, Doutorado, Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública.

[5] Pesquisador, PhD, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

Síntese verde é o nome comum dado às rotas de síntese relativamente atóxicas, que utilizam reagentes químicos biodegradáveis e de custo baixo para sintetizar nanomateriais, tendo com a fonte primária ou iniciador da rota, um organismo biológico ou alguma de suas partes. Os biomas brasileiros são bastante diversificados quanto às características ambientais, proporcionando o desenvolvimento de uma ampla variabilidade de recursos genéticos, os quais são responsáveis por uma ampla diversidade de espécies de plantas compostas por um arsenal fitoquímico único, que pode ser explorado de maneira racional, comparativa e sustentável na síntese de micro- e nanopartículas metálicas (MPMs e NPMs). Sendo assim, a possibilidade de utilização de extratos vegetais como agentes redutores para síntese de MPMs e NPMs torna-se bastante promissora. Sendo assim, o objetivo do presente estudo foi avaliar comparativamente o potencial de extratos obtidos a partir plantas da biodiversidade brasileira na síntese de MPMs e NPMs e investigar suas potenciais aplicações biotecnológicas. No presente estudo, a síntese verde foi monitorada por espectrofotometria em um comprimento de onda de 450 nm como indicativo da formação de partículas. As MPMs e NPMs foram avaliadas por espectrofotometria de absorção, espalhamento de luz dinâmico, potencial Zeta de superfície e microscopia de força atômica; e suas possíveis atividades citotóxicas foram investigadas *in vitro* por meio de ensaios de concentração inibitória mínima do crescimento (MIC) de bactéria (*Escherichia coli* e *Staphylococcus aureus*). Noventa por certo das plantas utilizadas foram capazes de reduzir íons Ag^{+} em Ag^{0} formando as MPMs e NPMs. As partículas obtidas apresentaram diâmetros hidrodinâmicos variados (33,01 ± 0,09 nm a 2653,33 ± 868,99 nm), polidispersividade de baixa a alta (0,1 e 0,8), e estabilidade coloidal indicativa de rápida floculação a moderada (-1 a -32 mV). As MPMs e NPMs, em concentrações micromolares, apresentaram efeito citotóxico mais expressivo contra a bactéria Gram-negativa do que contra a bactéria Gram-positiva avaliada. Um método de síntese racional e comparativo, e em uma única etapa, foi avaliado comparativamente utilizando recursos naturais obtidos a partir da biodiversidade vegetal brasileira. Estudos adicionais precisam ser realizados visando à identificação dos componentes moleculares dos extratos e suas contribuições durante a formação das partículas.

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Universidade de Brasília, CAPES, FAPDF e CNPq.

FREQUÊNCIA DE VISITAÇÃO DE INSETOS POLINIZADORES EM FLORAÇÃO DE CEBOLA (*ALLIUM CEPA*)

Juliana Wegner[1]; Bruno Freitas Farias[2]; Luís Fernando Wolff[3]

[1] Estudante de Agronomia, Bolsista Embrapa, Pelotas, RS, Brasil, juli.wegner@yahoo.com.br

[2] Estudante de Agronomia, Bolsista Embrapa, Pelotas, RS, Brasil, bruno.f.far@gmail.com

[3] Eng. Agrônomo, Dr., Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, luis.wolff@embrapa.br

O cultivo da cebola (Allium cepa) no Brasil tem grande importância socioeconômica, uma vez que é cultivada por pequenos agricultores, envolvendo muita mão de obra e gerando importante emprego e renda às famílias. Na agricultura empresarial, da mesma forma, a cadeia produtiva da cebola gera empregos diretos e indiretos, sendo uma das plantas cultivadas de mais ampla difusão no mundo, a segunda hortaliça de maior importância econômica global. A adequada polinização e produção de sementes é um tema transversal a todos os programas de conservação biológica e segurança alimentar. Qualquer que seja a região estudada, a área a ser preservada e o alimento a ser produzido, os polinizadores assumem uma posição de destaque, garantindo o eficiente transporte de pólen de uma flor para outra, tanto em culturas agrícolas quanto em plantas nativas. Os serviços agroecossistêmicos estão relacionados com a segurança alimentar e sustentabilidade econômica, através da produtividade das culturas e do funcionamento dos ecossistemas naturais e agrícolas. O objetivo desta pesquisa foi o estudo da diversidade de polinizadores, seu comportamento e frequência de visita em flores de cebola (*Allium cepa).* O experimento foi conduzido em dezembro de 2014, na Estação Experimental da Cascata, em Pelotas, Rio Grande do Sul. O comportamento forrageiro de cada espécie de inseto polinizador foi avaliado por meio de contagem direta por observações visuais, no decorrer de todo o dia, das 8 horas às 17 horas, a cada hora cheia e durante o período de 5 minutos para cada bloco. Os blocos de observação foram compostos por 12 umbelas, cada qual com quatro repetições, registrando-se o número e a classificação entomológica dos insetos observados e as condições climáticas a cada momento de observação. As variáveis observadas foram submetidas à análise de variância e teste de comparação de médias a 5% de probabilidade, com auxílio do programa estatístico BIOESTAT 5.0. Para os resultados de Hymenoptera foi aplicado teste Qui-Quadrado. Hymenoptera e Diptera foram os visitantes florais mais abundantes. Os insetos encontrados nas umbelas foram: abelhas melíferas africanizadas (*Apis mellifera*: 86,06%), moscas (Diptera: 4,04%), vespas (Vespidae: 3,23%), Meliponíneos (Meliponini: 3,23%), cascudos (Coleoptera: 2,02%) e borboletas (Lepidoptera: 1,41%) e formigas (Formicidae: < 1%). A variação horária de número de Hymenoptera nas umbelas em relação às condições climáticas (temperatura, umidade relativa do ar e vento), não mostrou correlação significativa ($r = 0,36$; $p>0,05$). Apesar de estudos apresentarem mamangavas (*Xylocopa spp*) como os polinizadores frequentes em cebola, o mesmo não foi corroborado por esse estudo. Nas condições de campo em que foi conduzido o experimento, é possível concluir que a atratividade da floração de *Allium cepa* para *Apis mellifera* africanizada é boa e que essa espécie de inseto apresenta grande potencial para a polinização dirigida. Estudos devem ser conduzidos para avaliar correlação entre frequência de visitação de polinizadores e variáveis como diferentes cultivares de cebola, variações climáticas externas, competição por outras floradas e qualidade do néctar.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

TESTES MOLECULARES NA DETECÇÃO E IDENTIFICAÇÃO DE BACTÉRIAS INTRODUZIDAS EM GERMOPLASMA VEGETAL

Martins, O. M.[1]; Santos, M. do D. M.[2]

[1]Fitopatologista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil. olinda.martins@embrapa.br

[2] Fitopatologista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil. mariadsmendes@gmail.com

O gênero *Burkholderia* engloba diferentes espécies e patovares que dificultam a sua identificação em contaminações de germoplasma intercambiado para o enriquecimento de recursos genéticos vegetais. Avaliações morfológicas, testes bioquímicos e de patogenicidade não permitem diferenciar espécies de *Burkholderia* que causam podridões em sementes e plântulas de diversas plantas hospedeiras. *Burkholderia glumae*, quarentenária, *B. plantarii*, exótica e *B. gladioli*, que infectam várias espécies no Brasil requerem técnicas mais precisas e rápidas para a sua diferenciação em testes de diagnose. O presente trabalho teve como objetivo otimizar um protocolo molecular para a detecção e identificação de *B. gladioli* que, embora não seja uma espécie de bactéria quarentenária ou exótica, apresenta grande obstáculo quando veiculada em material vegetal em quarentena. Os isolados foram obtidos de espécies perenes e anuais de diferentes procedências geográficas e introduzidas na Estação Quarentenária da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. As bactérias foram cultivadas em meio de cultura 523 sólido e a seguir, as estirpes de *B. gladioli* foram identificadas por testes fisiológicos, morfológicos, de patogenicidade e pelo sequenciamento do gene 16S rRNA. O DNA genômico de *B. glumae* estirpe EmbM786 de referência quarentenária e 16 estirpes de *B. gladioli* foi extraído com um kit comercial específico para bactérias. A amplificação via PCR foi feita com um par de primers específicos para *B. gladioli*. Um único fragmento de aproximadamente 280 pb foi obtido para oito estirpes de *B. gladioli*. Não houve amplificação para *B. glumae*, confirmando a especificidade dos primers. O protocolo otimizado utilizando primers específicos permitiu detectar e identificar, num período de 6 h, estirpes de *B. gladioli* veiculadas em germoplasma importado. Embora, existam relatos de que estirpes de *B. gladioli* sejam filogeneticamente semelhantes, os resultados mostraram que há variações dentro da espécie que necessitam ser elucidadas.

Quarta-feira, 28 de Outubro, 18:30 - 19:30

C - Recursos genéticos vegetais

106 CARACTERIZAÇÃO FISICO-QUIMICA DE RAIZES DE BATATA-DOCE EM COLEÇÃO DIDÁTICA
José Torres Filho[1], **Luiz Aurélio Freitas Pereira**, **José Ricardo Tavares de Albuquerque**[2], **Manoel Galdino dos Santos**, **Almir Rogerio Evangelista de Souza**, **Rayanne Maria Paula Ribeiro**, **Fernando Sarmento de Oliveira**, **Aurélio Paes Barros Júnior**, **Lindomar Maria da Silveira**[3]; [1]*Universidade Federal Rural do Semi-Árido - Brazil*, [2]*Universidade Federal Rural de Pernambuco - Brazil*, [3]*Universidade Federal Rural do Semi - Brazil*

107 VARIABILIDADE MORFOLÓGICA DE FOLHAS DE BATATA-DOCE EM COLEÇÃO DIDÁTICA
Rayanne Maria Paula Ribeiro[1], **Fernando Sarmento de Oliveira**, **Manoel Galdino dos Santos**, **José Ricardo Tavares de Albuquerque**[2], **Luiz Aurelio Freitas Pereira**[1], **Almir Rogerio Evangelista de Souza**,**Lindomar Maria da Silveira**[1], **Aurélio Paes Barros Júnior**[1]; [1]*Universidade Federal Rural do Semi - Brazil*, [2]*Universidade Federal Rural de Pernambuco - Brazil*

108 TRANSFERIBILIDADE DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM AVEIA.
Jossana Santos[1], **Simone Scheffer Basso**[1], **Sandra Patussi Brammer**[2], **Patrícia Frizon**[1], **João Nunes Maciel**[2], **Alfredo do Nascimento Junior**[2], **Nadia Canali Lângaro**[1], **José Cunha Fernandes**[2]; [1]*Universidade de Passo Fundo - Brazil*, [2]*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Brazil*

109 CARACTERIZAÇÃO E DISTINGUIBILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL PRETO INDICADAS PARA CULTIVO NO PARANÁ
Jessica Delfini[1], **Juliana Sawada Buratto**[1], **José dos Santos Neto**[1], **Vania Moda Cirino**[1]; [1]*Instituto Agronomico do Parana - Brazil*

110 SELEÇÃO DE ACESSOS DE MANDIOCA VISANDO A OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE INTERESSE FORRAGEIRO
Rafaela Priscila Antonio[1], **Irlane Cristine Lira**[2], **Alineaurea Florentino Silva**[1], **José Leandro da Silva Neto**[3], **Jobimêre Dayanne da Silva Santos**[3], **Reginaldo de Carvalho**[2]; [1]*EMBRAPA SEMIÁRIDO - Brazil*,[2]*Universidade Federal Rural de Pernambuco - Brazil*, [3]*Universidade de Pernambuco - Brazil*

111 DIVERSIDADE GENÉTICA EM TRIGOS SINTÉTICOS USANDO MARCADORES MOLECULARES
Patrícia Frizon[1], **Carolina Cardoso Deuner**[1], **Sandra Patussi Brammer**[2], **Jossana Santos**[1], **Maria Imaculada Pontes de Moreira Lima**[2], **Ricardo Lima de Castro**[2], **Tammy Aparecida Manabe Kiihl**[2],**Eugenia Martin**[3]; [1]*Universidade de Passo Fundo - Brazil*, [2]*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Brazil*, [3]*Faculdade de Ciencias Agrárias - Argentina*

112 USO DE CARACTERES MULTICATEGÓRICOS PARA DIVERSIDADE GENÉTICA EM FEIJAO-FAVA
Raimundo Oliveira Silva[1], **Telma Nair Santana Pereira**[2], **Regina Lucia Ferreira Gomes**[1], **Messias Gonzaga Pereira**[2]; [1]*Universidade Federal do Piauí - Brazil*, [2]*Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Brazil*

113 FILOGENIA MOLECULAR DE MESOSETUM (POACEAE, PASPALEAE): UM ESTUDO PRELIMINAR.
Anádria Stéphanie Silva[1], **Peter Inglis**[2], **Gláucia Salles Cortopassi Buso**[2], **André Rodolfo Oliveira Ribeiro**[1], **Mayco Werllen dos Santos Sousa**[1], **Regina Célia Oliveira**[1]; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*,[2]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

114 CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE CARACTERES DE INFLORESCÊNCIAS EM GENÓTIPOS DE OENOCARPUS MAPORA KARSTEN
Alynne Regina Maciel[1], **Maria do Socorro Padilha Oliveira**; [1]*Universidade Federal Rural da Amazônia - Brazil*

115 AVALIAÇÃO DO GRAU DE TOLERÂNCIA A PODAS APRESENTADO POR GENÓTIPOS DE POACEAS PRÉ-SELECIONADOS PARA USO COMO GRAMADOS
Francisco Dübbern de Souza, **Waldomiro Barioni**

116 INFLUÊNCIA DAS ARISTAS NA BIOMASSA DE PLÂNTULAS DE TRIGO (TRITICUM AESTIVUM L.)
Diógenes Cecchin Silveira[1], **Luiz Pedro Bonetti**; [1]*Universidade de Cruz Alta - Brazil*

117 CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO MORFOLÓGICA DE FRUTOS EM MATRIZES DE OENOCARPUS BACABA MARTIUS DE BAIÃO-PA.
Taiane Silva Sousa[1], **Maria do Socorro Padilha Oliveira**[2]; [1]*Universidade Federal Rural da Amazônia - Brazil*, [2]*Embrapa amazônia Oriental - Brazil*

118 CARACTERIZAÇÃO FÍSICA E QUÍMICA DE FRUTOS DE ACESSOS DE SPONDIAS SPP.
Cristina de Fátima Machado[1], **Carlos Alberto da Silva Ledo**[1], **Rogério Ritzinger** -[1]; [1]*Embrapa Mandioca e Fruticultura - Brazil*

119 DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE ACESSOS DE AMENDOIM FORRAGEIRO PARA CARACTERÍSTICAS DE FOLHAS E CAULE
José dos Santos Neto[1], **Juliana Sawada Buratto**[1], **Clandio Medeiros da Silva**[1], **Vania Moda Cirino**[1], **Sérgio José Alves**; [1]*Instituto Agronomico do Parana - Brazil*

120 COMPORTAMENTO MEIÓTICO E VIABILIDADE POLÍNICA DE EUGENIA INVOLUCRATA DC (MYRTACEAE)
Lohanna Baltar Pinto de Oliveira[1], **Letícia Baltar Pinto de Oliveira**[1], **Camila Bitencourt**[1], **Luiza Kreimeier**[1], **Patrícia Maria Oliveira Pierre Castro**[1]; [1]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

121 INFLUÊNCIA DE DIFERENTES PORTA-ENXERTOS NAS CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS DE FRUTAS DA CULTIVAR-COPA, CV. MACIEL, EM DUAS SAFRAS.
Ana Cristina Krolow[1], **Liane Xavier Fonseca**[2], **Núbia Marilin Ferri**[1], **Fernando Rogerio Gomes**[1], **Newton Alex Mayer**[1]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

122 CONCENTRAÇÃO DE COMPOSTOS BIOATIVOS E ATIVIDADE ANTIOXIDANTE EM GENÓTIPOS DE ARAÇÁ (PSIDIUM CATTLEIANUM)
Elisa dos Santos Pereira[1,2], **Marina Vighi Schiavon**, **Eduarda Acosta Konzgen**[1], **Rodrigo Cezar Franzon**[2], **Márcia Vizzotto**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

123 CARACTERIZAÇÃO DE GUABIROBEIRAS COLETADAS NO RIO GRANDE DO SUL QUANTO AO TEOR DE ÓLEO ESSENCIAL NAS FOLHAS.
Ingrid Bergman Barros[1], **Cristiane de Lima Wesp**[2]; [1]*Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Brazil*, [2]*Universidade de Passo Fundo - Brazil*

124 CARACTERIZAÇÃO FENOLÓGICA DAS CULTIVARES DE MAÇÃ DO IAPAR.
Clandio Medeiros da Silva[1], **Jeferson Benedetti Eilert**, **Paulo Mauricio Centenário Bueno**, **José dos Santos Neto**[1]; [1]*Instituto Agronomico do Parana - Brazil*

125 VARIABILIDADE DE GENÓTIPOS CRIOULOS DE CANA-DE-AÇÚCAR QUANTO A COMPOSIÇÃO QUÍMICA NUTRICIONAL
Elis Daiani Timm Simon[1], **Sérgio Delmar dos Anjos e Silva**[2], **Jailton da Costa Carneiro**, **Cândida Raquel Scherrer Montero**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

126 HISTOLOGIA E HISTOQUÍMICA FOLIAR DE ATELEIA GLAZIOVEANA BAILL., UMA ESPÉCIE BIOATIVA DA FLORA BRASILEIRA
Luciana Di Diego Vasconcelos[1], **Márcia Bündchen**[1]; [1]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul - Brazil*

127 ATIVIDADE ANTIOXIDANTE E DETERMINAÇÃO DE FENÓLICOS TOTAIS DE FRAÇÕES DE EXTRATOS DE MAÇÃ CV. GALA
Chirle de Oliveira Raphaelli[1], **Elisa dos Santos Pereira**[1,2], **Marina Vighi Schiavon**, **Leonardo Nora**, **Márcia Vizzotto**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

128 ELETROFORESE BIDIMENSIONAL DURANTE A INDUÇÃO DE CULTURAS NODULARES A PARTIR DE SEMENTES DE VRIESEA REITZII LEME & A. COSTA
Jenny Paola Corredor Prado[1], **Daniela de Conti**[1], **Bruna Rafaela Pacheco**[1], **Djalma Roecker Júnior**[1], **Gabriela Cangahuala-Inocente**[1], **Miguel Pedro Guerra**[1], **Lirio Luiz Dal Vesco**[1], **Rosete Pescador**[1];[1]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

129 DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE GREVÍLEA INTRODUZIDAS NO BRASIL E IMPLICAÇÕES NA GESTÃO DE RECURSOS GENÉTICOS
Valderes Aparecida de Sousa[1], **Antonio Nascim Kalil Filho**, **Emerson Gonçalves Martins**, **Jarbas Yukio Shimizu**; [1]*Embrapa Florestas - Brazil*

130 CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA DE ACESSOS DE ARROZ AROMÁTICO
José Manoel Colombari Filho[1], **Aluana G Abreu**[2], **Guilherme Aquiles Souza**[3], **Paulo Hideo Nakano Rangel**[2]; [1]*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Brazil*, [2]*Embrapa Arroz e Feijão - Brazil*, [3]*Uni-Anhanguera Centro Universitário de Goiás - Brazil*

131 CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE CEVADILHA VACARIANA PELA INTEGRAÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS QUALITATIVOS E QUANTITATIVOS
Leonardo Luís Artico[1], **Ana Cristina Mazzocato**[1], **Juliano Lino Ferreira**[1]; [1]*Embrapa Pecuária Sul - Brazil*

132 TEOR DE CAROTENOIDES TOTAIS EM ACESSOS DE CAPSICUM BACCATUM
Carla Sigales de Vasconcelos[1], **Rosa Lía Barbieri**[2], **Márcia Vizzotto**[2], **Tatiane Senna Bialves**[3], **Raquel Silviana Neitzke**[4]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*,[3]*Instituto Federal Sul-rio-grandense - Brazil*, [4]*Prefeitura de Arroio do Padre - Brazil*

133 CARACTERIZAÇÃO HISTOLÓGICA E HISTOQUÍMICA DOS CLADÓDIOS E FRUTOS DE CEREUS HILDMANNIANUS K. SCHUM. VISANDO SEU EMPREGO NA GERAÇÃO DE PRODUTOS ALIMENTÍCIOS
Amanda Brandt Beschorner[1,2], **Marina Michelotto Klacewicz**[1], **Márcia Bündchen**[1]; [1]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul - Brazil*, [2]*Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Brazil*

134 AVALIAÇÃO DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM UMA POPULAÇÃO DE MACROPTILIUM LATHYROIDES
Fernanda Bortolini[1], **Alisson Luiz Pagnussatt**[2], **Lidiane Vieira Lopes**[2]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

135 EXPLORAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS DE POPULAÇÕES DE GOSSYPIUM MUSTELINUM QUANTO À RESISTÊNCIAAO NEMATOIDE DE GALHA MELOIDOGYNE INCOGNITA
Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes[1], **Juliana Oliveira da Sliva**[1], **Paulo Augusto Viana Barroso**; [1]*Campus Urutaí - Brazil*

136 MORPHOLOGICAL VARIABILITY AND BIOGEOGRAPHIC OVERVIEW OF ARACHIS KUHLMANNII, A BRAZILIAN PEANUT WILD RELATIVE
João Lucas Mendonça Dilly Alves[1,2], **Alessandra Pereira Fávero**[3], **José Francisco Montenegro Valls**[2]; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*, [2]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*, [3]*Embrapa Pecuária Sudeste - Brazil*

137 AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MELÃO QUANTO A RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DO COLO
Rafaela Priscila Antonio[1], **Jobimêre Dayanne da Silva Santos**[2], **José Leandro da Silva Neto**[2], **Pedro Martins Ribeiro Júnior**[1], **Rita de Cassia Souza Dias**[1]; [1]*EMBRAPA SEMIÁRIDO - Brazil*, [2]*Universidade de Pernambuco - Brazil*

138 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E FÍSICO-QUÍMICA DE GUABIROBEIRAS COLETADAS NO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL
Cristiane de Lima Wesp[1], **Ingrid Bergman Inchausti de Barros**[2], **Jean Carlo Rodrigues Machado**[2]; [1]*Universidade de Passo Fundo - Brazil*, [2]*Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Brazil*

139 ANÁLISE FÍSICO-QUÍMICA DE DOZE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE (IPOMOEA BATATAS) COLORIDOS IN NATURA E ASSADOS
Priscila Cardoso Munhoz[1], **Elisa dos Santos Pereira**[2,1], **Núbia Marilin Ferri**[1], **Luis Antonio Suita de Castro**, **Ana Cristina Krolow**[1], **Márcia Vizzotto**; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

140 DIVERSIDADE GENÉTICA DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS S1 DE MILHO PARA CARACTERÍSTICAS DO GRÃO
Wagner Bastos[1], **Flávia Roberta Auler**[1], **Samuel Henrique Kamphorst**[1], **Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves**[1], **Rosenilda de Souza**[1], **Tassiane Terezinha Pinto**[1], **Juliana Bernardi Ogliari**[1]; [1]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

141 ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE MELÃO UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES SSR.
Felipe Mont'alvão Canela[1], **Nayara Carvalho**, **Marco Antonio Ferreira**, **Valter Rodrigues Oliveira**, **Mateus Figueiredo Santos**, **Paulo Henrique dos Santos Leite**, **Gláucia Salles Cortopassi Buso**[2], **Nara Souza**[1]; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*, [2]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

142 COMPORTAMENTO DE DUAS CULTIVARES DE MAÇÃ NA ELABORAÇÃO DE PURÊ TRATADO TERMICAMENTE EM MICROONDAS
Rosiele Couto Corrêa[1,2], **Darla Volcan**[1], **Leonardo Nora**[1], **Ana Cristina Krolow**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

143 CARACTERÍSTICAS MORFO-AGRONÔMICAS DE CINCO POPULAÇÕES DE TREVO-VESICULOSO
Alisson Luiz Pagnussatt[1], **Fernanda Bortolini**[2], **Gabriel Silva Souza**, **Andréa Mittelmann**[2], **Mikael Bueno Longaray**; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

144 SIMILARIDADE GENÉTICA DE ESPÉCIES DO GÊNERO MENTHA UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES
Felipe Mont'alvão Canela[1], **Paulo Henrique dos Santos Leite**, **Gláucia Salles Cortopassi Buso**[2], **Roberto Fontes Vieira**[2], **Marco Antonio Ferreira**, **Dijalma Barbosa Silva**[2], **Nayara Carvalho**; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*, [2]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

145 DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE MANGUEIRA DA VARIEDADE ROSA
José Eduardo Vasconcelos de Carvalho Júnior[1], **Maria Clideana Cabral Maia**[2], **Regina Lucia Ferreira Gomes**[1], **Lucio Flavo Lopes Vasconcelos**[2]; [1]*Universidade Federal do Piauí - Brazil*, [2]*Embrapa Meio-Norte - Brazil*

146 DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DO GERMOPLASMA DE VARIEDADES LOCAIS DE ALGODOEIRO DOSEMIÁRIDO BRASILEIRO: DISPONIBILIDADE DE RECURSOS GENÉTICOS
Thiago Henrique de Lima[1], **Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes**[2], **Lucia Vieira Hoffmann**[3], **Paulo Augusto Viana Barroso**; [1]*Instituto Federal Goiano - Campus Urutaí - Brazil*, [2]*Campus Urutaí - Brazil*,[3]*Embrapa Algodão - Brazil*

147 CARACTERIZAÇÃO AGROMORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE ALHO EM SUSSUAPARA - PIAUÍ
José de Ribamar de Araújo Albuquerque[1], **Regina Lucia Ferreira Gomes**[1], **Hélio Nelson Brito Monteiro**[1], **Carlos Humberto Aires Matos Filho**[1], **Karla Brito dos Santos**[1], **Ângela Celis de Almeida Lopes**[1];[1]*Universidade Federal do Piauí - Brazil*

148 CARACTERIZAÇÃO DE COMPOSTOS BIOATIVOS EM FRUTAS NATIVAS
Marina Vighi Schiavon[1], **Elisa dos Santos Pereira**[2,1], **Eduarda Acosta Konzgen**[2], **Rodrigo Cezar Franzon**[1], **Márcia Vizzotto**[1]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

149 USE OF MORPHOLOGICAL DESCRIPTORS TO CONFIRM HYBRIDIZATION IN ARACHIS
Daniele Cristina Wondracek Lüdke[1], **Marisa Toniolo Pozzobon**[1], **Andréa Del Pilar de Souza Peñaloza**[1], **Charles Edmond Simpson**[2], **José Francisco Montenegro Valls**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*, [2]*Texas A&M University - United States*

150 DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES NUCLEARES PARA ANANAS SPP.
Ramon Felipe Scherer[1], **Gustavo Henrique Ferrero Klabunde**[2], **Sabrina Moreira dos Santos**[2], **Fernanda Vidigal Duarte Souza**[3], **Miguel Pedro Guerra**[2]; [1]*Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*, [3]*Embrapa Mandioca e Fruticultura - Brazil*

151 CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE CULTIVARES DE MANDIOCA
Alex Damero Hardtke[1,2], **Ana Cristina Krolow**[1], **Núbia Marilin Ferri**[1], **José Ernani Schwengber**; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [2]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Sul-Rio-Grandense - Campus Pelotas - Brazil*

152 POLIMORFISMO EM SEQUÊNCIAS REGULATÓRIAS E CODIFICADORAS DE FATORES DE TRANSCRIÇÃO RESPONSIVOS A SECA EM FEIJÃO
Patrícia Pagnoncelli Borba[1], **Kamila Katieli Kovali**[1], **Aline Sasso**[1], **Taciane Finatto**[1]; [1]*Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Brazil*

153 COMPOSTOS BIOATIVOS E AÇÃO ANTIOXIDANTE DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE PÊSSEGOS
Bruna Barcelos Cardias[1,2], **Elisa dos Santos Pereira**[3,2], **Marina Vighi Schiavon**[2], **Eduarda Acosta Konzgen**[3], **Márcia Vizzotto**[2], **Rodrigo Cezar Franzon**[2]; [1]*Universidade Federal do Rio Grande - Brazil*,[2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [3]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

154 CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS DE MAMONEIRA
Adielle Rodrigues da Silva[1], **Simone Alves Silva**[1], **Laurenice Araújo dos Santos**[1], **Gilmara de Melo Araújo**[1], **Vanessa Almeida**[1]; [1]*Universidade Federal do Recôncavo da Bahia - Brazil*

155 AVALIAÇÃO BIOMÉTRICA DE FRUTOS DE COQUEIRO-ANÃO CONSERVADOS NO BANCO DE GERMOPLASMA
Semiramis Ramos[1], **Kamila Marcelino Brito Sobral**[2], **Daniela Nascimento Santos**, **Jessica Barros Andrade**, **Maiara Santos Pinto**, **Ellian Suellen Jesus Santos**; [1]*TABULEIROS COSTEIROS - Brazil*,[2]*Universidade Estadual de Feira de Santana - Brazil*

156 DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA UTILIZANDO DESCRITORES QUANTITATIVOS
Alison Fernando Nogueira, **Juliana Sawada Buratto**[1], **André Gusmão Chudzik**, **Vania Moda Cirino**[1]; [1]*Instituto Agronomico do Parana - Brazil*

157 AVALIAÇÃO BIOMÉTRICA DE FRUTOS SECOS DE COQUEIRO- GIGANTE CONSERVADOS NO BANCO DE GERMOPLASMA
Kamila Marcelino Brito Sobral[1,2], **Jessica Barros Andrade**[3,2], **Daniela Nascimento Santos**[3,2], **Maiara Santos Pinto**[4,2], **Ellian Suellen Jesus Santos**[4,2], **Manoel Abilio de Queiróz**, **Semiramis Ramos**[5];[1]*Universidade Estadual de Feira de Santana - Brazil*, [2]*Embrapa Tabuleiros Costeiros - Brazil*, [3]*Universidade Tiradentes - Brazil*, [4]*Universidade Federal de Sergipe - Brazil*, [5]*TABULEIROS COSTEIROS - Brazil*

158 ATIVIDADE ANTIGLICÊMICA E ANTIOXIDANTE DE EXTRATOS ETANÓLICOS DE BUTIÁS DE DIFERENTES REGIÕES DO RIO GRANDE DO SUL
Graciele Saraiva Lemos[1,2], **Juliana Rocha Vinholes**, **Rosa Lia Barbieri**, **Rodrigo Cezar Franzon**[2], **Márcia Vizzotto**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

159 ATIVIDADE ANTIGLICÊMICA E ANTIOXIDANTE EM ARAÇÁ AMARELO E VERMELHO
Juliana Rocha Vinholes, **Graciele Saraiva Lemos**[1,2], **Eduarda Acosta Konzgen**[1], **Rodrigo Cezar Franzon**[2], **Márcia Vizzotto**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

160 POTENCIAL ANTIGLICÊMICO E ANTIOXIDANTE DE EXTRATOS ETANÓLICOS DE PITANGAS
Juliana Rocha Vinholes, **Graciele Saraiva Lemos**[1,2], **Rodrigo Cezar Franzon**[2], **Márcia Vizzotto**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

161 DIVERSIDADE GENÉTICA E MAPEAMENTO ECOGEOGRÁFICO DA MANGA (MANGIFERA INDICA L.) NO MARANHÃO
Nádylla Dannuse Rodrigues Almeida[1], **Maria da Cruz Chaves Lima Moura**[2], **Lindomar Siqueira da Silva**[1], **Ronaldo Silva Gomes**[3]; [1]*AGENCIA ESTADUAL PESQUISA EXTENSAO DO MARANHAO - Brazil*,[2]*Universidade Federal do Maranhão - Brazil*, [3]*Fundação Universidade Federal de Viçosa - Brazil*

162 VIABILIDADE DE PÓLEN DE GENÓTIPOS DE PESSEGUEIRO SUBMETIDOS AO CALOR
Silvia Carpenedo, **Maria do Carmo Bassols Raseira**, **Rodrigo Cezar Franzon**[1]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

163 CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA, COMPOSTOS BIOATIVOS E ATIVIDADE ANTIOXIDANTE EM ACESSOS DE CUCURBITA MAXIMA
Daniela Priori[1], **Rosa Lia Barbieri**, **Márcia Vizzoto**, **Taíse Carbonari**[2], **Claudete Clarice Mistura**[1]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

164 CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA DE CLONES DE BATATA COM RESISTÊNCIA AO VÍRUS Y
Raquel Bartz Kneib[1], **Caroline Marques Castro**[2], **Arione da Silva Pereira**; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

165 EVALUACIÓN DE TRES MÉTODOS DE DESINFECCIÓN PARA EL ESTABLECIMIENTO DEL LINALOE [BURSERA ALOEXYLON (SCHIEDE EX SCHLTDL.) ENGL.], EN CONDICIONES DE IN VITRO.
Esmeralda Judith Cruz Gutierrez[1], **Jesús Cortes Aguilar**[2], **Salvador Hernández Estrada**[1], **Moises Alberto Cortes Cruz**[1], **Martin Quintana Camargo**[1], **Juan Manuel Pichardo González**, **Luis Gómez Reyes**[1];[1]*INSTITUTO NACIONAL DE INVESTIGACIONES FORESTALES AGRICOLAS Y PECUARIAS - Mexico*, [2]*Comisión Nacional Forestal - Mexico*

166 VISÃO DE AGRICULTORES DE ANCHIETA E GUARACIABA - SC, QUANTO A CARACTERÍSTICAS DE RUSTICIDADE EM VARIEDADES CRIOULAS DE LACTUCA SATIVA E CICHORIUM SPP.
Guilherme Telésforo Osório[1], **Rosa Patrícia da Silveira**, **Juliana Bernardi Ogliari**; [1]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

167 VALIDAÇÃO DE MARCADOR MOLECULAR ASSOCIADO AO GENE DE TEXTURA DA POLPA DE PÊSSEGO
Carolina da Silva Silveira[1], **Naciele Marini**[2], **Maria do Carmo Bassols Raseira**[2], **Sandro Bonow**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

168 ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE MANGABEIRAS (HANCORNIA SPECIOSA GOMES) EM JARDIM CLONAL DA EMEPA-PB
Edivaldo Galdino Ferreira[1], **Iona Santos Holanda**, **Christiane Mendes Cassimiro**, **Ivonete Berto Menino**, **Herbert Uchôa Pontual**; [1]*Emepa de Pesquisa Agropecuária da Paraíba S/A - Brazil*

169 CITOGENÉTICA COMO FERRAMENTA NA CARACTERIZAÇÃO DA COLEÇÃO DE GERMPOLASMA DE GUACO (MIKANIA SPP.) DA EMBRAPA.
Marisa Toniolo Pozzobon[1], **Sileuza dos Santos**, **Rosa de Belem Das Neves Alves**[1], **Roberto Fontes Vieira**[1], **Dijalma Barbosa Silva**[1], **Andréa Del Pilar de Souza Peñaloza**, **Mara Rejane Ritter**; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

170 DEFINIÇÃO DE METODOLOGIA PARA IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO GÊNERO PHYLLANTHUS: AÇÕES DE APOIO À DEFINIÇÃO DE CRITÉRIOS DE QUALIDADE PARA PRODUÇÃO DE QUEBRA-PEDRA
Vânia Cristina Rennó Azevedo[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

171 APLICAÇÃO DE DNA BARCODE PARA IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DE GUACO CONSERVADAS NOS BANCOS DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA E DA UNICAMP
Vânia Cristina Rennó Azevedo[1], **Peter Inglis**, **Zilneide Pedrosa de Souza Amaral**[1,2], **Rosa de Belem Das Neves Alves**[1], **Glyn Mara Figueira**, **Maria Imaculada Zucchi**, **Roberto Fontes Vieira**[1], **Dijalma Barbosa Silva**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*, [2]*Laboratório de Genética Vegetal - Brazil*

172 DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GERMOPLASMA DE MELOEIRO POR MEIO DE DESCRITORES DOS FRUTOS
Adriana Rocha Franco da Silva[1], **Elaine Facco Celin**, **Frederico Inácio Costa de Oliveria**, **Francisco Davi da Silva**, **Alline Morais Silva**, **Nayanny de Sousa Fernandes**, **Fernando Antonio Souza de Aragão**[2];[1]*Universidade Federal do Ceará - Brazil*, [2]*Embrapa Agroindústria Tropical - Brazil*

173 SIMILARIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE AXONOPUS SPP. P. BEAUV. (POACEAE) COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES DE PASPALUM NOTATUM FLÜGGÉ
Bianca Baccili Zanotto Vigna[1], **Fernanda Ancelmo de Oliveira**[2], **Alessandra Pereira Fávero**[1], **Anete Pereira de Souza**[2], **Francisco Dübbern de Souza**[1]; [1]*Embrapa Pecuária Sudeste - Brazil*, [2]*Universidade Estadual de Campinas - Brazil*

174 DETECCIÓN DE FUENTES DE ALELOS FAVORABLES EN POBLACIONES NATIVAS DE MAÍZ DE ARGENTINA PARA EL DESARROLLO DE GERMOPLASMA ADAPTADO A SISTEMAS DE CULTIVOS MÚLTIPLES
Roberto Daniel Lorea[1], **Amadeo Solmi**[2], **Raquel Alicia Defacio**[3], **Nancy Salvi**[4], **Marcelo Edmundo Ferrer**[4,1]; [1]*Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - Argentina*, [2]*Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires - Argentina*, [3]*Instituto de Nacional de Tecnología Agropecuaria - Argentina*, [4]*Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires - Argentina*

175 IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DA ESPÉCIE GRAPEVINE LEAFROLL ASSOCIATED VIRUS 3 EM TECIDOS DE VIDEIRA UTILIZANDO RT-QPCR
Tiago Camponogara Tomazetti[1], **Isadora Teixeira Coelho Malohlava**[1], **Márcia Denise Rossarolla**[1], **Karina Goulart dos Anjos**[1], **Aparecido Lima da Silva**[1], **Rubens Onofre Nodari**[1]; [1]*Universidade Federal de Santa Catarina - Brazil*

176 INDUÇÃO DE CALOGÊNESE EM EXPLANTES DE PLANTAS IN VITRO DE ARACHIS PINTOI KRAPOV. & W.C. GREG.
Isabela Brandão de Sousa[1], **Camila Caliocane**[1], **Renata Oliveira Garcia**[1], **Georgia Pacheco Peters**[1], **Elisabeth Atalla Mansur**[1]; [1]*Universidade do Estado do Rio de Janeiro - Brazil*

177 POTENCIAL ANTIPROLIFERATIVO DE PLECTRANTHUS BARBATUS ANDR. UTILIZANDO O SISTEMA TESTE ALLIUM CEPA.
Kássia Cauana Trapp[1], **Solange Bosio Tedesco**[1]; [1]*Universidade Federal de Santa Maria - Brazil*

178 ESTUDO DA VIABILIDADE POLÍNICA DE CRAMBE ABYSSINICA HOCHST. EX R.E. FR. POR METODOLOGIAS DE COLORAÇÃO
Jéssica Mena Barreto de Freitas[1], **Marília Tedesco**, **Iana Sommavilla**, **Sidinei José Lopes**, **Solange Tedesco**; [1]*Universidade Federal de Santa Maria - Brazil*

179 AVALIAÇÃO DA EMERGÊNCIA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE MARACUJÁ VERMELHO, EM DIFERENTES TRATAMENTOS PARA QUEBRA DE DORMÊNCIA
Flávio Flôres Britto[1], **Jerffson Lucas Santos**, **Cláudio Lúcio Amaral**; [1]*Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia - Brazil*

180 PESQUISA PARTICIPATIVA NO QUILOMBO DA LAPINHA EM MATIAS CARDOSO/MG: AVALIAÇÃO DE VARIEDADES DE MANDIOCA
Lize de Moraes Vieira da Cunha[1], **Renato Fernandes Silva**[1], **Virgílio Jamir Gonçalves Mota**; [1]*Universidade Estadual de Montes Claros - Brazil*

181 ALTERAÇÕES EM ABÓBORAS CRIOULAS SUBMETIDAS À COCÇÃO
Ana Letícia Sirqueira Nascimento, **Marina Ferreira Vitória**, **Jéssica Monalisa Santos Pereira Oliveira**, **Evandro Neves Muniz**, **Semiramis Ramos**[1], **Ana Veruska Cruz da Silva**; [1]*TABULEIROS COSTEIROS - Brazil*

182 PRODUTIVIDADE DE FAMÍLIAS PROVENIENTES DE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE AZEVÉM
Eliézer da Cunha Pinheiro[1], **Angélica Halfen**, **Josiane Vargas Oliveira Maximino**, **Marco Aurélio Schiavon Machado**, **Andréa Mittelmann**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

183 ESTABELECIMENTO DE CULTURAS DE CALOS E RAÍZES DE PASSIFLORA FOETIDA L.
Ana Lucia Ferreira Pinheiro[1], **Renata Oliveira Garcia**, **Georgia Pacheco Peters**, **Elisabeth Atalla Mansur**; [1]*Universidade do Estado do Rio de Janeiro - Brazil*

184 AVALIAÇÃO DE TESTES DE VIABILIDADE E DESINFESTAÇÃO DE SEMENTES VISANDO À PRODUÇÃO DE MUDAS DE BUTIA ODORATA.
Francine Ferreira Cassana[1], **Juliana Castelo Branco Villela**[2], **Rafaela de Sousa Corrêa de Magalhães**[2], **Daniela Dias Peverada**[2], **Everton Maksud Medeiros**[2], **Claudete Mistura**, **Gustavo Heiden**[3], **Rosa Lia Barbieri**[3]; [1]*Instituto Federal Sul-rio-grandense - Brazil*, [2]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Sul-Rio-Grandense - Brazil*, [3]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

185 O POTENCIAL ALELOPÁTICO DE ATELEIA GLAZIOVEANA BAILL. (FABACEAE) NO CONTROLE DE ERVAS DANINHAS
Marina Michelotto Klacewicz[1], **Andre Hildebrandt Noronha**, **Márcia Bündchen**[1], **Francine Ferreira Cassana**[2]; [1]*Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul - Brazil*, [2]*Instituto Federal Sul-rio-grandense - Brazil*

186 COMPOSIÇÃO BROMATOLÓGICA DE DIFERENTES ACESSOS DE BROMUS AULETICUS
Daiane da Silva dos Santos, **Vivian Teixeira Alves Branco**, **Alan Fontes Barres**, **Leonardo Luís Artico**[1], **Camila Luzardo Porto**, **Ana Cristina Mazzocato**[1], **Juliano Lino Ferreira**, **Sérgio de Oliveira Juchem**;[1]*Embrapa Pecuária Sul - Brazil*

187 PRÉ-MELHORAMENTO DO FEIJÃO-FAVA
Jessica Daniele Lustosa Silva[1], **Antonia Cássia Sousa**[1], **Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves**[1], **Vinícius Santos Freitas**[1], **Regina Lucia Ferreira Gomes**[1], **Ângela Celis de Almeida Lopes**[1]; [1]*Universidade Federal do Piauí - Brazil*

188 SELECCION DE POBLACIONES DEL SUR DE ARGENTINA PARA EL DESARROLLO DE VARIEDADES DE MAIZ QUE PERMITAN LA SECUENCIA DE MAIZ/SOJAMAÍZ
Raquel Alicia Defacio[1], **Florencia Suarez**[2], **Roberto Daniel Lorea**[3], **Amadeo Solmi**[4], **Marcelo Edmundo Ferrer**[1]; [1]*Instituto de Nacional de Tecnología Agropecuaria - Argentina*, [2]*Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires - Argentina*, [3]*Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - Argentina*, [4]*Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires - Argentina*

189 CONHECIMENTO POPULAR E PROCEDÊNCIA DA ESPINHEIRA-SANTA (MAYTENUS ILICIFOLIA) COMERCIALIZADA EM PELOTAS, RS, BRASIL
Márcia Vaz Ribeiro[1], **Camila Almeida**[1], **Aline Silveira Cardoso Oliveira**[1], **Rosa Lia Barbieri**[2]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

190 GERMINAÇÃO DE PROGÊNIES DE MANGABEIRA EM CONDIÇÕES DE VIVEIRO
Ana Veruska Cruz da Silva[1], **Adrielle Naiana Ribeiro Soares**[2], **Marilia Freitas de Vasconcelos Melo**[3], **Josué Francisco da Silva Junior**[1]; [1]*Embrapa Tabuleiros Costeiros - Brazil*, [2]*Universidade Federal de Sergipe - Brazil*, [3]*Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho - Brazil*

191 INIBIÇÃO DO CRESCIMENTO IN VITRO DE FUSARIUM GRAMINEARUM NA PRESENÇA DE DIFERENTES EXTRATOS OBTIDOS DA SEMENTE DE CANOLA
Angela Elis Schneider[1], **Cleverson Busso**[1], **Joel Donazzolo**[1]; [1]*Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Brazil*

192 ACLIMATIZAÇÃO DE PLANTAS DE CAPSICUM FRUTESCENS PROVENIENTES DO CULTIVO IN VITRO DE EMBRIÕES MADUROS
Rafael Walter[1], **Rafael de Araújo da Silva**[1], **Virginia Silva Carvalho**[1], **Francielle de Souza Guimarães**[1], **Andressa Leal Generoso**[1], **Ramon de Moraes**[1]; [1]*Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - Brazil*

193 USO DE LEDS NA MULTIPLICAÇÃO IN VITRO DE MINIROSA
Paulo Sergio Gomes da Rocha[1], **Fernanda Biason Ribeiro Freitas**[1], **Claudete Clarice Mistura**[2], **Ricardo Santolin**[1], **Talis Claiton Malacarne**[1]; [1]*UNIVERSIDADE REGIONAL INTEGRADA DO ALTO URUGUAI E DAS MISSÕES - Brazil*, [2]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*

193A RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFU À SCLEROTINIA SCLEROTIORUM
Larissa Barbosa de Sousa[1], **Cláudio Ricardo da Silva**[1]; [1]*Universidade Federal de Uberlândia - Brazil*

193B BANCO DE DNA DE PLANTAS E PRODUTOS BIOTECNOLÓGICOS DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA: CONSERVAÇÃO DE MATERIAL GENÉTICO E DOCUMENTAÇÃO DAS INFORMAÇÕES
Sylvana P. P. Costa[1], **Carolina Pamplona**[1], **Zilneide P. S. Amaral**[1], **Vânia C. R. Azevedo**[1]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Quarta-feira, 28 de outubro

C - Recursos genéticos vegetais

CARACTERIZAÇÃO FISICO-QUIMICA DE RAIZES DE BATATA-DOCE EM COLEÇÃO DIDÁTICA

Luiz Aurélio Freitas Pereira[1]; José Ricardo Tavares de Albuquerque[2]; Manoel Galdino dos Santos[3]; Almir Rogério Evangelista de Souza[4]; Rayanne Maria Paula Ribeiro[5]; Fernando Sarmento de Oliveira[5]; Aurélio Paes Barros Júnior[6], Jose Torres Filho[6], Lindomar Maria da Silveira[9]

[1] Graduando em Agronomia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, Rio Grande do Norte, Brasil, luizaurelio13@hotmail.com

[2] Mestrando em Produção Vegetal, Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada, Serra Talhada, Pernambuco, Brasil, ricardoplay33@hotmail.com

[3] Mestrandos em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA, Mossoró, Rio Grande do Norte, Brasil, manoel.galdino5@gmail.com

[4] Doutorando em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, Rio Grande do Norte, Brasil, almirrsouza@gmail.com

[5] Mestranda em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA, Mossoró, Rio Grande do Norte, Brasil, rayanne_tab@hotmail.com, fernandosarmentho@hotmail.com

[6]D.Sc. em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, Rio Grande do Norte, Brasil, aurelio.barros@ufersa.edu.br, torres@ufersa.edu.br, lindomarmaria@ufersa.edu.br

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) pertence á família Convolvulaceae, que agrupa mais de 1000 espécies, sendo ela a única com valor comercial. É cultivada praticamente em todo o Brasil, sendo que grande parte dos agricultores trabalham em regime de agricultura familiar, selecionando e conservando suas próprias cultivares, além de fazerem permuta de cultivares com parentes e amigos. Essas práticas têm sido responsáveis pela manutenção de grande variabilidade na espécie. Fonte de Energia, minerais e vitaminas, a raiz de batata-doce apresenta composição química que varia com a cultivar, condições climáticas, época de colheita, tratos culturais, condições e duração de armazenamento. A universidade Federal Rural do Semi-Árido conta com uma coleção didática de batata-doce composta por 29 acessos, distribuídos entre cultivares comerciais e regionais. Contudo, as informações sobre a amplitude da variabilidade existente nos acessos são escassas. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar características físico químicas nas raízes de batata-doce dessa coleção. O ensaio foi instalado na Horta Didática da UFERSA, onde os acessos foram plantados em fileiras contínuas, espaçadas entre leiras de 1,0 m e entre covas 0,3 m com duas plantas por covas, totalizando 30 plantas em uma área de 4,5 m^2 por acesso. Não foi realizada adubação e a irrigação utilizada foi localizada por gotejamento. Realizou-se o controle de plantas daninhas quando se fez necessário. Após 120 dias do plantio as raízes de cada acesso foram colhidas e levadas ao laboratório de Pós-colheita da UFERSA onde foram avaliados para as seguintes características: sólidos solúveis (SS) (ºBrix), acidez titulável (AT) (%), relação de teor de sólidos solúveis e a acidez titulável (SS/AT) (%), vitamina C (mg/100g) e pH. Os dados foram avaliados de forma descritiva. Para a característica SS observou-se valores variando de 9,6 a 11,65 °Brix. Para AT a variação verificada foi de 0,15 a 0,17%. Quando considerada a SS/AT os genótipos apresentaram valores de 34,66 a 70,14%. Para a vitamina C foi possível observar valores de 27,71 a 56,31 mg/100g e o pH variou de 5,68 a 6,15. Como pode ser observado pelos dados apresentados, foi possível encontrar variabilidade para as características avaliadas, em particular para a SS/AT e vitamina C. Esses parâmetros estão relacionados ao sabor e ao valor nutricional da batata. Embora essas características possam ser bastante influenciadas pelo ambiente e sistema de cultivo, é importante salientar que os acessos foram cultivados sob a mesma condição, sendo que algumas cultivares regionais obtiveram valores semelhantes as cultivares comerciais. Dessa forma, é possível inferir sobre a importância dessas coleções para a conservação do germoplasma de batata-doce. O risco de perda de um genótipo por substituição, seja de materiais melhorados ou regionais é uma realidade, uma vez que a preferência do consumidor ou pressões econômicas podem contribuir para esse fim. Assim, embora a coleção represente uma pequena amostra do germoplasma disponível para espécie, pode-se inferir sobre a variabilidade existente na mesma. Além de representar uma forma de conservação para o germoplasma, pode constituir-se em importante material para uso em programas de melhoramento, bem como para utilização direta por agricultores, desde que associado a outras características de interesse, visto que se trata material adaptado.

Agradecimentos: CAPES, CNPq-PIBIC, UFERSA, UFRPE/UAST/PGPV.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

VARIABILIDADE MORFOLÓGICA DE FOLHAS DE BATATA-DOCE EM COLEÇÃO DIDÁTICA

Rayanne Maria Paula Ribeiro[1]; Fernando Sarmento de Oliveira[1]; Manoel Galdino dos Santos[1]; José Ricardo Tavares de Albuquerque[2]; Luiz Aurélio Freitas Pereira[3]; Almir Rogério Evangelista de Souza[4]; Lindomar Maria da Silveira[5]; Aurélio Paes Barros Júnior[6]

[1] Mestrando em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, rayanne_tab@hotmail.com; fernandosarmentho@hotmail.com; manoel.galdino5@gmail.com

[2] Mestrando em Produção Vegetal, Universidade Federal Rural de Pernambuco/Unidade Acadêmica de Serra Talhada, Serra Talhada, PE, Brasil, ricardoplay33@hotmail.com

[3] Graduando em Agronomia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, luizaurelio13@hotmail.com

[4] Doutorando em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, almirrsouza@gmail.com

[5] D.Sc. em Fitotecnia, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, lindomarmaria@ufersa.edu.br

[6] D.Sc. em Produção Vegetal, Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró, RN, Brasil, aurelio.barros@ufersa.edu.br

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L) Lam.) é cultivada em todo o Brasil, sendo adaptada às diferentes condições edafoclimáticas. Embora, o mercado disponha de cultivares melhoradas, ainda predomina na maioria dos cultivos a utilização de cultivares regionais, selecionadas e conservadas pelos agricultores ao longo dos tempos. Essas cultivares por sua vez, constituem-se em importante germoplasma para a cultura, podendo ser utilizadas em programas de melhoramento, bem como selecionado para uso direto em regiões diferentes. Para tanto, torna-se necessário caracterizar esses materiais, uma vez que a quantificação de suas características pode favorecer sua utilização. A Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA) dispõe de uma coleção de batata-doce utilizada para fins didáticos que conta com 29 acessos, constituindo-se de cultivares melhoradas e regionais. Com o objetivo de quantificar a variabilidade para características de folhas nesses acessos foi instalado ensaio na Horta Didática da UFERSA. Os acessos foram plantados em fileiras contínuas, espaçadas de 1,0 m entre leiras e 0,3 m entre covas, sendo utilizadas duas ramas por cova. Não foi realizada adubação e a irrigação foi localizada por gotejamento. Após 120 dias do plantio, foram aplicados os seguintes descritores de folha: cor de folha madura (FM), cor de folha imatura (FI), cor do pecíolo (P), perfil geral da folha (PG), tipos de lóbulo da folha (TL), número de lóbulos da folha (NL), forma do lóbulo central da folha (FLC). Os dados foram submetidos à análise estatística descritiva, sendo os resultados discutidos com base na amplitude das médias. Em relação à característica FM, variou entre a cor verde com roxo na nervura da parte adaxial da folha (3,44%) ao verde (58,6%). Para FI, obteve-se variação entre o verde com roxo na nervura da parte inferior a cor verde com borda roxa (3,44% e 27,5%) respectivamente. Em P, obteve-se maior expressão para verde com listas roxas (42%) e menor para verde com folha próximo ao roxo e totalmente ou na maioria dos casos roxos, 3,45%. Em PG, verificou-se variação de cordiforme (17%) a lobada (38%). Para TL, observou-se variação de muito dentado (3,44%) a moderado (27,58%). Em NL, registrou-se uma variação de sete (6,89%) a cinco lóbulos (55,17%). Quanto a FLC, a menor expressão observada foi de oblanceolado (3,44%) a semielíptico (24,13%). As diferenças observadas nas folhas de batata-doce podem ser utilizadas para distinção de genótipos, bem como para fins de registro de cultivares. Contudo, também tem sua importância do ponto de vista fisiológico, visto que são responsáveis pela maior parte da fotossíntese realizada pela planta. Assim, dependendo das condições de desenvolvimento, a morfologia da folha pode estar diretamente ligada ao sucesso da produção. A variabilidade observada nos resultados, considerando que a amostra representa uma pequena parte do germoplasma disponível para a espécie denota a importância dessas coleções, mesmo quando se referindo a materiais regionais, mantidos por produtores, existe risco de perda por substituição, seja de materiais melhorados ou outros regionais. Esta é uma realidade, uma vez que a preferência do consumidor ou pressões econômicas podem contribuir para esse fim. Dessa forma, coleções didáticas podem constituir-se em importantes fontes de alelos para as mais diversas características, contribuindo para conservação do germoplasma da espécie.

Agradecimentos: CAPES, CNPq, UFERSA.

TRANSFERIBILDADE DE MARCADORES MICROSSATÉLITES EM AVEIA

Jossana Santos[1]; Simone Meredith Scheffer Basso[2]; Sandra Patussi Brammer[3]; Patrícia Frizon[2]; João Leodato Nunes Maciel[4]; Alfredo do Nascimento Junior[4]; Nadia Canali Lângaro[2]; José Maurício Cunha Fernandes[4]

[1]Bióloga, Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil. E-mail: jojossana@hotmail.com.

[2]Engenheira Agrônoma, Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil. E-mail: sbasso@upf.br, patriciafrizon@gmail.com, nclangaro@upf.br

[3]Bióloga, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, Brasil. E-mail: sandra.brammer@embrapa.br.

[4]Engenheiro Agrônomo, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, Brasil. E-mail: joao.nunes-maciel@embrapa.br, alfredo.nascimento@embrapa.br, mauricio.fernandes@embrapa.br

Transferibilidade é a capacidade que marcadores moleculares desenvolvidos para uma espécie têm em amplificar segmentos de DNA de outra espécie, dependendo da distância evolutiva, sintenia e da complexidade dos genomas envolvidos. Marcadores microssatélites (SSR - Simple Sequence Repeats) ocorrem abundantemente nos genomas das espécies e representam excelente ferramenta de análise de DNA, principalmente em estudos evolutivos e de diversidade, gerando subsídios para a caracterização e conservação de recursos genéticos. Para algumas espécies, ainda há poucos SSR específicos, devido ao elevado custo para o desenvolvimento destas sequências. Portanto, uma das estratégias para estudos de diversidade genética é o emprego de marcadores microssatélites desenvolvidos para espécies relacionadas. O objetivo deste trabalho foi verificar a transferibilidade de marcadores SSR desenvolvidos para as espécies *Avena sativa* L., *Triticum aestivum* L. e *Hordeum vulgare* L., visando à validação e uso em espécies de *Avena (A. strigosa* Schreb, *A. brevis* Roth. e *A. sativa* L.). Foram avaliadas cinco cultivares de *A. sativa*, cinco cultivares de *A. strigosa* e duas cultivares de *A. brevis* utilizando-se, até o momento, 15 pares de primers desenvolvidos para *A. sativa*, 42 desenvolvidos para *T. aestivum* e 14 para *H. vulgare*. O DNA foi extraído do tecido de folhas jovens pelo método CTAB. As amplificações de PCR foram realizadas em 15 µL de solução contendo: 50 ng de DNA, 0,75 U de Taq polimerase, 0,2 µM de cada primer (forward e reverse), 1x de tampão de reação, 2,5 mM de $MgCl_2$. As reações foram conduzidas em termociclador GeneAmpThermal Cycler 9700 (Applied Biosystems - ABI) com a seguinte programação: um ciclo a 95ºC por 3 min; 10 ciclos de 94ºC por 30s, 60ºC por 30s e 72ºC por 30s (decrescendo 1ºC por ciclo até 50ºC); 25 ciclos de 94ºC por 30s, 50ºC por 30s, 72ºC por 30s e um ciclo de 72ºC por 15 min. Os produtos da amplificação foram identificados em gel de agarose 2% e o marcador DNA Ladder empregado foi de 100 pb, a uma voltagem de 120V por duas horas e visualizados via brometo de etídeo em fotodocumentador digital GelDoc XR (Bio-Rad). Do total de 71 primers genômicos testados, onze (73%) desenvolvidos para *A. sativa* foram eficientes em *A. strigosa* e *A. brevis*, sete (17%) desenvolvidos para *T. aestivum* e oito (57%) para *H. vulgare* amplificaram fragmentos em *A. sativa, A. strigosa* e *A. brevis*. Especificamente para *A. strigosa*, houve a amplificação de dois primers de *A. sativa* apenas em uma das cultivares, demonstrando que há diferenças interespecíficas. Para os demais casos, a amplificação foi em todas as cultivares, embora houveram diferenças no polimorfismo. Estes resultados estão de acordo com o esperado, uma vez que o maior nível de amplificação ocorreu dentro do gênero *Avena*. Portanto, os marcadores SSR utilizados foram eficientes em relação à transferibilidade e potencialmente úteis para detectar níveis de diversidade genética nos genótipos estudados.

Agradecimentos: Bolsa convênio UPF/Capes/Embrapa nº 15/2014.

CARACTERIZAÇÃO E DISTINGUIBILIDADE DE CULTIVARES DE FEIJÃO DO GRUPO COMERCIAL PRETO INDICADAS PARA CULTIVO NO PARANÁ

Jessica Delfini[1]; Juliana Sawada Buratto[2]; José dos Santos Neto[3]; Vânia Moda-Cirino[2]

[1]Mestranda, Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR, Londrina, PR, Brasil, jessica_delfini@hotmail.com

[2]Pesquisadora, Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR, Londrina, PR, Brasil, jsburato@iapar.br, vamoci@iapar.br

[3]Engenheiro Agrônomo, Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR, Londrina, PR, Brasil, js.neto@iapar.br

A caracterização e avaliação da variabilidade genética fornece parâmetros para a identificação de genitores que possibilitem maior efeito heterótico nas progênies e maior possibilidade de recuperar recombinantes agronomicamente superiores nas gerações segregantes. O presente trabalho objetivou avaliar a divergência genética entre 20 cultivares de feijão do grupo comercial preto, registradas junto ao RNC/MAPA, desenvolvidas por diferentes instituições de pesquisa. O ensaio foi estabelecido em Guarapuava-PR na safra das águas 2014/2015. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados com 20 tratamentos, 3 repetições e parcela experimental constituída por 4 linhas de 4 metros de comprimento com espaçamento de 0,5 m. Vinte e três descritores morfoagronômicos quantitativos baseados em caracteres vegetativos e reprodutivos da planta foram avaliados. Os dados foram submetidos a análise de variância para cada variável e análise multivariada, em que foi estimado a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), análise de agrupamento de Tocher e componentes principais (ACP) e um dendograma obtido pelo método UPGMA. As análises de variância revelaram efeitos significativos de genótipo para todas variáveis, exceto para "Produção de grãos", indicando a existência de variabilidade genética entre as cultivares. As estimativas dos coeficientes de variação ambiental variaram de 1,61% a 21,94% mostrando boa precisão experimental. Segundo a distância generalizada de Mahalanobis, as cultivares IAPAR 65 e IAC Diplomata foram as mais dissimilares, enquanto que IPR Uirapuru e BRS Campeiro foram as mais similares. O agrupamento de Tocher e o dendograma proporcionou a formação de três grupos principais. O grupo I foi o maior, constituído por dezoito genótipos, o grupo II foi formado apenas pela cultivar IAPAR 65, e o grupo III pela cultivar IAC Diplomata. A análise de componentes principais mostrou que dez características pouco contribuíram para a discriminação das cultivares avaliadas no presente estudo, sendo elas: espessura da semente, comprimento do folíolo central, número de vagens por planta, peso de 1000 sementes, número de locos por vagem, comprimento da haste principal, inserção da primeira vagem, produção, índice da folha primária e espessura do caule principal. Essas características menos importantes podem estar correlacionadas com outras consideradas no estudo e são passíveis de descarte para as próximas avaliações. Observa-se divergência genética entre as cultivares de feijão preto para a maioria das características agromorfológicas.

Agradecimento: IAPAR e CNPq pela concessão da bolsa de mestrado.

SELEÇÃO DE ACESSOS DE MANDIOCA VISANDO A OBTENÇÃO DE HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE INTERESSE FORRAGEIRO

Rafaela Priscila Antônio[1]; Irlane Cristine de Souza Andrade Lira[2]; Alineaurea Florentino Silva[3]; José Leandro da Silva Neto[4]; Jobimêre Dayanne da Silva Santos[4]; Reginaldo de Carvalho[5]

[1]Dra. em Genética e Melhoramento de Plantas, Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, Brasil, rafaela.antonio@embrapa.br

[2]Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, UFRPE, Recife, PE, Brasil, irlane.cristine@gmail.com

[3]MSc. em Fitotecnia, Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, Brasil, alineaurea.silva@embrapa.br

[4]Graduandos em Biologia UPE, bolsista CNPq e Estagiário Embrapa Semiárido, Petrolina, Pernambuco, Brasil, jobimere@gmail.com, jose_leandroneto@hotmail.com.

[5]Dr. Em Ciências Biológicas, UFRPE, Recife, PE, Brasil, reginaldo.ufrpe@gmail.com

A parte aérea da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) como também da maniçoba (*M. pseudoglaziovii*) apresentam um teor de proteína bruta em torno de 18 a 20%, em conjunto com sua raiz, que possui um alto teor energético, formam uma fonte importantíssima de proteína e energia que são necessários a alimentação de ruminantes. Estas espécies já vêm sendo utilizadas na alimentação animal por pequenos agricultores, no entanto poucas pesquisas têm sido realizadas na área de melhoramento vegetal devido a pouca caracterização de acessos. A hibridação interespecífica seguida de seleção é um dos métodos utilizados em espécies do gênero *Manihot* quando a variabilidade precisa ser gerada ou características de interesse econômico precisam ser transferidas. O sucesso deste método depende principalmente da escolha correta dos genitores. Nesta fase é essencial a seleção de um grande número de indivíduos. Para a realização do melhormente genético dessas espécies é necessário que esteja disponível a maior quantidade de recursos genéticos possível, e que estes sejam representativos da variabilidade natural das espécies. Desta forma, o objetivo do trabalho foi selecionar acessos de mandioca para caracteres de interesse forrageiro para obtenção de híbridos interespecíficos em cruzamento com espécies silvestres do gênero *Manihot*. O trabalho foi realizado no Banco Ativo de Germoplasma de Mandioca da Embrapa Semiárido. Foram utilizados 280 acessos com parcelas com cinco plantas, tendo como área útil as três plantas centrais da parcela. Os caracteres avaliados foram: A altura das plantas – AP (cm); Altura da primeira ramificação – AR (cm); Retenção foliar – RF; área da copa – AC (cm²) e diâmetro do caule - DC (cm). Foram calculadas as estatísticas descritivas por meio do programa SISVAR. A altura da planta variou de 220,00 cm a 73,33 cm com média de 134,35 cm. Esta característica é muito importante para seleção de genitores, pois está correlacionada com o rendimento da raiz, já a altura da primeira ramificação variou de 125,00 a 13,33 cm com média de 53,46 cm. Plantas mais altas e com altura da primeira ramificação maiores são preferidas devido a facilitarem o manejo da cultura. Com relação à retenção foliar das plantas observou-se grande variação para este caráter com o mínimo de 10% e máximo de 75% (média de 28,80%). Plantas com maior retenção foliar ou com uma maior durabilidade das folhas são mais produtivos com relação a produção de raízes, outra vantagem de plantas com esta característica é a maior sobrevivência em períodos de seca. A área da copa variou de 20,00 cm² a 181,67 cm² (média de 41,03 cm²), determinar a área da copa é importante quando se quer avaliar e quantificar os danos relacionados a doenças e pragas nas folhas. Para o diâmetro do caule houve variação de 1,50 cm a 4,2 cm. Para a seleção visual de acessos com potencial para a alimentação animal foi dado preferência as plantas mais altas, com retenção foliar acima de 50%, e altura da primeira ramificação e área de copas maiores. Estas variáveis além de serem preferidas para a obtenção de plantas com melhores características forrageiras também são essenciais para um melhor manejo da cultura. Destes acessos, foram selecionados os 50 que obtiveram uma ou mais das características mencionadas anteriormente. Estes acessos serão utilizados na obtenção de híbridos interespecíficos com caracteres de interesse forrageiro.

Agradecimentos: Embrapa semiárido, UFRPE, UPE, FACEPE.

DIVERSIDADE GENÉTICA EM TRIGOS SINTÉTICOS USANDO MARCADORES MOLECULARES

Patrícia Frizon[1*]; Carolina Cardoso Deuner[2]; Sandra Patussi Brammer[3]; Jossana Santos[4]; Maria Imaculada Pontes de Moreira Lima[5]; Ricardo Lima de Castro[5]; Tammy Aparecida Manabe Kiihl[5]; Eugênia Martin[6]

[1]Engenheira Agrônoma, Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil, patriciafrizon@gmail

[2]Engenheira Agrônoma , Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil, carolinadeuner@upf.br.

[3]Bióloga, Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, Brasil, sandra.brammer@embrapa.br

[4]Bióloga, Programa de Pós Graduação em Agronomia da Universidade de Passo Fundo Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS, Brasil, jojossana@hotmail.com

[5]Eng. Agr., Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS, Brasil, maria-imaculada.lima@embrapa.br, ricardo.castro@embrapa.br, tammy.kiihl@embrapa.br

[6]Geneticista, IICAR-CONICET, Faculdade de Ciencias Agrárias, UNR, Zavalla, SF, Argentina, eamartin@unr.edu.ar

Trigos sintéticos hexaploides são resultados de cruzamentos interespecíficos envolvendo cultivares tetraploides (por exemplo, *Triticum turgidum*, genomas AABB) e diploides (*Aegilops tauschii*, genoma DD). Os híbridos triploides produzidos (ABD) são altamente estéreis, sendo necessário cultivo *in vitro* do embrião imaturo, seguido da duplicação cromossômica com colchicina, visando à síntese artificial do trigo hexaploide e restauração da fertilidade. Estes trigos são genomicamente anfidiploides e devido à combinação dos genomas dos pais apresentam resistência principalmente a fungos e insetos, servindo como fonte de germoplasma valiosa para o melhoramento genético. Assim, o objetivo deste trabalho foi determinar a diversidade genética de 20 acessos de trigos sintéticos, provenientes do CIMMYT (Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo) e seis cultivares de trigo (*T. aestivum*), desenvolvidas pela Embrapa Trigo. Para realização da extração de DNA do material vegetal foi utilizado o método CTAB. Foram utilizados 42 marcadores microssatélites SSR específicos para o *T. aestivum*, sendo que as amplificações foram realizadas em termociclador TM (Bio-Rad). Os fragmentos amplificados foram separados em géis de agarose a 2%, analisando-se pela presença ou ausência do alelo. Os dados foram analisados no programa estatístico InfoGen, sendo calculado a distância genética de Dice e posterior análise de agrupamento pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), obtendo-se o dendrograma correspondente. Das 26 amostras (genótipos), utilizadas nenhuma se encontra duplicada. Dos 42 marcadores moleculares utilizados, 80,82% foram polimórficos. O número máximo de alelos observados foram quatro, com uma amplificação de 83,33%. Considerando os conteúdos de informação polimórfica (PIC), foi observado que os maiores conteúdos foram de 0,37 e 0,35, obtidos em quatro primers, representando-se como os mais informativos. Já dois primers apresentaram PIC de 0,07, ou seja, valores muito baixos para capacidade discriminatória. Por último, os oito marcadores restantes apresentaram capacidade similar de análise discriminatória. A menor probabilidade de que os indivíduos apresentam o mesmo alelo foi encontrada em 20 primers, indicando que estes podem apresentar um alto grau de confiança para identificação de cultivares de trigo. Entretanto, oito marcadores não apresentaram nenhuma capacidade discriminatória, os quais não foram considerados na análise. Para a distância genética obtida, por meio do índice de Dice, a média entre os genótipos analisados foi de 42%, considerada uma distância alta, principalmente por se tratar de híbridos interespecíficos, demonstrando grande variabilidade genética. Isto também ficou comprovado na formação do dendrograma (coeficiente de corrrelação cofenética: 0,767*)* uma vez que este apresentou a formação de quatro grupos principais, sendo que as cultivares de trigo mantiveram-se em um dos grupos e os demais acessos, distribuídos nos demais grupo.Portanto, os trigos sintéticos apresentaram elevada variabilidade genética, fazendo com que estes possam ser usados no melhoramento genético de trigo, a fim de aumentar a diversidade genética da espécie.

Agradecimentos: *Bolsista Fapergs / Convênio Capes Programa Centros Associados para o Fortalecimento da Pós-Graduação Brasil-Argentina (CAFP-BA).

USO DE CARACTERES MULTICATEGÓRICOS PARA DIVERSIDADE GENÉTICA EM FEIJAO-FAVA

Raimundo Nonato Oliveira Silva[1]; Telma Nair Santana Pereira[2]; Regina Lucia Ferreira Gomes[3]; Messias Gonzaga Pereira[4]

[1]Biólogo, Universidade Federal do Piauí, Floriano, Piauí, Brasil, jraio@ufpi.edu.br

[2]Eng. Agrônomo, Universidade Estadual do Note Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, telmasp2012@gmail.com

[1]Eng. Agrônomo, Universidade Federal do Piauí, Teresina, Piauí, Brasil, rlfgomes@ufpi.edu.br

[4]Eng. Agrônomo, Universidade Estadual do Note Fluminense Darcy Ribeiro, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, messiasgpereira@gmail.com

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é considerado uma fonte de proteína vegetal, que é utilizada na alimentação tanto humana quanto de bovinos, sendo ainda utilizada como adubo verde para proteção do solo. É considerado importante recurso genético para populações da América do Sul, África e no México é considerada como uma das principais culturas. Tem grande relevância no Brasil, principalmente no Nordeste, apresentando-se como alternativa alimentar e de renda. Apesar do seu valor nutritivo e importância econômica, o cultivo do feijão-fava tem sido relativamente limitado, isso devido à maior tradição de consumo dos feijões comum (*P. vulgaris* L.) e caupi [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. Além disso, sua variabilidade genética disponível para o melhoramento ainda é pouco conhecida, o que pode limitar seu potencial produtivo. Dessa forma, é imprescindível que seja conservado os recursos genéticos dessa espécie vegetal, uma vez que estes recursos certamente contém alelos que podem se tornar solução para problemas alimentícios futuros, como fontes de genes a serem utilizados. Contudo, para que tais recursos sejam eficientemente utilizados, há a necessidade não só de uma devida conservação, mas também de caracterização. A falta de informações que subsidiem a sua exploração tornam evidente a necessidade do desenvolvimento de pesquisas em genética, recursos genéticos e melhoramento. Nesse sentido, foi desenvolvida pesquisa na área experimental da Universidade Federal do Piauí, *Campus* Professora Cinobelina Elvas, Bom Jesus-PI, para verificar a diversidade genética entre 24 acessos de feijão-fava utilizando caracteres qualitativos. Foram utilizados caracteres relacionados à semente e à fase vegetativa, propostos pelo IPGRI, atual *Bioversity International* (www.bioversityinternational.org). Para a análise desses caracteres foi obtida a matriz de dissimilaridade genética utilizando a moda de cada variável por indivíduo e, posteriormente, realizou-se análise de agrupamento pelo método UPGMA. Foi verificada a formação de seis grupos, considerando o método aglomerativo UPGMA, com coeficiente de correlação cofenética de 83,63. Isso evidencia a alta confiabilidade das conclusões relacionadas à formação dos grupos por meio desse método. Foram predominantes acessos com hábito de crescimento indeterminado trepador, com 62% dos acessos; com asas brancas 54%; quilha esverdeada com 54%; cor da semente castanha 29%; hipocótilo verde 79%; e cotilédone verde, 79% dos acessos. Verifica-se, portanto, a importância dos caracteres multicategóricos para a diversidade genética e a consistência do agrupamento utilizado.

Agradecimentos: Apoio da UFPI e FAPERJ.

FILOGENIA MOLECULAR DE *MESOSETUM* (POACEAE, PASPALEAE): UM ESTUDO PRELIMINAR

Anádria Stéphanie da Silva[1]; Peter Inglis[2]; Gláucia Sales Cortopassi Buso[3], André Rodolfo de Oliveira Ribeiro[4], Mayco Werllen dos Santos Sousa[4], Marisa Toniolo Pozzobon[5], Regina Célia de Oliveira[6]

[1] Doutoranda em Botânica, Universidade Brasília, Brasília, DF, Brasil, anadriastephanies@hotmail.com

[2] Bolsista de Pós-Doutorado, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, peterwinglis@gmail.com

[3] Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia Brasília, DF, Brasil, glaucia.buso@embrapa.br

[4] Doutorando em Botânica, Universidade Brasília, Brasília, DF, Brasil, andre_rodolf@hotmail.com, maycowerllen@gmail.com

[5] Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia Brasília, DF, Brasil, marisa.pozzobon@embrapa.br

[6] Professora Doutora, Universidade Brasília, Brasília, DF, Brasil, reginacelia@unb.br

A utilização de espécies autóctones deveria ser estimulada no Brasil, pois representa uma alternativa para sistemas produtivos mais sustentáveis e menos impactantes ao ambiente. As espécies de *Mesosetum* se destacam pelo potencial forrageiro. *Mesosetum* é um gênero Neotropical com 25 espécies, 21 das quais ocorrem no Brasil. Vegetam na Amazônia, Mata Atlântica, Cerrado, Pantanal e Caatinga e há referências, na literatura, do consumo por bovinos e caprinos de espécies de *Mesosetum* em todos esses biomas. O gênero *Mesosetum* pertence a um clado cujos membros possuem o número cromossômico básico x = 10, mas os primeiros relatos de contagens cromossômicas para o gênero citam x = 8. Recentemente foi descoberto x = 4 (2n = 8), sendo x = 8 provavelmente um número básico secundário, além de espécies com x = 10 (2n = 20 e 60). O gênero é relacionado à monofilética subtribo *Arthropogoninae*, que engloba 16 gêneros americanos heterogêneos quanto aos caracteres morfológicos, anatômicos e fisiológicos. *Mesosetum* é caracterizado por apresentar inflorescências com um ramo espiciforme terminal, espiguetas com a primeira gluma adaxial à ráquis, gluma e/ou lema inferior com tufos de tricomas e cariopse com hilo linear. Todos esses caracteres são homoplásicos. Apresenta-se nesse estudo a primeira hipótese filogenética de *Mesosetum* em caráter preliminar, objetivando compreender as relações infragenéricas e a história evolutiva do gênero. Analisaram-se amostras de todas as espécies de *Mesosetum* e mais sete espécies da subtribo *Arthropogoninae* e três gêneros de Paniceae compondo o *outgroup*. Sequenciaram-se regiões não codificantes cpDNA: o intron *trnL* (UAA), as regiões intergênicas *trnL-trnF* e *psbA-trnH* e espaçadores internos transcritos (ITS) do gene rRNA. Fez-se o alinhamento das sequencias no *software* MAFFT 7 e as inferências filogenéticas nos programas MEGA6 e MrBayes. As árvores filogenéticas obtidas por análise de Máxima Parcimônia e Bayesiana mostram pelo menos dois clados fortemente suportados dentro de *Mesosetum*. O primeiro clado, com 100% de probabilidade posterior, agrupou espécies que apresentam números cromossômicos múltiplos de x = 10. Um segundo clado, com 90% de probabilidade posterior, reuniu espécies com números cromossômicos múltiplos x = 4. As espécies pertencentes ao clado x = 10 são as espécies originalmente aceitas em *M.* sect. *Mesosetum* (*M. cayennense*, *M. rottoboellioides* e *M. ferrugineum*) e *M. exaratum*, anteriormente considerada como *M.* sect. *Penicillata*. Todas as demais espécies de *Mesosetum*, que eram dispersas em quatro seções, pertencem ao clado x = 4. *Mesosetum loliiforme* é a espécie de mais ampla distribuição, maior polimorfismo do gênero e apresenta três níveis de ploidia: 2n = 16, 2n = 24 e 2n = 32 cromossomos. Analisaram-se vários citótipos de *M. loliiforme* e o cladograma indica que essa espécie, conforme a circunscrição aceita, não é monofilética, mostrando que a delimitação do táxon necessita reavaliação. Citótipos distintos de *M. bifarium* e *M. longiaristatum* também mostraram-se parafiléticos. Citótipos de *M. bifarium* com 2n = 8 e 2n = 16 ficaram em clados distintos. Da mesma forma ocorrem em *M. longiaristatum*, com os citótipos de 2n = 8 e 2n = 24. Fica evidenciada a forte relação entre poliploidização e a evolução das espécies de *Mesosetum*. As seções previamente propostas foram estabelecidas com base em caracteres homoplásicos e não são monofiléticas. A delimitação de algumas espécies do gênero precisa ser reavaliada.

CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE CARACTERES DE INFLORESCÊNCIAS EM GENÓTIPOS DE *OENOCARPUS MAPORA* KARSTEN

Alynne Regina N. Alves Maciel[1]; Maria Socorro Padilha de Oliveira[2]

[1] Graduanda em Eng. Florestal, UFRA, Belém, PA, Brasil, alynnemaciel10@gmail.com.

[2] Pesquisadora, Embrapa Amazônia Oriental, Belém, PA, Brasil, socorro-padilha.oliveira@embrapa.br

Oenocarpus mapora Karsten. é uma palmeira com grande ocorrência natural na Amazônia, sendo popularmente conhecida por bacabi. É considerada como espécies semi ou não domesticada, mesmo apresentando grande potencial econômico ao mercado de frutos, seja para polpa processada ou para a obtenção de óleo, com escassez de informações, especialmente sobre caracteres reprodutivos. Assim, caracterizou-se e avaliaram-se caracteres de inflorescência em genótipos de *O. mapora* conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental. Foi avaliada uma inflorescência em cada um dos 20 genótipos de bacabi. De cada inflorescência foram coletadas ao acaso dez ráquilas e avaliados quatorze caracteres: comprimento da raquila (CR), distância da primeira flor a inserção da ráquila na raquis (DPFF), disposição das flores masculinas ao longo da raquila (DFM), em centímetros; comprimento (CFF) e largura da flor feminina (LFF) e comprimento do estigma (CE); comprimento da flor (CFM), da antera (CA) e do filete da flor masculina (CF), em milímetros; e número de flores femininas (NFF) e de masculinas (NFM). Foi caracterizada a coloração da ráquila (CorR), da flor feminina (CorFF) e da masculina (CorFM) com base na carta de cores. Os dados obtidos foram organizados em planilhas do Excel e submetidos às analises de estatísticas simples. Os genótipos apresentaram, em média, 46,7 cm de comprimento da raquila sendo desse total 22,9 cm contendo flores masculinas e 4,5 cm para o caráter DPFF. Cada ráquila teve, em média, 36 flores femininas e 322 masculinas, podendo atingir até 82 flores femininas, com variações para o tamanho das flores femininas e masculinas. A coloração predominante das flores foi o amarelo escuro (7.5 YR), mas houve três gradações, 7.5 YR 8/2, 7.5 YR 8/4, 7.5 YR 8/6. Portanto, os genótipos de *O. mapora* caracterizados possuem diferenças para caracteres de inflorescências, onde se pode evidenciar indivíduos com um maior potencial produtivo.

Agradecimento: À FAPESPA pela concessão de bolsa e à Embrapa Amazônia Oriental.

AVALIAÇÃO DO GRAU DE TOLERÂNCIA A PODAS APRESENTADO POR GENÓTIPOS DE POACEAS PRÉ-SELECIONADOS PARA USO COMO GRAMADOS

Francisco H. Dübbern de Souza[1]; Waldomiro Barioni Jr.[2]

[1] Pesquisador, Dr., Embrapa Pecuária Sudeste - São Carlos (SP); e-mail: francisco.dubbern-souza@embrapa.br

[2] Pesquisador, M.Sc., Embrapa Pecuária Sudeste - São Carlos (SP); e-mail: waldomiro.barioni@embrapa.br

Densidade é um importante atributo de qualidade de gramados. Relvados densos são mais tolerantes à invasão de plantas indesejadas e ao desgaste pelo uso (tráfego, pisoteio), oferecem maior segurança aos usuários (esportistas, principalmente) e contribuem à qualidade ornamental. Seu grau resulta do hábito de crescimento da poacea cultivada, do comprimento dos entrenós dos estolões e dos rizomas, do número de perfilhos e de folhas por unidade de área e da taxa de crescimento das folhas; várias dessas características compõem a matéria seca da parte aérea (MSA) produzida pelo relvado. Altas produções de MSA, entretanto, demandam maior frequência de podas, fato que aumenta custos de manutenção do gramado e volumes de resíduos ('aparas') nem sempre facilmente descartáveis. Entre março/2013 e junho/2015, em São Carlos (SP), foram comparadas 1) as produções estacionais de MSA resultantes de podas feitas de forma a manter os relvados entre 5cm e 7,5cm de altura do solo, 2) as percentagens de cobertura da superfície do solo (% C) e, 3) a qualidade ornamental das parcelas cobertas por plantas de três acessos de *Paspalum notatum* (acessos nºs 4, 6, 43), um de *P. lepton* (30), um de *P. jesuiticum* (19) e um de *Axonopus* sp. (33). De cada acesso foram plantadas (em janeiro/2103) quatro repetições de 2m x 2m, com base no delineamento experimental de blocos ao acaso; médias foram comparadas pelo teste Tukey (P<0,05). As amostras de aparas de cada poda, obtidas junto à bolsa-coletora do equipamento, foram secadas a 65ºC por 72h e pesadas; a % C foi estimada com base em escala visual (0 a 4) por dois avaliadores independentes no final de cada estação de crescimento. A qualidade ornamental foi estimada por quatro avaliadores independentes em abril/2015 com base em idêntica escala. As produções de MSA e o número de podas variaram entre acessos e, em cada um deles, entre estações de crescimento. O número de podas correlacionou-se com a produção de MSA. Não foram verificadas variações na % C entre acessos ou estações. As maiores produções (acumuladas em 30 meses) resultaram dos acessos nºs 4 (1.350g/m²) e 30 (1.590g/m²) que apresentaram estacionalidade marcante da produção; os acesso nºs 19 e 33 apresentaram as menores produções, respectivamente, 760g/m² e 470g/m² e estacionalidade. Nesse período, os acessos nºs 4 e 30 demandaram 60 podas, enquanto que para os acessos nºs 19 e 33 foram necessárias 37. Concluiu-se que todos os acessos testados apresentaram boa tolerância a podas a 5cm de altura do solo, sob regime de remoção das aparas, tendo mantido níveis aceitáveis de qualidade ornamental e cobertura da superfície do solo; o grau de relevância do potencial de produção de matéria seca aérea dependerá do uso a ser atribuído aos acessos que eventualmente venham a ser eleitos como cultivares.

INFLUÊNCIA DAS ARISTAS NA BIOMASSA DE PLÂNTULAS DE TRIGO (*TRITICUM AESTIVUM L.)*

Diógenes Silveira[1]; Luiz Pedro Bonetti[2]

[1] Graduando, Unicruz, Cruz Alta, Rio Grande do Sul, Brasil, diogenessilveira@hotmail.com

[2] Eng. Agr. MSc, Unicruz, Cruz Alta, Rio Grande do Sul, Brasil, lpbonetti@unicruz.edu.br

Durante o período de enchimento de grãos, aristas, folhas bandeira e folhas da posição apical da planta, são órgãos fotossintéticos potencialmente eficientes em termos de produção do trigo. As aristas podem servir como órgão fotossintético durante períodos de estresse hídrico e compensam a redução da fotossíntese pela folha bandeira durante o período em que esta é submetida a estresse. Estudos sobre a relação entre rendimento e presenças de aristas têm sidos revistos na literatura. Alguns autores constataram que as aristas promoveram um aumento de superfície da área de espigas na ordem de 36 a 59%, dependendo de seu comprimento que variou numa média de 5,6 a 13,8cm. Isto resultou numa média de 4% a mais de interceptação de radiação por parte das espigas aristadas. Diante do exposto, o propósito deste estudo foi realizar uma avaliação sobre a influência das aristas e seu efeito sobre algumas características de plântulas de trigo, produzidos sob condições de campo, visando posterior utilização no desenvolvimento de genótipos dessa espéciee. O experimento foi conduzido na Área Experimental do Curso de Agronomia da Universidade de Cruz Alta, em Cruz Alta, região noroeste do Rio Grande do Sul, com altitude de 450m, latitude de 28°33’47,09’’ S e longitude de 53°37’22,49’’ W, em solo classificado como Latossolo Vermelho Distrófico. O delineamento experimental foi o de blocos ao acaso com parcelas constituídas de quatro fileiras de 5m de comprimento, com espaçamento de 0,17m e seis repetições, utilizando-se como genótipo reagente a cultivar ‘Tarumã’. Foram avaliados quatro tratamentos: com arista, sem arista, remoção de 100% das aristas e remoção de 50% das aristas. A remoção total das aristas foi promovida através de cortes das mesmas rente ao ponto de inserção na espiga. Já a remoção parcial foi feita pelo corte na porção mediana da arista. Os cortes foram efetuados mecanicamente através da utilização de uma tesoura. A densidade de semeadura utilizada foi de 330 sementes viáveis por m². Para avaliação foram coletadas dez espigas por parcela, ao acaso, de cada tratamento, sendo determinado como parâmetro avaliativo o peso (em g) da biomassa verde de plântulas (bvp) e da biomassa seca de plântulas (bsp). Os resultados foram submetidos a análise da variância pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Estes mostraram que a biomassa verde de plântulas (1,95g) e biomassa seca de plântulas (0,26g) foram estatisticamente superiores nas espigas aristadas, não diferindo, no entanto, dos tratamentos com remoção parcial (1,65g e 0,21g) e remoção total das aristas (1,47g e 0,19g). Estes por sua vez apresentaram valores mais elevados de peso de biomassa de plântulas do que os obtidos pelo trigo mútico. Nesse estudo, pode-se concluir que genótipos de trigo aristados apresentam melhor desempenho em relação a biomassa de plântulas do que genótipos múticos.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO MORFOLÓGICA DE FRUTOS EM MATRIZES DE *OENOCARPUS BACABA* MARTIUS DE BAIÃO-PA

Taiane Silva Sousa[1]; Maria do Socorro Padilha de Oliveira[2]

[1] Graduanda de Engenharia Florestal, UFRA, Belém, Pará, Brasil, enaiat.asuos@gmail.com.

[2] Pesquisadora, Embrapa Amazônia Oriental, Belém, Pará, Brasil, socorro-padilha.oliveira@embrapa.br.

Oenocarpus bacaba Mart. é uma palmeira de ocorrência na parte leste e central da Amazônia, denominada comumente de bacabão e dotada de grande potencial ao mercado de frutos, seja para a obtenção de polpa ou óleo comestível. O Pará é um dos estados de dispersão dessa espécie, sendo o município de Baião, um dos locais de exploração, cujos frutos mobilizam a economia da cidade na confecção de biojóias, produção de azeite, e principalmente, de polpa processada, mas na forma extrativista, pois pouco se sabe sobre o bacabão. O objetivo do trabalho foi caracterizar e avaliar por caracteres morfológicos frutos de matrizes *O.bacaba* procedentes de Baião-PA. Foi avaliada uma amostra contendo dez frutos, a qual foi retirada ao acaso de um cacho em maturação completa colhido nas 18 matrizes de bacabão, no município de Baião, PA. As 18 amostras foram manuseadas no laboratório de Fitomelhoramento da Embrapa Amazônia Oriental. Os 180 frutos foram caracterizados e avaliados para onze caracteres morfológicos, quais sejam: diâmetros longitudinal (DL) e transversal (DT), expressos em milímetros; pesos do fruto (PF), da polpa (PP) e da semente (PS), em gramas; espessuras da polpa (EP) e da amêndoa (EA), em milímetros; o rendimento de polpa por fruto (RPF), expresso em porcentagem, além da coloração da casca (epicarpo) e da polpa (mesocarpo) com base na carta de cores de Munsell e da presença/ausência de embrião. Os dados obtidos foram organizados, digitados e analisados com base em estatística descritiva envolvendo média, valor mínimo e valor máximo, sendo as colorações e a presença de embrião calculada em porcentagem de ocorrência. Os frutos apresentaram diâmetros médios de 18,47mm e 15,47mm, transversal e longitudinal, respectivamente. Para o peso do fruto a média foi de 2,77g, sendo que desse total 46,1% representou a polpa, o que demonstra excelente rendimento ao mercado de polpa processada e bem acima da média do seu principal concorrente, o açaizeiro. As sementes pesaram 1,49g, com as espessuras da polpa e da amêndoa atingindo valores médios de 1,62mm e 5,37 mm, respectivamente. De um modo geral, os caracteres mais variáveis entre as matrizes foram o PF (CV= 17,85%) e PP (CV= 23,62%), fazendo com que nove delas expressassem rendimentos de polpa acima da média (2, 4, 5, 11, 13, 14, 19, 22, 23), sendo tais matrizes as mais desejáveis ao mercado de polpa processada. Todos dos frutos exibiram 100% de predominância da cor violácea na casca (5R 3/2), coloração mais aceita no mercado. Mas, demonstraram variações para a cor da polpa, com predomínio da cor amarelo forte (7.5YR 8/6) em 56% das matrizes. Ressalta-se que mais de 90% dos frutos avaliados apresentaram embrião, garantindo a propagação sexuada das matrizes. Portanto, os frutos avaliados em matrizes de *O. bacaba* de Baião – PA possuem características morfológicas desejáveis ao mercado de polpa com excelente rendimento da parte comestível, coloração violácea, com a maioria garantindo a propagação sexuada.

Á Fundação Amazônia de Amparo a Estudos e Pesquisas do Pará – FAPESPA pela concessão de bolsa ao primeiro autor (projeto ICAAF 103/2014).

CARACTERIZAÇÃO FÍSICA E QUÍMICA DE FRUTOS DE ACESSOS DE *SPONDIAS* SPP

Cristina de Fátima Machado[1]; Carlos Alberto da Silva Ledo[1]; Rogério Ritzinger[1]

[1] Pesquisadores da Embrapa Mandioca e Fruticultura. Cruz das Almas, Bahia. Brasil.

E-mails: cristina.fatima-machado@embrapa.br; carlos.ledo@embrapa.br; rogerio.ritzinger@embrapa.br

A caracterização de acessos tem sido realizada em coleções de germoplasma; para gerar informações sobre a descrição e a classificação do material conservado, com a finalidade de subsidiar os programas de melhoramento genético para identificar indivíduos desejáveis e quantificar a diversidade. Nesse contexto, o presente trabalho teve por objetivo caracterizar frutos de acessos conservados no Banco de germoplasma *Spondias* da Embrapa Mandioca e Fruticultura em relação às suas propriedades físicas e químicas, visando à seleção de genótipos superiores. O experimento foi conduzido no Laboratório Pós-colheita da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA, no período de setembro de 2013 a agosto de 2014. Dezoito acessos de *Spondias* spp. foram caracterizados. Foram utilizadas médias de 20 repetições na caracterização físico-química de frutos, sendo avaliados os seguintes descritores: diâmetro longitudinal do fruto (DLF), diâmetro transversal do fruto (DTF); massa média de frutos (MMF); coloração do fruto (CF) e coloração da polpa (CP), determinado a partir de escala de cores: 1-verde, 2-amarelo, 3- laranja, 4- vermelho; peso da casca (PCA); peso do caroço (PCO); peso da polpa (PP); rendimento da polpa (REN), obtido a partir da divisão do peso da polpa pela massa média do fruto multiplicado por cem; acidez titulável (AT); sólidos solúveis (SS) e pH. Nas determinações métricas; utilizou-se paquímetro; e balança analítica para determinar as massas dos frutos. A acidez titulável (AT) foi obtida de acordo com recomendação da *Association of Official Analytical Chemists* (AOAC) – *official methods of analysis*, sendo os resultados expressos em percentual de ácido cítrico por 100 ml de suco de acordo com as normas Analíticas de Métodos Físicos e Químicos para Análise de Alimentos. O conteúdo de sólidos solúveis (SS) foi determinado em refratômetro e o valor expresso em graus Brix a 25 ºC. Os dados obtidos foram analisados por meio de estatística descritiva, utilizando-se medidas de tendência central (média) e de variabilidade dos dados (coeficiente de variação e desvio padrão), utilizando o programa Sisvar 2.0. Como resultado, se observou variabilidade em todas as variáveis estudadas. O intervalo dos coeficientes de variação (CV) foi de 7,40% a 46,60% para rendimento da polpa e forma de fruto, respectivamente. As maiores variações observadas dentre as variáveis analisadas foram para rendimento da polpa, que apresentou 75,73% no acesso Boqueirão (BFT 30); massa total do fruto, que apresentou valor médio de 30,48g no acesso Santa Bárbara (BFT 010b); e peso da polpa (20,63 g no acesso Aurora (BFT 006). As espécies avaliadas diferiram em relação aos descritores utilizados; indicando a presença de variabilidade genética, cujos resultados poderão subsidiar futuros trabalhos de melhoramento. Os descritores rendimento da polpa e pH foram os que apresentaram menor variação. Verificou-se também ampla variabilidade entre espécies, sendo, no entanto, mínimas as diferenças entre acessos de mesma espécie. As diferenças verificadas entre espécies mostram o potencial para seleção e futuros cruzamentos; visando ao aumento de produtividade e qualidade de frutos. Por outro lado, visando segurança e sobretudo, quantificar o efeito da interação genótipo x ambiente, é desejável a inclusão de pelo menos três anos de avaliação.

Agradecimentos: À FAPESB pela concessão da bolsa e à Embrapa Mandioca e Fruticultura pela disponibilidade de material vegetal e de laboratório para a realização das análises.

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE ACESSOS DE *AMENDOIM FORRAGEIRO* PARA CARACTERÍSTICAS DE FOLHAS E CAULE

José dos Santos Neto[1]; Juliana Sawada Buratto[2]; Clandio Medeiros da Silva[2]; Vânia Moda Cirino[2]; Sergio José Alves[2]

[1]Eng. Agrônomo, Analista do IAPAR, Londrina, PR, Brasil. js.neto@iapar.br.

[2]Eng. Agrônomo(a), Pesquisador(a) do IAPAR, Londrina, PR, Brasil. jsburatto@iapar.br; clandio@iapar.br; vamoci@iapar.br; sja@iapar.br.

O amendoim forrageiro (*Arachis pintoi*) destaca-se entre as forrageiras devido ao seu alto valor nutritivo, boa persistência sob pastejo, excelente cobertura do solo e capacidade de fixação de nitrogênio. Apesar do seu grande potencial, as pesquisas com *A. Pintoi* são relativamente recentes, existindo poucas cultivares registradas no Brasil. Os bancos de germoplasma são as principais fontes de genes para os programas de melhoramento genético por reunirem acessos com constituições genéticas de diferentes origens e níveis de melhoramento. No entanto, para que o melhorista possa usar de maneira eficiente esta variabilidade é necessário primeiramente caracterizar os acessos que apresentam potencial de uso. Desse modo, o estudo teve como objetivo determinar a dissimilaridade genética entre os acessos de amendoim forrageiro (*A. pintoi*) do Banco de Germoplasma do IAPAR. O ensaio foi conduzido no período de abril a maio de 2015, na Estação Experimental do Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR) em Londrina. Foram avaliados doze descritores morfológicos dos vinte e dois propostos pelo Ministério de Agricultura Pecuária e Abastecimento (ASSIS, et al., 2010): (1) forma predominante do folíolo basal, (2) forma predominante do ápice do folíolo basal, (3) comprimento do folíolo basal, (4) largura do folíolo basal, (5) relação entre comprimento e largargura do folíolo basal, (6) forma predominante do folíolo apical, (7) forma predominante do ápice do folíolo apical, (8) comprimento do folíolo apical, (9) largura do folíolo apical, (10) relação entre comprimento e largura do folíolo apical, (11) comprimento do pecíolo e (12) comprimento médio dos entrenós no estolão. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualisado, com nove repetições. Para as variáveis quantitativas foi estimada a dissimilaridade entre os acessos pela distância de Mahalanobis (D^2) e um dendograma foi confeccionado pelo método de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average). A importância relativa dos caracteres foi calculada usando a metodologia de Singh (1981). Na avaliação da divergência genética, observa-se que os pares de acessos mais dissimilares foram A7 x A8, A5 x A7 e A8 x A9. Os acessos mais similares foram A1 x A2, A14 x A15 e A13 x A15. Observa-se no dendograma que os treze acessos foram divididos em dois grupos, considerando o ponto de corte de 50%. O primeiro grupo foi composto pelo acesso A9 o segundo grupo pelos demais acessos. Pelo método de Singh (1981), verificou-se que duas das doze características avaliadas contribuíram com 71,87% da divergência genética. As variáveis que apresentaram maior contribuição relativa foram “largura do folíolo apical” (31,66) e “relação entre comprimento e largura do folíolo apical” (40,21). As variáveis que menos contribuíram foram “relação entre comprimento e largura do folíolo basal”, “largura do folíolo basal” com 1,61% e 1,91%, respectivamente. Para as características mensuradas nas folhas e caule foi observado a existência de variabilidade sendo possível identificar os acessos com maior divergência genética.

COMPORTAMENTO MEIÓTICO E VIABILIDADE POLÍNICA DE *EUGENIA INVOLUCRATA* DC (MYRTACEAE)

Lohanna Baltar Pinto de Oliveira[1]; Letícia Baltar Pinto de Oliveira[1]; Camila Bitencourt[1]; Luiza Kreimeier[1]; Patrícia Maria Oliveira Pierre Castro[2]

[1] Graduanda em Agronomia, Universidade Federal de Santa Catarina, Curitibanos, SC, Brasil. E-mail: lohannabaltar@gmail.com; leticia.baltar@gmail.com; cabiten.cb@gmail.com; luiza.kreimeier@gmail.com

[5] Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Santa Catarina, Curitibanos, SC, Brasil, patricia.pierre@ufsc.br

As mirtáceas brasileiras compreendem 23 gêneros e 999 espécies, abrangendo espécies com potencial ornamental, destinadas a comercialização de frutos ou empregadas na medicina popular. No Brasil, o gênero *Eugenia* destaca-se como sendo um dos maiores, reunindo em torno de 600 espécies. Apesar desta expressividade, a família Myrtaceae é considerada um grupo complexo sob o ponto de vista taxonômico, evidenciando a necessidade de mais estudos biossistemáticos. Nesse sentido, justifica-se a necessidade de estudos que corroborem para melhor delimitação dos grupos taxonômicos. Informações relacionadas à reprodução e ploidia de mirtáceas ainda são escassas. Assim, estudos citogenéticos atuam como ferramenta complementar a estudos fenológicos, auxiliando em pesquisas nas áreas de melhoramento genético e evolução. A cerejeira-do-mato (*E. involucrata* DC), nativa do Sul do Brasil, também conhecida como cerejeira-do-rio-grande, destaca-se como uma espécie nativa de grande potencial agronômico a ser manejado. No Brasil, há registro de ocorrência desta espécie desde o Rio de Janeiro e sul de Minas Gerais até o Rio Grande do Sul. Diante do exposto, o presente trabalho teve por objetivo analisar, pela primeira vez, o comportamento meiótico e determinar a viabilidade polínica da espécie. Inflorescências em diferentes estágios de desenvolvimento foram coletadas no município de Campo Erê, Santa Catarina, Brasil. As amostras foram fixadas em etanol: ácido acético (3:1), as análises foram desenvolvidas no laboratório de Biologia Celular da Universidade Federal de Santa Catarina, no Campus de Curitibanos. Para obtenção das células meióticas, anteras foram submetidas à técnica de suspensão celular. Para analisar o comportamento meiótico, todas as células encontradas em diferentes fases da divisão meiótica consistiram em objeto de análise. O índice meiótico (IM) foi mensurado por meio da fórmula: IM = ((Número de tétrades normais)/(Número de tétrades))×100. Foram analisadas 10 lâminas, totalizando 1.482 tétrades. O referido índice foi estimado de modo que tétrades com quatro células de tamanho igual foram consideradas normais, e qualquer desvio como anormal. Para o estudo da viabilidade polínica, foram realizados testes colorimétricos com os corantes Carmim acético 10% e Solução de Alexander. Na análise empregou-se o método de varredura e obteve-se o percentual de viabilidade polínica. Foram avaliados, aproximadamente, 2000 grãos de pólen em cada um dos testes. As análises revelaram que a espécie apresentou meiócitos em diferentes fases como: prófase I, metáfase I, telófase I, metáfase II e telófase II. Células em diacinese possibilitaram identificar a presença de nove bivalentes, indicando um número cromossômico diploide igual a 2n = 2x = 18 cromossomos. Foram detectadas, em baixa frequência, irregularidades meióticas, tais como migração cromossômica precoce na metáfase I e micronúcleos na telófase II. O índice meiótico e a viabilidade polínica foram superiores a 95%, indicando que tais anormalidades não interferiram na fertilidade dos indivíduos analisados.

INFLUÊNCIA DE DIFERENTES PORTA-ENXERTOS NAS CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS DE FRUTAS DA CULTIVAR-COPA, CV. MACIEL, EM DUAS SAFRAS

Ana Cristina Richter Krolow[1], Liane Xavier Fonseca[2], Núbia Lettnin Ferri[3], Fernando Rogério Costa Gomes[4], Newton Alex Mayer[5]

[1]Farmacêtica-Bioquímica, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, ana.krolow@embrapa.br

[2]Química de Alimentos, UFPEL, Pelotas, RS, Brasil, lianexfonseca@yahoo.com.br

[3]Química, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, nubia.ferri@embrapa.br

[4]Eng. Agrônomo, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, fernando.gomes@embrapa.br

[5]Eng. Agrônomo, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, alex.mayer@embrapa.br

O pessegueiro é uma espécie nativa do Oriente Médio e China que pertence à família das Rosaceas. No estado do Rio Grande do Sul a persicultura expandiu-se, especialmente na região centralizada pelo município de Pelotas, onde encontrou condições edafoclimáticas favoráveis à sua adaptação e cultivo. Nesta região foram desenvolvidas e adaptadas muitas cultivares, entre elas, destaca-se a Maciel que apresenta frutos com dupla finalidade, podendo ser utilizados tanto para o consumo *in natura* como para o processamento industrial. Entretanto, há grande ocorrência de morte precoce das plantas, caracterizando-se por um colapso da brotação, onde as plantas iniciam o ciclo com desenvolvimento normal, mas repentinamente ocorre morte parcial ou total da porção enxertada (cultivar-copa), sendo que um dos problemas pode estar relacionado à baixa qualidade dos porta-enxertos utilizados no cultivo das mesmas. Portanto, identificar, dentre a ampla gama de porta-enxertos existentes, àqueles que melhor atendem às necessidades dos produtores de pêssego é uma necessidade. O objetivo do trabalho foi avaliar a influência dos porta-enxertos sobre as características físico-químicas dos pêssegos cv. Maciel, enxertados como cultivar-copa, cultivados na Embrapa Clima Temperado em Pelotas-RS, nas safras 2012/2013-2013/2014. As variáveis estudadas foram sólidos solúveis totais (SST), pH e acidez total titulável (ATT). O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, com cinco tratamentos/porta-enxertos (T_1 = Aldrighi; T_2 = Capdeboscq; T_3 = Flordaguard; T_4 = Nemaguard e T_5 = Okinawa) e quatro repetições, sendo cada parcela constituída de três plantas. Os dados foram submetidos à análise de variância e teste de comparação de médias de Tukey, ao nível de 5% de significância. Avaliando os resultados de SST, pH e AT dos frutos oriundos dos diferentes porta-enxertos, foi observado que houve diferenças significativas entre as safras, mas não entre os tratamentos da mesma safra para os teores de SST. Os valores médios de pH (3,7) não sofreram alteração, independente do tratamento e da safra. Em relação à ATT, os tratamentos que apresentaram diferenças em relação aos demais e entre safras, foram o T_2 (safra 2012/2013) (0,66% de ácido cítrico) e o T_4 (safra 2013/2014) (1,04% de ácido cítrico). Conclui-se que, apesar das diferenças nos teores de acidez total nas frutas oriundas de dois porta-enxertos diferentes, estas podem apresentar maior relação à safra (condições climáticas) do que a própria interferência dos porta-enxertos.

Agradecimento**:** Ao Projeto Quintais Orgânicos de Frutas/FINEP e FAPEG, pelo apoio financeiro.

CONCENTRAÇÃO DE COMPOSTOS BIOATIVOS E ATIVIDADE ANTIOXIDANTE EM GENÓTIPOS DE ARAÇÁ (*PSIDIUM CATTLEIANUM*)

Elisa dos Santos Pereira[1]; Marina Vighi Schiavon[2]; Eduarda Konzgen[3]; Rodrigo Cezar Franzon[4]; Márcia Vizzotto[4]

[1]Nutricionista, Mestranda em Nutrição e Alimentos, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, lisaspereira@gmail.com

[2]Bacharel em Química de Alimentos, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, marina.vighi@gmail.com

[3]Graduação em Química de Alimentos, Bolsista de Apoio Técnico em Extensão no País B, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, eduardakonzgen95@gmail.com

[4]Engenheiro(a) Agrônomo(a), Pesquisador Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, marcia.vizzotto@embrapa.br; rodrigo.franzon@embrapa.br

O araçá (*Psidium spp*.) é uma Mirtaceae nativa do Brasil e que apresenta grande variabilidade genética, e com ampla distribuição territorial. Contém, na sua composição, nutrientes como, por exemplo, cálcio, fósforo e ferro, fibras, além de alto conteúdo de vitamina C. Além disso, compostos bioativos podem ser destacados, como as antocianinas, que são responsáveis pela cor e possuem propriedades terapêuticas, biológicas e preventivas de várias doenças crônico-degenerativas. Nesta fruta, as antocianinas são mais comumente encontradas na casca do araçá vermelho. O objetivo deste trabalho foi comparar genótipos de araçá pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Frutas Nativas do Sul do Brasil, mantido pela Embrapa Clima Temperado, quanto às concentrações de compostos bioativos e a atividade antioxidante. Este trabalho foi realizado nesta mesma Instituição, em Pelotas, RS. Os araçás foram colhidos e trazidos ao Laboratório de Ciência e Tecnologia de Alimentos, onde foram mantidos congelados (-18°C) até o momento das análises. Para compor uma amostra, foram utilizadas 10 frutas inteiras picadas. As análises foram realizadas em oito genótipos de araçá de cor amarela (AR 03, AR 23, AR 46, AR 82, AR 86, AR 90, AR 102, e Bicudo) e nove de cor vermelha (AR 08, AR 09, AR 12, AR 19, AR 28, AR 44, AR 87, AR 93 e Irapuã). Foram realizadas determinações das concentrações totais de compostos fenólicos, antocianinas, carotenoides e da atividade antioxidante. Para a concentração de compostos fenólicos totais, os genótipos estudados apresentaram pouca variabilidade entre si, variando de 184,38 a 204,24 mg do equivalente em ácido clorogênico/100g de amostra, sendo que os genótipos AR 12, AR 28 e AR 93, de cor vermelha, foram os superiores. Quanto aos carotenoides totais, a variação foi de 0,36 a 1,03 mg do equivalente em β-caroteno/100g de amostra e os genótipos não diferiram entre si, independente de sua coloração. Em relação às antocianinas, observou-se grande variação entre os genótipos, de 2,31 a 72,97 mg do equivalente em cianidina-3-glicosídeo/100g de amostra, sendo que o genótipo AR 08, de cor vermelha, foi o que apresentou a maior concentração. A atividade antioxidante total variou de 5981,21 a 13312,83 µg do equivalente em trolox/g de amostra, sendo que os genótipos AR 19, AR 08, AR 12, AR 93, de cor vermelha, se destacaram por apresentarem maiores concentrações. Foi possível observar que os araçás de coloração vermelha apresentaram compostos fenólicos, antocianinas e atividade antioxidante superiores, quando comparados com os de cor amarela. A maior variação foi verificada nas antocianinas, o que já era esperado, onde os amarelos obtiveram uma média de 3,892 de amostra e os de cor vermelha 42,924 mg/100g. Isso se deve à presença de antocianinas na casca dos araçás vermelhos, já que esse composto é responsável pela maioria das cores que variam de rosa, vermelha, violeta a quase preta. Os carotenoides não foram influenciados pela cor da fruta. Desta forma, pode-se concluir que há maior variabilidade genética, dentre os genótipos estudados, para concentração de compostos fenólicos, antocianinas e para atividade antioxidante, em relação ao conteúdo de carotenoides. E ainda, os araçás de coloração vermelha têm maiores concentrações de compostos fenólicos e antocianinas e maior atividade antioxidante do que os araçás amarelos.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao projeto FINEP/CGTEE Quintais Orgânicos de Frutas, pelo apoio financeiro e pelo fornecimento das bolsas de Desenvolvimento Tecnológico Industrial C e de Apoio Técnico em Extensão no País B.

CARACTERIZAÇÃO DE GUABIROBEIRAS COLETADAS NO RIO GRANDE DO SUL QUANTO AO TEOR DE ÓLEO ESSENCIAL NAS FOLHAS

Ingrid Bergman Inchausti de Barros[1]; Cristiane de Lima Wesp[2]

[1] Drª em Agronomia, Faculdade de Agronomia - UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil, ingridb@ufrgs.br

[2] Drª em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia - UPF, Passo Fundo, RS, Brasil, cristianewesp@yahoo.com.br

O gênero *Campomanesia* Ruiz & Pavón (Myrtaceae) apresenta cerca de 40 espécies distribuídas nas regiões tropical e subtropical da América do Sul. Estas se apresentam como arbustos e árvores de pequeno porte, com frutificação expressiva. Algumas apresentam grande potencial econômico como alimento, como a *Campomanesia xanthocarpa* O. Berg., conhecida como guabiroba, pela qualidade nutricional de seus frutos e pelo valor agregado dos produtos obtidos pelo processamento dos mesmos. Além dos frutos, algumas espécies de *Campomanesia* têm suas folhas utilizadas com fins medicinais em terapias tradicionais e são consideradas aromáticas. No entanto, pouco se conhece sobre o perfil fitoquímico destas espécies, com destaque para a presença e a quantificação do teor de óleo essencial em suas folhas, inclusive elencando esta característica como um possível descritor das espécies e de suas variantes. Entre os poucos relatos, na literatura científica, sobre rendimento de óleo essencial em folhas de espécies de *Campomanesia* encontrou-se informações sobre o teor de óleo essencial em folhas frescas de *Campomanesia guaviroba* (DC.) Kiaersk (guaviroba)(0.016%), de *Campomanesia xanthocarpa* Berg. (guabiroba) (0,11 %) e de *Campomanesia phaea* (O. Berg) Landrun (cambuci) (0,124%). Este trabalho objetivou caracterizar indivíduos de guabiroba, com ênfase em *Campomanesia xanthocarpa*, quanto à presença e teor de óleo essencial nas folhas, permitindo a identificação e possível classificação de genótipos. Formam utilizados 28 indivíduos de *Campomanesia* spp. coletados em cinco municípios do Rio Grande do Sul: Passo Fundo (14), Mato Castelhano (5), Soledade (3), Porto Alegre (4) e Viamão (2). Exsicatas dos materiais acessados foram depositadas no Herbário HAS. A extração e quantificação do óleo essencial dos acessos foram realizadas no Laboratório de Horticultura da Faculdade de Agronomia da UFRGS, utilizando-se 150 g de folhas frescas, fracionadas, dos indivíduos acessados. A extração foi realizada em duplicata, por hidrodestilação, em aparelho Clevenger, por quatro horas. A massa de óleo essencial obtida foi quantificada em balança eletrônica e o rendimento de óleo foi expresso em % (m/m). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo Teste de Scott-Knott (α=0,05). Como resultados, a caracterização botânica dos 28 indivíduos indicou que 27 foram identificados como *Campomanesia xanthocarpa* e um como *Campomanesia rhombea*. Verificou-se que a totalidade dos acessos avaliados apresentou óleo essencial em suas folhas, entretanto, o rendimento de óleo variou significativamente entre os 28 acessos. Os valores obtidos revelaram amplitude de 0,03% a 0,17% ± 0,03%, com média de 0,07% de óleo presente nas folhas. Quando avaliado o percentual de óleo e a distribuição desses em classes, de acordo com a frequência apresentada, verificou-se que 50% dos acessos apresentaram rendimento de óleo entre 0,061 e 0,088%. O maior rendimento foi obtido das folhas de *C. rhombea* (0,17%), enquanto os menores rendimentos foram obtidos das folhas de alguns acessos ocorrentes em Passo Fundo, Porto Alegre e Viamão, com teor médio de 0,03%. Os dados indicaram que há significativa variabilidade entre os materiais estudados, há materiais interessantes quanto ao teor de óleo essencial nas folhas e esta característica pode se constituir em um descritor complementar para espécies do gênero *Campomanesia*.

Agradecimentos: ao apoio financeiro PRONEX/FAPERGS/CNPq, aos técnicos da Unidade de Conservação FLONA Passo Fundo e bolsa CAPES à segunda autora.

CARACTERIZAÇÃO FENOLÓGICA DAS CULTIVARES DE MAÇÃ DO IAPAR

Clandio Medeiros da Silva[1]; Jeferson Benedetti Eilert[2]; Paulo Mauricio Centenário Bueno[3]; José dos Santos Neto[4]

[1] Engenheiro Agrônomo, IAPAR, Londrina, Paraná, Brasil, clandio@iapar.br.

[2] Acadêmico, Instituto Federal do Paraná Campus de Palmas, Palmas, Paraná, Brasil, Jeferson-benedetti@hotmial.com.

[3]Professor, Instituto Federal do Paraná Campus de Palmas, Palmas, Brasil, Paraná, Brasil, Paulo.bueno@ipr.edu.br.

[4]Engenheiro Agrônomo, IAPAR, Londrina, Paraná, Brasil, js.neto@iapar.br.

Existem muitas cultivares de macieira no mundo devido aos trabalhos de melhoramento genético, utilizando-se hibridações, seleções clonais e mutações, a maioria dessas cultivares é exigente em frio hibernal. Para desenvolver e produzir satisfatoriamente em condições de inverno brando é de suma importância a obtenção de cultivares adaptadas ou selecionadas para baixa exigência de frio. Mesmo com várias opções disponíveis para a escolha dos produtores, 91% dos pomares brasileiros são formados com as cultivares Gala (46%) e Fuji (45%). No ano de 1999, através do programa de melhoramento genético do Instituto Agronômico do Paraná (IAPAR) foram registradas três novas cultivares de macieira, sendo elas a IAPAR 75 (Eva), IAPAR 76 (Anabela) e IAPAR 77 (Carícia), e no ano de 2009 foi registrada a cultivar IPR Julieta, sendo todas de baixa exigência em frio, requerendo uma quantidade de horas de frio em torno de 300 a 350 horas de temperatura abaixo de $7,2^0$ C. Essa característica permite que as mesmas sejam plantadas em regiões mais quentes, e que seus frutos sejam colhidos anteriormente às cultivares Gala e Fuji, permitindo que o produtor venda essas frutas por um preço mais alto. O presente estudo teve por finalidade comparar as quatro cultivares do IAPAR (Eva, Julieta, Anabela e Carícia) presentes no banco de germoplasma, localizados na Estação Experimental de Palmas-PR. As avaliações foram realizadas observando a planta inteira semanalmente, fazendo uso de uma tabela comparativa desenvolvida por Fleckinger (1958) com ilustrações dos diferentes estádios fenológicos da macieira. As avaliações tiveram início no dia vinte e três de julho de 2014 e terminaram em sete de janeiro de 2015. Os resultados mostram que todas as quatro cultivares são precoces. A primeira macieira que iniciou a floração foi a Caricia, seguida pela Julieta, Anabela e por último a Eva. Para a Eva, Anabela e Julieta os períodos de floração coincidem, de modo que uma pode ser polinizadora da outra. A carícia possui uma florada mais precoce e não pode ser polinizada e nem polinizar as demais macieiras. No período de avaliação foram acumuladas 368 unidades de frio atendendo a demanda das quatro cultivares avaliadas.

VARIABILIDADE DE GENÓTIPOS CRIOULOS DE CANA-DE-AÇÚCAR QUANTO A COMPOSIÇÃO QUÍMICA NUTRICIONAL

Elis Daiani Timm Simon[1]; Sérgio Delmar dos Anjos e Silva[2]; Jailton da Costa Carneiro[3]; Cândida Raquel Scherrer Montero[4].

[1] Doutoranda em Agronomia, PPGSPAF-UFPel, Pelotas, RS, Brasil, elisdaiani@hotmail.com

[2] Pesquisador, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, sergio.anjos@embrapa.br

[3] Pesquisador, Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, MG, Brasil, jailton.carneiro@embrapa.br

[4] Analista, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, candida.montero@embrapa.br

A cana-de-açúcar é muito utilizada em pequenas propriedades rurais do Rio Grande do Sul como recurso forrageiro na alimentação de ruminantes, principalmente em épocas de estiagem. Entretanto, há poucas informações a respeito da qualidade nutricional dos diversos genótipos utilizados pelos agricultores, visto que, estes utilizam variedades antigas introduzidas no Estado no século XVIII de outras regiões do país e do exterior. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade de 187 genótipos crioulos de cana-de-açúcar coletados em diversos locais do Estado quanto à sua composição química nutricional com vistas à utilização no melhoramento genético da cultura. O experimento foi desenvolvido na Embrapa Clima Temperado, Pelotas (RS). O plantio foi realizado em novembro de 2013 e a colheita em setembro de 2014. Um colmo de cada genótipo foi triturado, pesado para obtenção da massa verde, posteriormente secado em estufa com ventilação forçada a ± 50 °C, após foi pesado novamente para obtenção do valor de massa seca (MS %). Após uma amostra de 100 gramas foi moída em moedor tipo Willy com malha de 1,0 mm e encaminhada ao laboratório de Análise de Alimentos da Embrapa Gado de Leite para análise da composição química. Os atributos químicos avaliados foram: teores de fibra em detergente neutro (FDN), fibra em detergente ácido (FDA), lignina (LIG) e hemicelulose (Hcel), proteína bruta (PB), digestibilidade *in vitro* da matéria seca (DIVMS), digestibilidade *in vitro* da fibra em detergente neutro (DIVFDN) e matéria seca (MS). Os dados foram submetidos à análise estatística descritiva e correlação de Pearson. Os teores de FDN e FDA variaram de 55,44 a 77,84 e de 32,90 a 49,02 respectivamente. Os valores de DIVMS variaram de 22,10 a 50,40 e de DIVFDN variou de 1,60 a 31,10. A Hcel variou de 18,86 a 32,69. Quanto a LIG a variação foi de 3,79 a 8,85 e o teor de MS variou de 10,76 a 27,82. O valor de PB variou de 2,50 a 5,32. Cultivares de cana-de-açúcar para fins forrageiros devem ter, entre outras características, baixos teores de fibras e altos teores de açúcares, proteína e digestibilidade, além de alta produção de MS/ha^{-1}. As variáveis FDN, FDA, LIG e Hcel, apresentaram correlação positiva entre si e correlação negativa com a DIVMS e DIVFDN, indicando que quanto maior for o teor destes componentes menor será a digestibilidade. Há variabilidade entre os genótipos estudados para todos os atributos. Tal fato os torna uma excelente base de recursos genéticos para futuros trabalhos visando obtenção de cultivares com fins forrageiros.

Agradecimentos: à Embrapa Clima Temperado e Embrapa Gado de Leite pelo apoio a pesquisa, ao Finep, Petrobrás e Capes pelo recurso financeiro.

HISTOLOGIA E HISTOQUÍMICA FOLIAR DE *ATELEIA GLAZIOVEANA* BAILL., UMA ESPÉCIE BIOATIVA DA FLORA BRASILEIRA

Luciana Di Diego Vasconcelos[1]; Márcia Bündchen[2]

[1] Graduanda em Ciências Biológicas/UFRGS – Curso Técnico em Biotecnologia/IFRS, câmpus Porto Alegre, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, luciana.didiego@gmail.com

[2] Bióloga, Drª. em Ecologia e Conservação, IFRS, câmpus Porto Alegre, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, marcia.bundchen@poa.ifrs.edu.br

As plantas são importantes fontes para a descoberta de novos medicamentos e ampla gama de produtos, oferecendo excelentes oportunidades para diversificar os ativos provenientes da natureza, valorizando e preservando os recursos naturais. No entanto, o conhecimento fitoquímico das espécies vegetais nativas ainda é incipiente diante da elevada diversidade da flora brasileira e do potencial de identificação de compostos com atividade biológica. Neste sentido, o estudo da flora nativa do Brasil, permite descobrir espécies de plantas que possam fornecer moléculas químicas com propriedades relevantes aos interesses da saúde e do meio ambiente. A *Ateleia glazioveana* Baill. (Fabaceae), ou timbó, é uma espécie arbórea, nativa do Rio Grande do Sul. É sabido que suas folhas possuem atividade citotóxica para mamíferos, peixes e insetos, logo, suas características bioativas vêm sendo avaliadas, demonstrando propriedades anticarcinogênicas e alelopáticas. Contudo, os princípios ativos responsáveis pela atividade biológica de suas folhas e seus sítios de produção permanecem a esclarecer. Neste sentido, realizou-se o estudo histológico e histoquímico das folhas de *A. glazioveana*, visando descrever sua anatomia foliar e caracterizar seus constituintes químicos. Para tanto, foram coletados folíolos de doze árvores, em áreas de natural ocorrência da espécie. Imediatamente após a coleta, as amostras foram fixadas em FAA_{70} e armazenadas em álcool 70%. O material botânico foi submetido às técnicas usuais da microscopia óptica (execução de secções transversais e paradérmicas à mão livre, emblocamento em glicolmetacrilato, aplicação de técnicas de dissociação e diafanização) e da microscopia eletrônica de varredura (MEV). Para os testes histoquímicos, aplicaram-se corantes específicos, incluindo: Sudan III, reativo de Lugol, sulfato férrico, ácido acético 6%, floroglucinol acidificado e azul de toluidina. As folhas de *A. glazioveana*, em vista paradérmica, são hipoestomáticas, com estômatos reniformes e predominantemente paracíticos. As células epidérmicas ordinárias têm contorno poligonal em ambas as faces. Em vista transversal, a face adaxial da epiderme tem aspecto retilíneo, enquanto na face abaxial, as células apresentam papilas proeminentes. Vista em MEV, a epiderme papilosa da face abaxial é recoberta por abundantes espículas de cera. Estômatos e tricomas glandulares ocorrem entre as papilas. Tricomas tectores estão presentes em ambas as faces, mas predominam sobre as nervuras da face abaxial. No mesofilo, o clorênquima é dorsiventral, sendo o parênquima paliçádico constituído, frequentemente, por dois estratos. Na região da nervura central, fibras esclerenquimáticas circundam o feixe vascular bicolateral. As técnicas histoquímicas indicaram a cutícula pouco desenvolvida na epiderme e gotas de óleo dispostas pelo mesofilo (Sudan III), grãos de amido distribuídos pelas células parenquimáticas (Lugol), compostos fenólicos, principalmente no parênquima lacunoso (sulfato férrico), cristais de oxalato de cálcio circundando o feixe vascular (ácido acético 6%) e lignificação das células de xilema e dos feixes de fibras (floroglucinol acidificado e azul de toluidina). Os resultados sugerem as células papilosas e os tricomas glandulares, presentes na epiderme da face abaxial, como os sítios de produção e liberação de metabólitos bioativos nas folhas de *A. glazioveana*.

Agradecimento: Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul (IFRS) pela concessão de Bolsa de Iniciação Científica e Tecnológica (BICET - Edital PROPPI nº 008/2014).

ATIVIDADE ANTIOXIDANTE E DETERMINAÇÃO DE FENÓLICOS TOTAIS DE FRAÇÕES DE EXTRATOS DE MAÇÃ GALA

Chirle de Oliveira Raphaelli[1]; Elisa dos Santos Pereira[2]; Marina Vighi Schiavon[3]; Leonardo Nora[4]; Márcia Vizzotto[5]

[1] Nutricionista, Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Alimentos, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, chirleraphaelli@hotmail.com.

[2] Nutricionista, Programa de Pós-Graduação em Nutrição e Alimentos, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, lisaspereira@gmail.com.

[3] Química de Alimentos, Programa de Pós-Graduação em Ciência dos Alimentos, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, marinavighi@gmail.com.

[4] Engenheiro Agrônomo, Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Alimentos, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, l.nora@me.com.

[5] Engenheira Agrônoma, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, marcia.vizzotto@embrapa.br

Os componentes fenólicos, dentre outras substâncias antioxidantes presentes nos alimentos, contribuem para a homeostasia do organismo humano e previnem algumas enfermidades. A cadeia produtiva da maçã é a principal dentre as frutas na Região Sul do Brasil e a busca por alternativas para agregação de valor é constante. Neste estudo procedeu-se a caracterização de diferentes frações cromatográficas de extrato de maçã (*Malus domestica* Borkh cv. Gala) quanto à concentração de compostos fenólicos e atividade antioxidante. A maçã foi colhida em Vacaria, RS, de pomar comercial, no ano de 2015, e armazenadas a 4 °C na Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, até ser analisada. Fatias finas de maçã foram colocadas em solução extratora (acetona:etanol, 30:70 v/v, homogeneizadas em ultraturrax e centrifugadas (3094,62 g, a 0° C por 25 min). O sobrenadante foi concentrado em rotaevaporador (90 min a 40°C), diluído em água (sobrenadante:água, 1:5 v/v, com pH 7,0) e aplicado em coluna Sep-Pak C18 previamente condicionada. As frações obtidas em série foram: Purificada (eluição com metanol 95 %, pH 7,0); (II) eluição com acetonitrila 16 % pH 2,0 no primeiro cartucho; (III) eluição com acetato de etila 100% e (IV) eluição com metanol 95 %. O resíduo do purificado a pH 2.0 foi passado em outra coluna C18, sendo logo eluída a fração I com methanol 95%. A capacidade antioxidante das frações foi medida pelo método de sequestro do radical DPPH (2,2-difenil-1-picrilhidrazil) e a determinação de ácidos fenólicos totais pelo método de Folin Ciocalteau, em quadruplicata. A fração III, contendo majoritariamente flavonóides, sobressaiu-se na capacidade antioxidante (14072,35 µg.mL^{-1} de eluído) e na concentração de compostos fenólicos (290,11 mg.mL^{-1} de eluído) comparada com as outras frações ($p<0,001$). A concentração de compostos fenólicos no extrato purificado foi 202,00 mg.mL^{-1} de eluído e nas demais frações foi: (I) 52,5 mg.mL^{-1} de eluído;(II) 148,13 mg.mL^{-1} de eluído; e (IV) 136,5 mg.mL^{-1} de eluído. A atividade antioxidante da fração IV (antocianinas poliméricas) foi 25.723,92 µg.mL^{-1}de eluído, considerada elevada em comparação ao extrato purificado (9.256,56 µg.mL^{-1} de eluído) e as demais frações: (I, ácidos fenólicos) 97,79µg.mL^{-1}de eluído; (II, antocianinas monoméricas) 4.529,52µg.mL^{-1} de eluído; e (III, flavonóides) 14.072,35 µg.mL^{-1} de eluído. Observou-se que as frações cromatográficas obtidas de maçãs apresentam elevadas concentrações de compostos bioativos e elevada capacidade antioxidante, provavelmente pela presença de catequina, epicatequina, quercetinas, cianidinas, e ácido clorogênico. A fração III, onde estão presentes os flavonóides, destaca-se pela maior capacidade antioxidante e, provavelmente, tem grande potencial de utilização na indústria de cosméticos e de alimentos.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao projeto "Inovação tecnológica para a elaboração de produtos que agreguem valor a cadeia da maçã".

ELETROFORESE BIDIMENSIONAL DURANTE A INDUÇÃO DE CULTURAS NODULARES A PARTIR DE SEMENTES DE *VRIESEA REITZII* LEME & A. COSTA

Jenny Paola Corredor-Prado[1]; Daniela De Conti[1]; Bruna Rafaela Pacheco[2]; Djalma Junior Roecker[2]; Gabriela Cangahuala-Inocente[1]; Miguel Pedro Guerra[3]; Lirio Dal Vesco[3]; Rosete Pescador[3]

[1] Bióloga, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, jennypaolacp@gmail.com; danideconti@yahoo.com.br; gcangahu@hotmail.com.

[2] Aluno(a) de graduação em Agronomia, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, bruna_brp17@hotmail.com; djalmaroeckerjr@outlook.com

[3] Agrônomo, Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, Brasil, miguel.guerra@ufsc.br; lirio.luiz@ufsc.br; rosete.pescador@ufsc.br

As culturas nodulares (CNs), são aglomerados de nódulos organogênicos com coloração verde-amarelada, e com textura friável ou levemente compacta. São observadas durante o estabelecimento do cultivo *in vitro* das bromélias, a partir de sementes, bases foliares e segmentos nodais. Objetivou-se quantificar o teor de proteínas, e detectar o perfil protéico durante a formação das CNs a partir de sementes da bromelia *Vriesea reitzii*. Foram usadas sementes de frutos maduros coletados numa população natural localizada no município de Curitibanos, SC (latitude 27º 16' 58" S, longitude 50º 35' 04" W). Foram utilizadas sementes mantidas em meio de indução MS suplementado com 4μM de Ácido α-naftaleno-acético (ANA) e sementes mantidas em meio MS livre de reguladores de crescimento (controle) as quais não formam CNs e apresentaram uma germinação normal. Após 21 dias de cultivo, foram coletadas 5 amostras de 500 mg de explantes, para a extração protéica com fenol e precipitação com acetato de amônio em metanol. Posteriormente a quantificação foi realizada usando o 2-D *Quant Kit*®. A eletroforese bidimensional foi realizada usando tiras (IPG Drystrips) de 13 cm e pH 3-10 em gel de poliacrilamida a 12%. Para cada tipo de amostra, foram feitos 5 géis a partir das 5 extrações de proteínas independentes. Os géis foram corados com Coomassie Blue, digitalizados e analisados no programa *ImageMáster Platinum* v.7. O teor de proteínas diferiu significativamente ($p<0.05$). Encontrou-se uma média de 8.95 ± 0.4 mg g^{-1} MF em sementes que induziram CNs e 7.51 ± 0.2 mg g^{-1} MF em sementes que apresentaram germinação normal (controle). A eletroforese bidimensional possibilitou a separação correta de proteínas segundo seus *pI* e massas moleculares. Apesar de ter utilizado o mesmo volume de suspensão protéica para a elaboração dos géis nos dois tipos de amostra, foi detectado um maior número de spots nos géis das sementes em meio de indução de CNs. Sementes que formaram CNs apresentaram 183 *spots* e o controle apresentou 174 *spots*. A analise comparativa dos géis, permitiu identificar 6 spots que tiveram uma expressão significativamente maior ($p<0.05$) e 47 spots que foram exclusivos nas sementes que induziram CNs. Identificaram-se 129 *spots* que mantiveram uma expressão constante entre as duas amostras analisadas. A partir desses resultados, pode-se ter uma melhor compreensão dos eventos moleculares e fisiológicos que ocorrem durante a indução dessa rota na morfogênese nas bromélias.

Agradecimentos: PEC-PG CAPES, FAPESC e CNPq

DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE GREVÍLEA INTRODUZIDAS NO BRASIL E IMPLICAÇÕES NA GESTÃO DE RECURSOS GENÉTICOS

Valderês Aparecida de Sousa[1]; Antonio Nascim Kalil Filho[2]; Emerson Gonçalves Martins[3]; Jarbas Yukio Shimizu[4]

[1] Engenheira Florestal, Embrapa Florestas, Colombo-PR, Brasil, valderes.sousa@embrapa.br

[2] Engenheiro Agrônomo,Embrapa Florestas, Colombo-PR, Brasil, antonio.kalil@embrapa.br

[3] Engenheiro Agrônomo,Curitiba-PR, Brasil, e.martins49@yahoo.com.br

[4] Engenheiro Florestal, autônomo,Curitiba-PR, Brasil, shimizujy@gmail.com

A grevílea (*Grevillea robusta* A. Cunn. (Proteaceae) é uma espécie arbórea originária da Austrália, com grande potencial de cultivo em sistemas agroflorestais no Brasil. Este trabalho teve por objetivo avaliar geneticamente,aos 5 anos de idade, cinco procedências (Rathdowney-Qld; Woodenbong-NSW; Paddy's Flat-NSW, Boyd River-NSW; Mann River-NSW) estabelecidas em blocos casualizados com 5 plantas/parcela, em comparação com um material comercial (testemunha) previamente introduzido. Para isso, foram usados marcadores bioquímicos isoenzimáticos *MDH-3*, *PGM-2*, *DIA-2*, *PO-1*, *PO-2*, *SOD-1*, *SKDH-1*. A análise de parâmetros genéticos demonstrou maior destaque nas procedências do norte da sua região de ocorrência natural, em relação às demais. Os números médios de alelos por loco (*Ap*) foram 3,14 e 3,0 em Rathdowney e Woodenbong, respectivamente, contra a média de 2,93 das demais procedências. As riquezas alélicas (*Rs*) foram de 3.02 e 2.88 por amostra por loco nessas procedências, contra a média de 2.84 nas demais e as diversidades genéticas de Nei (*H*) foram de 0.5575 e 0.5595 em Rathdowney e Woodenbong, respectivamente, contra a média de 0.2306 das demais procedências. Ficou evidente a endogamia em variados graus em todas as populações, destacando-se a testemunha comercial (f = 0.4448) enquanto que a média geral das procedências testadas foi de f = 0.2306. Verificou-se uma correlação positiva entre a diferenciação genética e a distância geográfica entre as populações originais, apesar da restrita área de ocorrência natural. As distâncias genéticas e a análise de grupamento, usando-se o modelo baysiano apontaram três populações distintas: 1) Rathdowney e Woodenbong; 2) Paddy's Flat; e 3) Mann River, Boyd River e testemunha em primeira instância. A similaridade do material comercial usado no Brasil com as procedências Mann Rivere Boyd River sugere que o uso de procedências oriundas do norte da área de ocorrência natural da espécie proporcionará maior produtividade e maior potencial de melhoramento genético, tendo em vista a maior diversidade genética e menor grau de endogamia.

CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA DE ACESSOS DE ARROZ AROMÁTICO

José Manoel Colombari Filho[1], Aluana G. Abreu[2], Guilherme A. Souza[3], Paulo Hideo N. Rangel[4]

[1] Dr em Melhoramento Genético de Plantas, Embrapa, Stº Antônio de Goiás, GO, Brasil, jose.colombari@embrapa.br.

[2] Drª em Genética e Biologia Molecular, Embrapa, Stº Antônio de Goiás, GO, Brasil, aluana.abreu@embrapa.br.

[3] Estudante de graduação em Agronomia, UNI-Anhanguera, Goiânia, GO, Brasil,. gaquiles.souza@gmail.com

[4] Dr em Melhoramento Genético de Plantas, Embrapa, Stº Antônio de Goiás, GO, Brasil, paulo.hideo@embrapa.br.

O arroz (*Oryza sativa* L.) no Brasil é pouco diversificado quanto à qualidade de grãos, sendo classificado como tipos especiais aqueles que diferem do tradicionalmente consumido no País. O Banco Ativo de Germoplasma de Arroz da Embrapa (BAG Arroz) possui o maior acervo do gênero *Oryza* no Brasil, com 27.006 acessos, que representa uma fonte inesgotável de recursos genéticos para a orizicultura. É a partir dessa diversidade que o Programa de Melhoramento de Arroz Especial da Embrapa iniciou, em 2014, atividades de prospecção e exploração de recursos genéticos para atender a esses mercados diferenciados, uma vez que depende da disponibilidade germoplasma para que novas cultivares possam ser desenvolvidas. Dentre os tipos especiais de arroz, os aromáticos recebem destaque, uma vez que o aroma é considerado uma característica que permite alta agregação de valor. Esse tipo de arroz é muito popular no Oriente e tem, cada vez mais, conquistado mercado em outras as partes do mundo. Além do aroma, outro aspecto importante desse grão é a capacidade de elongação linear após o cozimento. Os arrozes aromáticos mais conhecidos são Basmati (originário da Índia e do Paquistão) e Jasmine (da Tailândia). O objetivo deste trabalho foi caracterizar 35 variedades tradicionais de arroz provenientes do Paquistão, previamente identificados como Basmati e de aroma muito intenso. Os caracteres avaliados foram produção de grãos (PG; kg ha^{-1}); altura de plantas (AP; cm); dias para o florescimento (DF; DAS - dias após a semeadura); e taxa de elongação do grão (EG; comprimento do grão polido/comprimento do grão cozido). O ensaio de campo foi conduzido em 2014/15, em Goianira/GO, com delineamento experimental de blocos ao acaso, com duas repetições e parcelas de 4 linhas de 4 m de comprimento, espaçadas entre si por 0,17 m. O caráter EG foi avaliado com cinco réplicas de laboratório a partir de amostras de grãos inteiros e polidos. Foram observadas diferenças significativas ($p<0,01$), pelo teste F, para o efeito de acessos em todos os caracteres. Para EG, a taxa variou de 1,41 (PI 392125) a 2,22 (PI 385428). Esses valores estão próximos aos observados para grãos aromáticos em outros estudos. Todas as cultivares aromáticas (Jasmine 85 e Empasc 104) e não aromáticas (IRGA 424, IRGA 417 e Epagri 109), utilizadas como testemunhas, ficaram no grupo de menor EG. A PG média foi de 4.214 kg ha^{-1} e maior foi 6.876 kg ha^{-1} (PI 385416), expressando potencial similar às cultivares mais produtivas de Basmati, como Pusa 1609 (6.000 kg ha^{-1}). A maioria dos acessos apresentou porte alto, com AP variando de 94,5 (PI 392125) a 139 cm (PI 385454). DF variou desde ciclo muito precoce (PI 385817) a tardio (PI 385407). De maneira geral, os acessos foram mais precoces que o descrito em um estudo anterior, conduzido em Stuttgart (Arkansas/EUA). Comparando-se os dois locais, os dias são mais longos em Stuttgart que em Goianira. Como o arroz é uma planta de dias curtos, o maior fotoperíodo pode prolongar a fase vegetativa, atrasando o florescimento nos EUA. Houve uma grande variabilidade entre os acessos caracterizados neste trabalho. Considerando-se que, para arroz aromático, as duas principais características são aroma e elongação, destacaram os acessos PI 385428, PI 385454, PI 385782, PI 385415, PI 385791, que serão utilizados como genitores no Programa de Melhoramento de Arroz Especial da Embrapa, visando o desenvolvimento de cultivares brasileiras com arroz aromático.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

CARACTERIZAÇÃO DE ACESSOS DE CEVADILHA VACARIANA PELA INTEGRAÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS QUALITATIVOS E QUANTITATIVOS

Leonardo Luís Artico[1]; Ana Cristina Mazzocato[2]; Juliano Lino Ferreira[3]

[1]Graduando em Fármacia, Universidade da Região da Campanha, Bagé, RS, Brasil, leonardoartico@yahoo.com.br

[2]Doutora em Ciências: Botânica, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil, ana.mazzocato@embrapa.br

[3] Doutor em Genética e Melhoramento, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil, juliano.ferreira@embrapa.br

A espécie *Bromus auleticus*, conhecida popularmente como cevadilha vacariana tem despertado interesse em profissionais de plantas forrageiras há algum tempo.Uma série de atributos, como boa qualidade de forragem, adaptação local e oferta de forragem na época de outono-inverno (período de maior carência alimentar dos rebanhos), são fatores decisórios na escolha desta planta visando o melhoramento e sua disseminação. Neste contexto, o objetivo do trabalho foi a caracterização morfoagronômica de onze acessos de *B. auleticus* utilizando descritores qualitativos (cor da folha, pilosidade e hábito de crescimento) e os descritores quantitativos (comprimento e largura da folha bandeira, altura natural no florescimento, comprimentos do entrenó superior e da inflorescência). Um descritor quantitativo adicional (número de folhas) foi avaliado, mas como não atendeu as pressuposições da análise de variância foi codificado como os caracteres qualitativos. Para integração destas duas categorias de dados, foi realizado o teste comparativo de médias Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade por meio do aplicativo "Genes" v.2013.5.1, sendo as classes fenotípicas geradas foram categorizadas em notas. Dessa maneira, estes dados foram incorporados em uma planilha juntos com os demais dados qualitativos (apresentados em escala de números discretos). Com base nesta planilha gerada, procedeu uma análise inicial de agrupamento Bayesiano via aplicativo "Structure" v.2.3.4. Também foram feitas análises de dispersão bi-dimensionada análise das coordenadas principais (PCoA) via aplicativo "GenAlex" v.6, além da elaboração de uma árvore fenética obtida pelo agrupamento UPGMA e a informatividade de cada variável via o aplicativo "Powermarker" v.3.25. O experimento foi realizado na Embrapa Pecuária Sul em Bagé-RS no ano de 2014. A análise destes dados demonstrou a ausência de formação de grupos entre estes acessos. Este fato pode ser esperado à medida que o número de acessos avaliados foi pequeno e a região de abrangência das coletas não possuir limitações geográficas significantes que poderiam vir a impedir o fluxo gênico. Ademais, os dois primeiros componentes da PCoA explicaram juntos 53,71% da variação, indicando a necessidade de avaliação de outras variáveis adicionais. O conjunto dos nove descritores analisados permitiu a distinção de todos os acessos, sendo a pilosidade a variável mais importante. A árvore fenética gerada permitiu a visualização da discriminação dos acessos, no entanto, não se nota a presença de agrupamentos. Em síntese, a caracterização permitiu detectar a variabilidade genética entre os acessos avaliados.

Agradecimentos: FAPERGS e a Embrapa (projeto SEG: 01.06.01.007.05.14).

TEOR DE CAROTENOIDES TOTAIS EM ACESSOS DE *CAPSICUM BACCATUM*

Carla Sigales de Vasconcelos[1]; Rosa Lia Barbieri[2]; Márcia Vizzotto[2]; Tatiane S. Bialves[3]; Raquel S. Neitzke[4]

[1] Doutoranda em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas, Capão do Leão, RS, Brasil, e-mail: carla_sigales@hotmail.com

[2] Pesquisadora – Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, e-mail: barbieri@cpact.embrapa.br; márcia.vizzotto@cpact.embrapa.br

[3] Estudante de Biologia, Instituto Federal Sul-Rio-Grandense, Pelotas, RS, Brasil, e-mail: tatibialves@gmail.com

[4] Eng. Agr[a]. da Prefeitura Municipal de Arroio do Padre, Arroio do Padre, RS, Brasil, e-mail: raquelsilviana@gmail.com

A Embrapa Clima Temperado, localizada em Pelotas (RS) mantém um Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* desde 2002, reunindo acessos das cinco espécies domesticadas de pimentas do gênero *Capsicum*. Os frutos de pimentas do gênero *Capsicum* são fontes importantes de antioxidantes naturais. Este trabalho teve como objetivo avaliar o teor de carotenoides totais em acessos de *Capsicum baccatum* do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado. Foram caracterizados 18 acessos de *Capsicum baccatum*: P8, P14, P25, P27, P49, P50, P59, P61, P71, P79, P87, P92, P108, P117, P120, P179, P197 e P213. Os dados de passaporte indicaram a origem dos acessos caracterizados como sendo dos municípios de Campo Grande (MS), Renascença (PR), Canoinhas (SC), Três Forquilhas (RS), Cristal (RS), São Lourenço do Sul (RS), Turuçu (RS), Pelotas (RS) e Rio Grande (RS). Trinta plantas de cada acesso foram cultivadas no campo experimental da Embrapa Clima Temperado. Os frutos maduros de cada acesso foram colhidos e submetidos a caracterização química, para quantificação do teor de carotenóides totais. As sementes foram descartadas e fatias longitudinais opostas de cada fruto foram picadas manualmente. Todas as análises foram realizadas em triplicata. Na ausência de luz direta, um grama de amostra foi homogeneizado em ultra-turrax com 20ml da solução de acetona/etanol (1:1) contendo 200mg.l-1 de BHT (butilhidroxitolueno). Após a filtração, foram adicionados 25ml de hexano à amostra. Após agitar e separar as fases, foram adicionados 25ml de água ultrapura. Foram feitas leituras da absorbância em um espectrofotômetro no comprimento de onda de 470nm, após o mesmo ter sido zerado com o solvente hexano como branco, usando cubeta de vidro. Os resultados foram expressos em β-caroteno.Os dados obtidos foram analisados estatisticamente com auxílio do programa WinStat. Foi realizada a comparação entre as médias pelo Teste de Duncan a 5% de significância. Os acessos caracterizados evidenciaram grande variabilidade genética para o teor dos carotenoides totais. O acesso P117 apresentou o menor teor de carotenoides totais, com 91,63 mg. O maior valor foi encontrado no acesso P49, que apresentou 367,73 mg. Os demais acessos apresentaram valores intermediários,variando de 152,37 mg (P25) a 340,69 mg (P14) de carotenoides totais. A quantidade de carotenoides produzidas nos frutos dos acessos de *Capsicum baccatum* do acesso P49 foi superior ao valor obtido em cenoura. Os carotenoides têm importante ação antioxidante, e são os principais pigmentos que dão cor às pimentas vermelhas. Os acessos de *C. baccatum* do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado que foram caracterizados apresentam ampla variedade genética para teor de carotenoides.

Agradecimentos: Ao CNPq e a CAPES pelo apoio financeiro.

CARACTERIZAÇÃO HISTOLÓGICA E HISTOQUÍMICA DOS CLADÓDIOS E FRUTOS DE *CEREUS HILDMANNIANUS* K. SCHUM. VISANDO SEU EMPREGO NA GERAÇÃO DE PRODUTOS ALIMENTÍCIOS

Amanda Beschorner[1]; Marina Michelotto Klacewicz[2]; Márcia Bündchen[3]

[1] Graduanda em Ciências Biológicas/UFRGS, – Curso Técnico em Biotecnologia do Instituto Federal do Rio Grande do Sul/IFRS, câmpus Porto Alegre, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, mandybeschorner@hotmail.com.

[2] Graduanda em Licenciatura em Ciências da Natureza –Instituto Federal do Rio Grande do Sul/IFRS, câmpus Porto Alegre, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, marina1quimica@gmail.com

[3] Bióloga, Drª em Ecologia e Conservação, IFRS, câmpus Porto Alegre, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, marcia.bundchen@poa.ifrs.edu.br

As PANC – plantas alimentícias não-convencionais, são espécies utilizadas direta ou indiretamente na alimentação humana e na elaboração de produtos alimentícios, cujo conhecimento é ainda pouco disseminado entre a população em geral ou limitado a algumas regiões ou comunidades. Dentre as espécies nativas do Rio Grande do Sul com potencial para o desenvolvimento de produtos destaca-se *Cereus hildmannianus* K. Schum., a tuna, uma Cactaceae cujos frutos são consumidos *in natura* em algumas regiões do estado. Sua composição química e propriedades reológicas foram demonstradas em estudos recentes, o que fomentou o interesse por estudos abrangendo o beneficiamento e a geração de produtos derivados dos frutos e dos cladódios. Para tanto, no presente estudo investigou-se a organização histológica e as propriedades histoquímicas de cladódios e frutos visando subsidiar o desenvolvimento de produtos a base da tuna. Dez amostras de cladódios e frutos foram coletadas de plantas crescendo em condições naturais no noroeste do estado do Rio Grande do Sul, na região sul de Porto Alegre e no oeste de Santa Catarina, fixadas em e armazenadas em álcool 70%. As amostras foram emblocadas em glicolmetacrilato, seccionadas em micrótomo rotativo e coradas para montagem de lâminas histológicas. Amostras frescas foram seccionadas à mão livre para realização dos restes histoquímicos com vermelho de rutênio e azul de metileno (mucilagens), Sudan III (lipídios), reativo de Lugol (amido), sulfato férrico (compostos fenólicos), ácido acético 6% (cristais de oxalato de cálcio), floroglucinol acidificado (lignina) e azul de toluidina (celulose, pectinas e lignina). A partir da análise em microscopia óptica verificou-se que o cladódio apresenta epiderme unisseriada, com cutícula pouco espessa e células ordinárias com contorno poligonal a sinuoso. Os estômatos são paralelocíticos, com câmara subestomática que se estende através da hipoderme colenquimatosa. O córtex em paliçada, contendo cloroplastos, localiza-se na parte mais externa do cladódio enquanto o parênquima aquífero rico em células mucilaginosas dispõe-se mais internamente. Feixes vasculares distribuem-se por toda a extensão do cladódio. O fruto é glabro e tem epiderme unisseriada, cuticularizada, com estômatos esparsamente distribuídos, camada subepidérmica colenquimatosa, pouco desenvolvida. Internamente, é constituído por células parenquimáticas às quais se intercalam feixes vasculares, numerosas células mucilaginosas e sementes. As características morfoanatômicas e histoquímicas verificadas em *C. hildmannianus* são típicas das cactáceas e representam adaptações a ambientes áridos. A abundância, tanto no cladódio como no fruto, de células secretoras de mucilagem confere propriedades de viscosidade e emulsão que favorecem o uso da espécie como potencial fonte de hidrocolóides na indústria alimentícia.

Agradecimento: Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul (IFRS) e ao CNPq pela concessão de Bolsa de Iniciação Científica e Tecnológica (PIBITI/ CNPq – EDITAL PROPPI Nº 007/2015).

AVALIAÇÃO DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM UMA POPULAÇÃO DE *MACROPTILIUM LATHYROIDES*

Fernanda Bortolini[1]; Alisson Luiz Pagnussatt [2]; Lidiane Vieira Lopes[2]

[1]Bióloga, Doutora, Pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, fernanda.bortolini@embrapa.br

[2]Estudantes do Curso de Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, alissonpagnussatt@gmail.com, lidi_loppes@hotmail.com

Macroptilium lathyroides (L.) Urb., também conhecida como feijão-dos-arrozais, é uma leguminosa anual ou bienal de estação quente, autógama, originária da parte tropical da América do Sul, que além de apresentar boa produção de forragem e de sementes, é tolerante ao encharcamento, apresentando-se como uma alternativa para condições de terras baixas. O objetivo do trabalho foi caracterizar genótipos de uma população de *Macroptilium lathyroides* naturalizada na Estação Experimental Terras Baixas (ETB) da Embrapa Clima Temperado. As sementes de plantas de ocorrência espontânea na ETB foram coletadas em abril de 2013, semeadas em casa de vegetação, no dia 11/11/14, em bandejas contendo substrato comercial e transplantadas para o campo com espaçamento de 1m entre linhas e entre plantas dentro da linha, no dia 26/01/15. Foram avaliadas 577 plantas quanto ao valor agronômico, por meio de nota visual (1=péssimo a 5=excelente, considerando o vigor, a arquitetura de planta e a produção de forragem) aos 52 dias após o transplante para o campo, quando 10% dos genótipos já tinham produzido as primeiras sementes; produção de sementes, por meio de colheita das vagens maduras, assim como quanto a tolerância a pragas e doenças, por meio de nota visual (1=alta infestação a 5=praticamente nenhuma infestação, atribuídas para danos causados indistintamente tanto por pragas como por doenças) após o período de colheita. Quanto ao valor agronômico, dois genótipos obtiveram melhor nota (5) e 17 a pior (nota 1), já em relação à tolerância a pragas e doenças, apenas um genótipo obteve nota 5, 16 genótipos foram avaliados com nota 4,5 e três com a pior nota (1). A grande variabilidade verificada para o caractere valor agronômico também foi observada em relação ao ciclo, sendo que o período de colheita das vagens maduras foi de 26/02 a 10/04, concentrando-se a maior frequência de produção de sementes no mês de março, até por se tratar de uma espécie de hábito indeterminado e com grande deiscência de vagens maduras. Além disso, 58% dos genótipos não produziram sementes, ou por se encontrarem pouco desenvolvidos e em estádio vegetativo, ou ainda por produzirem vagens chochas. Dentre os que produziram sementes, a maior produção verificada foi de 7,8 g de sementes/planta, sendo a produção média em torno de 1,8 g de sementes/planta. A partir desses resultados, serão selecionados os 57 melhores genótipos quanto ao valor agronômico, produção de sementes e tolerância a pragas e doenças, os quais constituirão as progênies a serem avaliadas posteriormente, dando continuidade ao processo de melhoramento.

Agradecimento: Ao CNPq e a Embrapa Clima Temperado pela concessão de bolsa PIBIC aos co-autores.

EXPLORAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS DE POPULAÇÕES DE *GOSSYPIUM MUSTELINUM* QUANTO À RESISTÊNCIA AO NEMATOIDE DE GALHA *MELOIDOGYNE INCOGNITA*

Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes[1]; Juliana Oliveira da Silva[2]; Paulo Augusto Viana Barroso[3]

[1] Professor de Genética, IF Goiano, Urutaí, GO, Brasil, ivan.menezes@ifgoiano.edu.br

[2] Graduanda em Agronomia, IF Goiano, Urutaí, GO, Brasil, jumenezess@yahoo.com.br

[3] Pesquisador Engenheiro Agrônomo, Embrapa Algodão, Santo Antonio de Goiás, Goiás, Brasil, paulo.barroso@embrapa.br

O nematóide da galha ou *Meloidogyne incognita* é uma importante doença que afeta a produtividade de algodoeiro herbáceo (*Gossypium hirsutum*) no Brasil. A identificação de novas fontes alélicas de resistência a esse patógeno oferece uma maior segurança fitossanitária aos programas de melhoramento. A estreita base genética de algodoeiros herbáceo direciona a busca por novas fontes de variação em espécies silvestres parentais, a exemplo do algodoeiro *G. mustelinum.* O objetivo com este trabalho foi determinar o comportamento fenotípico de cinco populações de *G. mustelinum* quanto ao nematoide de galha. O ensaio de avaliação de resistência foi conduzido em casa de vegetação na Embrapa Arroz e Feijão. O experimento foi delineado inteiramente casualizado com dez repetições a partir de sementes selecionadas em bulks obtidas de cinco grupos populacionais presentes na Bacia do Rio de Contas, Bahia, Brasil. Como controle foi usado os genótipos de *G. hirsutum:* FM966 (suscetível) e M315 (resistente). Marcadores de microssatélites (CIR 316M e BNL3661) ligados à QTLs que conferem resistência ao nematóide de galha em *G. hirsutum* foram utilizados para genotipar os acessos de *G. mustelinum* avaliados. A avaliação do bioensaio foi realizada a partir do índice de massa de ovos (IMO), índice de galhas (IG), número de ovos (NO) e o fator de reprodução (FR). A análise assistida por marcadores de *SSR* em *G. mustelinum* foi realizada por comparação dos alelos amplificados para os locos *SSRs* associados a genes de resistência em *G. hirsutum*. No bioensio verificou-se um comportamento similar entre os IG e IMO nos tratamentos estudados. Houve formação de galhas no sistema radicular de todos os acessos de *G. mustelinum* e das cultivares testemunhas, indicando que o nematóide completou o seu ciclo, produzindo massas de ovos. O FR em todas as populações de *G. mustelinum* foram menores que 1 (um), variando de 0,32 em R. Riachão II a 0,93 em R. Riachão I. Embora estes valores indiquem uma reação de resistência, apresentaram uma ampla variação de 11 a 31 vezes maiores em ordem de grandeza em relação ao padrão de resistência. Essa variação se deve ao fato dos tratamentos de *G. mustelinum* ter sido composto de bulk de sementes de amostras populações coletadas *in situ*. Desta forma, é necessário que estudos de acessos individuas sejam realizados para confirmação. Quanto a genotipagem detectou-se alelos SSRs diferentes daqueles presentes em *G. hirsutum* em *G. mustelinum*, indicando que as fontes de resistência conhecidas estão ausentes nas populações silvestres estudadas. Com estes resultados, conclui-se que o germoplasma de *G. mustelinum* pertencente as populações da bacia do Rio de Contas apresenta uma fonte de variação importante para o desenvolvimento de genótipos de algodoeiros resistentes ao nematóide de galha .

Agradecimentos: CNPq, Embrapa Algodão e IF Goiano Câmpus Urutaí.

MORPHOLOGICAL VARIABILITY AND BIOGEOGRAPHIC OVERVIEW OF *ARACHIS KUHLMANNII*, A BRAZILIAN PEANUT WILD RELATIVE

João Lucas Dilly[1]; Alessandra Pereira Fávero[2]; José Francisco M. Valls[3]

[1] Biólogo, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, joao.lucas.dilly@gmail.com

[2] Dra. em Agronomia, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, alessandra.favero@embrapa.br

[2] PhD em Range Science, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, jose.valls@embrapa.br

Arachis L. is a South American legume genus and consists of 81 species arranged in nine taxonomic sections. *Arachis kuhlmannii* Krapov. & W.C. Greg. belongs to section *Arachis*, which is the most numerous and important, since it contains the cultivated peanut, *A. hypogaea* L., and its closest wild relatives. *Arachis kuhlmannii* occurs naturally in the Pantanal and adjacent areas, and is divided biogeographically in three groups: East of the Paraguay River, West of the Paraguay River (MT) and Aquidauana/Miranda/Corumbá (MS). The species has shown a large morphological variability in previous studies and also a polyphyletic behavior in molecular analysis. To elucidate the understanding of the species, morphological studies were performed at the Wild *Arachis* Genebank of Embrapa using plant and seedling descriptors. The descriptors were collected from thirty accessions of the genebank, representing equally the three groups. Twelve plant descriptors were diagnostic: Height of the main stem, length of lateral branches, main stem leaf shape, lateral branch leaf shape, internode size, stipule size and shape, annual/perennial behavior, anthocyanin in branches, peg and hypanthium lenght; and also five seedling descriptors: Cotyledon surface, hypocotyl hairiness, epicotyl hairiness, epicotyl/hypocotyl proportion, anthocyanin. Color of flower might be yellow and orange, and bristles on stipules may occur or not in the same population, and this variability differs from the original description. The species shows three concise groups separated by biogeographic barriers, the Paraguay and Correntes rivers, whose floodings form the Pantanal wetland and there are questions about the vicarious events that may embrace the species, since the gene flow is low. Clarifying these questions will likely require adjustments in the systematic structure of *Arachis*. It is considered that the wide range of comparative approaches already in use through morphological descriptors can be enriched by a molecular barcoding analysis, already in development at Embrapa, and other side projects of germplasm characterization.

Agradecimentos: à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo provimento da bolsa de mestrado, à Universidade de Brasília e à EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia e sua equipe técnica.

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE MELÃO QUANTO A RESISTÊNCIA À PODRIDÃO DO COLO

Rafaela Priscila Antonio[1]; Jobimêre Dayanne da Silva Santos [2]; José Leandro da Silva Neto[2]; Pedro Martins Ribeiro Júnior[3]; Rita de Cassia Souza Dias[1]

[1]Dra. em Genética e Melhoramento Vegetal, Embrapa Semiárido, Petrolina, Pernambuco, Brasil, rafaela.antonio@embrapa.br, rita.dias@embrapa.br.

[3]Graduandos em Biologia UPE, bolsista CNPq e Estagiário Embrapa Semiárido, Petrolina, Pernambuco, Brasil, e-mail. jobimere@gmail.com jose_leandroneto@hotmail.com.

[2]Dr. em Fitopatologia, Embrapa Semiárido, Petrolina, Pernambuco, Brasil, pedro.ribeiro@embrapa.br.

A podridão do colo do meloeiro (*Cucumis melo* L.), causada por *Fusarium solani* f. sp. *cucurbitae*, é favorecida pelo cultivo sucessivo do melão no Nordeste do Brasil. Além de ter a capacidade de sobreviver em restos de cultura, este fungo pode produzir estruturas de resistência denominadas de clamidósporos e, assim, sobreviver no solo por vários anos. O manejo dessa doença é dificultado, pois não existem fungicidas registrados para controle deste patógeno em meloeiro e outras formas de manejo nem sempre são eficientes. Uma alternativa indicada para o controle da podridão do colo do meloeiro é a resistência genética, que é o tipo de controle mais seguro ao ambiente e ao consumidor. O objetivo deste trabalho foi avaliar a reação de genótipos de melão do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Cucurbitáceas para o Nordeste brasileiro da Embrapa Semiárido à podridão do colo. O experimento foi realizado em casa de vegetação. Dezesseis genótipos de meloeiro (BGMEL 112, BGMEL 113, BGMEL 114, BGMEL 116, BGMEL 140, BGMEL 160, BGMEL 162, BGMEL 163, L1, L2, L3, L4, L5, L6, L7 e L8) do BAG de Cucurbitáceas foram avaliados e dois híbridos comerciais (Gold Mine e 10.00) utilizados como testemunhas. As sementes foram semeadas em vasos com capacidade de 500 mL contendo substrato comercial. O inóculo foi obtido de plantas de melancia naturalmente infectadas com *F. solani* f. sp. *cucurbitae* coletadas no município de Petrolina, PE. As plantas foram inoculadas 15 dias após o plantio, com disco contendo micélio do fungo colocados no caule da planta previamente ferido com um conjunto de três agulhas entomológicas (1 mm de comprimento). O disco de micélio foi fixado com uma fita adesiva transparente. Após a inoculação foi realizada uma câmara úmida por 24 horas com o auxílio de sacos plásticos. Aos 7 e 14 dias após a inoculação (DAI) foi avaliado o tamanho das lesões provocadas pelo fungo com auxílio de uma régua. Foi utilizado o delineamento de blocos casualizados com três repetições com cinco vasos com uma planta cada. Os dados foram submetidos à análise de variância utilizando-se o programa Genes e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott e Knott ($p \leq 0,05$). Tanto aos 7 quanto aos 14 DAI foi observado diferenças significativas no tamanho das lesões formando-se dois grupos. Nas duas avaliações realizadas, os híbridos comerciais Gold Mine e 10.00 foram agrupados com os genótipos que apresentaram maiores lesões causadas pelo fungo. Na ultima avaliação, o grupo que se mostrou mais resistente apresentou lesão média de 1,18 cm (variando de 0,98 a 1,44 cm) e o mais suscetível apresentou lesão média de 1,76 cm (1,51 a 2,14 cm). Os genótipos avaliados apresentam diferenças no grau de resistência à podridão do colo e os que apresentaram menores lesões podem ser considerados como fontes promissoras de resistência a essa doença, podendo contribuir para programas de melhoramento genético da cultura do meloeiro.

Agradecimentos: os autores agradecem ao CNPq pelo apoio financeiro.

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E FÍSICO-QUÍMICA DE GUABIROBEIRAS COLETADAS NO ESTADO DO RIO GRANDE DO SUL, BRASIL

Cristiane de Lima Wesp[1]; Ingrid Bergman Inchausti de Barros[2]; Jean Carlo Rodrigues Machado[3];

[1] Doutora em Fitotecnia, UPF, Passo Fundo, Rio Grande do Sul, RS, Brasil, cristianewesp@yahoo.com.br.

[2] Doutora em Agronomia, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil, ingridb@ufrgs.br.

[3] Bolsista PIBIC, UFRGS, Porto Alegre, RS, Brasil, jean.crmachado@gmail.com.

A guabirobeira (*Campomanesia* spp.) é uma frutífera nativa com grande potencialidade de utilização. Seus frutos são adequados tanto ao consumo *in natura*, como à utilização industrial e a planta apresenta diversos compostos com potencial medicinal. Este trabalho teve como objetivo caracterizar e avaliar diferentes acessos de guabirobeiras no estado do Rio Grande do Sul, de modo a estudar a variabilidade morfológica disponível *in situ* e subsidiar a indicação de indivíduos para coleções ativas de trabalho. Para tanto, foram acessados 28 indivíduos em cinco municípios do Rio Grande do Sul: Passo Fundo (14), Mato Castelhano (5), Soledade (3), Porto Alegre (4) e Viamão (2). Esses foram avaliados mediante a elaboração de uma lista de 37 descritores morfológicos e físico-químicos. Exsicatas dos materiais acessados foram depositadas no Herbário HAS. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo Teste de Scott-Knott (α=0,05). Correlações entre variáveis-resposta foram realizadas de modo a subsidiar futuros trabalhos de seleção com essa frutífera. Foram identificadas duas espécies: *Campomanesia xanthocarpa* Mart. ex O. Berg (27 individuos) e *C. rhombea* O. Berg (um indivíduo). Os resultados demonstram que em guabirobeiras há predominância de indivíduos de copas globosas (46,43%), com folhas de consistência cartácea (57,14%), formato elíptico (50,00%), ápice foliar agudo (42,86%), base cuneada (100%) margens inteiras (46,43%) e desprovidas de pubescência em ambas as faces do limbo (100,00%). As folhas contêm óleo essencial e os frutos apresentam baixa acidez, elevada relação SST/ATT e altos teores de vitamina C. O formato e a coloração dos frutos diferem no momento da maturação fisiológica e o percentual de rendimento de polpa é superior a 57,96%, podendo atingir percentuais de até 75,76%. A massa fresca correlaciona-se positivamente com o tamanho e o rendimento de polpa de frutos, enquanto as sementes de maior diâmetro longitudinal influenciam positivamente a massa fresca, o rendimento de polpa e do tamanho dos frutos. Há divergência fenotípica para a totalidade das características avaliadas, indicando grande variabilidade morfológica em *Camponanesia spp*. Os descritores escolhidos foram adequados e a caracterização morfológica fornece subsídios para a seleção futura de materiais promissores.

Agradecimentos: Agradecimentos: ao apoio financeiro PRONEX/FAPERGS/CNPq, aos técnicos da Unidade de Conservação FLONA Passo Fundo e a CAPES pela concessão de bolsa à primeira autora.

ANÁLISE FÍSICO-QUÍMICA DE DOZE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE (*IPOMOEA BATATAS*) COLORIDOS *IN NATURA* E ASSADOS

Priscila Cardoso Munhoz[1], Elisa dos Santos Pereira[2], Nubia Marilin Lettnin Ferri[3], Luis Antonio Suita de Castro[4], Ana Cristina Krolow[5] e Márcia Vizzotto[4]

[1] Tecnóloga em Viticultura e Enologia, Bolsista DTI-C, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, prika.c.m@hotmail.com

[2] Nutricionista, Mestranda em Nutrição, Bolsista DTI-C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, lisaspereira@gmail.com

[3] Licenciada em Ciências/Química, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, nubia.ferri@embrapa.br

[4] Engenheiro(a) Agrônomo(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, marcia.vizzotto@embrapa.br e luis.suita@embrapa.br

[5]Farmacêutica, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, ana.krolow@embrapa.br

A batata-doce (*Ipomoea batatas*) é uma das raízes mais populares e antigas do Brasil, podendo ser consumida na forma cozida, assada ou ainda preparada na forma de doces. Existem no Brasil muitas variedades e uma ampla diversidade genética de batata-doce, sendo encontrados tubérculos com diversas formas e com a película externa e a polpa de colorações variadas. Porém, a cocção dos alimentos propicia trocas químicas, físicas e estruturais de seus componentes pelo efeito do calor, podendo levar a perdas das suas propriedades nutricionais. O objetivo deste trabalho foi avaliar as características físico-químicas de doze genótipos de batata-doce, de coloração variada da polpa (creme, laranja e roxa), na forma *in natura* e assados. Foram realizadas análises de sólidos solúveis totais, pH, acidez e açúcares nos seguintes genótipos: Batatas-doces de polpa creme (Rubissol, Catarina, Cuia, ILS 03, ILS 10, ILS 24 e ILS 44), batatas-doces de polpa laranja (Amélia e Beauregard) e batatas-doces de polpa roxa (ILS 56, ILS 16 e ILS 71). Na batata-doce assada foram encontrados valores mais elevados de sólidos solúveis, o que já era esperado, variando de 23,26ºBrix a 42,23ºBrix, sendo o mais elevado na cultivar Amélia. Nos genótipos, em sua forma crua, os valores encontrados variaram de 7,30ºBrix a 14,57ºBrix. A variação do pH foi de 6,22 (ILS 03) a 6,56 (Rubissol) nas batatas-doces cruas e se mostram próximas da neutralidade. Nas batatas-doces assadas a variação foi de 5,64 (ILS 71) a 6,06 (Rubissol). Todos os genótipos apresentaram pH mais elevado na sua forma crua do que na assada, sendo a cultivar Rubissol significativamente superior. Nas batatas-doces assadas a acidez foi maior na maioria dos genótipos, com exceção da cultivar Cuia e da seleção ILS 56 que apresentaram mais acidez na forma crua, e Amélia e Beauregard que não diferiram entre crua e assada. A quantidade de açúcares encontrados na cultivar Beauregard foi maior dentre os genótipos na forma crua e após o processamento não diferiu estatisticamente das seleções ILS 24, ILS 71 e ILS 16. A quantidade de açúcares foi superior após o processo de assar em todos os genótipos. Isso pode se dar em consequência de temperaturas elevadas combinada ao tempo do processo, onde a estrutura da parede celular se altera promovendo maior perda de água e maior acúmulo de açúcares. Desta forma, com os resultados apresentados, se pode concluir que o genótipo da batata-doce exerce influência sob a quantidade de sólidos solúveis e açúcares em batata-doce e que o processo de assar concentra alguns compostos, como os sólidos solúveis e açúcares aumentam a acidez e diminui o pH.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao projeto Quintais Orgânicos de Frutas/FINEP pelo apoio financeiro e pelas bolsas de DTI-C.

DIVERSIDADE GENÉTICA DE FAMÍLIAS ENDOGÂMICAS S1 DE MILHO PARA CARACTERÍSTICAS DO GRÃO

Wagner Bastos dos Santos Oliveira[1]; Flávia Roberta Auler[2]; Samuel Henrique Kamphorst[3]; Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves[4]; Rosenilda de Souza[1]; Tassiane Terezinha Pinto[1]; Juliana Bernardi Ogliari[5]

[1] Doutorando (a) em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis-SC, Brasil, wobastos@yahoo.com.br, rosenilda.agro@hotmail.com; tassi.tp@gmail.com,

[2] Graduanda em Agronomia, UFSC, Florianópolis-SC, Brasil, flavinha_auler@hotmail.com

[3] Mestre em Recursos Genéticos Vegetais, UFSC, Florianópolis-SC, Brasil, samuelkampho@hotmail.com

[4] Mestrando em Recursos Genéticos VegetaisUFSC, Florianópolis-SC, Brasil, gabriel.agrobio@gmail.com

[5] Professora Associada I, UFSC, Florianópolis-SC, Brasil, jbogliar@hotmail.com

A população composta local de milho MPA1 apresenta bom desempenho agronômico, adaptativo e nutricional, por isso foi selecionada pelos agricultores de Anchieta-SC para ser usada como população-base de um processo cíclico de melhoramento genético participativo. Porém, foi observada uma correlação positiva entre rendimento e a altura média da planta. Visando reduzir o porte da população MPA1 foi realizado o retrocruzamento desta população com a variedade Piranão VD2 portadora do gene br_2 que causa o nanismo. Deste cruzamento obteve-se a RC1F1 que foi recombinada dando origem a RC1F2 que num novo ciclo foi autofecundada gerando 105 Famílias Endogâmicas S1 (FES1). Diante disso, o objetivo deste trabalho foi verificar a diversidade genética das 105 FES1 de milho oriundas da população RC1F2. Foram utilizados características de grãos para o estudo da diversidade genética. As avaliações dos grãos das FES1 foram realizadas no Laboratório de Agrobiodiversidade do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Santa Catarina e as características avaliadas foram comprimento, largura e espessura dos grãos em mm, peso de 100 grãos (g) e volume de 100 grãos (mL). A análise de diversidade foi realizada através do cálculo da distância Euclidiana com agrupamento pelo método de UPGMA e também pela análise de componentes principais (PCA) por meio do software Past. O coeficiente de correlação cofenética observado foi de 0,7248 de correspondência entre a matriz gerada e o dendrograma. Como resultados observou-se a formação de sete grupos no dendrograma: o primeiro grupo é composto de 19 FES1, o segundo e o terceiro grupo com duas famílias cada, o quarto grupo com 30 famílias, o quinto grupo com 42 famílias, o sexto grupo com nove famílias e o sétimo grupo composto por uma FES1. Na CPA, os dois primeiros componente explicaram 98,3% da variação total das características, sabe-se que o acúmulo de 80% da variação total é descrito como suficiente para o estudo de diversidade e a existência da divergência se confirma pelo acúmulo de grande parte da variação total nos primeiros componentes. Podemos concluir neste caso que as FES1 possuem grande divergência genética pelos dois métodos aplicados,apresentando alto potencial para serem utilizadas como base em futuros programas de melhoramento.

Agradecimentos: CAPES/CNPq.

ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE MELÃO UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES SSR.

Nayara Carvalho[1]; Felipe Mont'Alvão Canela[2]; Marco Antônio Ferreira[3]; Valter R. Oliveira[5]; Mateus Figueiredo Santos[6]; Paulo Henrique dos Santos Leite[7]; Gláucia Salles Cortopassi Buso[4]; Nara Souza[8]

[1]Mestranda, Recursos Genéticos e Melhoramento, UnB, Brasília, DF, Brasil, nayaracarvalho87@gmail.com

[2]Graduando, Agronomia, UnB, Brasília, DF, Brasil, felipe.mcanela@gmail.com

[3]Químico, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, marco.ferreira@embrapa.br

[4]Ph.D. Biologia molecular, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, glaucia.buso@embrapa.br

[5]Ph.D. Genética e Melhoramento, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil, valter.oliveira@embrapa.br

[6]Ph.D. Genética e Melhoramento de plantas, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, Brasil, mateus.santos@embrapa.br

[7]Graduando, Agronomia, UnB, Brasília, DF, Brasil, paulo_18two@hotmail.com

[8] Ph.D.Genética e Melhoramento de Plantas, UnB, Brasília, DF, Brasil, narasouza@unb.br

De acordo com o cenário da produção nos últimos anos, percebe-se a grande importância mundial do melão (*Cucumis melo* L.), que colabora significativamente para o mercado da fruticultura, sobretudo no Brasil. A produção nacional concentra-se no Nordeste (95,8%), contribuindo para o desenvolvimento socioeconômico da região, que apresenta carência de recursos e oportunidades. Os melões mais cultivados no Brasil pertencem ao grupo *inodorus* tipo amarelo, entretanto há uma tendência ao aumento da demanda por melões do grupo *cantaloupensis*, sobretudo para exportação. A espécie apresenta uma grande diversidade fenotípica nas suas variedades, e a caracterização genética do germoplasma por meio de análises de variabilidade, representa um grande auxílio para o conhecimento dos recursos genéticos e do melhoramento convencional, na identificação e seleção de genótipos de interesse, no sentido de se introduzir genes para maiores possibilidades de recombinações. Marcadores moleculares SSR (Simple Sequence Repeats) tem sido utilizados como uma eficiente ferramenta para análises de variabilidade genética. O objetivo deste estudo foi analisar a variabilidade genética de acessos de melão conservados no Banco Ativo de Germoplasma de Melão e utilizados no programa de melhoramento genético da Embrapa Hortaliças, utilizando marcadores SSR. Foram analisados 88 acessos compostos de introduções e cultivares comerciais, 60 pertencentes ao grupo *inodorus* e 28 pertencentes ao grupo *cantaloupensis*. Foram avaliados 19 *primers* SSR polimórficos amplificados por meio de reações de PCR (Polymerase Chain Reaction). A separação dos fragmentos foi realizada por meio de eletroforese em gel de poliacrilamida, corado com nitrato de prata. A análise genética destes marcadores foi realizada utilizando os softwares GDA (versão 1.0) e NTSYS (versão 2.21m). A similaridade entre os genótipos foi obtida utilizando o coeficiente BAND e o agrupamento pelo método UPGMA. Os dados gerados mostraram que o número de alelos por loco, variou de 2 a 8, com média de 4,6. A heterozigosidade observada variou de 0.023 a 0.375, com média de 0.161, apresentando a maioria dos *loci* em homozigose. O PIC (Polymorphism Information Content) variou de 0.243 a 0.769, com média de 0.500, indicando que o marcador utilizado para esse estudo se mostrou informativo. A análise dos 88 genótipos, apresentou um total de 83 alelos para os 19 *loci* analisados, e a similaridade genética variou de 0.38 a 0.98. O dendrograma resultante agrupou os genótipos em dois principais grupos com 38% de similaridade entre eles. A maior parte dos genótipos *cantaloupensis* foram agrupados em um dos subgrupos do primeiro grupo principal, e apresentaram uma variação de 52 a 92% de similaridade entre si. Enquanto a maioria dos genótipos *inodorus*, foram agrupados em um subgrupo diferente, mas ainda pertencente ao primeiro grupo principal, com similaridade variando de 53 a 98%. Oito genótipos *inodorus* apresentaram a maioria dos alelos diferentes, sendo cinco destes concentrados em um subgrupo do primeiro grupo principal, e os outros três, compondo o segundo grupo principal. Com base nos resultados, conclui-se haver uma maior dispersão dos genótipos do grupo *inodorus*, o que demostra maior variabilidade genética para este melão, nesse estudo. Os genótipos *cantaloupensis* apresentaram-se, em sua maioria, concentrados em um dos subgrupos, demonstrando que estes, compartilham alelos para os *loci* analisados.

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Embrapa Hortaliças; Universidade de Brasília; CAPES.

COMPORTAMENTO DE DUAS CULTIVARES DE MAÇA NA ELABORAÇÃO DE PURÊ TRATADO TERMICAMENTE EM MICROONDAS

Rosiele Corrêa[1]; Darla Volcan[2]; Leonardo Nora[3]; Ana Cristina Krolow[4]

[1] Engenheira de alimentos, Universidade Federal de Rio Grande, Pelotas, RS, Brasil, rosi_cc@yahoo.com.br

[2] Química de Alimentos, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, darlavolcan@yahoo.com.br

[3] Engenheiro Agrônomo, Universidade Federal de Rio Grande, Pelotas, RS, Brasil, l.nora@ufpel.com.br

[4] Farmacêutica, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, ana.krolow@embrapa.br

A maçã está entre as principais frutas brasileiras em termos de produção, sendo o Brasil exportador da fruta desde 1986. De acordo com dados da Renar, a produção mundial de maçã em 2011 foi de 75 milhões de toneladas. O Brasil é o 9° maior produtor da fruta, estando sua produção concentrada nos estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná, produzindo basicamente duas variedades de maçãs: Gala (58% da produção) e Fuji (37%). Os principais problemas envolvendo os produtos de maçã referem-se ao escurecimento enzimático, conferindo aspecto indesejável a fruta e a derivados. O objetivo deste trabalho foi comparar diferentes cultivares, em relação ao escurecimento enzimático, diante da utilização de tratamento somente com microondas na maçã inteira e em fatias, ácido ascórbico e acido ascórbico mais ácido cítrico aliado a aplicação de microondas nas maçãs pertencentes à safra 2013-2014. A prevenção do escurecimento enzimático foi realizada utilizando 4 diferentes tratamentos e em cada tratamento foram utilizadas 4 maçãs (±500g). Colocou-se as maçãs inteiras e em fatias no sentido longitudinal de 1 cm, em micro-ondas doméstico durante 3,5 minutos na potência máxima, após resfriou-se em água com gelo até temperatura interna de 25°C. As maçãs foram cortadas na proporção de 1 L de solução antioxidante (concentrações de 0,5% de ácido ascórbico somente e combinado com ácido cítrico na concentração de 0,1%) para ±500g de frua durante 10 minutos de contato. Para a obtenção do purê de maçã as frutas, após passarem pelo tratamento para inibição do escurecimento, foram trituradas em liquidificador doméstico durante 30 segundos e armazenadas em sacos plásticos sob refrigeração (3 - 4°C). O teor de sólidos solúveis foi determinado por leitura direta em refratômetro manual e o pH foi determinado em potenciômetro Tecnal TEC3-MP. Para quantificar-se a prevenção do escurecimento foi feito análise de cor em triplicata utilizando-se colorímetro marca Minolta cr300 logo após a obtenção do purê (Tempo 0) e 1 hora após o armazenamento sob refrigeração (Tempo 1). Através das análises físico-químicas de pH e sólidos solúveis no purê das maçãs foi possível verificar os valores de pH na Fuji (4,4), Gala (4,2) e sólidos solúveis Fuji (13,7) e Gala (13,6) não se diferem entre as cultivares. No que se refere ao índice de escurecimento enzimático o comportamento das variáveis de maçãs se mostraram diferentes, para a maçã Fuji, o melhor tratamento foi com maçãs cortadas e submetidas a o uso da solução de acido ascórbico na concentração de 0,5% mais ácido cítrico 0,1%, seguido do microondas e trituração, no qual apresentou o índice de escurecimento no tempo zero (36,63) e foi reduzido com o passar do armazenamento (34,64). Já na maçã Gala o melhor tratamento foi o com o uso de acido ascórbico 0,5% seguido do microondas e trituração (27,41) e com o armazenamento (30,68). Foi possível observar um positivo resultado de inibição do escurecimento enzimático quando combinado uso de antioxidantes e utilização de microondas em maçãs inteiras, além da diferença de comportamento das variedades Fuji e gala em relação ao método estudado. Foram encontrados poucos trabalhos na literatura a respeito da combinação entre métodos químicos e físicos para a prevenção do escurecimento enzimático. Acredita-se que esse estudo servirá de base para novas pesquisas a respeito dessas interações.

CARACTERÍSTICAS MORFO-AGRONÔMICAS DE CINCO POPULAÇÕES DE TREVO-VESICULOSO

Alisson Luiz Pagnussatt[1]; Fernanda Bortolini[2]; Gabriel Silva de Souza[3]; Andréa Mittelmann[4]; Mikael Bueno Longaray[5]

[1]Graduando em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, alissonpagnussatt@gmail.com

[2]Bióloga, Doutora, Pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, fernanda.bortolini@embrapa.br

[3]Estudante do Curso Técnico em Agropecuária, Escola Técnica Estadual Santa Isabel, São Lourenço do Sul, RS, Brasil, gabriel-souza7@hotmail.com

[4]Engenheira Agrônoma, Doutora, Pesquisadora da Embrapa Gado Leite / Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, andrea.mittelmann@embrapa.br

[5]Técnico Agrícola, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, mikael.bueno@embrapa.br

O trevo-vesiculoso (*Trifolium vesiculosum* Savi) é uma leguminosa forrageira anual de inverno, que apresenta prolongado período de produção de forragem, com alto rendimento e qualidade. Este estudo teve por objetivo avaliar morfológica e agronomicamente cinco populações de trevo-vesiculoso. O experimento foi realizado na Estação Experimental de Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado, localizada no município do Capão do Leão, RS. Foram utilizadas quatro populações de trevo-vesiculoso pertencentes à coleção de leguminosas de clima temperado da Embrapa Clima Temperado: LEG1100 (composto 2012), LEG1102 e LEG1103 (derivadas da cultivar Yuchi), LEG 1104 (população coletada) e uma cultivar, BRS Piquete. A semeadura foi realizada no dia 15 de maio de 2014, em um delineamento em blocos ao acaso com três repetições. As parcelas consistiam de cinco linhas de 3 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,5 m. A densidade de semeadura foi de 6 kg/ha e as sementes foram escarificadas com escarificador elétrico. Uma planta por linha, das três linhas centrais da parcela (área útil) foi identificada e, avaliada aos 120, 140 e 217 dias após a semeadura (DAS), quanto às seguintes características morfo-agronômicas: estatura e diâmetro da planta, vigor inicial por meio de notas de 1 (menor) a 5 (maior), comprimento do folíolo central, largura do folíolo central, comprimento do pecíolo foliar, comprimento da haste principal e do terceiro entrenó da mesma, presença ou ausência de pilosidade dos folíolos e das hastes, número de inflorescências e produção de massa verde, obtida por meio de corte das plantas das três linhas centrais da parcela e pesagem, aos 140 DAS. O material colhido foi colocado em sacos de papel e seco em estufa a 65ºC, até peso constante, obtendo-se assim a massa seca. Também foi avaliada a capacidade de rebrote por meio de notas de 1 (baixa) a 5 (alta) aos 20 dias após o corte, além da produção de sementes, onde a colheita se deu no dia 28/01/15. Houve diferença significativa entre as populações em relação à produção de massa verde e massa seca, vigor, largura de folíolo antes e depois do corte e capacidade de rebrote. Quanto ao vigor inicial e a produção de massa seca, a população LEG 1100 apresentou as maiores médias, nota 2,65 e 434kg/ha, respectivamente, não diferindo da LEG 1102, que apresentou médias de 2,35 e 318 kg/ha, mas diferindo das demais LEG 1103, LEG 1104 e LEG 1105, que apresentaram 1,85 e 208kg/ha; 1,70 e 218 kg/ha; e 1,85 e 189 kg/ha, respectivamente. O caractere largura de folíolo variou de 2,30 cm (LEG 1100) a 1,80 cm (BRS Piquete) de média antes do corte e, de 1,50 cm (LEG 1102) a 0,80 cm (BRS Piquete) após o corte. A melhor capacidade de rebrote foi verificada para a LEG 1100 (nota 4 de média) e as piores para as populações LEG 1103 e 1104. As cinco populações avaliadas apresentaram folíolos e hastes glabras. Não houve diferença significativa entre as populações quanto à produção de sementes, cujos valores ficaram entre 156 kg/ha (LEG 1100) e 78 kg/ha (LEG 1104). Como a população LEG 1100, que apresentou melhor desenvolvimento inicial, produção de forragem e capacidade de rebrote em comparação às demais populações avaliadas, se trata de uma população proveniente do programa de melhoramento de trevo-vesiculoso da Embrapa Clima Temperado, fica evidente a importância de dar seguimento ao melhoramento da espécie a partir dessa população.

Agradecimento: Ao CNPq e a Embrapa Clima Temperado pela concessão de bolsa PIBIC ao primeiro autor.

SIMILARIDADE GENÉTICA DE ESPÉCIES DO GÊNERO *MENTHA* UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES

Felipe Mont'Alvão Canela[1]; Paulo Henrique dos Santos Leite[1]; Nayara Carvalho[2]; Dijalma Barbosa da Silva[3]; Roberto Fontes Vieira[3]; Marco Antônio Ferreira[3]; Gláucia Salles Cortopassi Buso[3]

[1]Graduando, Agronomia–UnB/Brasília-DF/Brasil, felipe.mcanela@gmail.com; paulo_18two@hotmail.com;

[2]Mestranda, Agronomia – UnB/Brasília-DF/Brasil; nay_ln@hotmail.com.

[3]Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, dijalma.silva@embrapa.br; roberto.vieira@embrapa.br; marco.ferreira@embrapa.br; glaucia.buso@embrapa.br;

O gênero *Mentha*, da família *Lamiaceae*, é composto de plantas herbáceas, perenes e aromáticas, cultivadas em várias regiões do Brasil. A parte aérea da planta é utilizada para fins medicinais, demonstrando grande potencial para sua exploração comercial, visando à busca por produtos fitoterapêuticos de boa qualidade. Utilizada na indústria alimentícia, farmacêutica, na produção de cosméticos e na medicina popular, é aplicada no tratamento de distúrbios estomacais e de verminoses. O principal componente essencial é o seu óleo vegetal, do qual o Brasil apresenta uma ampla produção para o mercado interno e externo. Hoje são conhecidas aproximadamente 50 espécies deste gênero, que são caracterizadas a partir de análises químicas, morfológicas e genéticas, mas não são claramente distintas. Além disso, a hibridação entre algumas espécies ocorre naturalmente. A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN) possui um Banco de Germoplasma de Menta, porém pouco se sabe a respeito de seu material. O conhecimento da variabilidade genética possibilita avanços nos estudos e pesquisas a respeito das diferentes espécies representadas no banco. Uma das alternativas para possibilitar o conhecimento da variabilidade genética e melhor utilização da coleção de menta é a análise dos acessos por meio de marcadores moleculares. Marcadores ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) caracterizam-se pela confiabilidade, abundância e dispersão no genoma, sendo marcadores dominantes, de alta reprodutibilidade, que apresentam altos níveis de fragmentos polimórficos não necessitando de conhecimento prévio do genoma para o desenvolvimento dos *primers*. O objetivo do presente estudo foi analisar a variabilidade genética dos acessos de menta utilizando marcadores moleculares ISSR. Foram analisados 82 acessos representando diversas espécies de *Mentha*, conservadas no Banco Ativo de Germoplasma, por meio de cultivo *in vivo* e *in vitro*. Utilizou-se 9 *primers* ISSR polimórficos na amplificação do DNA por meio de reações de PCR, e a separação dos fragmentos foi realizada por meio de eletroforese em gel de agarose. A análise dos marcadores ISSR foi realizada pela presença (1) ou ausência (0) de banda, e a matriz obtida foi submetida a análises estatísticas, com uso do software NTSYS (versão 2.21m), utilizando o coeficiente de JACCARD para a similaridade entre os acessos, e para análise de agrupamento o método UPGMA. Foram obtidos 83 marcadores para os diferentes genótipos, resultando em um dendrograma com similaridade variando de 0.30 a 0.93. A análise de agrupamento resultou em dois grupos principais, um contendo as espécies *M. canadensis*, *M. arvensis* e *M. gracilis* e outro contendo as demais espécies e híbridos interespecíficos. Neste grande grupo, acessos das espécies *Mentha piperita L.* e *Mentha spicata L.* ficaram em subgrupos diferentes. Dentre os acessos analisados 12 nomeados como *Mentha* sp agruparam-se junto a espécies conhecidas podendo sugerir a classificação dos mesmos. Conclui-se que o marcador utilizado pode ser útil para o melhor conhecimento dos acessos da coleção em conjunto com análises químicas e morfológicas, facilitando e possibilitando o desenvolvimento de outras pesquisas a respeito do gênero *Mentha*.

Agradecimentos: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Universidade de Brasília e CNPq.

DIVERSIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE MANGUEIRA DA VARIEDADE ROSA

José Eduardo Vasconcelos de Carvalho Júnior[1]; Maria Clideana Cabral Maia[2]; Regina Lucia Ferreira Gomes[3]; Lucio Flavo Lopes Vasconcelos[4]

[1]Doutorando em Agronomia, Universidade Federal do Piauí (UFPI), Teresina, Piauí, Brasil, e-mail: jeduardovasconcelos@gmail.com

[2] Pesquisadora, Embrapa Meio-Norte, Teresina, Piauí, Brasil, e-mail: clideana@gmail.com

[3] Docente, Departamento de Fitotecnia, UFPI, Teresina, Piauí, Brasil, e-mail: rlfgomes@ufpi.edu.br.

[4] Pesquisador, Embrapa Meio-Norte, Teresina, Piauí, Brasil, e-mail: lucio.vasconcelos@embrapa.br

A manga é uma das mais importantes frutas tropicais. A diversificação de variedades é essencial para a consolidação da cultura no mercado, com isso, é necessário o conhecimento sobre a variabilidade genética do germoplasma disponível, para o desenvolvimento de novas variedades. A Manga Rosa é uma variedade local bastante apreciada, especialmente devido às suas características como alto teor de sólidos solúveis totais, cor atrativa, sabor e cheiro bem característicos do fruto, entre outras. O objetivo deste trabalho foi caracterizar e estimar a diversidade genética de 26 acessos de manga Rosa do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Meio-Norte. A caracterização foi realizada com base em 30 descritores do fruto, sendo estimadas as percentagens de acessos classificados para todos os descritores utilizados. Para o estudo da diversidade genética, foram analisados 14 caracteres físicos e químicos do fruto, submetendo-se os dados à análise de agrupamentos pelo método UPGMA e análise de componentes principais. Em geral, houve pouca variabilidade entre os acessos de manga Rosa. Dentre os 30 descritores, 12 não mostraram diferenças entre os acessos. Para frutos prontos para consumo, 92,31% dos acessos apresentaram cor da epiderme amarela e vermelha. Quanto à suculência, foi considerada média para 96,15% dos acessos. Os acessos Rosa 1, Rosa 9, Rosa 15 e Rosa 48 apresentaram polpa classificada como pouco fibrosa, sendo uma característica importante para o melhoramento. O teor de sólidos solúveis verificado foi alto, acima de 14º Brix para todos os acessos, sendo que dois acessos, Rosa 26 e Rosa 42, apresentam valores de sólidos solúveis maiores do que 20º Brix, podendo ser selecionados para programas de melhoramento. A análise de agrupamento possibilitou a formação de três grupos de acessos, sendo que o grupo 3 apresentou médias superiores para a maioria dos descritores utilizados. A massa do fruto e a massa da polpa podem ser selecionadas indiretamente por meio do comprimento e diâmetro menor do fruto, que apresentam mensuração mais fácil. Os caracteres: massa do fruto, comprimento, diâmetro maior, diâmetro menor, massa da casca, massa da semente e massa da polpa são os que mais contribuem para a divergência entre os acessos de Manga Rosa. Os acessos Rosa 25 e Rosa 40 podem ser considerados candidatos a seleção por apresentarem atributos importantes como, por exemplo, massa da polpa e rendimento de polpa superiores, para o melhoramento da manga Rosa.

Agradecimentos: Embrapa Meio-Norte, por disponibilizar o BAG para realização da pesquisa e CAPES, pela concessão de bolsa.

DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DO GERMOPLASMA DE VARIEDADES LOCAIS DE ALGODOEIRO DO SEMIÁRIDO BRASILEIRO: DISPONIBILIDADE DE RECURSOS GENÉTICOS

Thiago Henrique de Lima[1]; Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes[2] ; Lúcia Vieira Hoffmann[3]; Paulo Augusto Viana Barroso[3]

[1] Mestrando do PPG de Proteção de Plantas, IF Goiano, Urutaí, GO, Brasil, thyagolyma16@hotmail.com

[2] Professor de Genética, IF Goiano, Urutaí, GO, Brasil, ivan.menezes@ifgoiano.edu.br

[3] Pesquisador a Engenheira Agrônomo, Embrapa Algodão, Santo Antonio de Goiás, Goiás, Brasil, lucia.hoffmann@embrapa.br ; paulo.barroso@embrapa.br

O algodoeiro mocó (*Gossypium hirsutum* r. *marie galante*) representa uma importante fonte de variabilidade para melhoramento genético do algodão comercial. A Embrapa tem realizado coletas e conservação de acessos deste tipo de algodoeiro, principalmente por apresentarem uma ampla variação morfológica e tecnológica de fibra, que ainda é pouco explorada. Outro interesse por este algodoeiro é o seu bom desempenho no semiárido nordestino, o que nos faz acreditar que esta espécie tenha sido selecionada por condições adversas de solo e clima desenvolvendo genótipos superiores. O potencial desta espécie tem sido pouco explorado devido a falta de dados organizados disponíveis, enquanto coletas e conservação tem sido privilegiadas. O objetivo com este trabalho foi determinar a composição genética do germoplasma do algodoeiro mocó pertencente a Embrapa Algodão coletados até 2014 usando marcadores de microssatélites. Este estudo inclui um total de 294 algodoeiros do tipo mocó coletado em 11 estados brasileiros. Destes algodoeiros 266 ocorrem em nove estados do nordeste, sendo 31 do Maranhão, 47 do Piauí, 72 do Ceará, 20 do Rio Grande do Norte, 17 da Paraíba, 52 do Pernambuco, 5 da Alagoas, 5 do Sergipe e 17 Bahia; os demais 28 ocorrem em dois estados do Norte, sendo 7 do Amapá e 21 de Roraima. Doze marcadores de microssatélites selecionados a partir de uma pré-seleção de 141 marcadores foram usados na genotipagem. A analise genética foi realizada com base no número de alelos polimórfico (**Ap**), alelos privativos (**Apr**), heterozigosidade esperada ($\mathbf{H_E}$) e observada ($\mathbf{H_O}$). A relação genética foi determinada por meio da analise de agrupamento neighbor joining usando a distancia genética obtida pela proporção de alelos comuns (GD = 1-ps). A estruturação genética foi analisada através da estatística F de Wright e por meio da analise bayesiana. Um total de 71 alelos foi detectado na amostra total de algodoeiro mocó genotipado, com uma média de 5,9 por loco, variando de 4 a 9 alelos. A média da H_E por loco foi alta (0,53), contudo H_O foi baixa, 0,15, produzindo um alto e significativo índice de fixação, f = 0,72. A probabilidade de identidade multiloco para os 12 locos foi 4,6 x 10^{-7}, indicando a chance quase que nula que dois acessos selecionados ao acaso tenham genótipos idênticos. Dez alelos foram privativos, seis estavam presentes nos acessos de PE, dois no PI, um no RN e um em AL. A média **Ap** por loco nos estados foi de 3,3. O estado com maior número de alelos foi PI e PE com 53 alelos em cada, variando de 2 a 7 e 3 a 7 por loco, nesta ordem; e o menor foi em SE e AP com 23 alelos cada. Em média, observou-se um expressivo valor de H_E (0,35) por estado, sendo maior nos estados do PI (0,58) e PE (0,48). O valor médio de H_O foi baixo (0,13), sendo maior no estado do CE (0,23) e menor no MA (0,01). A análise de neighbor-joining e bayesiano formaram dois grupos principais, um que incluem os acessos de MA, PI, PB, RN e outro os demais estados. O padrão de agrupamento dentro de cada grupo indica que os estados vizinhos exerciam uma maior influencia entre si do que estados distantes. Estes dois pools gênicos apresentaram elevada diferenciação genética (F_{ST} = 0,24, P < 0,05), detectando uma diversidade genética ligeiramente maior no grupo 1 (A= 62; H_E= 0,51) do que no grupo 2 (A= 63; H_E= 0,44). Com base nestes resultados, pode-se concluir que o germoplasma do algodoeiro mocó apresenta uma elevada diversidade, estruturada e organizada em genótipos homozigotos que pode ser aproveitada com fonte alélica em estudos de valoração para uso em programas de melhoramento genético.

Agradecimentos: CNPq, FAPEG, Embrapa Algodão e IF Goiano Câmpus Urutaí

CARACTERIZAÇÃO AGROMORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE ALHO EM SUSSUAPARA - PIAUÍ

José de Ribamar de Araújo Albuquerque[1]; Regina Lucia Ferreira Gomes[2]; Hélio Nelson Brito Monteiro[3]; Carlos Humberto Aires Matos Filho[2]; Karla Brito dos Santos[2]; Ângela Celis de Almeida Lopes[2]

[1] Mestrando em Agronomia, Universidade Federal do Piauí (UFPI), Teresina, Piauí, Brasil, e-mail: ribamaralbuquerque@hotmail.com.

[2] Docente, UFPI, Teresina, Piauí, Brasil, email: rlfgomes@ufpi.edu.br; carloshumberto@ufpi.edu.br; santkar@ufpi.edu.br; acalopes@ufpi.edu.br;

[3] Graduado em Engenharia Agronômica, UFPI, Teresina, Piauí, Brasil, email: helio.monteiro@hotmail.com.

O alho (*Allium sativum* L.) é uma das mais antigas hortaliças cultivada no mundo, usada na culinária e como planta medicinal. Um dos tipos de alho cultivado no Brasil é o seminobre, cuja produção é geralmente realizada por pequenos agricultores familiares, sendo destinada ao mercado informal em pequenas feiras. Com a introdução do alho nobre, do processo de vernalização e do início da importação de alho da China e da Argentina, houve um grande declínio na produção do alho seminobre. No Piauí, vários fatores interferiram ao longo dos anos de plantio de alho na microrregião de Picos, contribuindo para a involução da produção, dentre os quais, a baixa qualidade do alho semente, uso inadequado do solo, poluição e assoreamento dos rios, manejo inadequado da cultura, como consequência da falta de orientação técnica. Há também, a inadequação do produto às exigências do mercado e a perda das tradições culturais por parte dos agricultores, que praticamente inviabilizou a comercialização do alho produzido na microrregião. Nesse sentido, o objetivo do presente trabalho foi realizar caracterização agromorfológica de três variedades crioulas de alho, Cateto Roxo Local, Cateto Roxo Mineiro 1 e Cateto Roxo Mineiro 2, em duas épocas de plantio, 1º de maio e 23 de maio de 2014, no município de Sussuapara – Piauí, com base em descritores estabelecidos pelo IPIGRI, atualmente *Bioversity International*, sendo onze relacionados à fase vegetativa e seis, à fase produtiva. Utilizou-se o esquema fatorial 3 x 2, no delineamento experimental em blocos casualizados, com quatro repetições. As variedades Cateto Roxo Mineiro 1 e 2, provenientes de Francisco Sá - MG e Cateto Roxo Local, apresentam comportamento semelhante, na fase vegetativa das plantas, considerando as duas épocas de plantio. Cateto Roxo se destacou pela altura das plantas e Cateto Roxo Mineiro 1 e 2 pela largura das folhas e da base do pseudocaule. Com relação aos caracteres relacionados à produção, Cateto Roxo Local apresentou maior média para os caracteres massa de bulbos, número e massa de bulbilhos por bulbo, enquanto Cateto Roxo Mineiro 1 e Cateto Roxo Mineiro 2, se destacaram quanto ao diâmetro dos bulbilhos por bulbo. A largura da base do pseudocaule se correlacionou positivamente com largura da folha e diâmetro de bulbilho por bulbo, e, negativamente, com número de bulbilhos por bulbo, indicando que maior desenvolvimento do pseudocaule e das folhas favorece a ocorrência de bulbos com menor número de bulbilhos, sendo estes de maior diâmetro, que são características desejáveis na cultura do alho. As estimativas de correlação foram altas, significativas e positivas entre massa do bulbo com diâmetro do bulbo, massa de bulbilhos por bulbo e produtividade de bulbos; entre diâmetro do bulbo com massa de bulbilhos por bulbo e produtividade de bulbos, indicando que variedades de alho com alta produtividade de bulbos podem ser selecionadas pela massa e diâmetro do bulbo. Cateto Roxo Mineiro 1 e 2 devem ser recomendadas para o plantio no início do mês de maio, enquanto para Cateto Roxo Local, o plantio pode ocorrer até a terceira semana, em Sussuapara – PI.

Agradecimentos: Ao CNPq, pelo financiamento da pesquisa e concessão de bolsas.

CARACTERIZAÇÃO DE COMPOSTOS BIOATIVOS EM FRUTAS NATIVAS

Marina Vighi Schiavon[1]; Elisa dos Santos Pereira[2]; Eduarda Acosta Konzgen[3]; Rodrigo Cezar Franzon[4]; Márcia Vizzotto[4]

[1]Bacharel em Química de Alimentos, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, marinavighi@gmail.com

[2]Nutricionista, Mestranda em Nutrição e Alimentos, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, lisaspereira@gmail.com

[3]Graduanda em Química de Alimentos, Bolsista de Apoio Técnico em Extensão no País B, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, eduardakonzgen95@gmail.com

[4]Engenheiro(a) Agrônomo(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil. marcia.vizzotto@embrapa.br e rodrigo.franzon@embrapa.br

O Brasil possui uma riqueza natural abundante de frutas nativas que são utilizadas para o consumo *in natura* e para a industrialização, as quais apresentam sabor e aroma peculiares. Desta forma, a produção de frutas nativas se torna uma alternativa para a agricultura familiar, podendo proporcionar renda adicional à propriedade. Os compostos bioativos, ou compostos fitoquímicos, possuem atributos sensoriais e efeitos biológicos que protegem o organismo humano e promovem benefícios adicionais à saúde contra doenças crônicas, como câncer, diabete *mellitus*, obesidade, hepatopatias e dislipidemias, entre outras. Estes efeitos podem ser atribuídos à capacidade antioxidante que pode ser promovida pelos compostos fenólicos, antocianinas e carotenoides presentes em frutas e hortaliças. O objetivo deste trabalho foi caracterizar algumas frutas nativas como o araçá amarelo, araçá vermelho, uvaia e a pixirica quanto as suas concentrações de compostos bioativos e atividade antioxidante total. Com exceção da pixirica, que foi obtida de um produtor rural, as demais frutas foram provenientes da coleção de Frutas Nativas da Embrapa Clima Temperado. As amostras foram analisadas quanto ao teor de compostos fenólicos, antocianinas, carotenoides e atividade antioxidante totais, utilizando o radical estável DPPH, através de métodos espectrofotométricos. Houve diferença significativa em relação à concentração de compostos fenólicos totais, onde o araçá amarelo bicudo foi superior, seguido pela uvaia (196,37 e 178,93 mg do equivalente em ácido clorogênico/100g de amostra, respectivamente). A concentração de antocianinas totais foi superior na pixirica, que apresentou 490,48 mg de cianidina-3-glicosídeo/100g de amostra, sendo que esta concentração pode ser atribuída a coloração roxa intensa desta fruta. As demais frutas apresentaram concentrações baixas, que variaram de 2,95 a 16,38 mg de cianidina-3-glicosídeo/100g de amostra, sendo a uvaia aquela com menor concentração já que tem a coloração amarela. A concentração de carotenoides totais diferiu significativamente entre as amostras analisadas, sendo que a pixirica e a uvaia apresentaram os maiores valores (11,59 mg de β-caroteno/100g de amostra para ambas) e o araçá vermelho cv. Irapuã apresentou o menor valor (0,40 mg de β-caroteno/100g de amostra). A capacidade antioxidante total foi superior nos araçás amarelo e vermelho, sendo que estes apresentaram a mesma atividade (9547,92 µg de trolox/g de amostra), seguidos da pixirica e da uvaia, com 3960,16 e 2185,46 µg de trolox/g de amostra, respectivamente. Deste modo, conclui-se que existe grande variabilidade entre as frutas nativas no que diz respeito aos compostos bioativos avaliados, onde podemos destacar a pixirica devido ao seu elevado teor em antocianinas e os araçás que apresentaram a maior atividade antioxidante.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao projeto FINEP/CGTEE Quintais Orgânicos de Frutas, pelo apoio financeiro e pelo fornecimento das bolsas de Desenvolvimento Tecnológico Industrial C e de Apoio Técnico em Extensão no País B.

USE OF MORPHOLOGICAL DESCRIPTORS TO CONFIRM HYBRIDIZATION IN *ARACHIS*

Daniele C. Wondracek-Lüdke[1]; Marisa T. Pozzobon[2]; Andrea P.S. Peñaloza[3]; Charles E. Simpson[4]; José F.M. Valls[5]

[1]Biol., Dr., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, daniele.wondracek@gmail.com

[2]Eng. Agr., Dr., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, marisa.pozzobon@embrapa.br

[3]Eng. Agr., Dr., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, andrea.penaloza@embrapa.br

[4]B.S.Ag.Ed., Ph.D., Texas A&M AgriLife Research, Stephenville, Texas, USA, c-simpson@tamu.edu

[5]Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, jose.valls@embrapa.br

The South American genus *Arachis* has 81 species. The most important economically is *A. hypogaea*. The definition of *Arachis* species concept is complex. Due to prevailing autogamy and underground fruiting limiting the dispersal of seeds, gene flow is very limited between or within populations. So, exomorphological characters remain valid to delimit and define the species. The ability to produce experimental hybrids is of great importance to detect similarities in the genus. The relationships of crossability of *A. valida*, which has the B genome, with 28 species representing the A, B, D, F, G, K and AB genomes and *A.* aff. *chiquitana*, *A.* aff. *hoehnei* and *A. vallsii* of section *Arachis* were evaluated. The experiments were carried out from September 2011 to August 2014 at Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasilia, Distrito Federal, Brazil and Texas A&M AgriLife Research and Extension Center, Stephenville, Texas, USA. Crosses were performed using the conventional hybridization technique. Morphological descriptors for wild *Arachis* species were used to confirm the hybridization. The chromosome number of hybrids was counted in root meristematic cells. Hybrids with 28 species were obtained. The adpressed hairs on the upper surface of the leaflets of *A. valida* x *A. correntina* and *A. valida* x *A. diogoi* hybrids were inherited of their male parents. *Arachis valida* x *A. cardenasii*, *A. valida* x *A. correntina*, *A. valida* x *A. diogoi*, *A. valida* x *A. duranensis*, *A. valida* x *A. herzogii*, *A. valida* x *A.* aff. *hoehnei*, *A. valida* x *A. ipaënsis*, *A. valida* x *A. kempff-mercadoi*, *A. valida* x *A. linearifolia*, *A. valida* x *A. magna* and *A. valida* x *A. simpsonii* hybrids and their male parents had hairiness, adpressed hairs on the lower surface of the leaflets. The dense hairs on the lower surface of the leaflets of *A. valida* x *A. batizocoi*, *A. valida* x *A. cruziana*, *A. valida* x *A. gregoryi*, *A. valida* x *A. krapovickasii* and *A. valida* x *A. villosa* hybrids came from their male parents. *Arachis valida* x *A. herzogii*, *A.valida* x *A.* aff. *hoehnei*, *A. valida* x *A. schininni* hybrids and their male parents had cilia on the margins of the leaflets. Only the *A. valida* x *A.* aff. *chiquitana* hybrid and its male parent had bristles on the margins of the leaflets. The hybrids: *A. valida* x *A. batizocoi*, *A. valida* x *A. cruziana*, *A. valida* x *A. gregoryi*, *A. valida* x *A.* aff. *hoehnei*, *A. valida* x *A. krapovickasii*, *A. valida* x *A. magna*, *A. valida* x *A. schininii* also presented bristles on the stipules, like their male parents. In *Arachis*, in crosses of a parent with yellow flowers with a parent with orange flowers, hybrids will have yellow flowers, because yellow is dominant over all flower colors known in the genus. All hybrids resulted from crosses with male parents who have yellow flowers showed yellow flowers: *A. valida* x *A. batizocoi*, *A. valida* x *A. duranensis*, *A. valida* x *A. magna* and *A. valida* x *A. stenosperma*. The presence of adpressed and/or dense hairs on the surface of the leaflets, cilia and bristles on the margins of leaflets, bristles on stipules and yellow flowers were inherited from the male parents, because the female parent *A. valida* does not have these characteristics. *Arachis valida* x *A. hypogaea* hybrid showed 2n=30 and *A. valida* x *A. praecox* 2n=19, confirming the hybridization, because *A. valida* presents 2n=20, *A. hypogaea* 2n=40 and *A. praecox* 2n=18. Morphological descriptors and chromosome counts are useful to identify *Arachis* hybrids.

Acknoledgments: PDSE/CAPES, CNPq.

DESENVOLVIMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES NUCLEARES PARA ANANAS SPP.

Ramon Felipe Scherer[1,6], Gustavo Henrique Ferrero Klabunde[2,6], Sabrina Moreira dos Santos[3,6], Fernanda Vidigal Duarte Souza[4], Miguel Pedro Guerra[5,6]

[1] Bolsista Pós doutorado - CAPES / Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) Mandioca e Fruticultura;

[2] Bolsista Doutorado - Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais (RGV) / Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC);

[3] Bolsista PIBE-UFSC - Graduação em Agronomia / UFSC;

[4] Pesquisadora A - EMBRAPA Mandioca e Fruticultura / Cruz das Almas - BA;

[5] Professor Titular - Centro de Ciências Agrárias e RGV / UFSC;

[6] Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV) / UFSC. Florianópolis – SC.

Regiões microssatélites, ou *Simple Sequence Repeats* (SSR), são constituídas de um a seis nucleotídeos repetidos em *tandem* que apresentam alto polimorfismo genético. Marcadores SSR são co-dominantes, específicos (podendo também estar presentes em genótipos geneticamente *aparentados*), apresentam alto polimorfismo e facilidade de detecção via PCR seguida de eletroforese capilar. Assim, marcadores SSR são ferramentas robustas para a geração de informações a respeito da diversidade genética dentro de *Ananas* spp. Este gênero é constituído pelas espécies *A. macrodontes* Morren e *A. comosus* (L.) Merrill, esta possuindo cinco variedades botânicas: *ananassoides*, *erectifolius*, *bracteatus*, *comosus* e *parguazensis*. *A. comosus* var. *comosus* (abacaxizeiro comercial) destaca-se dentro deste grupo como uma cultura de grande importância econômica. Neste sentido, o presente estudo visou caracterizar marcadores microssatélites polimórficos para *Ananas* spp., uma vez que há poucos destes marcadores caracterizados para este grupo de plantas. O DNA de um indivíduo de *A. comosus* var. *comosus* foi extraído, digerido com enzimas de restrição e ligado a adaptadores correspondentes, foi então realizada a amplificação dos fragmentos via PCR, a purificação do DNA, a incubação com sondas oligobiotiniladas [$(CT)_8$, $(GT)_8$ e $(TTC)_8$], a adição de esferas magnéticas, a coleta e amplificação dos fragmentos alvos e então os procedimentos a partir da purificação do DNA foram repetidos. Os fragmentos selecionados foram inseridos em plasmídios que em seguida foram inseridos em *Escherichia coli* quimicamente competentes. Estas foram clonadas e então as colônias recombinantes foram coletadas, fragmentos de DNA alvos foram isolados e em seguida purificados e sequenciados. Iniciadores para regiões microssatélites foram desenhados e 24 indivíduos de *A. comosus* (de todas as variedades botânicas), *A. macrodontes* e genótipos de *Ananas* ainda não classificados foram genotipados em sequenciador automático de DNA ABI 3500 XL (Applied Biosystems). Estes genótipos, em sua maioria, foram coletados no Banco Ativo de Germoplasma de Abacaxizeiro – EMBRAPA Mandioca e Fruticultura (Cruz das Almas – BA) e outros foram coletados no Banco de Germoplasma de Abacaxizeiro – UFSC (Florianópolis-SC). Definidos como Anan05, Anan08, Anan09, Anan11 e Anan13, os marcadores SSR mostraram-se polimórficos e amplificaram 11, 9, 10, 3 e 10 alelos, respectivamente. O alto número médio de alelos por loco (8,6) potencializa o uso destes marcadores para o auxílio a programas de melhoramento vegetal, estudos de filogenia e/ou de conservação de germoplasma para este grupo de plantas.

Agradecimentos: Os autores agradecem a CAPES, CNPq, FAPESC, EMBRAPA e UFSC pelo financiamento de custeio e bolsas.

CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE CULTIVARES DE MANDIOCA

Alex Damero Hardtke[1], Ana Cristina Krolow[2], Nubia Marilin Lettnin Ferri[3], José Ernani Schwengber[4]

[1] Técnico em Química, Graduando Engenharia Química, Bolsista ATP-B/CNPq, Instituto Federal Sul-Rio-Grandense – Campus Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, alexdamerohardtke@hotmail.com

[2] Farmacêutica, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, ana.krolow@embrapa.br

[3] Licenciada em Ciências/Química, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, nubia.ferri@embrapa.br

[4] Engenheiro Agrônomo, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, jose.ernani@embrapa.br

O projeto Quintais Orgânicos de Frutas, apresenta como um de seus objetivos, a introdução de outras espécies. A mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) é uma espécie domesticada pelas populações pré-colombianas, sendo considerada como uma das principais fontes de alimento das populações indígenas, além de já ter sido incorporada à alimentação da população brasileira, independente da classe social. A produção brasileira representa mais de 15% da produção mundial, cerca de 25 milhões de toneladas de raízes. Por apresentar facilidade de cultivo e alta produtividade, comparada a outras culturas, apresenta grande potencial para sua inclusão no Projeto Quintais Orgânicos. Entretanto, por falta de identificação dos materiais mais adequados para cada tipo de processo, ocorrem alterações nos padrões de qualidade dos produtos originários desta raiz, sendo a matéria seca e os sólidos solúveis totais importantes neste processo, pois quanto maiores forem os valores obtidos, maior será o rendimento para a fabricação de derivados como a farinha de mandioca, o polvilho e a fécula. A Vitamina C apresenta funções importantes no organismo, como por exemplo: participa de diversos processos metabólicos como a síntese de colágeno, aumenta a absorção do ferro não heme de origem vegetal, age como antioxidante, varrendo os radicais livres do organismo e está envolvida na cicatrização e coagulação de sangramentos na gengiva. Portanto, o objetivo deste trabalho foi caracterizar materiais crioulos pertencentes ao Banco de Germoplasma da Embrapa Clima Temperado cultivados e colhidos na Estação Experimental Cascata quanto à matéria seca, sólidos solúveis totais e Vitamina C, para avaliar sua incorporação ao projeto Quintais Orgânicos. As mandiocas foram colhidas e encaminhadas ao Laboratório de Ciência e Tecnologia de Alimentos da Embrapa Clima Temperado, para avaliação das seguintes variáveis: Sólidos Solúveis Totais (SST), Matéria seca e Vitamina C. O delineamento experimental foi de blocos casualizados, com sete tratamentos/cultivares (Estrangeira, Cascuda, Apronta mesa, Cruzeira, Aceguá, Manteiguinha e Mantiqueira) e duas repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância e teste de comparação de médias de Tukey ao nível de 5% de significância. Em relação à matéria seca da mandioca, podemos destacar que houve variação de 32,77 a 42,56 mg.100g^{-1}, onde podemos destacar as cultivares Aceguá e Estrangeira, com os maiores teores (42,56 e 41,1 mg.100g^{-1}, respectivamente). Para os sólidos solúveis totais (SST), foi observada uma variação de 5,3 a 6,6ºBrix, se destacando novamente as cultivares Aceguá (6,2ºBrix) e Estrangeira (6,6ºBrix), cujos valores mostram assim uma correlação entre matéria seca e SST. A cultivar Apronta Mesa se destacou, com o maior teor de vitamina C, 37,5 mg de ácido ascórbico/100ml, seguida pela Manteiguinha, 36,06 mg de ácido ascórbico/100ml, cujas cultivares apresentaram variação de 29,01 a 37,5 mg de ácido ascórbico/100ml, valores estes acima dos encontrados na literatura para mandioca. Diante destes resultados, podemos concluir que estas cultivares de mandioca tem um bom potencial para a produção de derivados e uma concentração elevada de vitamina C para consumo doméstico.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao projeto Quintais Orgânicos de Frutas/FINEP pelo apoio financeiro e pela bolsa ATP-B/CNPq.

POLIMORFISMO EM SEQUÊNCIAS REGULATÓRIAS E CODIFICADORAS DE FATORES DE TRANSCRIÇÃO RESPONSIVOS A SECA EM FEIJÃO

Patrícia Pagnoncelli Borba[1]; Kamila Katieli Kovali[2]; Aline Sasso[3]; Taciane Finatto[4].

[1] Acadêmica, Bolsista PIBIC-Fundação Araucária, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, PR, Brasil, sissa.ppb@gmail.com

[2] Acadêmica, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, PR, Brasil, kamilakovali@gmail.com

[3] Acadêmica, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, PR, Brasil, aly.sasso@gmail.com

[4] Professora Doutora, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, PR, Brasil, tfinatto@utfpr.edu.br

A falta de água é uma realidade nas diferentes regiões onde o feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) é cultivado. O déficit hídrico desencadeia nas plantas vários eventos fisiológicos que prejudicam a sua produtividade. Em condições de estresse, em nível molecular as plantas desencadeiam cascatas de sinalização que suprimem, elevam ou reduzem os níveis de expressão dos genes alvo. Os fatores de transcrição (FTs) são proteínas que regulam a transcrição destes genes. Desta forma, as modificações nas atividades dos FTs alteram dinamicamente o transcritoma ocasionando alterações metabólicas e fenotípicas em resposta a determinado estímulo ambiental. O objetivo deste estudo foi analisar o polimorfismo em sequências promotoras e codificadoras de fatores de transcrição responsivos à seca em variedades locais e comerciais de feijão. Inicialmente foi realizada pesquisa *in silico* de genes relacionados com a tolerância à seca no genoma do feijoeiro. As sequencias de DNA dos genes e de seus respectivos promotores foram obtidas no banco de dados Phytozome – *Phaseolus vulgaris* v1.0. Foram desenhados iniciadores com o intuito de identificar polimorfismos nas sequências promotoras do gene da superfamília *APETALA2/ethylene-responsive element-binding protein* (AP2/EREBP) loco *Phvul.001G187100* (homólogo ao *AtHARDY*); loco *Phvul.009G070800* (homólogo ao *AtZat10)* cuja família gênica ainda é desconhecida e o loco *Phvul.002G75000* (homólogo ao *OsNAC9*) – da família *No apical meristem (NAM) protein* bem como na sequencia codificadora do gene também pertencente a superfamília AP2/EREBP, loco *Phvul.005G126300* (homólogo ao *OsDREB1F*). O DNA genômico foi isolado de folhas jovens de nove genótipos de feijão (seis variedades locais e três cultivares comerciais), a qualidade do DNA foi analisada e a quantificação feita em espectrofotômetro. As sequencias de DNA alvo das amostras foram amplificadas por PCR (*Polimerase Chain Reaction*) utilizando os quatro pares de iniciadores. Os produtos da PCR foram visualizados em gel de agarose 2%. Dos quatro pares de iniciadores testados, três apresentaram polimorfismo entre os genótipos variando de 2 a 3 alelos por loco, sendo o conteúdo de informação polimórfica variando 0,25 a 0,50. Para análise da dissimilaridade genética foi gerado um dendrograma pelo método UPGMA, utilizando-se o coeficiente de distância de genética de Rogers. O dendrograma possibilitou a identificação de dois grupos, onde o primeiro grupo inclui as seis variedades locais e a cultivar IPR Tuiuú já o segundo grupo composto pelas variedades comerciais Pérola e IPR Siriri. Os polimorfismos encontrados nas sequências de DNA dos promotores e genes de FTs estudados indicam que neste grupo de genótipos a variabilidade genética pode estar associada com a adaptação à seca, uma vez que de acordo com a literatura as cultivares IPR Siriri e Pérola são cultivares que apresentam um bom nível de tolerância ao déficit hídrico.

Agradecimentos: À Fundação Araucária e PAPCDT/UTFPR.

COMPOSTOS BIOATIVOS E AÇÃO ANTIOXIDANTE DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE PÊSSEGOS

Bruna Barcelos Cardias[1]; Elisa dos Santos Pereira[2]; Marina Vighi Schiavon[3]; Eduarda Konzgen[4]; Rodrigo Franzon[5], Márcia Vizzotto[5]

[1]Graduanda em Engenharia Bioquímica, Universidade Federal do Rio Grande, Rio Grande, RS, Brasil, brunabarcelosc@hotmail.com

[2]Nutricionista, Mestranda em Nutrição, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, lisaspereira@gmail.com

[3]Bacharel em Química de Alimentos, Bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial C, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, marina.vighi@gmail.com

[4]Graduanda em Química de Alimentos, Bolsista de Apoio Técnico em Extensão no País B, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, eduardakonzgen95@gmail.com

[5]Engenheiro(a) Agrônomo(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, marcia.vizzotto@embrapa.br e rodrigo.franzon@embrapa.br

A tendência mundial de que as pessoas se preocupem mais com a saúde e o bem-estar tem ampliado o consumo de frutas, especialmente pelo seu valor nutricional, sendo que maior atenção tem sido dada aos alimentos conhecidos como funcionais. Esforços estão sendo concentrados para identificar espécies vegetais com elevados teores de antioxidantes que conferem benefícios a saúde, auxiliando na proteção dos constituintes celulares. Além da qualidade sensorial, o pêssego (*Prunus persica*) se apresenta como boa fonte de compostos antioxidantes, os quais têm sido associados à menor incidência de doenças degenerativas, como câncer, e doenças cardiovasculares. A presença e quantidade de compostos bioativos nas frutas são influenciados pelas condições climáticas da região, cultivar, ponto de maturação, entre outros. Estudos com diferentes cultivares de pêssego demonstram que a capacidade antioxidante, assim como a concentração de compostos bioativos nessas frutas é altamente variável entre genótipos, sendo imprescindível que o Programa de Melhoramento tenha as suas seleções caracterizadas antes do lançamento de suas cultivares. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi caracterizar diferentes seleções/genótipos de pêssego pertencentes ao Programa de Melhoramento da Embrapa Clima Temperado quanto a sua capacidade antioxidante e a concentração de compostos bioativos. O trabalho foi realizado na Embrapa Clima Temperado, em Pelotas, RS, no Laboratório de Ciência e Tecnologia de Alimentos do Núcleo de Alimentos. Quatorze genótipos de polpa de cor branca (Cascata 1565, Cascata 1104, Cascata 1101, Cascata 1203, Cascata 1619, Cascata 1561, Cascata 1225, Cascata 1056, Cascata 1721, Cascata 714, Cascata 1405, Cascata 1067, Cascata 1525 e Cascata 1281) e 12 de polpa de cor amarela (Conserva 1910, Conserva 1324, Conserva 1626, Conserva 1842, Conserva 1788, Conserva 1408, Conserva 1424, Conserva 1261, Conserva 1267, 'Turmalina', 'BR 3' e Amarelo Juan), foram avaliados quanto a atividade antioxidante, compostos fenólicos, antocianinas e carotenoides, através de métodos espectrofotométricos. A atividade antioxidante variou de 1330,43 a 9269,22 µg de trolox/g de amostra, sendo que o genótipo Cascata 1619, de cor branca, se destacou pela maior atividade. Os compostos fenólicos apresentaram grande variação de 58,24 a 101,34 mg do equivalente em ácido clorogênico/100 g de amostra, onde valores superiores foram encontrados em genótipos de cor branca. As antocianinas não são comumente encontradas em polpa de pêssego, sendo normalmente encontradas na casca. No entanto, há uma tendência de buscar novos mercados onde pêssegos de polpa avermelhada seriam uma opção, pelo elevado teor de antocianinas. Nos genótipos avaliados, quanto a concentração de antocianinas, pôde-se observar grande variação, de 0,68 a 17,67 mg de cianidina-3-glicosídeo/100g de amostra, onde o genótipo Cascata 1104, de cor branca (de fundo), demonstrou concentrações mais elevadas. A concentração de carotenoides variou de 0,067 a 6,33 mg de β-caroteno/100 g de amostra, onde os genótipos Conserva 1408, Conserva 1324 e Conserva 1626, todos de polpa amarela, apresentaram as maiores concentrações. Com os resultados obtidos conclui-se que, o genótipo tem influência nas características da fruta, sendo os maiores valores de atividade antioxidante, composto fenólicos e antocianinas encontrados nos pêssegos de polpa branca estudados. Já o maior teor de carotenoides foi encontrado em pêssegos de polpa amarela.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao projeto FINEP/CGTEE Quintais Orgânicos de Frutas pelo apoio financeiro e pelo fornecimento das bolsas.

CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS DE MAMONEIRA

Adielle Rodrigues da Silva[1]; Simone Alves Silva[2]; Laurenice Araújo dos Santos[3]; Gilmara de Melo Araújo[4]; Vanessa Almeida[5]

[1] Mestranda em Ciências Agrárias bolsista CAPES, UFRB, Cruz das Almas, BA, Brasil, adi.elle@hotmail.com.

[2] Professora Orientadora Doutora em Ciência e Tecnologia de Sementes, UFRB, Cruz das Almas, BA, Brasil, sas@ufrb.edu.br.

[3] Coorientadora Pesquisadora PNPD, UFRB/NBIO, Cruz das Almas, BA, Brasil, lasagro@hotmail.com.

[4] Graduanda em Engenharia Agronômica bolsista PIBIC/CNPq, UFRB, Cruz das Almas, BA, Brasil, maraagr@hotmail.com.

[5] Pesquisadora FAPESB/ CAPES, UFRB/NBIO, Cruz das Almas, BA, Brasil, voagro@hotmail.com.

A mamoneira é uma espécie oleaginosa que contém em suas sementes um óleo com qualidade especial, devido a suas características químicas. Esse óleo apresenta grande potencial biotecnológico para diversas aplicações. Daí, o interesse em estudar essa cultura para facilitar o seu manejo e produção. A caracterização no melhoramento genético de plantas é de suma importância para se verificar a existência de variabilidade genética entre os materiais a serem trabalhados, pois irá permitir que se aplique uma seleção e/ou hibridação para a obtenção de indivíduos superiores. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi caracterizar as linhagens quanto aos caracteres quantitativos, estatura e precocidade, de 203 linhagens e 5 parentais de mamoneira do banco ativo de germoplasma (BAG) do Núcleo de Melhoramento Genético e Biotecnologia (NBIO) da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), campus de Cruz das Almas – BA, através da análise de variância (ANAVA). O experimento foi conduzido no delineamento em blocos casualizados, composto por quatro blocos implantados no campo experimental da UFRB em 2014. Os caracteres estatura e precocidade da planta foram coletados no campo e registrados para posterior análise, de acordo com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA). Para a análise foram realizadas teste de variâncias determinada pelo Teste F. Para isso, utilizou-se o programa estatístico GENES. Os resultados obtidos indicaram diferenças significativas para os caracteres estatura (0.0112*) e precocidade da planta (0.0000**). Isto infere que há variabilidade entre as linhagens, o que é fundamental em um programa de melhoramento genético de plantas. O estudo revelou que as linhagens do banco possuem diferentes estaturas, levando em consideração que o ideal é que as plantas não sejam tão altas. É satisfatória a presença de plantas de porte baixo nesse banco, uma vez que poderia ser um critério de seleção. A análise mostrou ainda que as linhagens avaliadas se diferenciaram quanto à precocidade, já que algumas levaram mais dias para florescer do que outras. Pela ANAVA verificou-se que o experimento teve boa precisão, que não foi prejudicado pelos possíveis fatores não controlados. O coeficiente de variação para estatura foi de (23,58%) e para precocidade foi de (18,02%).

Agradecimentos: a CAPES, a PETROBRÁS agência financiadora do projeto, a UFRB instituição apoiadora e aos colaboradores do NBIO.

AVALIAÇÃO BIOMÉTRICA DE FRUTOS DE COQUEIRO-ANÃO CONSERVADOS NO BANCO DE GERMOPLASMA

Semíramis Rabelo Ramalho Ramos[1], Kamila Marcelino Brito Sobral[2]; Daniela Nascimento Santos[3]; Jéssica Barros Andrade[3] Maiara dos Santos Pinto[3]; Elian Suelen de Jesus Santos[3]

[1]Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, Pesquisadora na Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju/SE, Brasil, e-mail: semiramis.ramos@embrapa.br

[2]Doutoranda em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana, Aracaju/SE, Brasil, e-mail: milambrito@hotmail.com

[3]Bolsista de Iniciação Científica PIBIC/FAPITEC na Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju/SE, Brasil, e-mail: daniela_nascimento.santos@hotmail.com; jessicabandrade@hotmail.com; maiarasbiomar@gmail.com; deliansuelen@yahoo.com

No Brasil, a variedade anã de coqueiro é a mais cultivada e os frutos destinam-se tanto ao consumo industrial quanto *in natura*, com ampla aceitação entre os consumidores, principalmente, em função da qualidade da água. Além disso, é a variedade utilizada em cruzamentos intervarietais em programas de melhoramento para a obtenção de híbridos superiores. Este trabalho teve como objetivo avaliar os componentes dos frutos verdes de acessos de coqueiro-anão do Banco de Germoplasma de Coco, situado na Embrapa Tabuleiros Costeiros. Foram avaliados dois acessos, o Anão-Verde-do-Brasil-de-Jiqui (AVeBrJ) e o Anão-amarelo-da-Malásia (AAM), os quais estavam em delineamento em blocos casualizados, com 3 repetições e 10 plantas/repetição, por meio dos descritores: comprimento polar (CPOF) (cm) e equatorial do fruto (CPQF) (cm), circunferência polar (CIPOF) (cm) e equatorial do fruto (CIEQF) (cm), volume de água (ml), pH e teor de sólidos solúveis (ºbrix). Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F e quando significativo, as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5%. Foi também realizada a análise descritiva e a correlação entre os descritores avaliados. Todas as análises foram realizadas por meio do programa estatístico R. Não houve diferença significativa entre os dois acessos pelo teste F ($p<0,01$). Contudo, detectou-se que os descritores comprimento polar e equatorial e circunferência polar e equatorial do fruto, volume, pH e teor de sólidos solúveis obtiveram valores médios, respectivamente, de 20,46 cm, 15,28 cm, 54,76 cm, 47,74 cm, 253,0 ml, 6,6 e 6,3 ºC. O descritor volume de água apresentou correlação muito forte com CIEQF (0,98), CIPOF (0,95) e CPQF (0,92), e uma correlação forte com CPOF (0,78). Dentre os descritores avaliados, o volume de água, pH e o teor de sólidos solúveis, apesar de não terem apresentado diferença significativa entre os acessos avaliados, possuem valores compatíveis com aqueles encontrados em outros trabalhos publicados. Os descritores relacionados às medidas de comprimento e circunferência de fruto possuem relação com o volume de água, indicando possível acréscimo na produção. A avaliação dos frutos associada a outros descritores indica, de forma preliminar, a possibilidade de utilização desses acessos em trabalhos de melhoramento.

DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA UTILIZANDO DESCRITORES QUANTITATIVOS

Alison Fernando Nogueira[1]; André de Gusmão Chudzik[1]; Vânia Moda-Cirino[2]; Juliana Sawada Buratto[2]

[1] Graduando em Agronomia pela UNIFIL, bolsista iniciação científica do Instituto Agronômico do Paraná – IAPAR, Londrina, Paraná, Brasil, email: alisonfernando_nog@yahoo.com.br;

[2] Pesquisadoras, Área de Melhoramento e Genética Vegetal – IAPAR, Londrina, Paraná, Brasil, email: vamoci@iapar.br; jsburatto@iapar.br.

O uso de descritores agronômicos e morfológicos na caracterização do feijoeiro possibilita efetuar as estimativas de dissimilaridade genética, identificando os pares de genótipos mais divergentes para serem utilizados em programas de melhoramento. Este trabalho objetivou estimar a dissimilaridade genética entre genótipos de feijão carioca. O experimento foi estabelecido na estação experimental do IAPAR em Londrina – PR, na safra das águas 2014/2015. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições e parcela experimental constituída por 4 linhas de 4 metros de comprimento com espaçamento de 0,5 m. Os tratamentos foram constituídos de 20 genótipos de feijão carioca. Após a maturação fisiológica foram amostrados 20 plantas de cada parcela experimental, onde foram avaliados 22 descritores morfológicos e agronômicos quantitativos que contemplam os diversos aspectos vegetativos e reprodutivos da planta. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância, teste de Scott e Knott a 5% e correlação fenotípica. As estimativas das dissimilaridades foram obtidas pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e a formação do agrupamento pelo método de Tocher. O dendograma foi formado utilizando o método UPGMA. Observou-se efeito significativo de genótipos a 1% e 5% de probabilidade para treze das vinte e duas variáveis quantitativas. As estimativas dos coeficientes de variação ambiental variaram de 2,96% (Coef J) a 22,8% (PPL). Algumas estimativas de correlação fenotípica foram positivas, significativas com alta magnitude entre as variáveis: comprimento da folha primária x largura da folha primária (0,80**), número de vagens por planta x número de sementes por planta (0,80**), número de sementes por planta x peso total de sementes na planta (0,96**), espessura da semente x coeficiente H (0,88**). E os coeficientes de correlação negativos e significativos foram encontrados para as características: índice folíolo central x comprimento da semente (-0.60*), largura da folha primária x espessura do caule principal (-0.55*), comprimento da folha primária x espessura do caule principal (-0.54*), espessura do caule principal x comprimento da semente (-0.53*). O método de agrupamento de Tocher classificou os genótipos em quatro grupos distintos. O grupo I foi composto por 16 genótipos, onde constam as cultivares MD1092 e IPR Maracanã. Dois genótipos foram inseridos no grupo II, a cultivar IPR Tangará e a linhagem LP10-08. Os grupos III e IV foram formados apenas por um genótipo. No dendrograma observa-se que a cultivar IPR Curió foi genótipo que mais se diferenciou dos demais, pois esta apresenta características peculiares como ciclo mais precoce e habito de crescimento tipo I com crescimento determinado.

Agradecimentos: IAPAR e Fundação Araucária.

AVALIAÇÃO BIOMÉTRICA DE FRUTOS SECOS DE COQUEIRO-GIGANTE CONSERVADOS NO BANCO DE GERMOPLASMA

Kamila Marcelino Brito Sobral[1]; Jéssica Barros Andrade[2]; Daniela Nascimento Santos[2]; Maiara dos Santos Pinto[2]; Elian Suelen de Jesus Santos[2]; Manoel Abílio de Queiróz[3]; Semíramis Rabelo Ramalho Ramos[4]

[1]Doutoranda em Recursos Genéticos Vegetais da Universidade Estadual de Feira de Santana, Aracaju/SE, Brasil, e-mail: milambrito@hotmail.com

[2]Bolsista de Iniciação Científica PIBIC/FAPITEC na Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju/SE, Brasil, e-mail: jessicabandrade@hotmail.com; daniela_nascimento.santos@hotmail.com; maiarasbiomar@gmail.com; deliansuelen@yahoo.com

[3]Ph.D. em Genética e melhoramento de plantas, Universidade do Estado da Bahia, Juazeiro/BA, Brasil, e-mail: manoelabiliomaq@gmail.com

[4]Doutora em Genética e Melhoramento de Plantas, Pesquisadora na Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju/SE, Brasil, e-mail: semiramis.ramos@embrapa.br

O Brasil é o quarto produtor mundial de coco com uma produção superior a 2.820.468 milhões de toneladas, em uma área plantada de 257.157 mil ha. O fruto seco de coqueiro-gigante é bastante utilizado na produção de alimentos ou como subproduto na indústria. Programas de melhoramento objetivam o desenvolvimento de materiais que apresentem características agronômicas superiores. Desse modo, há necessidade de avaliar agronomicamente os acessos conservados no Banco Ativo de Germoplasma. Este trabalho teve como objetivo avaliar componentes dos frutos secos de acessos de coqueiro-gigante do Banco Internacional de Germoplasma de Coco para a América Latina e Caribe (ICG-LAC), situado na Embrapa Tabuleiros Costeiros, Brasil. Foram avaliadas 10 plantas de seis acessos - Gigante-da-Polinésia (GPY); Gigante-da-Praia-do-Forte (GBrPF); Gigante-de-Tonga (GTG); Gigante-do-Oeste-Africano (GOA), Gigante-de-Rennel (GRL), Gigante-de-Rotuma (GRT) – os quais estavam em delineamento em blocos casualizados com três repetições e avaliados três frutos por planta, considerando seis descritores: peso do fruto (PF) (Kg), peso do fruto sem albúmen líquido (PFSA) (Kg), peso do albúmen sólido (PAS) (Kg), peso do coque (PC) (Kg), peso da noz (PNZ) (Kg), e peso da casca (PCAS) (Kg). Os dados foram submetidos à análise de variância pelo teste F e quando significativo, as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5%. Foi também realizada a análise descritiva dos descritores avaliados. Houve diferença significativa ($p<0,01$) para os descritores peso do fruto (PF), peso do fruto sem albúmen líquido (PFSA), peso do albúmen sólido (PAS), peso do coque (PC), peso da noz (PNZ) e peso da casca (PCAS). Considerando as condições de cultivo e manutenção dos acessos, verificou-se que o maior peso de fruto (2.145kg) e de albúmen sólido (611g) foi do acesso GRL. Os acessos GRL (1,917kg), GRT (1,549kg) e GBrPF (1,453kg) apresentaram maior peso de fruto, não diferindo estatisticamente entre si, entretanto, o acesso GRL (1,917 kg) diferiu do GPY (1,299 Kg), GTG (1,549 Kg) e GOA (1,042 Kg). O acesso GRL não diferiu estatisticamente dos acessos GRT (0,583 Kg), GBrPF (0,793 Kg), GPY (0,528 Kg) e GTG (0,476 Kg) para o peso da casca, mas, apresentou diferença significativa com o acesso GOA (0,468 Kg). O acesso GRL (1,334 Kg) não diferiu do acesso GRT (0,915 Kg) para o descritor peso da noz, mas diferiu significativamente dos acessos GTG (0,761 Kg), GPY (0,755 Kg) e GBrPF (0,630 Kg). Os acesso Gigante-de-Rennel (GRL) apresentou maior valores para peso seco de fruto considerando todos os descritores avaliados, diferindo dos acessos considerados nesse trabalho e conservados no banco de germoplasma.

ATIVIDADE ANTIGLICÊMICA E ANTIOXIDANTE DE EXTRATOS ETANÓLICOS DE BUTIÁS DE DIFERENTES REGIÕES DO RIO GRANDE DO SUL

Graciele Lemos[1]; Juliana Vinholes[2]; Rosa Lia Barbieri[3]; Rodrigo Cezar Franzon[4]; Márcia Vizzotto[4]

[1]Graduanda em Química de Alimentos, Bolsista de Iniciação Cientifica, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, gracielesaraivalemos@gmail.com

[2]Licenciada e Bacharel em Química, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, julianarochavinhols@gmail.com.

[3]Bióloga, Embrapa Clima Temperando, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, lia.barbieri@embrapa.br

[4]Engenheiro(a) Agrônomo(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, rodrigo.franzon@embrapa.br, marcia.vizzotto@embrapa.br

O butiá [*Butia odorata* (Barb. Rodr.) Noblick, Arecaceae] é um fruto comestível cuja polpa é fonte de fibras, pró vitamina A, vitamina C, potássio e carotenoides. Estes compostos podem exercer efeitos benéficos para a saúde humana podendo atuar na prevenção de diversas doenças tais como câncer, doenças cardiovasculares e neurodegenerativas (Alzheimer e Parkinson) e diabetes. A Diabetes mellitus tipo II é uma doença crônica e um problema de saúde emergente na nossa sociedade. A alfa-glucosidade é uma enzima presente no intestino que cataliza a digestão de carbohidratos complexos a monossacarídeos facilmente assimiláveis. Assim, a sua inibição promove um decréscimo na absorção da glucose e consequentemente uma redução nos níveis de açúcar no sangue. Este trabalho teve como objetivo avaliar a atividade antiglicêmica e antioxidante de amostras de butiá colhidos em diferentes regiões do Rio Grande do Sul, Brasil. As amostras foram coletadas em Pelotas (no Banco Ativo de Germoplasma de Frutas Nativas do Sul do Brasil, na Embrapa Clima Temperado) e nos municípios de Herval e Santa Vitória do Palmar. Foram utilizados frutos maduros que foram congelados e as partes comestíveis foram fatiadas e extraídas com etanol em ultra-turrax com duração de 5 minutos, os extratos foram filtrados e evaporados no evaporador rotativo a secura para calcular seu rendimento. Os extratos secos foram redissolvidos em etanol para a avaliação das atividades biológicas (inibição da alfa-glucosidase e radicais DPPH e óxido nítrico) e caracterização química (compostos fenólicos, antocianinas e caratenóides) utilizando métodos espectrofotométricos. Em relação aos resultados obtidos observou-se que para alfa-glucosidase o extrato da amostra de Herval teve valores de inibição de aproximadamente 7 vezes maior que a amostra de Santa Vitória do Palmar (IC_{50} de 451,5±14,1 e 3264,9±87,1 µg/ml, respectivamente) e a amostra de Pelotas não apresentou atividade. No que diz respeito à atividade antiradicalar, a amostra do Herval foi mais eficaz em relação às demais, com valores de inibição de 160,0±1,0 µg/ml para o DPPH (IC_{50}) e de 1790,0±190,0 µg/ml para o óxido nítrico (IC_{25}), seguida pela amostra de Santa Vitória do Palmar (DPPH IC_{50}=260,0±2,0 µg/ml e óxido nítrico IC_{25}=2770,0±100,0 µg/ml) e pela amostra de Pelotas (DPPH IC_{50}=610,0±0,4 µg /ml e óxido nítrico IC_{25}=3800±40,0 µg/ml). A caracterização química mostrou que os extratos dos butiás de Herval e Santa Vitória do Palmar apresentaram valores superiores em compostos fenólicos (~900 mg do equivalente do ácido clorogênico/100g de amostra) em relação ao de Pelotas (763,3±36,0 equivalente do ácido clorogênico/100g de amostra). O teor em antocianinas variou de 2,09±0,8 a 3,32±0,2 mg de cianidina-3-glicosídeo/100g de amostra, sendo que amostra de Santa Vitória do Palmar apresentou a maior concentração desses compostos. A amostra de Pelotas foi aquela com maior concentração de carotenoides, que variou de 0,05±0,01 a 0,09±0,01 mg de β-caroteno/100g de amostra. Dentre as amostras analisadas podemos concluir que todas possuem uma concentração elevada de compostos fenólicos e carotenóides e que o extrato da amostra de Herval apresentou resultados mais promissores em relação às atividades estudadas.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao projeto CNPq/Ciências sem Fronteiras Frutas Nativos do Brasil: potencial anti-hiperglicemiante e antioxidante pelo apoio financeiro e pelas bolsas de Iniciação Científica da autora Graciele Lemos e Atração Jovens Talentos da autora Juliana Vinholes.

ATIVIDADE ANTIGLICÊMICA E ANTIOXIDANTE EM ARAÇÁ AMARELO E VERMELHO

Juliana Vinholes[1]; Graciele Lemos[2]; Eduarda Konzgen[3]; Rodrigo Cezar Franzon[4]; Márcia Vizzotto[4]

[1]Graduanda em Química de Alimentos, Bolsista de Apoio Técnico em extensão de país B, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, eduardakonzgen95@gmail.com

[2] Graduanda em Química de Alimentos, Bolsista de Iniciação Cientifica, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, gracielesaraivalemos@gmail.com

[3] Licenciada e Bacharel em Química, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, julianarochavinholes@gmail.com

[4] Engenheiro(a) Agrônomo(a), Pesquisador Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, rodrigo.franzon@embrapa.br; marcia.vizzotto@embrapa.br

As frutas do araçazeiro (*Psidium cattleianum* Sabine, Myrtaceae) são pequenas e possuem coloração amarelada ou avermelhada, de acordo com o seu genótipo. Estas possuem ação antioxidante que variam de acordo com o grau de maturação das frutas, do conteúdo de compostos bioativos presentes, podendo ser distinguidos para cada parte do fruto. A Diabetes mellitus tipo II é uma doença crônica e um problema de saúde emergente na nossa sociedade. A alfa-glucosidase é uma enzima presente no intestino que catalisa a digestão de carboidratos complexos à monossacarídeos facilmente assimiláveis. Assim, a sua inibição promove um decréscimo na absorção da glucose e, consequentemente, uma redução nos níveis de açúcar no sangue. O objetivo deste trabalho foi avaliar a atividade antiglicêmica e antioxidante em araçá-vermelho e araçá-amarelo, coletados do Banco Ativo de Germoplasma de Frutas Nativas do Sul do Brasil, mantido pela Embrapa Clima Temperado, em Pelotas-RS, Brasil. Frutos maduros foram colhidos e congelados, e as partes comestíveis foram cortadas e extraídas com etanol em ultra-turrax durante 5 minutos, os extratos foram filtrados e evaporados à secura para cálculo de rendimento, e redissolvidas em etanol para análises químicas e atividade biológica. Diferentes concentrações dos extratos foram avaliadas quanto a capacidade de inibição da α-glucosidase e dos radicais DPPH e óxido nítrico e caracterizados quanto a composição em fenólicos totais, antocianinas e carotenoides utilizando métodos espectrofotométricos. Quanto aos resultados, foi observado, para a inibição da α-glucosidase, que o extrato de araçá amarelo apresentou um poder de inibição ligeiramente maior que o do araçá vermelho, com IC_{50} de 25,4±0,7 e 31,8±0,7 µg/ml, respectivamente. Em relação aos radicais analisados, houve uma diferença entre os extratos de araçá amarelo e vermelho, destacando-se o araçá amarelo com valores de IC_{50} para o DPPH de 330,0±10,0 µg/ml e IC_{25} para óxido nítrico de 1360,0±190,0 µg/ml, e o vermelho com de 490,0±35,0 e 1650,0±220,0 µg/ml para DPPH (IC_{50}) e óxido nítrico (IC_{25}), respectivamente. Em relação aos carotenoides, não observou-se a diferença significativa entre as duas amostras com valor de 0,01±0,001 mg de β-caroteno/100g de amostra. A concentração em compostos fenólicos foi semelhante entre os dois extratos, sendo que o araçá vermelho apresentou 1052,4±13,4 e o amarelo 1042,8±42,4 mg do equivalente em ácido clorogênico/100g de amostra. O teor em antocianinas encontrados no araçá vermelho foi superior ao do araçá amarelo, sendo de 46,7±1,7 e 2,2±0,4 mg de cianidina-3-glicosideo/100g de amostra, respectivamente. De uma forma geral, o araçá amarelo apresentou atividade antiglicêmica e antioxidante superior ao araçá vermelho. Observou-se que há influência da cor da película da fruta nas atividades biológicas estudadas, porém não houve relação entre a composição química e essas atividades. Assim, podemos concluir que os extratos de ambos os tipos de araçá apresentaram resultados promissores para tratamento da diabetes, uma vez que inibem a alfa-glucosidase a baixas concentrações, e esse efeito é também observado para os radicais avaliados.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao projeto CNPq/Ciências sem Fronteiras Frutas Nativos do Brasil: potencial anti-hiperglicemiante e antioxidante pelo apoio financeiro e pelas bolsas de Iniciação Ciêntifica da autora Graciele Lemos e Atração Jovens Talentos da autora Juliana Vinholes e ao projeto FINEP/CGTEE Quintais Orgânicos de Frutas pelo apoio financeiro e pelo fornecimento da bolsa de Apoio Técnico de Extensão no País B da autora Eduarda Konzgen.

POTENCIAL ANTIGLICÊMICO E ANTIOXIDANTE DE EXTRATOS ETANÓLICOS DE PITANGAS

Juliana Vinholes[1]; Graciele Lemos[2]; Rodrigo Cezar Franzon[3]; Márcia Vizzotto[3]

[1] Licenciada e Bacharel em Química, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, julianarochavinholes@gmail.com.

[2] Graduanda em Química de Alimentos, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, lemos9330@gmail.com

[3] Engenheiro (a) Agrônomo (a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, rodrigo.franzon@embrapa.br; marcia.vizzotto@embrapa.br

A pitanga (*Eugenia uniflora* L., Myrtaceae) é uma espécie frutífera encontrada principalmente no Brasil, Argentina, Uruguai e Paraguai, cuja fruta pode ser consumida *in natura* ou na forma de suco, ou ainda pode ser processada na forma de geleia, sorvetes ou balas. A utilização dessa fruta para a produção de diferentes produtos tem sido explorada uma vez que ela é fonte de compostos bioativos tais como antocianinas, flavonóis e carotenoides. Esses compostos desempenham um papel fundamental na proteção do organismo humano contra doenças degenerativas onde estão incluídas a diabetes *mellitus*, o cancêr, as doenças cardiovasculares, o Alzheimer e o Parkinson. As folhas da pitangueira são utilizadas na medicina popular para o controle da diabetes e sua ação foi confirmada através de diferentes estudos científicos. No entanto, as frutas não foram exploradas em relação a prevenção desta patologia. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar o potencial antiglicêmico e antioxidante de extratos etanólicos de diferentes genótipos da fruta. As frutas de coloração laranja, vermelho e roxo foram coletadas no Banco Ativo de Germoplasma de Frutas Nativas, mantido pela Embrapa Clima Temperado, em Pelotas, RS. Foram utilizados frutos maduros, que foram congelados e as partes comestíveis foram fatiadas e extraidas com etanol em ultra-turrax com duração de 5 minutos, os extratos foram filtrados e evaporados no evaporador rotativo a secura para calcular seu rendimento. A seguir, os extratos secos foram redissolvidos em etanol para a avaliação da atividade antiglicêmica (através da inibição da enzima digestiva alfa-glucosidase, que é responsável pela catálise da digestão de carbohidratos complexos à monossacarídeos) e antiradicalar (radicais DPPH e óxido nítrico) e caracterização química (compostos fenólicos, antocianinas e caratenoides), utilizando métodos espectrofotométricos. O extrato etanólico de pitanga roxa foi aquele que apresentou a maior atividade antiglicêmica (IC_{50}=66,3±2,4 µg/ml), seguida pela pitanga vermelha (IC_{50}=83,2±2,3 µg/ml) e a laranja (IC_{50}=212,2±7,1 µg/ml). No que diz respeito a atividade antiradicalar os extratos das pitangas roxas e vermelhas foram mais eficazes para o radical DPPH, com valores similares de IC_{50} (220,0±1,0 e 180,00±2,0 µg/ml), seguida pela pitanga laranja (IC_{50}=260,0±2,0 µg/ml). Para o radical óxido nítrico a pitanga roxa apresentou IC_{25}de 780,0±5,0 µg/ml, e as pitangas vermelhas (IC_{25}=1060,0±150,0 µg/ml) e laranjas (IC_{25}=1250,0±150,0 µg /ml) apresentaram valores similares de inibição. A caracterização química mostrou que os compostos fenólicos variaram entre 884,64±65,30 a 1548,2±107,1 mg do equivalente do ácido clorogenico/100g de amostra, sendo o extrato de pitanga roxa a amostra mais rica. As antocianinas estão presentes nos extratos em concentrações de 1,1±0,3 a 767,1±57,5mg de cianidina-3-glicosídeo/100g de amostra, onde a pitanga roxa foi a amostra que se destacou. Em relação aos carotenoides, os extratos de pitangas laranja e roxa apresentaram maiores concentrações (0,27±0,02 e 0,30±0,01 mg de β-caroteno/100g de amostra, respectivamente) do que a amostra vermelha (0,17 mg de β-caroteno/100g de amostra). De uma forma geral podemos concluir que todos os extratos mostraram atividade antiglicemiante a baixas concentrações, e que o extrato de pitanga roxa se destacou em relação aos demais devido a sua alta atividade e elevados teores em compostos bioativos.

Agradecimentos: Os autores agradecem ao projeto CNPq/Ciências sem Fronteiras Frutas Nativos do Brasil: potencial anti-hiperglicemiante e antioxidantepelo apoio financeiro e pelas bolsas de Iniciação Científica da autora Graciele Lemos e Atração Jovens Talentos da autora Juliana Vinholes.

DIVERSIDADE GENÉTICA E MAPEAMENTO ECOGEOGRÁFICO DA MANGA *(MANGIFERA INDICA L.)* NO MARANHÃO

Nádylla Dannuse Almeida[1]; Maria da Cruz Moura[2]; Lindomar da Silva[3]; Ronaldo Gomes[4]

[1] Engenheira Agrônoma, AGERP, Chapadinha, MA, Brasil. E-mail:nadylladannuse@hotmail.com

[2]Engenheira Agrônoma, UFMA, Chapadinha,MA, Brasil. Email:mariacruzmoura@ufma.br

[3]Engenheiro Agrônomo, AGERP, Chapadinha, MA, Brasil.Email: lindhomar@hotmail.com

[4]Engenheiro Agrônomo, UFV, Viçosa-MG, Brasil. Email: irm.7rg@hotmail.com

Objetivou-se mapear as rotas de maior ocorrência natural da mangueira, por meio dos descritores ecogeográficos e caracterizar acessos de manga no Maranhão. As expedições de campo para a coleta dos dados geográficos e colheita dos frutos foram realizadas nos municípios de Chapadinha, Caxias, Brejo e Matinha, MA no ano de 2013. Foram realizados estudos biométricos qualitativos e quantitativos para caracterizar os acessos coletados quanto a cor da casca do fruto (CCF), cor da polpa do fruto (CPF), firmeza (Fir), formato do fruto (FF), aderência da casca do fruto (ACF),aroma do fruto (AF),fibra (Fib),degustação do fruto (DF), suculência do fruto e embrionia (EB), comprimento do fruto (CF) (cm), peso do fruto (PF), diâmetro do fruto (DF) (cm), peso da casca (PC) (g) e teor de sólidos solúveis totais (ºBRIX). As caracterizações das variedades coletadas foram estabelecidas de acordo com a metodologia do IPGRI(2006) e IBPGR (1988) em 33 acessos de manga. O modelo de distribuição parcial da manga no Maranhão foi gerado no programa Open Modeller baseado na metodologia com utilização do algoritmo SVM. As correlações fenotípicas e genotípicas foram de alta magnitude entre os descritores PC e DF; PF e PP, enquanto que a correlação ambiental foi significativa apenas entre os últimos caracteres citados.Houve formação de três grupos pelo método de agrupamento de Tocher. Os acessos de manga açúcar e leite foram os que apresentaram mais semelhança, enquanto que a maior distância genética foi entre os acessos de manga açúcar e manga-dágua. Todos os descritores avaliados contribuíram para a determinação da divergência genética entre os acessos, em maior ou menor proporção. Entretanto, os descritores peso da casca, comprimento do fruto e peso do fruto juntos somaram mais 50,3% do total. No mapa ecogeográfico verificou que existem áreas com alta probabilidade de ocorrência natural de manga no Maranhão.Constatou que há variabilidade genética nos acessos de manga coletados no Maranhão com características agronômicas desejáveis e frutos dulcíssimos, contribuindo, assim para diminuir a vulnerabilidade da espécie, existente atualmente nas grandes áreas de cultivos monoclonais.

Agradecimentos: À FAPEMA, pela concessão da bolsa IC à primeira autora e financiamento desta pesquisa e a UFMA pelo apoio logístico.

VIABILIDADE DE PÓLEN DE GENÓTIPOS DE PESSEGUEIRO SUBMETIDOS AO CALOR

Silvia Carpenedo[1], Maria do Carmo Bssols Raseira[2], Rodrigo Franzon[2]

[1] Eng, Agr., Bolsista Capes-Embrapa, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, carpenedo.s@hotmail.com

[2]Eng. Agr., Pesquisador Embrapa Clima Temperado-RS, Bolsista CNPq, e-mail: maria.bassols@cpact.embrapa.br

[2] Eng. Agr., Pesquisador Embrapa Clima Temperado-RS, e-mail: rodrigo.franzon@cpact.embrapa.br

A importância de se conhecer o efeito da temperatura sobre os processos reprodutivos aumenta conforme se concretizam as projeções de aquecimento global. Os níveis de sensibilidade ou de tolerância ao estresse por temperatura, bem como o estádio de desenvolvimento no qual a planta se encontra mais sensível, são variáveis entre as espécies e até mesmo entre as variedades dentro de uma mesma espécie. Entretanto, há muito tempo é reconhecido que o período de reprodução é a fase mais sensível ao estresse, sendo que a tolerância a este fator é uma característica limitante para a produtividade de plantas. O objetivo do trabalho foi estudar o efeito da temperatura de 30°C sobre a viabilidade do pólen de 15 genótipos de pessegueiro (‘Atenas’, ‘Aurora 1’, ‘Chimarrita’, Cascata 1303, Conserva 594, ‘Diamante’, ‘Granada’, ‘Jade’, ‘BRS’ ‘Libra’, ‘Maciel’, ‘BRS Regalo’, ‘BRS Rubimel’, ‘Sensação’, ‘Tropic Beauty’ e ‘Turmalina’), estimada pela germinação *in vitro*, e identificar aqueles mais tolerantes ao calor. O pólen foi coletado de flores em estádio de balão. As anteras foram destacadas e colocadas para secar em bandejas de papel, á temperatura ambiente, por dois dias, até a deiscência das mesmas e liberação dos grãos de pólen. Após a secagem, o pólen foi separado em diferentes tubos sendo parte mantida a 30°C e parte a 20°C durante 24, 48, 72 e 96 horas. Passados cada período estipulado, foi realizado o teste de viabilidade. O pólen foi colocado em placas para germinação contendo meio de cultura (10% de sacarose + 1% de ágar, dissolvidos em água destilada) e incubado a 24ºC, em câmara de crescimento, por 3 horas. Também foi realizado um teste de viabilidade prévia à aplicação dos tratamentos, tomando-se esta como inicial. A viabilidade foi obtida diretamente da contagem dos grãos de pólen germinados. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado em arranjo fatorial genótipo x temperatura x tempo (15 x 2 x 5), com três repetições. Houve interação significativa entre os fatores genótipo, temperatura e tempo ($p \leq 0,01$) para a variável viabilidade de pólen. Pode-se dizer que, em geral, os pólens submetidos à temperatura de 30°C apresentaram viabilidade mais baixa do que aqueles mantidos a 20°C. Quando expostos a temperatura de 30°C, as cultivares Maciel e Sensação tiveram uma redução na viabilidade de pólen de 82,4% e 69,4% respectivamente, já nas 24 horas após o tratamento, indicando uma alta sensibilidade ao calor. Os genótipos, ‘Tropic Beauty’, ‘BRS Rubimel’, ‘BRS Libra’ e Cascata 1303, apresentaram viabilidade nula ou muito próxima a zero após 48h expostos à temperatura de 30°C. ‘Aurora 1’, ‘Chimarrita’ e ‘Diamante’ tiveram este mesmo comportamento passadas 72h da exposição ao calor. Embora o pólen de ‘Atenas’, ‘Turmalina’, ‘Jade’ e Conserva 594 tenha sofrido com a exposição à temperatura de 30°C, quando comparado a 20°C, observou-se uma viabilidade de pelo menos 20% após passarem por 72 horas sob as condições citadas. Destacaram-se por não apresentar diferenças significativas entre as temperaturas após 96 horas de exposição, os genótipos BRS Regalo e Granada, embora BRS Regalo tenha sofrido a ação do calor ao longo do período estudado. Ao final as duas cultivares apresentavam viabilidades próximas a 50%, sendo esta, considerada uma viabilidade satisfatória. Dentre as cultivares estudadas, os pólens de BRS Regalo e Granada foram os mais tolerantes a ação do calor.

CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA, COMPOSTOS BIOATIVOS E ATIVIDADE ANTIOXIDANTE EM ACESSOS DE *CUCURBITA MAXIMA*

Daniela Priori[1]; Rosa Lia Barbieri[2]; Márcia Vizzotto[2]; Taíse Carbonari[3]; Claudete Clarice Mistura[4]

[1] Bióloga, Bolsista de Pós-Doutorado CAPES/ Embrapa, Pelotas, RS, Brasil, dani_priori@yahoo.com.br.

[2] Pesquisadora da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, lia.barbieri@embrapa.br; marcia.vizzoto@embrapa.br

[3] Engenheira Agrônoma, Mestranda na Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, taise.carbonari@gmail.com

[4] Engenheira Agrônoma, Bolsista de Pós-Doutorado, Pelotas, RS, Brasil, c.mistura@hotmail.com

Variedades crioulas das cinco espécies domesticadas de abóboras (*Cucurbita argyrosperma*, *C. ficifolia*, *C. maxima*, *C. moschata* e *C. pepo*) são cultivadas no Brasil. O objetivo do trabalho foi realizar a caracterização morfológica, de compostos bioativos e atividade antioxidante de acessos de variedades crioulas de *Cucurbita maxima* do Banco Ativo de Cucurbitáceas da Embrapa Clima Temperado (Pelotas, RS). Nove acessos de variedades crioulas de C. *maxima* foram semeados em casa de vegetação. Quando as plantas atingiram o estádio de duas a três folhas definitivas, 20 mudas de cada acesso foram transplantadas para o campo experimental previamente preparado, na sede da Embrapa Clima Temperado, com espaçamento de 2,5 m entre plantas e 4 m entre linhas. Os acessos foram caracterizados morfologicamente com sete descritores quantitativos (comprimento do entrenó, peso de fruto, espessura da casca, espessura da polpa, número de sementes por fruto, peso de 100 sementes, diâmetro do fruto) e 13 descritores qualitativos (formato do caule em secção transversal, formato do pedúnculo, formato da folhas, tamanho da folha, formato do fruto, gomos no fruto, cor da casca predominante na maturidade, cor secundária da casca, desenho produzido pela cor secundária, textura da casca, dureza da casca, cor da polpa, tamanho da semente). A polpa dos frutos maduros foi caracterizada quanto as concentrações totais de compostos fenólicos, carotenoides e atividade antioxidante. Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) para comparação dos valores médios das variáveis referentes aos acessos. Foi utilizado o teste de Tukey para a comparação de médias, com 95% de confiança. Os dados de caracteres quantitativos também foram submetidos à análise de componentes principais. As análises estatísticas foram feitas com os programas SAS 9.2 e R. Foi evidenciada variabilidade genética para os caracteres quantitativos, qualitativos e também para os compostos bioativos avaliados. A análise de variância pelo teste F indicou que as médias apresentaram diferenças significativas entre si pelo teste de Tukey para todos os caracteres quantitativos avaliados, com 95% de probabilidade do erro. Os dois primeiros componentes explicaram 72,86% da variação total disponível. De acordo com a análise de componentes principais, os nove acessos avaliados foram reunidos em cinco grupos. Foi verificada a presença de variabilidade genética para compostos bioativos e atividade antioxidante na polpa dos frutos maduros. Os acessos C347 e C282 apresentaram as maiores concentrações de compostos fenólicos na polpa dos frutos, com 153,5 e 145,1 mg/100g de peso fresco, respectivamente. Os acessos C92, C347 e C282 tiveram as maiores concentrações de carotenoides totais, com 23,2, 21,37 e 20,50 mg/100g de peso fresco, respectivamente. Os acessos C347, C8 e C282 se destacaram pela alta atividade antioxidante, com 501,55, 500,35 e 490,02 µg/g de preso fresco, respectivamente. Existe variabilidade genética para caracteres quantitativos e qualitativos e também para compostos bioativos nos acessos de *C. maxima* do Banco Ativo de Germoplasma de Cucurbitáceas da Embrapa Clima Temperado. O acesso C8 (cadastrado no Registro Nacional de Cultivares como cultivar BRS Tortéi) evidencia a maior produtividade e o menor tamanho de fruto dentre os que foram avaliados, além de apresentar altos teores de carotenoides. O acesso C253 apresenta maior tamanho e peso de fruto. Os acessos C79 e C347 são similares, e os acessos C8 e C253 são contrastantes.

Agradecimentos: CAPES e CNPq.

CARACTERIZAÇÃO MORFO-AGRONÔMICA DE CLONES DE BATATA COM RESISTÊNCIA AO VÍRUS Y

Raquel Bartz Kneib[1]; Arione da Silva Pereira[2]; Caroline Marques Castro[3]

[1] Doutoranda Programa de Pós-Graduação em Agronomia, UFPel/Embrapa, Pelotas, RS, Brasil, raquelkneib@yahoo.com.br

[2] Dr Pesquisador, Embrapa Clima temperado, Pelotas, RS, Brasil, arione.pereira@embrapa.br

[2] Dra Pesquisadora, Embrapa Clima temperado, Pelotas, RS, Brasil, caroline.castro@embrapa.br

O *Potato virus Y* (PVY) é considerado um dos mais importantes patógenos na cultura da batata. A resistência ao PVY se deve principalmente a presença de genes Ry_{adg} e Ry_{sto}, oriundos, respectivamente, das espécies *S. tuberosum* ssp. *andigena* e *S. stoloniferum*. O desenvolvimento de clones com resistência ao PVY é de grande importância, no entanto, além da resistência, o genótipo deve apresentar boas características de aparência e de produção. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi caracterizar clones de batata com genes de resistência ao PVY quanto a caracteres de interesse agronômico. O experimento foi realizado na primavera de 2014, em Pelotas, RS (*31º S*, 52º O, 50 *m a.n.m.*). Foram avaliados 15 clones com genes de resistência ao PVY e três testemunhas, as cultivares BRS Ana, Asterix e BRSIPR Bel. O delineamento experimental foi blocos casualizados, sendo cada parcela composta por cinco plantas. Foram avaliados caracteres de aparência e produção de tubérculos: aparência geral (ApaGeral), achatamento (Acha), apontamento (Apon), aspereza (Asp), cor da polpa (Cpol), curvatura (Cur), profundidade da gema (Prgema), formato (Form), uniformidade do formato (Uform), número de tubérculos (NTT), número de tubérculos por planta (NTP), massa total de tubérculos (MTT), massa média de tubérculos (MMT) e massa média de tubérculos por planta (MMTP). Foi realizada a análise de variância e o teste de agrupamento de médias Scott-Knott. Também foi realizada análise de componentes principais. Dentre as 14 variáveis avaliadas, apenas Uform, NTP e MMT não apresentaram diferenças significativas entre os clones. Para as demais variáveis, os clones foram divididos em dois ou três grupos distintos. Na análise conjunta das variáveis, os três primeiros componentes principais explicaram aproximadamente 70% da variação total. No primeiro componente, os caracteres Apon, Form e MTT foram os que mais contribuíram para dispersão dos clones. No segundo componente, os caracteres Asp e Prgema foram os mais importantes, enquanto no terceiro componente, NTP e MMT foram os caracteres de maior influência. Os clones avaliados ficaram, na sua maioria, agrupados com as testemunhas, indicando que, além da resistência ao PVY, esses clones têm características desejáveis em termos de aparência e de produção de tubérculos.

Agradecimentos: CAPES-Embrapa (Edital Capes/Embrapa n.15/2014)

EVALUACIÓN DE TRES MÉTODOS DE DESINFECCIÓN PARA EL ESTABLECIMIENTO DEL LINALOE [*BURSERA ALOEXYLON* (SCHIEDE EX SCHLTDL.) ENGL.], EN CONDICIONES DE *IN VITRO*

Cruz-Gutiérrez Esmeralda[1]; Cortes-Aguilar Jesús[2]; Hernández-Estrada Salvador[3]; Cortés-Cruz, Moisés[4], Quintana-Camargo Martín[5], Pichardo-González, Juan[6], Gómez-Reyes Luis[7]

[1]Dra. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México. cruz.esmeralda@inifap.gob.mx.

[2]Biol. Comisión Nacional Forestal. (CONAFOR) Zapopan, Jalisco, México.

[3]Ing. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[4]Ph. D. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[5]M. C. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[6]Dr. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

[7]Ing. Centro Nacional de Recursos Genéticos-INIFAP. Tepatitlán de Morelos, Jalisco, México.

El linálоe (*Bursera aloexylon* (Schiede ex Schltdl.) Engl.) es un árbol que crece en la selva baja caducifolia, su madera se utiliza en la elaboración de artesanías y su fruto en la extracción de aceite. Su nombre náhuatl significa literalmente ‘copal florido’, aunque en sentido figurado *xochitl* (flor) es adjetivo de fino o delicado. Los objetivos de este trabajo son establecer *Bursera aloexylon* (Schiede ex Schltdl.) Engl. en condiciones *in vitro* que permitan la multiplicación masiva y evaluar la respuesta de diferentes métodos de desinfección para el establecimiento en condiciones de *in vitro* y bajar la incidencia de explantes contaminados. El material que se estableció fueron yemas de árboles superiores de *Bursera aloexylon* que se recolectaron en Puente de Ixtla, Morelos, México. Se realizó un diseño experimental completamente al azar con tres tratamientos y dos accesiones diferentes con 35 repeticiones por tratamiento. Los tres tratamientos de desinfección fueron, 1) lavado con una solución de jabón útil® por 10 minutos, posteriormente se pasó a una solución de etanol al 70% por 2 minutos y después en cloro al 30% por 15 minutos. 2) lavado con una solución de jabón útil® por 10 minutos, se pasó a una solución de etanol al 70% v/v por 2 minutos, una vez terminado este tiempo se colocó en una cámara de vacío con una solución de cloro al 30% v/v por 15 minutos. 3) lavado con una solución de jabón útil® por 10 minutos, posteriormente se dejó en inmersión en una solución de captan® (3 g/L) por una hora, después se pasó a una solución de etanol al 70% v/v por 2 minutos, y se colocó en una solución de cloro al 30% por 5 minutos. Una vez realizado los tres métodos se establecieron en tubos con medio MS (Murashige y Skoog, 1962), 30 g/L sacarosa, 8 g/L agar, 1 g/L carbón activado, 1 mL/L de Plant Preservative Mixture® (PPM) ajustando el pH a 5.7. Las dos accesiones se identificaron como árbol 1 y árbol 2. Los datos se sometieron a análisis de varianza y prueba de comparación de medias Tukey (α=0.05) utilizando el paquete estadístico SAS (SAS Institute Inc., 2002). Se observó en los tratamientos 1 y 2 que no se les aplico captan® presentó una alta incidencia de contaminación (96 y 80 %, respectivamente), mientras que el tratamiento 3 presentó la menor incidencia estadísticamente significativa (8 %) en comparación con los tratamientos 1 y 2. Estos resultados fueron estadísticamente similares para las dos accesiones. En conclusión, la incidencia de contaminación es menor cuando se aplica un fungicida como el captan® y el tratamiento con vacío no favoreció la desinfección de los explantes.

Agradecimentos: a la Comisión Nacional Forestal (CONAFOR) por el financiamiento de esta investigación a través del proyecto financiado por CONAFOR No. 11385232709.

VISÃO DE AGRICULTORES DE ANCHIETA E GUARACIABA - SC, QUANTO A CARACTERÍSTICAS DE RUSTICIDADE EM VARIEDADES CRIOULAS DE *LACTUCA SATIVA* E *CICHORIUM* SPP.

Guilherme Telésforo Osório[1]; Rosa Patrícia da Silveira[2]; Juliana Bernardi Ogliari[3]

[1] Engº Agrônomo, Universidade Federal de Santa Catarina/ Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Florianópolis, SC, Brasil, guilhermeosorio@yahoo.com.br.

[2] Engª Agrônoma, Instituto Nacional de Colonização e Reforma Agrária, Florianópolis, SC, Brasil, sinensi@hotmail.com

[3] Engª Agrônoma, Universidade Federal de Santa Catarina /Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Florianópolis, SC, Brasil, jbogliar@cca.ufsc.br

As variedades crioulas de plantas cultivadas são importantes fontes de alelos para o melhoramento de plantas e para o uso dos agricultores, visto que a microevolução devido a causas naturais e antrópicas tende a torna-las mais adaptadas a determinados locais e sistemas de cultivo. O presente trabalho objetivou fazer um levantamento de germoplasma crioulo de alface (*Lactuca sativa*) e *radice* (*cichorium* spp.) em Anchieta e Guaraciaba – SC que contenha, segundo os mantenedores, características de rusticidade que possam indicar adaptação local. Para a obtenção dos nomes dos entrevistados, foi realizado em 2014 um levantamento em 855 domicílios rurais e urbanos envolvendo agentes comunitários de saúde que perguntaram, em suas atividades de rotina, se a pessoa visitada possuía sementes crioulas, comuns, antigas ou outros sinônimos de uma lista de 64 espécies. A partir disto, foram feitas 51 entrevistas semiestruturadas com mantenedores sobre 66 populações de alface e 79 de *radice* em que se perguntou sobre a presença de características específicas de resistência e o tempo que possuem as variedades. A resistência ao calor foi apontada em 36,4% das variedades crioulas de alface e 81% das variedades de *radice*, resistência a geadas em 55,6% das variedades de alface e 84,8% de *radice*, resistência a doenças em 54,6% de alface e 57,0% de *radice*, resistência a insetos em 45,5% de alface e 57,0% de *radice* e resistência a secas em 30,3% de alface e 74,7% de *radice*. Além disso, 18,5% das populações de alface e 56,1% de *radice* estão nas mãos desses mantenedores a mais de 30 anos e 7,4% de alface e 25,9% de *radice* a mais de 50. Possivelmente grande parte desses genótipos possui características de adaptação local, já que muitos mantenedores enxergam características de resistência estresses bióticos e/ou abióticos e um número considerável de variedades está em processo longo de microevolução, principalmente de *radice*. Isto poderia ser explorado tanto para a busca de alelos para programas de melhoramento como para a seleção de variedades adaptadas para a promoção de uma maior seguridade alimentar das famílias que produzem para autoconsumo.

Agradecimentos: CAPES/PROEX e Programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da UFSC.

VALIDAÇÃO DE MARCADOR MOLECULAR ASSOCIADO AO GENE DE TEXTURA DA POLPA DE PÊSSEGO

Carolina da Silva Silveira[1]; Naciele Marini[2]; Maria do Carmo Bassols Raseira[3]; Sandro Bonow[3]

[1]Mestranda em Agronomia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, carolinnasilveira@hotmail.com

[2]Bolsista de Pós-Doutorado, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, nacymarini@gmail.com

[3]Pesquisador(a), Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, maria.bassols@embrapa.br, sandro.bonow@embrapa.br

Para os programas de melhoramento, a seleção assistida por marcadores moleculares tem como objetivo selecionar genótipos que possuam características agronômicas de interesse, de maneira precoce, diminuindo assim o tempo e permitindo a seleção já no início de desenvolvimento da planta, o que consequentemente vai acarretar na redução dos custos. Na cultura do pessegueiro, algumas características de interesse são monogênicas, ou seja, são controladas por apenas um gene, como é o caso textura de polpa. Já se sabe que, existem marcadores moleculares associados para esta característica. A textura da polpa do pêssego é uma característica que fornece a base para classificação em suas principais formas de consumo. Polpa fundente é ideal para o consumo *in natura*, ao passo que pêssegos com polpa não-fundente são muito utilizados na indústria. Estudos anteriores relatam que o gene endo-PG, que codifica para a enzima endopoligalactunorase, está fortemente associado com a firmeza da polpa em pêssego. O objetivo deste estudo foi validar um marcador microssatélite, associado à textura da polpa em genótipos de pêssego cultivados no Brasil. Para este trabalho foram utilizados 16 genótipos: Aldrigui, Cerrito, Santa Aurea, Convênio, Esmeralda, Libra, Ametista e Conserva 334 (não-fundente) e Princesa, Kampái, Coral 2, Chiripá, Coral, Chimarrita, BR3 e Cascata 1036 (fundente). O DNA destes genótipos foi extraído, pelo método CTAB, quantificado em gel de agarose 1% e ajustado a 20 ng/µl. O microssatélite, endoPG-4, foi utilizado para realizar as reações de PCR, o produto da mesma foi analisado em gel de agarose 3% e o gel visualizados em luz UV. As análises foram realizadas visualmente de acordo com o padrão de bandas apresentado. Foi observado polimorfismo entre os genótipos, apresentando ausência de bandas para indivíduos com polpa não-fundente, e, em contrapartida, para genótipos fundentes a visualização de duas bandas foi evidente, corroborando com outros trabalhos. Sendo assim, foi possível concluir que o marcador microssatélite endoPG-4, é promissor para ser utilizado na seleção assistida de genótipos de pessegueiro do Brasil para distingui-los em fundente e não-fundente.

Agradecimentos: Embrapa, CAPES.

ESTUDO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE MANGABEIRAS (*HANCORNIA SPECIOSA GOMES)* EM JARDIM CLONAL DA EMEPA-PB

Edivaldo Galdino Ferreira[1]; Ioná Santos Araújo Holanda[2]; Christiane Mendes Cassimiro[3]; Ivonete Berto Menino[4]; Herbert Uchoa Pontual[5]

[1] Eng. Agr. DSc, Emp. de Pesq. Agropecuária da Paraíba-EMEPA, J.Pessoa-PB, Brasil:edivaldogaldino@gmail.com

[2] Bióloga. DSc. Universidade Federal Rural do Semi árido – UFERSA, Mossoró-RN, Brasil: iona@ufersa.edu.br

[3] Eng. Agr., MSc, Emp. de Pesq. Agrop. da Paraíba-EMEPA, J.Pessoa-PB, Brasil. christianecassimiro@hotmail.com

[4] Eng. Agr. DSc, Emp. de Pesq. Agropecuária da Paraíba-EMEPA, J.Pessoa-PB, Brasil: ibm_menino@hotmail.com

[5] Eng. Agr. Esp. Emp. de Pesq. Agrop. da Paraíba-EMEPA, J.Pessoa-PB, Brasil: herbert_hup@hotmail.com.br

A mangabeira *(Hancornia speciosa*, Gomes), planta da família das Apocináceas, é encontrada vegetando espontaneamente em áreas da região tropical da América do Sul: Brasil, Paraguai, Venezuela, Colômbia, Peru e Bolívia. No Brasil, é encontrado com frequência nas regiões Centro-Oeste, Sudeste, Norte e com maior abundância nas áreas de tabuleiros e baixadas litorâneas do Nordeste, onde se concentra a quase totalidade da produção comercial de frutos (BARROS, 1979). Tem sido observada sensível erosão genética na espécie, devido, sobretudo à intensa atividade antrópica, fato já observado desde o início do século passado até os dias de hoje. Basicamente, duas estratégias podem ser utilizadas para estudo da estrutura da variabilidade genética de populações, a estratégia clássica que envolve o estudo de caracteres quantitativos, a partir do estudo de progênies e procedências e outra estratégia muito adotada atualmente para estudo de genética de populações consiste na utilização de marcadores moleculares. O presente estudo teve como objetivo conhecer as dissimilaridades genéticas de genótipos de mangabeiras oriundos dos estados do Rio Grande do Norte, Paraíba, Pernambuco e do Mato Grosso. O material para extração do DNA foi coletado no Banco de germoplasma pertencente à EMEPA, localizado na Estação Experimental Jose Irineu Cabral, no município de João Pessoa – PB. O referido material constou de folhas jovens de 31 plantas dos locais estudados, que foram cuidadosamente retiradas, embaladas em sacos plásticos, etiquetadas e identificadas, acondicionados em caixas térmicas para melhor conservação e levadas ao Laboratório de Biologia Molecular da Universidade Federal Rural do Semi Árido – UFERSA. A metodologia utilizada para extração do DNA foi o protocolo de Doyle & Doyle com modificações. Para a análise molecular foram utilizados 4*0 primers* RAPD e para a análise dos dados foi aplicado o método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method)* por meio do software GENES. Como resultado, foi observado que dos 40 primers utilizados, obteve-se 322 marcadores, sendo 232 polimórficos (72,04%) e 90 (27,96%) monomórficos, com uma média de 7,25 bandas polimórficas por *primer* e 2,81 bandas monomórficas por *primer*. Dentre os acessos estudados, o de maior dissimilaridade foi o oriundo do cerrado (1CER), exibindo uma diferença acentuada, demonstrando assim, a influência da variedade botânica e da localização geográfica. Os acessos oriundos dos estados do Nordeste, tiveram seus níveis e coeficientes de dissimilaridade menos acentuados, mostrando através dos grupos um significativo nível de similaridade, porém, alguns acessos se destacaram em pequenos percentuais. Estes resultados indicam a existência de genótipos com bom nível de variabilidade, e, isto é um indicativo promissor para um programa de melhoramento genético.

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO Embrapa

CITOGENÉTICA COMO FERRAMENTA NA CARACTERIZAÇÃO DA COLEÇÃO DE GERMPOLASMA DE GUACO (*MIKANIA* SPP.) DA EMBRAPA

Marisa Toniolo Pozzobon[1]; Sileuza dos Santos[2]; Rosa B. N. Alves[3]; Roberto Fontes Vieira[4], Dijalma Barbosa da Silva[5], Andréa del Pilar de Souza Peñaloza[6], Mara Rejane Ritter[7]

[1] Eng. Agrônoma, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, marisa.pozzobon@embrapa.br

[2] Téc. Laboratório, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, sileuza.santos@embrapa.br

[3] Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, rosa.belem@embrapa.br

[4] Eng. Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, roberto.vieira@embrapa.br

[5] Eng. Agrônomo, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, dijalma.silva@embrapa.br

[6] Eng. Agrônoma, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, andrea.penaloza@embrapa.br

[7] Bióloga, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil, mara.ritter@ufrgs.br

Um dos obstáculos comuns às coleções e bancos de germoplasma é a identificação botânica dos acessos de germoplasma, de modo a assegurar o máximo da diversidade genética, assim como a adequada conservação e uso dos recursos genéticos. *Mikania glomerata* e *M. laevigata* são conhecidas popularmente como guaco, ambas utilizadas como expectorantes conforme mencionado no Formulário de Fitoterápicos da Farmacopeia Brasileira (1ª ed.). Na composição química de *Mikania glomerata* estão presentes a cumarina, utilizada como marcador químico, além de óleos essenciais e outros metabólitos secundários, como taninos hidrolisáveis, flavonoides e saponina. A identificação de várias espécies de *Mikania* é dificultada devido a grande diversidade fenotípica encontrada no gênero, principalmente na fase vegetativa. Conforme literatura, as espécies diferem quanto ao número de cromossomos, sendo 2n=36 para *M. glomerata* e 2n=38 para *M. laevigata*. A citogenética tem sido uma importante ferramenta na compreensão taxonômica e evolutiva do gênero, onde aneuploidia e poliploidia são comuns, assim como a presença de cromossomos supranumerários. Esse trabalho visou determinar o número cromossômico dos acessos da coleção de referência do Projeto Qualifito/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, através de técnicas de coloração convencional, de modo a identificar possível variabilidade intra e/ou interespecífica. Os 45 acessos de germoplasma, que compõem a coleção são procedentes de hortos medicinais de diferentes regiões do Brasil e estão sendo estudados sob diferentes aspectos visando a identificação e seleção de materiais genéticos para a padronização da produção de matérias-prima, utilizada nos programas de fitoterapia. O número cromossômico 2n=36 foi determinado para 24 acessos, semelhante ao descrito para *M. glomerata* na literatura. Porém, ao realizar a identificação, com base em aspectos da morfologia foliar de 14 desses acessos, 13 foram identificados como *M. laevigata* e apenas um como *M. glomerata*. Esses resultados evidenciam não só a importância da intensificação da coleta de germoplasma de "guaco", como a necessidade de uma análise conjunta, utilizando para tal, abordagens, químicas, citogenéticas, taxonômicas e moleculares. Estas análises estão sendo conduzidas, paralelamente, no âmbito do projeto Qualifito visando elucidar a correta identificação desses acessos, o que virá a contribuir para melhoria da qualidade da matéria prima de guaco utilizado nos programas de fitoterapia do país.

Fonte Financiadora**:** Projeto Qualifito/ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

DEFINIÇÃO DE METODOLOGIA PARA IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO GÊNERO *PHYLLANTHUS*: AÇÕES DE APOIO À DEFINIÇÃO DE CRITÉRIOS DE QUALIDADE PARA PRODUÇÃO DE QUEBRA-PEDRA

Vânia C. R. Azevedo[1], Peter W. Ingli[2], Lorena R. Mata[3], Dijalma Barbosa da Silva[4], Rosa B. N. Alves[5], Roberto Fontes Vieira[4]

[1]Pesquisadora Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Genética Vegetal, Brasília, Distrito Federal, Brasil, vania.azevedo@embrapa.br

[2]Pesquisador pós-doc DTI, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Genética Vegetal, Brasília, Distrito Federal, Brasil, peterwinglis@gmail.com

[3]Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Genética Vegetal, Brasília, Distrito Federal, Brasil, lorena.mata@embrapa.br

[4]Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Química de Produtos Naturais, Brasília, Distrito Federal, Brasil, dijalma.silva@embrapa.br, roberto.vieira@embrapa.br

[5]Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Química de Produtos Naturais, Brasília, Distrito Federal, Brasil, rosa.belem@embrapa.br

A definição do marco regulatório para a produção e o uso de plantas medicinais, tornou mais necessária e desafiadora a obtenção de matéria-prima de boa qualidade para o segmento agrícola. O desafio existente para o tema plantas medicinais no Brasil se deve em grande parte ao número elevado de espécies existentes, muitas das quais muito semelhantes morfológica e geneticamente. A busca por opções naturais para prevenção e/ou tratamento de doenças do trato urinário é de grande interesse para a Saúde Pública, sendo o uso popular de chá de quebra-pedra para o tratamento de cálculos renais muito comum. Estudos realizados com *Phyllanthus niruri* sugerem efeitos que promovem a eliminação urinária de cálculos. A significativa semelhança morfológica entre várias espécies de *Phyllanthus*, entretanto, leva à sua comercialização conjunta ou misturada, como usualmente se verifica, comprometendo a sua eficácia. A avaliação das espécies de *Phyllanthus* e a correta identificação das espécies é de fundamental importância para a padronização da matéria-prima. Com o objetivo de desenvolver uma metodologia de identificação molecular (genética) de espécies de *Phyllanthus* que permita uma aplicação rápida e eficiente, e de caracterizar os materiais comercializados em farmácias para o preparo de chá de quebra-pedra, neste trabalho analisamos 50 acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de Quebra Pedra da Embrapa, oriundos de diferentes populações e amostras desidratadas para preparo de chá compradas em diferentes farmácias (10 amostras), totalizando 60 diferentes amostras analisadas. Entre os acessos do BAG, foram analisadas amostras de *P. tenellus*, *P. amarus*, *P. niruri*, *P. stipulatus*, *P. urinari* e alguns acessos caracterizados apenas ao nível de gênero (*Phyllanthus* sp.). As regiões do DNA analisadas foram: rbcL, matK, trnH-psbA e nrRNA-ITS. Os resultados obtidos permitiram a diferenciação genética das espécies analisadas. Os clados formados por *P. niruri* e *P. amarus* apresentaram pequena quantidade de indivíduos agrupados erroneamente, o que sugere uma revisão da identificação taxonômica desses poucos acessos no BAG. Todos os acessos identificados como *Phyllanthus sp*. agruparam nos clados de *P. tenellus*, *P. amarus* ou *P. niruri*. Dentre as amostras compradas em farmácia, apenas três puderam ser identificadas como *P. tenellus*. As demais amostras, quando analisadas por BLAST frente ao banco de dados de sequencias NCBI puderam ser identificadas como *Mendicago sativa* (alfafa), Desmodium sp. (carrapicho) ou *Sanchus oleraceus* (serralha). Os resultados obtidos até o momento sugerem que a região ITS é altamente eficiente na identificação molecular de espécies do gênero *Phyllanthus* analisadas. Ainda, fica evidenciada a necessidade de padronização na produção de matérias-primas para comercialização, tendo em vista que muitos dos materiais obtidos em farmácias, identificados como "chá de quebra-pedra", "*Phyllanthus* sp." ou "*P. niruri*" na verdade não correspondiam nem mesmo ao gênero *Phyllanthus*.

Agradecimento: Embrapa.

APLICAÇÃO DE DNA BARCODE PARA IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DE GUACO CONSERVADAS NOS BANCOS DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA E DA UNICAMP

Vânia C. R. Azevedo[1], Peter W Ingli[2], Zilneide P S Amaral[3], Rosa B. N. Alves[4], Dijalma Barbosa da Silva[7], Glyn M Figueira[5], Maria I Zucchi[6], Roberto Fontes Vieira[7]

[1]Pesquisadora Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Genética Vegetal, Brasília, DF, Brasil, vania.azevedo@embrapa.br

[2]Pesquisador pós-doc DTI, Embrapa Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Genética Vegetal, Brasília, DF, Brasil.

[3]Técnica, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Responsável pelo Laboratório de Genética Vegetal, Brasília, DF, Brasil, zilneide.amaral@embrapa.br

[4]Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Química de Produtos Naturais, Brasília, DF, Brasil, rosa.belem@embrapa.br

[5]Pesquisadora do CPQBA, Unicamp, Campinas, SP, Brasil, glyn@cpqba.unicamp.br

[6]Pesquisadora do Instituto Agronômico de Campinas, Campinas, SP, Brasil, mizucchi@gmail.com

[7]Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Química de Produtos Naturais, Brasília, DF, Brasil, roberto.vieira@embrapa.br; dijalma.silva@embrapa.br

Em 2006 foi aprovada a Política Nacional de Plantas Medicinais e Fitoterápicos e em 2008 a Portaria Interministerial que estabelece o Programa Nacional de Plantas Medicinais e Fitoterápicos, e cria o Comitê Nacional de Plantas Medicinais e Fitoterápicos. A definição do marco regulatório referente ao uso de plantas medicinais significa um importante reconhecimento da importância do uso desses materiais no país e torna ainda mais necessária a padronização da produção e distribuição da matéria-prima vegetal utilizada. Entre os pontos importantes para serem avaliados e padronizados está a identificação correta das espécies que vêm sendo utilizadas e estão regulamentadas, pois muitas são de difícil identificação apenas pela morfologia, especialmente pelo fato de mais de uma espécie do mesmo gênero ocorrer nas mesmas regiões. Em relação às espécies do gênero *Mikania*, popularmente conhecidas como guaco, as espécies mais utilizadas são *Mikania glomerata* Sprengel e *Mikania laevigata* Shultz Bip ex Baker. Ambas estão descritas na 1ª edição e na 4ª edição da Farmacopéia Brasileira, respectivamente. As duas espécies são usualmente empregadas para o tratamento de distúrbios respiratórios e apresentam semelhanças morfo-anatômicas, sendo comercializadas indistintamente. Este trabalho tem como objetivo desenvolver uma ferramenta molecular capaz de diferenciar, por sequenciamento de pequenas regiões conservadas do DNA as duas espécies. Para isso estão sendo avaliados 64 acessos oriundos dos Bancos de Germoplasma da Embrapa e da Unicamp. Dentre esses há acessos identificados como *M. leavigata*, *M. glomerata* e *Mikania* sp. As regiões do DNA analisadas até o momento foram: o espaçador *psbA-trnH* e nrRNA-ITS. Dentre os 64 acessos analisados, apenas dois, ainda identificados por taxonomia tradicional apenas ao nível de gênero (*Mikania* sp.) se apresentaram diferentes dos demais, indicando que podem ser outras espécies. Entretanto, ambos podem ser confirmados como pertencentes ao gênero *Mikania*, devido à posição que se encontram no cladograma. Estes dois acessos também não agruparam com outras espécies do gênero (*M. cordifolia*, *M. cordata e M. scandens*), cujas sequencias encontram-se disponíveis em bancos de dados internacionais (NCBI e CBOL). A identificação taxonômica dos dois acessos que se diferenciaram dos demais nas duas regiões do DNA analisadas deverá ser realizada com o objetivo de identificar, por taxonomia tradicional a(s) espécie(s). Com as análises baseadas nas duas regiões do DNA que geralmente apresentam maior variabilidade entre plantas tropicais, não foi possível diferenciar pelo DNA as duas espécies alvo (*M. leavigata* e *M. glomerata*). As sequências de DNA disponíveis para essas duas espécies nos bancos de dados internacionais também não apresentam diferenças que permitam distinguir as duas espécies. Este estudo reforça o apresentado na literatura por outros grupos que concluíram não ser possível diferenciar as duas espécies utilizando regiões padrões de DNA *barcode*. Há fortes indícios de que ambas são na verdade uma única espécie. Para a confirmação desta situação, mais análises necessitam ser realizadas por diferentes metodologias.

Agradecimento: Embrapa, Unicamp

DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GERMOPLASMA DE MELOEIRO POR MEIO DE DESCRITORES DOS FRUTOS

Adriana Rocha Franco da Silva[1]; Elaine Facco Celin[1]; Frederico Inácio Costa de Oliveira[1]; Francisco Davi da Silva[2]; Alline Morais Silva[2]; Nayanny de Sousa Fernandes[3]; Fernando Antonio Souza de Aragão[4]

[1] Pós-graduando em Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil, drizinha.agro@gmail.com

[2] Estudante de Agronomia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil, davitst21@hotmail.com

[3] Doutorando em Zootecnia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, CE, Brasil, nayanny@msn.com

[4] Pesquisador da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE, Brasil, fernando.aragao@embrapa.br

Os recursos genéticos podem ser coletados em pequenas lavouras, hortas e pomares caseiros, mercados, feiras e nos *habitats* silvestres. Contudo, para aumentar a possibilidade de uso, o germoplasma precisa ser caracterizado e avaliado. Essas avaliações podem ser de natureza morfológica, fenológica, reprodutiva, bioquímica, citogenética e molecular e, são utilizadas como ferramenta para diversas finalidades, como em estudos de diversidade genética com o intuito de nortear cruzamentos contrastantes. Quanto mais divergentes os genitores, maior a variabilidade na população segregante, e maior a probabilidade de reagrupar os alelos em combinações favoráveis. Desse modo, o objetivo desse trabalho foi avaliar um germoplasma de meloeiro por meio de descritores do fruto. Assim, em condições de campo, 49 acessos de diferentes variedades botânicas do BAG de meloeiro da Embrapa Hortaliças foram avaliados no Campo Experimental de Pacajus-CE, da Embrapa Agroindústria Tropical. O delineamento foi em blocos ao acaso com 53 genótipos, duas repetições e oito plantas por parcela. Os híbridos comerciais BRS Araguaia, Goldex, Iracema e Olímpio foram utilizados como testemunhas. Aleatoriamente, quatro frutos por parcela foram colhidos e transportados para avaliação no Laboratório de Melhoramento e Recursos Genéticos Vegetais da Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza-CE. Foram avaliados os seguintes descritores do fruto: peso (g); comprimento (mm); largura (mm); índice de formato (razão comprimento/largura); espessura de casca (mm); espessura de polpa (mm); espessura da cavidade interna transversal (mm); firmeza (N); cor (sistema Lab) e teor de sólidos solúveis. Houve diferença estatística entre os genótipos para todas as variáveis estudadas, mostrando grande variabilidade para todos os descritores, com destaque para peso, comprimento, largura, índice de formato e teor de sólidos solúveis. A análise de agrupamento de Tocher, por meio da distância de Mahalanobis, permitiu a formação de dez grupos, com valor cofenético de 0,82 ($P<0,001$). A distribuição dos genótipos nos grupos ocorreu da seguinte forma: quatro com dois acessos, dois grupos com um, dois com quatro, um com três e um com 32 acessos. O segundo grupo juntou três dos quatro híbridos comerciais e oito grupos continham exclusivamente acessos. Os caracteres comprimento (29,12%), largura (9,64%) e o eixo b (8,61%) foram os descritores que mais contribuíram para a dissimilaridade dos genótipos. Portanto, houve ampla variabilidade entre os acessos, entre e dentro dos grupos botânicos, o que possibilita avanços no melhoramento genético visando a melhoria dos caracteres de qualidade dos frutos.

Agradecimentos: CNPq.

SIMILARIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE *AXONOPUS* SPP. P. BEAUV. (POACEAE) COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES DE *PASPALUM NOTATUM* FLÜGGÉ

Bianca Baccili Zanotto Vigna[1]; Fernanda Ancelmo de Oliveira[2]; Alessandra Pereira Fávero[1]; Anete Pereira de Souza[3], Francisco H. Dübbern de Souza[4]

[1] Doutora em Genética e Biologia Molecular, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, bianca.vigna@embrapa.br; alessandra.favero@embrapa.br

[2] Doutoranda em Genética e Biologia Molecular, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, Brasil, f.ancelmo.o@gmail.com

[3] Doutora em Biologia Celular e Molecular, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, SP, Brasil, anete@unicamp.br

[4] Doutor em Fitotecnia, Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP, Brasil, francisco.dubbern-souza@embrapa.br

O gênero *Axonopus* P. Beauv. inclui cerca de 110 espécies distribuídas nas regiões tropicais e subtropicais. Destas, 75 ocorrem naturalmente no Brasil, onde várias são utilizadas como gramados e forrageiras. O objetivo deste trabalho foi estimar a similaridade genética de quatro acessos de *Axonopus* sp. com base em marcadores moleculares, visando suas caracterizações moleculares e eventual registro como cultivares para uso como gramados. Um dos acessos pertence à espécie *A. parodii* [Valls, ined.] (A), um a *A. fissifolius* (Raddi) Kuhlm. (B) e dois são *Axonopus* sp. (C e D), componentes do Banco Ativo de Germoplasma de *Paspalum*, mantido na Embrapa Pecuária Sudeste, em São Carlos - SP. Foram coletadas folhas de cada acesso no campo, das quais foram extraídos os DNAs totais. Por reação da polimerase em cadeia, foram amplificados 16 locos microssatélites previamente desenvolvidos para *P. notatum* Flüggé. Destes, treze amplificaram e foram polimórficos nos acessos avaliados, sendo resolvidos em gel de poliacrilamida 6% corados com nitrato de prata. Os locos amplificaram 174 bandas, as quais foram genotipadas por presença ou ausência de bandas. Foi montada uma matriz binária para cálculo do coeficiente de similaridade de Simple Matching (SM), um algoritmo que considera as ausências como informação, e construído um dendrograma pelo método UPGMA de clusterização. Os coeficientes SM variaram de 0,816 a 0,890, sendo A o mais divergente dentre os acessos avaliados e os acessos B e C os mais similares entre si (89% de similaridade). Kevin et al. (2010) obtiveram coeficientes SM entre 0,807 e 0,980 para 59 acessos de *Axonopus fissifolius* nos Estados Unidos por meio de avaliação com 20 combinações de primers de marcadores AFLP. No presente trabalho ficaram 1) confirmada a proximidade genômica entre os gêneros *Paspalum* e *Axonopus* dada a alta taxa de locos microssatélites de *P. notatum* transferidos para *Axonopus* (81%) e, 2) caracterizada variabilidade genética entre os acessos comparados. Estas informações poderão ser utilizadas para fins de conservação dos acessos, para o direcionamento de novas coletas, para o registro de cultivares para gramados e para o melhoramento genético de espécies do gênero.

Agradecimentos: À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES, Programa CAPES-EMBRAPA nº001/2011) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP, #2013/14903-2) pelas bolsas de doutorado concedidas a F.A.O. e à EMBRAPA pelo financiamento.

DETECCIÓN DE FUENTES DE ALELOS FAVORABLES EN POBLACIONES NATIVAS DE MAÍZ DE ARGENTINA PARA EL DESARROLLO DE GERMOPLASMA ADAPTADO A SISTEMAS DE CULTIVOS MÚLTIPLES

Solmi A.[1].; Lorea R.[2-3*]; Defacio R. [2-3]; Salvi N.[3]; Ferrer M. [2-3]

[1] Ing. Agrónomo, Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires - Argentina

[2] Ing. Agr. Mg., Instituto Nacional de Tecnología Agropecuária. Ruta 32 Km 4,5 - Pergamino - Bueno Aires - Argentina
[3] Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires. Monteagudo 2772 - Pergamino - Bueno Aires - Argentina * lorea.roberto@inta.gob.ar

En la región Pampeana Argentina, predomina el monocultivo de soja. Una estrategia para incrementar la producción de otros cultivos como el maíz, con una elevada producción de residuos orgánicos, es la implementación de cultivos múltiples que consiste en la producción de dos cultivos que se desarrollan en la misma estación de crecimiento en un mismo año. Para tal fin se requiere disponer de germoplasma de maíz que posea buen comportamiento en siembras tempranas con temperaturas subóptimas y ciclo precoz, de forma tal que se pueda incorporar un cultivo de soja de segunda hacia fines de diciembre. En el presente trabajo se evaluaron mediante un análisis dialélico parcial seis poblaciones locales de maíz y sus cruzamientos con dos líneas endocriadas (LP29 y LP214), parentales del híbrido Troya INTA, también incluido en el ensayo, con el objetivo de establecer una estrategia de introgresión de alelos favorables asociados a la adaptación al sistema de cultivos múltiple. Las poblaciones utilizadas fueron colectadas en las provincias de Neuquén y Chubut (Argentina) y se seleccionaron en base a evaluaciones previas del germoplasma disponible en el Banco de Germoplasma Activo de INTA Pergamino. El ensayo se sembró en la EEA Pergamino de INTA (33°56'S y 60°33'O, 65,5msnm) el 27 de agosto de 2014, exponiendo las plantas a temperaturas subóptimas durante la germinación. Se utilizó un diseño en bloques completos aleatorizados con dos repeticiones. La unidad experimental consistió en parcelas de dos surcos de 5 m de longitud separados entre sí a 0,7m y la densidad de siembra fue de 6 plantas/m lineal. Se determinó el rendimiento en grano, peso de mil granos, número de hileras y número de granos por mazorca, índice de área foliar, tiempo térmico de las etapas siembra–antesis y floración femenina–madurez fisiológica y asincronía floral. Se aplicó la metodología propuesta por Dudley para determinar la frecuencia de alelos favorables en las poblaciones nativas y la estrategia de utilización de las mismas. Además, se realizó un análisis dialélico parcial para determinar la Aptitud Combinatoria General (ACG) y Específica (ACE) de las poblaciones. Se detectaron poblaciones nativas que presentaron alelos favorables para acortar el período siembra–antesis del híbrido Troya INTA. Las poblaciones ARMZ19036 y ARMZ21006 serían las indicadas para acortar el ciclo de la línea LP214 por responder al mismo patrón heterótico. Por otra parte, ninguna población aporta alelos favorables para el resto de las variables evaluadas. En el análisis dialélico, las variables siembra - antesis y peso de mil granos presentaron ACG significativa y ACE no significativa, indicando que la variabilidad de estos parámetros está determinada principalmente por genes de efecto aditivo que permitirían acortar el ciclo y aumentar el peso del grano en la línea LP214. Para la asincronía floral, las poblaciones presentaron ACG y ACE altamente significativa y si bien todas las poblaciones aumentan la asincronía floral, ARMZ21006 se destacó por presentar valores bajos en los cruces con las líneas LP214 y LP29. Los estimadores de Dudley indican que la estrategia de introgresión de genes para acortar el ciclo de LP214 sería comenzar con la autofecundación del cruzamiento de la misma con la población selecta (ARMZ21006) para, de ese modo, derivar líneas a partir de la F1. Así, es posible mejorar el híbrido Troya INTA acortando su ciclo a floración para un eventual uso en un sistema de cultivos múltiples.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DA ESPÉCIE *GRAPEVINE LEAFROLL ASSOCIATED VIRUS 3* EM TECIDOS DE VIDEIRA UTILIZANDO RT-QPCR

Tiago Camponogara Tomazetti[1]; Isadora Teixeira Coelho Malohlava[2]; Márcia Denise Rossarolla[1]; Karina Goulart dos Anjos[2]; Rubens Onofre Nodari[3]; Aparecido Lima da Silva[3]

[1] Eng. Agr., Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC, Brasil, tctomazetti@gmail.com; mdrossarolla@gmail.com.

[2] Estudante de Agronomia, UFSC, Florianópolis, SC, Brasil, isamalohlava@gmail.com; karynagoulart@hotmail.com.

[3] Eng. Agr. Dr. Porf. Titular, UFSC, Florianópolis, SC, Brasil, aparecido.silva@ufsc.br; Rubens.nodari@ufsc.br

O cultivo de videiras (*Vitis* spp.) possui importância socioeconômica em inúmeras regiões do mundo, contudo, tem-se verificado nos últimos anos a presença de elevada carga viral nestas culturas, entre eles as viroses de enrolamento, na qual está a espécie *Grapevine Leafroll associated virus 3* (GLRaV-3), a qual possui importância expressiva, porém, pouco se conhece da interação entre estes vírus e a planta de videira, visando gerar subsídios científicos para futuros estudos com estas espécies, foi realizado este trabalho com o objetivo de gerar e testar marcadores moleculares a serem empregados na técnica de RT-qPCR para identificar a presença da espécie GLRaV-3 em videira passiveis de serem empregados na técnica de quantificação da carga viral. Foram desenhados marcadores moleculares para três regiões genômicas do vírus, os dados foram obtidos através do GenBank (NCBI), através do acesso NC_004667.1, as sequencias foram comparadas utilizando a ferramenta Blast buscando encontrar regiões de reduzido polimorfismo. As regiões selecionadas foram utilizadas para desenho dos marcadores (forward | reverse | probe) com auxílio do programa PrimeQuest®, a sonda foi confeccionada marcada com a química Zen™. As amostras de videira consistiram de tecido fleumático, para controle positivo as amostras foram coletadas através de plantas diagnosticadas com presença de GLRaV-3, sendo obtidas amostras de três isolados distintos, como controle negativo foram utilizadas plantas com sanidade superior isentas da contaminação por GLRaV-3. A extração do RNA total das amostras foi realizada empregando o RNeasy Plant Mini Kit e as reações de RT-qPCR utilizando o mastermix QuantiTec Probe com 45 ciclos, sendo considerado positivo amostras com C_t abaixo de 40. Todos os isolados testados apresentaram amplificação para as três regiões genômicas em que foram desenhados os marcadores, demonstrando que tais regiões apresentam-se conservadas no genoma viral e tem potencialidades para serem utilizadas na identificação desta espécie, corroborando as informações da análise *in silico*, contudo, observa-se que os marcadores para o gene da proteína capsidial demonstraram maior estabilidade na expressão, com menor desvio padrão. Novos estudos devem ser realizados para confirmar os dados em outros isolados desta espécie. Conclui-se que para a identificação da espécie pode ser adotado quaisquer dos marcadores gerados, contudo, em estudos para quantificação da carga viral, recomenda-se empregar marcadores moleculares para proteína capsidial nesta espécie.

INDUÇÃO DE CALOGÊNESE EM EXPLANTES DE PLANTAS *IN VITRO* DE *ARACHIS PINTOI* KRAPOV. & W.C. GREG.

Isabela Brandão de Sousa[1]; Camila Caliocane[2]; Renata Garcia[3]; Georgia Pacheco[4]; Elisabeth Mansur[5]

[1] Aluna de Doutorado, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil, e-mail: bela_biouerj@hotmail.com.

[2] Aluna de Iniciação Científica, UERJ, Rio de Janeiro, RJ, Brasil, e-mail: camilacaliocane@yahoo.com.

[3] Aluna de Pós-doutorado, UERJ, Rio de Janeiro, RJ, Brasil, e-mail: renatagarci@gmail.com.

[4] Professora Adjunta, UERJ, Rio de Janeiro, RJ, Brasil, e-mail: georgiappacheco@gmail.com.

[5] Professora Titular, UERJ, Rio de Janeiro, RJ, Brasil, e-mail: elisabeth.mansur@gmail.com.

Arachis pintoi Krapov. & W.C. Greg. é uma espécie herbácea perene com hábito estolonífero que pertence ao mesmo gênero do amendoim utilizado para consumo humano (*A. hypogaea*), sendo utilizado principalmente como forragem, devido ao seu alto valor nutritivo e persistência a pastejo intenso. Além disso, é utilizado também para cobertura de solos e recuperação de áreas degradadas. Estudos com o gênero demonstraram várias atividades biológicas que estão relacionadas a diferentes grupos de substâncias, como fitoesteróis e compostos fenólicos, principalmente flavonoides e estilbenoides produzidos *in vivo* e também em materiais obtidos *in vitro*. Entre estes metabólitos, o resveratrol vem sendo bastante estudado, tendo em vista sua ação na prevenção e tratamento de doenças cardiovasculares, cânceres, processos inflamatórios e doenças relacionadas a idade. O objetivo deste trabalho foi avaliar a morfogênese a partir de explantes provenientes de plantas obtidas *in vitro* de *A. pintoi*, visando ao estabelecimento de sistemas de cultura de calos e à análise fitoquímica dos materiais produzidos. Segmentos foliares, nodais e internodais foram excisados de plantas produzidas *in vitro* com cerca de 60 dias de cultura e inoculados em meio MS (Murashige & Skoog) suplementado com picloram (PIC), 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D), tidiazuron (TDZ) e combinações de 6-benzilaminopurina (BAP) com ácido α-naftalenoacético (ANA), na presença ou ausência de luz. Os explantes desenvolveram diferentes tipos de calos em resposta aos fitorreguladores testados, além de brotos em meios suplementados com 2,4-D a 4,52 µM ou com combinações de BAP e ANA. Na presença de PIC, foram produzidos apenas calos mucilaginosos, tendo sido observada maior frequência de calogênese (90,6 %) em explantes foliares cultivados na ausência de luz em resposta a PIC a 20,7 µM. Em meios contendo 2,4-D, foram obtidos calos não morfogênicos que variaram entre compactos, mistos e friáveis, com maior friabilidade na ausência de luz. Os explantes desenvolveram calos compactos ou mistos organogênicos em resposta a TDZ, com altas frequências de calogênese, entre 62,5 e 100 %. As combinações de BAP e ANA induziram a formação de calos compactos, mistos contendo base compacta e superfície friável, principalmente na presença de luz, e calos totalmente friáveis, predominantemente na ausência de luz. Os três tipos de calos foram obtidos em frequências de até 100 %. Dessa forma, a condição de luminosidade e o tipo de explante foram fatores importantes para a frequência de calogênese e o tipo de calo obtidos em resposta aos diferentes fitorreguladores. O trabalho será continuado com a realização de análises fitoquímicas desses materiais, visando a estudos sobre a produção de metabólitos como o resveratrol, considerando que investigações com este objetivo são bastante escassas em *A. pintoi*.

Agradecimentos: CAPES, FAPERJ e CNPq.

POTENCIAL ANTIPROLIFERATIVO DE *PLECTRANTHUS BARBATUS* ANDR. UTILIZANDO O SISTEMA TESTE *ALLIUM CEPA*

Kássia Cauana Trapp[1]; Solange Bosio Tedesco[2]

[1]Acadêmica de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil. kassicacauanatrapp@yahoo.com.br.

[2]Doutora Professora do Departamento de Biologia, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil. solatedesco@yahoo.com.br

Cerca de 80% da população brasileira ainda utiliza as plantas medicinais para o tratamento de alguma doença. Tais recursos naturais servem como uma forma de terapia alternativa e de fácil acesso para a grande maioria da população. Devido a sua grande importância, é necessário que se realizem práticas para a conservação da diversidade genética vegetal. Mas, apesar de ter seu uso amplamente difundido, muitas são as plantas medicinais que ainda necessitam de estudos sobre o seu efeito no organismo. As plantas medicinais se usadas de maneira indevida, tornam-se uma prática que pode causar mais do que benefícios para a população. Assim, tornam-se fundamentais pesquisas acerca do potencial genotóxico e de proliferação celular destas plantas. Devido à grande variedade de compostos químicos presentes nos vegetais, são necessários testes que analisem a genotoxicidade e o potencial antiproliferativo das plantas medicinais. Uma das espécies com grande valor econômico e medicinal é *Plectranthus barbatus* Andr., conhecida popularmete como falso-boldo ou boldo-de-jardim.Amplamente utilizada na medicina popular por possuir propriedades analgésica, anti-dispéptica, antiinflamatória e antifúngica. Porém, estudos que demosntrem sua capacidade mutagênica e antiproliferativa são necessários. Um dos sistemas testes vegetais validado pela Organização Mundial da Saúde e amplamente utilizado, tem como organismo alvo *Allium cepa*. O uso de raízes de desta espécie em biomonitoramento permite uma resposta rápida e segura, revelando o efeito danoso sobre o mecanismo reparador de DNA. Devido ao seu frequente uso e a falta de estudos genotóxicos relacionados a esta espécie, o trabalho objetivou analisar o potencial antiproliferativo da infusão de *P. barbatus* no ciclo celular de *A. cepa*. Os tratamentos para análise foram constituídos de : T1- água da torneira (controle negativo); T2- infusão de 0,32g de folhas secas da espécie *P. barbatus* em 500 mL^{-1} de água da torneira; e T3- glifosato 1% (controle positivo). Para o teste foram utiliados quatro bulbos de *A. cepa*, previamente enraizados em água, para cada tratamento. Os bulbos ficaram em contato com as soluções durante um período de 24 horas. Posteriormente as raízes foram coletadas e fixadas em Carnoy 3:1. Após 24 horas estas foram armazenadas em álcool 70%. Foram preparadas duas lâminas pela técnica de esmagamento, utilizando orceína acéitca, para cada bulbo e analisadas 500 células por lâmina. Totalizando 4000 células analisadas por tratamento. Os índices mitóticos (IM) encontrados foram analisados utilizando-se o teste estatístico qui-quadrado. Após, verificou-se que os resultados encontrados para o controle negativo e a infusão não diferiram de maneira significativa (IM=3,83% e IM=3,5%). Mas o controle positivo (IM=1,3%) diminui significativamente o índice de divisão celular quando comparado aos demais tratamentos. Conclui-se que a infusão de 0,32g\500mL^{-1} não apresenta potencial antiproliferativo não interferindo, assim, na divisão celular de *A. cepa*.

Agradecimentos: PIBIC\CNPq

ESTUDO DA VIABILIDADE POLÍNICA DE *CRAMBE ABYSSINICA HOCHST.* EX R.E. FR. POR METODOLOGIAS DE COLORAÇÃO

Jéssica Mena Barreto de Freitas[1], Marília Tedesco[2], Iana Sommavilla[2], Sidinei José Lopes[3], Solange Tedesco[3]

[1]Graduanda, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil, jessicamenabarretofreitas@hotmail.com

[2]Mestre, Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil, marilia_tedesco@hotmail.com; *ianasomavilla@hotmail.com*

[3]Prof. Dr., Universidade Federal de Santa Maria, Santa Maria, RS, Brasil, *sjlopes@pq.cnpq.br;* solatedesco@gmail.com

Crambe abyssinica Hochst. ex R.E. Fr., conhecida popularmente por Crambe, é uma planta pertencente à família das crucíferas. É originária da região da Etiópia, mas foi domesticada na zona fria e seca do Mediterrâneo. O crambe é utilizado, principalmente, para a produção de óleo a partir da sua semente, pois possui um alto teor de ácido erúcico, aproximadamente 60%. Este óleo é muito utilizado na indústria química para a produção de lubrificantes, plásticos e ainda, para a produção de biodiesel. Também, pode-se produzir uma farinha a partir da sua semente, que possui teor elevado de proteína, e serve como alimento para gados. Possui grande resistência a baixas temperaturas e clima seco, por isso é bastante cultivada no Brasil. O estudo da viabilidade polínica serve para a avaliação da potencialidade reprodutiva masculina, contribuindo também para estudos na área de melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi estimar a viabilidade polínica dos grãos de pólen de um acesso da espécie *C. abyssinica* utilizando dois corantes diferentes: carmim acético 2% e reativo de Alexander. As inflorescências foram coletadas, fixadas em etanol: ácido acético (3:1) e conservadas em álcool 70% em refrigeração. O preparo das lâminas foi feito pela técnica de esmagamento das anteras e posterior coloração com os corantes. Foram analisados 600 grãos de pólen por corante e posteriormente, calculado a porcentagem de polens viáveis e não viáveis. Os resultados mostraram que 99,6% dos polens foram viáveis com o corante carmim acético 2% e 100% dos polens foram viáveis com o corante reativo de Alexander, não apresentando diferença significativa entre os corantes pelo teste Qui-quadrado (χ^2). Assim, através da metodologia de coloração comparativa com dois corantes, conclui-se que a espécie *C. abyssinica* possui alta taxa de viabilidade polínica.

Agradecimentos: CAPES, FIEX

AVALIAÇÃO DA EMERGÊNCIA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE MARACUJÁ VERMELHO, EM DIFERENTES TRATAMENTOS PARA QUEBRA DE DORMÊNCIA

Flávio Flôres Britto[1]; Jerffson Lucas Santos[2]; Cláudio Lúcio Fernandes Amaral[3]

[1] Doutorando em Agronomia, Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista , BA, Brasil, biologofau@bol.com.br; je.lucas@hotmail.com.

[3] Doutor em Melhoramento Genético, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil. materdidatic@hotmail.com

A espécie *Passiflora trintae* Sacco é encontrada em áreas de selva no estado da Bahia. Seus frutos são pequenos, contudo suas flores são vistosas e com elevado potencial ornamentais, havendo ainda necessidade de pesquisa que investigue atividades do ciclo de vida, como a emergência de plântulas, para melhor uso dos genótipos. Este trabalho foi desenvolvido entre os meses de dezembro de 2014 a fevereiro de 2015 em casa de vegetação localizado no campus de Vitória da Conquista da Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, com o objetivo de avaliar o índice de velocidade de emergência de plântulas(IVE) de maracujá vermelho (*Passiflora trintae*) frente à aplicação de diferentes tratamentos de quebra de dormência. Foram utilizadas 400 sementes, separadas em 100 por tratamento: i- testemunha(sem qualquer tratamento), ii-hormônio(400 mg.L-¹ GA4+7 + N-(fenilmetil)-aminopurina), iii- temperatura(30ºC) e iv-escarificação mecânica. Cada tratamento apresentou quatro repetições de 25 sementes. A semeadura foi feita manualmente à profundidade de cinco mm em bandejas plásticas. Observações diárias foram realizadas a partir do dia em que a primeira plântula emergiu, contando-se diariamente o número de plântulas até que este número permanecesse constante. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado e os dados foram submetidos à análise de variância e comparação das médias pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade. Até os 50 dias de avaliação, não foram observadas plântulas anormais. Dentre os tratamentos utilizados, o fitorregulador promoveu maior porcentagem de IVE, em comparação a aplicação de estímulo térmico e exposição superficial pela escarificação mecânica. É possível observar que os reguladores vegetais, GA4+7 + N-(fenilmetil)-aminopurina, são eficientes na emergência das sementes apresentando como fonte deste regulador vegetal o produto comercial Promalin®, composto por 1,8% de GA4+7 e 1,8% N-(fenilmetil)-1H-6-aminopurina. Esse resultado corrobora com aqueles encontrados em outros trabalhos que apontam a interferência de reguladores vegetais no comportamento das sementes. As sementes não tratadas com os reguladores apresentaram em algumas parcelas dormência geral. A aplicação do fitorregulador diminuiu acentuadamente a porcentagem de sementes dormentes. Este conhecimento pode facilitar a disponibilidade de mudas da espécie ao longo do ano, favorecendo a oferta de genótipos superiores de *Passiflora trintae* Sacco a produtores de plantas ornamentais.

PESQUISA PARTICIPATIVA NO QUILOMBO DA LAPINHA EM MATIAS CARDOSO/MG: AVALIAÇÃO DE VARIEDADES DE MANDIOCA

Lize de Moraes Vieira da Cunha[1]; Renato Fernandes Silva[2] e Virgilio Jamir Gonçalves Mota[1]

[1]Mestre em Produção Vegetal no Semiárido, UNIMONTES – Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba, MG, Brasil, lize.moraes@gmail.com

[2]Engenheiro Agrônomo, UNIMONTES – Universidade Estadual de Montes Claros, Janaúba, MG, Brasil, renatofers@yahoo.com.br

No Brasil, a metodologia da pesquisa participativa foi primeiramente introduzida no Nordeste pela Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical em 1993. Essa metodologia defende a participação efetiva dos agricultores, extensionistas e pesquisadores na seleção de variedades adaptadas para cada região. Propicia intercâmbio de experiências entre produtores, pesquisadores e extensionistas, além de aumentar a probabilidade de uso de variedades selecionadas e possibilitar o treinamento dos produtores em novas técnicas de cultivo. O público alvo são os pequenos agricultores, especialmente os que atuam em áreas marginais, plantam culturas de subsistência, dispõem de pequenas áreas para o cultivo, usam pouca ou nenhuma tecnologia, com difícil acesso à novas variedades adaptadas aos seus sistemas de cultivo e, em certos casos, resistem à idéia de mudanças em seus sistemas de produção. A farinha de mandioca constitui a principal fonte de renda no Quilombo da Lapinha, comunidade de remanescentes de quilombo, situado no município de Matias Cardoso Minas Gerais. Com o objetivo de introduzir uma genética mais produtiva no quilombo, buscou-se avaliar por meio da pesquisa participativa, o comportamento de 11 variedades de mandioca, introduzidas pela EMBRAPA, elencadas a seguir: Abóbora, Gema de Ovos, Cigana, Aipim Brasil, Formosa, Tari, Pioneira, Dourada, Guaíra, Kiriris, Prata e uma variedade crioula denominada Amarelinha Lapinha. O experimento foi conduzido no período de novembro/2012 a novembro/2013 sendo 11 variedades de mandioca introduzidas pela pesquisa, mais uma variedade local totalizando 12 materiais para avaliação. O delineamento em blocos casualizados com cinco repetições garantiu a propagação dos materiais de forma desejável para a coleta dos dados. As variáveis analisadas objetivaram fornecer dados qualitativos e quantitativos conforme técnica de manejo da comunidade quilombola. De posse dos dados, uma ordem classificatória, referenciada quanto aos aspectos avaliados, foi apresentada a comunidade para validação dos resultados. A escolha de variedades mais adaptadas a uma região permite incremento em produtividade da cultura e a tomada de decisão por qual variedade adotar, deveria sempre acontecer pelos próprios agricultores. Neste trabalho, a variedade local, Amarelinha da Lapinha, apesar de receber o 6º lugar para os principais parâmetros (resistência a pragas e doenças, produtividade, facilidade de descascamento e cozimento), a comunidade quilombola preferiu classificá-la como 1º lugar de importância. Diferentes justificativas para essa tomada de decisão foram compartilhadas pelos quilombolas, como resistência da variedade local sob variações climáticas do semiárido mineiro, resistência ao ataque de pragas e doenças, além da qualidade da farinha que não foi objeto de avaliação desta pesquisa. Conclui-se que a postura desta comunidade quilombola em manter a propagação da sua variedade crioula, já selecionada ao longo dos anos, pode garantir a manutenção e perpetuação do patrimônio genético, que garantiu também a sobrevivência da maioria dos seus descendentes.

Agradecimentos: aos representantes do Quilombo da Lapinha que conduziram todo o trabalho de campo e de maneira participativa construíram a ordem de preferência dos materiais testados.

ALTERAÇÕES EM ABÓBORAS CRIOULAS SUBMETIDAS À COCÇÃO

Ana Letícia Sirqueira Nascimento[1]; Marina Ferreira da Vitória[2]; Jéssica Monalisa Santos Pereira Oliveira[3]; Evandro Neves Muniz[4]; Semíramis Rabelo Ramalho Ramos[4] e Ana Veruska Cruz da Silva[4]

[1] Engenheira Florestal, Bolsista DTI/CNPq, Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, Brasil. analeticia_16@hotmail.com.

[2]Mestranda em Agricultura e Biodiversidade da Universidade Federal de Sergipe, São Cristovão, SE, Brasil. marina_fv@hotmail.com.

[3] Engenheira Florestal, Universidade Federal de Sergipe, São Cristovão, SE, Brasil. jessicamona_@hotmail.com.

[4]Pesquisadores da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, Brasil. evandro.muniz@embrapa.br; semiramis.ramos@embrapa.br; ana.veruska@embrapa.br.

Durante o processo de cocção, há perda de nutrientes e alteração na qualidade do alimento a ser consumido. A preparação doméstica tem grande influência na qualidade dos alimentos, podendo mudar atributos sensoriais e valor nutritivo de maneira positiva ou negativa. A abóbora (*Cucurbita moschata* Duch) é uma olerícola de grande aceitação em todo o País, especialmente na região Nordeste. É bastante utilizada na alimentação diária do nordestino, onde é conhecida por Jerimum, para elaboração de diversos pratos e doces, que podem ser caseiros ou industrializados. No Nordeste, a preferência se dá pelos frutos mais doces, de coloração laranja-avermelhado e aos que toleram o processo de cocção, principalmente quanto à textura, não se desmanchando. Os frutos podem ser alongados, arredondados ou achatados; de casca lisa ou rugosa; com saliências semelhantes a gomos ou não. O trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar as alterações ocorridas em abóboras crioulas após a cocção. Os 115 frutos avaliados foram oriundos do programa de melhoramento de abóbora da Embrapa Tabuleiros Costeiros (CPATC), colhidos em outubro de 2013, no Campo Experimental Pedro Arle, localizado no município de Frei Paulo, Sergipe. As análises foram realizadas na Sala de Pós-colheita do CPATC, em Aracaju. Os pedaços, pesando cerca de 200g foram fervidos em 1L de água, onde permaneceram por cinco minutos. Antes e após a cocção, todas as amostras foram avaliadas quanto ao peso da massa fresca, firmeza e teor de sólidos solúveis (SS). Foi realizado o teste de Tukey para comparação de médias, ao nível de 5% de significância, utilizando-se o programa estatístico SAS. Não ocorreu perda de massa fresca significativa, que variou de 142,28g (antes) a 138,27g (após a cocção). Entretanto, o teor de SS diminuiu significativamente de 11,68 para 11,08º Brix, e a firmeza, de 12,75 a 5,69N. As características avaliadas neste trabalho, associadas a outras de importância nutricional e comercial, são importantes informações ao programa de melhoramento da espécie.

PRODUTIVIDADE DE FAMÍLIAS PROVENIENTES DE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE AZEVÉM

Eliézer da Cunha Pinheiro[1]; Angélica Halfen [2]; Josiane Vargas de Oliveira Maximino [2]; Marco Aurélio [3]; Andréa Mittelmann [5]

[1] Graduando em Zootecnia da Universidade Federal de Pelotas, bolsista Embrapa Gado de Leite. Pelotas-RS, Brasil eliezercp@hotmail.com

[2] Graduandos em Agronomia da Universidade Federal de Pelotas, bolsistas Embrapa Clima Temperado. Pelotas-RS, Brasil angelicahalfen.agronomia@gmail.com, josianemaximino@gmail.com, mschiavonmachado98@gmail.com

[3]Eng. Agrônoma, Doutora, pesquisadora da Embrapa Gado de Leite/ Embrapa Clima Temperado. Pelotas-RS, Brasil andrea.mittelmann@embrapa.br

O azevém (*Lolium multiflorum Lam*.) tem importância incontestável nos sistemas pecuários da região brasileira de clima subtropical. A Embrapa Clima Temperado possui desde 2002 um Banco Ativo de Germoplasma (BAG), onde possui materiais usados para o melhoramento genético. O objetivo deste trabalho foi avaliar famílias provenientes de três populações do Banco de Germoplasma de azevém da Embrapa em comparação com cultivares comerciais. O experimento foi conduzido na Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado (Capão do Leão - RS) no ano de 2014. Foram avaliadas sessenta e seis famílias que tiveram origem em uma seleção de plantas individuais realizada em 2013, onde cada planta gerou uma família, tendo como testemunhas o Barjumbo, o Comum, o BRS Estações, o BRS Integração, o LE 284, o Nibbio, o BRS Ponteio e o Winter Star. O delineamento foi em blocos casualizados com duas repetições. Ao longo do ciclo foram realizados quatro cortes, a cada corte foram avaliadas as características altura de planta (cm, três medidas por parcela), capacidade de rebrote nota visual, 1=muito baixa, 5= muito alta), peso verde (PV, kg/ha), massa seca de folhas (MSF, kg/ha) e massa seca total (MST, kg/ha). Considerou-se um arranjo em parcelas subdivididas no tempo, em que os cortes foram alocados na subparcela. As análises estatísticas aplicadas foram a análise de variância e Teste de Dunnet comparando com a melhor testemunha e com a média das testemunhas. Para a característica altura foram significativos os fatores de variação tratamento, corte e interação tratamento x corte, já para a característica rebrote os fatores de variação tratamento e corte não foram significativos, apenas a interação tratamento corte mostrou-se significativa. Para peso verde todos os fatores de variação mostraram significativos e isso se repetiu para as características massa seca total e massa seca de folhas. A altura variou de 25,11a 39,00 cm, a nota atribuída para o rebrote variou de 3,00 a 4,38, o peso verde apresentou uma produção acumulada de cortes que variou de 18.107,33 a 30.785,67kg/ha, a massa seca de folhas apresentou uma produção acumulada de cortes que variou 2.274,51 a 4.133,84kg/ha e a característica massa seca total obteve uma produção acumulada de cortes que variou de 4.318,51 a 6.222,50kg/ha. Nenhuma das famílias superou a melhor testemunha para cada uma das características, sendo a maioria delas similar à melhor testemunha. Entretanto, aplicando o teste de Dunnet por corte para a característica produção de massa verde, uma das famílias avaliadas mostrou-se com produtividade significativamente maior no segundo corte do que a melhor testemunha. Para a característica massa seca total, seis famílias mostraram-se significativamente superiores à melhor testemunha no segundo corte. Em relação à média das testemunhas, nenhuma família foi significativamente inferior. Os acessos estudados possuem grande potencial para o melhoramento genético uma vez não diferiram das cultivares comerciais, indicando possibilidade de obtenção de populações melhoradas.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

ESTABELECIMENTO DE CULTURAS DECALOS ERAÍZES DE *PASSIFLORA FOETIDA* L.

Ana Ferreira[1]; Renata Garcia[2]; Georgia Pacheco[3]; Elisabeth Atalla Mansur[4]

[1]Aluna de Mestrado, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Núcleo de Biotecnologia Vegetal, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Email: ana.rivendell@gmail.com

[2]Biológa , Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Núcleo de Biotecnologia Vegetal, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Email: renatagarci@gmail.com

[3] Professora Adjunta, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Núcleo de Biotecnologia Vegetal, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Email: georgiappacheco@gmail.com

[4]Professora Titular, Universidade do Estado do Rio de Janeiro, Núcleo de Biotecnologia Vegetal, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. Email: elisabeth.mansur@gmail.com

O gênero *Passiflora* é o maior da família Passifloraceae, agrupando cerca de 580 espécies com ampla distribuição em regiões tropicais e subtropicais, sendo o Brasil um importante centro de diversidade. Além do cultivo comercial, espécies de *Passiflora* são também utilizadas para fins ornamentai se terapêuticos. *Passiflora foetida* é utilizada na medicina popular para o tratamento de insônia, ansiedade, inflamações de pele e distúrbios biliares, apresentando também atividades analgésica e antibacteriana. O aumento do interesse da população por produtos naturais nas últimas décadas vem impulsionando o mercado de fitoterápicos e bioativos vegetais, sendo necessário uso de estratégias biotecnológicas para obtenção de material vegetal de boa qualidade e em larga escala. A cultura de tecidos vegetais é uma importante ferramenta para a obtenção de substâncias bioativas, além de ser um pré-requisito para a conservação de germoplasma *in vitro*. Portanto, é importante o estabelecimento de protocolos de cultura visando à produção de metabólitos secundários, sem prejudicar populações nativas através do extrativismo predatório. Nesse contexto, as culturas de calos e raízes são amplamente utilizadas, havendo poucos trabalhos com este objetivo para a espécie escolhida. Para a cultura de calos, segmentos nodais (0,5 cm), internodais (1,0 cm) e foliares (1,0 x 1,0 cm) foram inoculados em meio MSM semi-sólido suplementado com diferentes concentrações (4,14; 12,4; 20,7; 28,9; 41,4 µM) de picloram (PIC). Para cultura de raízes, segmentos internodais, nodais e radiculares foram excisados de plantas *in vitro* e inoculados em meio MSM suplementado com ANA (0; 0,54; 2,7 e 5,4 µM), utilizando os sistemas: i) meio semi-sólido; ii) imersão em meio líquido sob agitação eiii) pontes de papel de filtro apoiadas sobre esferas de vidros imersas em meio líquido. Para cada tratamento foram inoculados quatro explantes por frasco (10 x 6 cm), em um total de cinco frascos. As culturas foram mantidas à temperatura de 25±2°C, na presença ou ausência de luz, por 90 dias, respectivamente. Explantes internodais apresentaram maior capacidade proliferativa em resposta 12,42 µM de PIC na presença de luz, enquanto que explantes foliares foram mais responsivos na ausência de luz, em meio suplementado com 20,7µMdo mesmo regulador. Raízes adventícias foram formadas a partir de todos os explantes testados, em resposta a todos os tratamentos. A maior produção a partir de segmentos nodais (100%) ocorreu na presença de concentrações mais baixas de ANA (0,54 e 2,7 µM), enquanto que a resposta de segmentos internodais foi mais eficiente na concentração mais alta (5,4µM), ambos cultivados no sistema de ponte de papel e na ausência de luz. Os sistemas de cultura apresentaram excelente capacidade proliferativa, com efetivo acúmulo de biomassa. O material produzido nos diferentes sistemas de cultura serão posteriormente submetidos a análises fitoquímicas e de avaliação de atividades biológicas.

Agradecimentos: CNPQ, Faperj

AVALIAÇÃO DE TESTES DE VIABILIDADE E DESINFESTAÇÃO DE SEMENTES VISANDO À PRODUÇÃO DE MUDAS DE *BUTIA ODORATA*

Francine Ferreira Cassana[1]; Juliana Castelo Branco Villela[1]; Rafaela de Sousa Corrêa de Magalhães[2]; Daniela Dias Peverada[2]; Everton Maksud Medeiros[1]; Claudete Mistura[3]; Gustavo Heiden[4]; Rosa Lia Barbieri[4]

[1]Dr(a), Instituto Federal de Educação e Tecnologia Sul-Rio-Grandense, Pelotas, RS, Brasil francinecassana@cavg.ifsul.edu.br, julianavillela@cavg.ifsul.edu.br; evertonmedeiros@cavg.ifsul.edu.br

[2]Graduanda no Curso Superior de Tecnologia em Gestão Ambiental, Instituto Federal de Educação e Tecnologia Sul-Rio-Grandense, Pelotas, RS, Brasil, daniela.peverada@hotmail.com; rafaelascm@live.com

[3]Drª, CNPq/Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, c.mistura@hotmail.com.br

[4]Dr.(a), Pesq. Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, gustavo.heiden@embrapa.br; lia.barbieri@embrapa.br

No sul do Brasil, *Butia odorata* é um recurso genético regional, ainda pouco utilizado, com potencial paraexploração hortícola. Os frutos são usados na culinária local, na produção de geleias, tortas, sorvetes, sucos, licores e a tradicional cachaça com butiá. Outras partes da planta como as folhas são utilizadas no artesanato. O butiá faz parte da cultura popular, estando presente no dia a dia das pessoas que habitam a região Sul do Brasil. Apesar da sua importância social e econômica, as populações de butiá vêm sofrendo constantemente com ações antrópicas. A baixa taxa de germinação das sementes de palmeiras, em especial de *B. odorata*, e o lento estabelecimento das plântulas tem sido um fator limitante na produção de mudas. Os objetivos deste trabalho foram: a) avaliar a eficiência do teste de imersão dos diásporos (coquinhos) em água, visando à detecção da sua inviabilidade; b) testar diferentes tratamentos de desinfestação de sementes e; c) avaliar a porcentagem de sementes fungadas (%F) e o índice de velocidade de germinação (IVG). Para o teste de imersão, 1065 diásporos (coletados em 2014 e armazenados a 4ºC) e 572 obtidos do despolpamento de frutos (coletados em 2015) foram acondicionados em um béquer (2L) contendo água, sendo que aqueles sobrenadantes seriam, teoricamente, inviáveis. Tanto os sobrenadantes quanto os submersos foram quebrados com o auxílio de um torno de bancada, para remoção das sementes. As sementes sadias foram utilizadas para o teste de desinfestação com os seguintes tratamentos: T1) lavagem com água destilada (LAD) (controle); T2) imersão em hipoclorito de sódio (NaClO) 2% por 20 minutos e LAD; T3) imersão em NaClO 5% por 10 minutos e LAD; T4) imersão em álcool 70% por um minuto, seguido de NaClO 2% por 10 minutos e LAD; T5) imersão em álcool 70% por um minuto, seguido de NaClO 2% por 20 minutos e LAD; T6) imersão em álcool 70% por um minuto, seguido de NaClO 5% por 10 minutos e LAD; T7) imersão em álcool 70% por um minuto, seguido de NaClO 5% por 20 minutos e LAD. Após, as sementes foram dispostas em gerbox com o fundo preenchido com papel germitest®, umedecido com água destilada, e incubados em câmara de germinação, sob temperatura de 30ºC e densidade de fluxo de fótons de 10 µmol m^{-2} s^{-1}, sendo avaliado diariamente a %F e o IVG. Os resultados demonstraram que embora nem todos os diásporos coletados em 2014 e que permaneceram submersos tenham sido potencialmente viáveis, do total de diásporos utilizados no teste de imersão, 37% se apresentaram sobrenadantes, indicando a provável inviabilidade de sementes. Destes, comprovou-se através da abertura dos diásporos, que 77% dos diásporos estavam ocos, sem a presença de sementes, ou ainda, com a presença de sementes danificadas ou de larvas. Todos os diásporos obtidos coletados em 2015 ficaram submersos, apresentando sementes potencialmente viáveis. Dentre os tratamentos de desinfestação, a imersão das sementes em álcool 70% por um minuto, seguido de NaClO 2% por 10 minutos e lavagem com água destilada proporcionou menor %F (58,8% de sementes fungadas) e maior IVG (10,06). Na perspectiva de viabilizar a produção de mudas por pequenos agricultores, novos testes estão sendo executados.

Agradecimentos: IFSul, Embrapa, FAPERGS.

O POTENCIAL ALELOPÁTICO DE *ATELEIA GLAZIOVEANA* BAILL. (FABACEAE) NO CONTROLE DE ERVAS DANINHAS

Marina Michelotto Klacewicz[1]; Andre Hildebrandt Noronha[2]; Márcia Bündchen[3]; Francine Ferreira Cassana[4]

[1] Graduanda em Licenciatura em Ciências da Natureza – Curso Superior do Instituto Federal do Rio Grande do Sul/IFRS, câmpus Porto Alegre, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, marina1quimica@gmail.com

[2] Técnico em Meio Ambiente, Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Sul Rio Grandense, câmpus Visconde da Graça, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, andreh.noronha@yahoo.com.br.

[3] Bióloga, Drª. em Ecologia e Conservação, IFRS, câmpus Porto Alegre, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, marcia.bundchen@poa.ifrs.edu.br

[4] Bióloga, Drª. em Ciências:Botânica, Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Sul Rio Grandense, câmpus Visconde da Graça, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, francinecassana@gmail.com

O potencial de plantas com propriedades alelopáticas para reduzir patógenos e manipular a densidade e distribuição das ervas daninhas nos agroecossistemas, é uma alternativa para o desenvolvimento de uma agricultura mais sustentável e ambientalmente segura. *Ateleia glazioveana* Baill. (Fabaceae), o "timbó" teve o efeito inibitório de seus extratos foliares confirmado em uma série de experimentos de germinação sob condições controladas utilizando *Lactuca sativa* L. (alface), *Bidens pilosa* L. (picão) e *Lolium multiflorum* L. (azevém) como plantas-alvo. A possível utilização de *A. glazioveana* como bio-herbicida no contexto da agricultura familiar ou orgânica constitui uma ferramenta para valoração dessa espécie nativa e nesta perspectiva realizaram-se bioensaios visando: *i.* verificar a persistência dos efeitos fitotóxicos dos extratos aquosos de timbó e, *ii*. avaliar se o extrato aquoso de timbó afeta a germinação de ervas daninhas no solo. No primeiro bioensaio, aplicaram-se extratos aquosos das folhas de *A. glazioveana* (5%, 10% e 20% - massa seca/volume) em placas de petri contendo terra autoclavada (TA) e terra não autoclavada (TNA), semeadas com trinta aquênios de alface totalizando dez placas (repetições) por tratamento, mais o controle com água destilada. As placas foram mantidas em incubadora com fotoperíodo de 12 horas, a 25ºC, contabilizando-se por seis dias as sementes germinadas e calculando-se a porcentagem de germinação (%G) e o índice de velocidade de germinação (IVG). Transcorridos 30 dias, reidrataram-se as placas com água destilada (TA30 e TNA30) e repetiu-se a semeadura e coleta dos dados. Os resultados foram analisados por análise de variância seguida pelo teste de Tukey ($p<0,05$). No segundo bioensaio, visando verificar os efeitos inibitórios em condições mais próximas das naturais, solo contendo diásporos de ervas daninhas foi fracionado em 16 bandejas de isopor (parcelas). Oito parcelas controle foram irrigadas com água, enquanto oito parcelas foram irrigadas com extrato aquoso de timbó a 25%. A partir da germinação, foram contabilizadas as plântulas emergentes a cada 15 dias, totalizando três avaliações. Controle e tratamento foram comparados pelo teste *t* de student ($p<0,05$). Como resultado do primeiro bioensaio, verificou-se a inibição da germinação em TA, TNA e TA30 em todas as concentrações do extrato, não diferindo entre 5% e 10%. Já em TNA30 somente a concentração de 20% diferiu do controle. O tratamento TNA30 reduziu significativamente menos a germinação dos aquênios de alface, comparativamente com os demais, em todas as concentrações testadas, sugerindo que os compostos bioativos de *A. glazioveana* são metabolizados pela biota do solo, reduzindo seu efeito alelopático com o passar do tempo. Já no segundo bioensaio, a germinação dos diásporos foi maior no controle (n=8409) do que no tratamento (n=6134) na primeira avaliação, enquanto nas duas avaliações posteriores não diferiu entre os grupos, indicando que as concentrações de extratos foliares que demonstraram atividade alelopática em laboratório são insuficientes para resultar em atividade similar, sob condições próximas das naturais. Na perspectiva de viabilizar o uso desta espécie como bio-herbicida os bioensaios em condições de campo estão tendo continuidade e o fracionamento químico dos extratos foliares será realizado visando identificar quais os compostos responsáveis pela atividade alelopática verificada.

Agradecimento: Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Rio Grande do Sul (IFRS) e CNPq pela concessão de Bolsa de Iniciação Científica e Tecnológica (PIBIT/ CNPq – Edital PROPPI n° 009/2013).

COMPOSIÇÃO BROMATOLÓGICA DE DIFERENTES ACESSOS DE *BROMUS AULETICUS*

Daiane da Silva dos Santos[1]; Vivian Teixeira Alves Branco[2]; Alan Fontes Barres[3]; Leonardo Luís Artico[4]; Camila LuzardoPorto[5]; Ana Cristina Mazzocato[5]; Juliano Lino Ferreira[5]; Sérgio de Oliveira Juchem[5]

[1]Acadêmica do curso de Zootecnia, UDESC - CEO, Chapecó, SC, Brasil, day.santos1993@hotmail.com

[2]Acadêmica do curso de Engenharia de Energias Renováveis, Bagé, RS, Brasil, viviantab@yahoo.com.br

[3] Engenheiro Agrônomo, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, alanfbarres@hotmail.com

[4]Acadêmico do curso de Farmácia, Universidade da Região da Campanha, Bagé, RS, Brasil, leonardoartico@yahoo.com.br

[6]Química, Bióloga, Eng. Agrônomo, Méd. Vet., Técnica e Pesquisadores, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, Brasil, camila.porto@embrapa.br, ana.mazzocato@embrapa.br, juliano.ferreira@embrapa.br, sergio.juchem@embrapa.br

O gênero *Bromus* pertence à família Poaceae. Suas espécies são adaptadas a regiões de clima frio, ou com predominância de estações frias durante o ciclo vegetativo das plantas. Entre estas, destaca-se *Bromus auleticus* Trin. Ex Nees, conhecido como cevadilha vacariana, classificada como nativa perene, e hibernal, que possui importantes característica no que se diz respeito ao potencial forrageiro. Seu principal atributo é a produção de forragem em qualidade e quantidade significativas durante períodos críticos de pastagens, não deixando de lado a estabilidade de produção durante o ano todo. Salientada pela resistência a geadas e amplo desenvolvimento em períodos quentes, outra característica importante da espécie é a excelente palatabilidade aos animais, os quais selecionam esta a campo para sua alimentação. Contudo, no primeiro ano possui baixo estabelecimento, destacando-se a partir do segundo ano pela precocidade na produção de forragem. Tendo em vista que *B. auleticus* é uma boa opção de forragem, o objetivo do trabalho foi avaliar seu potencial forrageiro por meio de análises bromatológicas. Foram utilizados três acessos, dois oriundos de Uruguaiana (MZ6 e MZ8) e um de Santana do Livramento (MZ28), ambos do estado do Rio Grande do Sul. O experimento foi realizado na área do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Pecuária Sul, Bagé-RS, de abril a junho de 2012, por meio de três cortes realizados nas datas 08/05, 29/05 e 19/06 respeitando intervalo de 21 dias entre eles. As plantas foram cultivadas em linhas com espaçamento de 1,5 m x 30 cm, sendo realizados cortes a 5 e 10 cm de altura. Após o corte, as amostras foram pesadas separadamente para avaliar a massa total, sendo armazenadas em embalagens plásticas e congeladas para a separação botânica. Matéria verde e matéria morta foram destacadas das alíquotas, obtendo-se o peso separado destas, por meio de balança analítica. Em seguida, as amostras foram secas em estufa com circulação de ar forçado a 60 ºC por 72 horas e novamente pesadas individualmente. A matéria verde seca foi moída em moinho de facas e posteriormente homogeneizada em tamises com granulometria de 1 mm. As análises de proteína bruta (PB), fibra em detergente neutro (FDN) e fibra em detergente ácido (FDA) foram realizadas no Laboratório de Nutrição Animal da Embrapa Pecuária Sul. Os dados médios de PB, FDN e FDA respectivamente avaliados no período outonal foram: MZ6 (23,61%, 65,23% e 30,48%), MZ8 (26,52%, 61,53% e 27,12%) e MZ28 (26,33%, 66,89% e 27,07%). Estes dados indicam excelente qualidade bromatológica desta espécie forrageira, estando os teores de PB superiores às principais gramíneas forrageiras exóticas cultivadas: azevém e aveias. Todavia, os teores de FDN e FDA foram iguais ou superiores as estas duas espécies de referência. Outros experimentos realizados anteriormente com *B. auleticus* corroboram com os dados apresentados, indicando a utilização dessa espécie como alternativa para o preenchimento do vazio forrageiro outono-hibernal.

Agradecimentos: CNPq e Embrapa (projeto SEG: 01.06.01.007.05.14).

PRÉ-MELHORAMENTO DO FEIJÃO-FAVA

Jéssica Daniele Lustosa da Silva[1]; Antônia Maria de Cássia Batista de Sousa[2]; Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves[3]; Vinícius Santos Freitas[4]; Regina Lucia Ferreira Gomes[5]; Ângela Celis de Almeida Lopes[6]

[1]Doutoranda em Agronomia, Universidade Federal do Piauí (UFPI), Teresina, Piauí, Brasil, e-mail: jessica.04lustosa@gmail.com.

[2]Graduando em Engenharia Agronômica, UFPI, Teresina, Piauí, Brasil,email: antonia_agro19@hotmail.com

[3] Graduando em Engenharia Agronômica, UFPI, Teresina, Piauí, Brasil, email: gabriel_demoraes@hotmail.com

[4] Graduando em Engenharia Agronômica, UFPI, Teresina, Piauí, Brasil, email: vsf.santos@hotmail.com

[5] Docente,Departamento de Fitotecnia, UFPI, Teresina, Piauí, Brasil, email: rlfgomes@ufpi.edu.br.

[6] Docente, Departamento de Fitotecnia, Teresina, Piauí, Brasil, email: acalopes@ufpi.edu.br.

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), segunda espécie do gênero em importância econômica, apresenta ampla adaptação e se constitui numa alternativa viável para compor a dieta alimentar e complementar a renda da agricultura familiar. Os ganhos na cultura do feijão-fava dependem de vários aspectos e o pré-melhoramento genético pode ajudar a alcançar tais objetivos, por meio do desenvolvimento de populações que possibilitem a obtenção de cultivares com características desejáveis. Contudo, em *Phaseolus*, a polinização manual é uma operação trabalhosa, um pouco demorada, que muitas vezes limita o sucesso no programa de melhoramento. A grande dificuldade na obtenção de híbridos em autógamas é a necessidade de polinização artificial, que na espécie *lunatus* é ainda mais trabalhosa e deve ser realizada com bastante cuidado e cautela, pelo tamanho de suas estruturas florais. Assim, objetivou-se estabelecer metodologia para realização de cruzamentos artificiais e determinar as condições ideais de temperatura e umidade, para obtenção de vagens híbridas. Foram utilizados quatro genótipos contrastantes quanto aos caracteres hábito de crescimento, porte e precocidade, pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Feijão-fava da Universidade Federal do Piauí. Os acessos UFPI-628 e UFPI-728 são de hábito determinado, ereto e precoce; já UFPI-666 e UFPI-465 são de hábito indeterminado, enramador e tardio. A semeadura foi realizada em 36 vasos mantidos em telado, sendo três vasos por genótipo, em três etapas, com intervalos de 34 dias entre os genótipos indeterminados e determinados, utilizando-se duas sementes por vaso. Determinou-se as temperaturas e umidades do ar no momento de realização dos cruzamentos com o uso de um termo-higrômetro. O horário de abertura das flores foi observado diretamente em 30 inflorescências marcadas, com botões em pré-antese, em intervalos de uma hora, durante a manhã e à tarde. Os cruzamentos foram realizados no início da manhã, entre 9h e 11h; e à tarde, entre 16:30h e 17:30h, sem retirar as anteras da flor receptiva do pólen, apenas acrescenta-lhe o pólen da flor doadora no estigma exposto, evitando stress e diminuindo os danos causados a flor. O período em que ocorreu a abertura de maior quantidade de flores foi entre às 9:00h e 10:00h; e entre 16:30h e 17:30h. O maior índice de pegamento de vagens ocorreu com a temperatura interna média do telado de 29,8ºC; externa de 34,2ºC e umidade média de 64%, pela manhã. Para se confirmar se tais plantas seriam F_1, foi realizada a extração de DNA destas, para uso em PCR (*Polymerase Chain Reaction*), com marcadores moleculares já selecionados nos genótipos parentais, BMG 211, BMG141, BMG 154 e GAT 591. Dos cruzamentos realizados, 14 vagens foram obtidas, das quais quatro plantas foram identificadas como F_1, por meio de marcador molecular microssatélite. As plantas F_1's foram: 1 (UFPI-465 X UFPI-728), 6 (UFPI-628 X UFPI-465), 7 (UFPI-628 X UFPI-666) e 11 (UFPI-465 X UFPI-628). O iniciador molecular BMG 211 identificou as plantas 1, 7 e 11; BMG 141 identificou as plantas 1, 6, 7, 11; BMG 154, as plantas 1,6,7; e o GAT 591, a planta 1.

Agradecimentos: CNPq, pela concessão e bolsas e financiamento da pesquisa.

SELECCION DE POBLACIONES DEL SUR DE ARGENTINA PARA EL DESARROLLO DE VARIEDADES DE MAIZ QUE PERMITAN LA SECUENCIA DE MAIZ/SOJA

Suarez F.[1].; Defacio R.[1 2]*; Lorea R.[1 2], Solmi A.[3], Ferrer M.[1 2]

[1] Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires. Monteagudo 2772, Pergamino, Bs As., Argentina
[2] Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Ruta 32 Km 4,5, Pergamino, Bs. As., Argentina.
[3] Comisión de Investigaciones Científicas de la Provincia de Buenos Aires - Argentina

* defacio.raquel@inta.gob.ar

El maíz (*Zea mays* L.) en Argentina se siembra tradicionalmente desde mediados de septiembre a principios de octubre, cosechándose entre fines de febrero y marzo ocupando el suelo en el mismo momento que los cultivos de girasol y soja, lo que no permite la producción de más de uno de ellos por año. Recientemente se ha ensayado en la zona norte de la región Pampeana, Argentina, la secuencia Maíz/Soja. Se trata de sistemas con ventajas desde el punto de vista de la producción, la sustentabilidad y el aprovechamiento de los recursos. Para poder realizar esta secuencia, es necesario adelantar la fecha de siembra de maíz y tal decisión está estrechamente asociada a la elección de cultivares con mayor vigor ante bajas temperaturas en estadios iniciales. Además, se requiere utilizar un maíz ultra precoz, de no más de 100-110 días a madurez, el que sembrado a mediados/ fines de agosto, deja el suelo libre a principios de enero, para la siembra inmediata de soja. El objetivo de este trabajo fue evaluar la variabilidad de 30 poblaciones locales de maíz originarias del sur de Argentina, seleccionando aquellas con mejor respuesta para introducirlas al programa de mejoramiento de maíz de INTA Pergamino. Las poblaciones locales evaluadas son originarias de las provincias de Neuquén, Río Negro y Chubut. Se utilizaron como testigos las poblaciones COP y Candelaria precoz. El ensayo se llevó a cabo en la Estación Experimental Agropecuaria de INTA Pergamino, teniendo como fecha de siembra el 29 de agosto de 2011, bajo condiciones de temperatura de suelo subóptimas para la germinación del maíz. Se utilizó un diseño completamente aleatorizado con dos repeticiones. La unidad experimental consistió en una parcela de 3 surcos de 5 m de longitud, con una distancia entre surcos de 0,7 m. La densidad de siembra fue de 5 plantas/m lineal. Se evaluaron 25 variables, 13 fenológicas y 12 morfológicas. Se realizó un Análisis de Componentes Principales (ACP) para agrupar las poblaciones evaluadas en base a su similitud. Con las dos primeras Componentes Principales (CP), es posible explicar el 60,2% de la variación total. La primer CP contribuye con un 40,4% y las variables originales de mayor peso fueron aquellas relacionadas con el desarrollo vegetativo, la floración y el ciclo total del cultivo. La segunda CP representa el 19,8% de la variabilidad y las variables de mayor importancia en su constitución, estuvieron relacionadas con la fenología desde la siembra hasta el estado fenológico de V6 y con el período de llenado de granos. De esta forma, se diferenciaron cinco grupos, los cuales fueron determinados de acuerdo a la cercanía entre las poblaciones teniendo en cuenta las similitudes existentes entre ellas de acuerdo al comportamiento exhibido por las variables registradas. En base a los resultados obtenidos se seleccionaron las poblaciones ARZM21009, ARZM19024, ARZM19035, ARZM19045, ARZM19053, ARZM19046, ARZM19036, ARZM21006 y ARZM19010. Las mismas se caracterizan por presentar menores tiempos térmicos requeridos para alcanzar floración femenina y madurez fisiológica, un prolongado período de llenado de grano, una asincronía floral y plastocronos bajos; y valores elevados en altura de plantas. Estas poblaciones provenientes del sur de nuestro país representan una posible fuente de variabilidad con un alto grado de interés para su uso en mejoramiento.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

CONHECIMENTO POPULAR E PROCEDÊNCIA DA ESPINHEIRA-SANTA (*MAYTENUS ILICIFOLIA)* COMERCIALIZADA EM PELOTAS, RS, BRASIL

Márcia Vaz Ribeiro[1]; Camila Almeida[2]; Aline Silveira Cardoso Oliveira[2]; Rosa Lia Barbieri[3]

[1] Bióloga, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, marciavribeiro@hotmail.com.

[2] Enfermeira, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, almeidakk@yahoo.com.br; alinesilveiracardoso@yahoo.com.br

[3] Bióloga, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, lia.barbieri@embrapa.br

Maytenus ilicifolia é uma planta da família Celastraceae, conhecida popularmente como espinheira-santa, cancerosa, cancrosa, maiteno, salva-vidas, coromilho-do-campo ou espinho-de-deus. A planta é nativa do Brasil. Essa espécie faz parte da Relação Nacional de Plantas Medicinais de Interesse ao SUS (RENISUS), com indicação de uso para gastrite e úlcera gástrica. É possível adquirir folhas de espinheira-santa em farmácia, mercados ou, ainda, de maneira mais artesanal, em erveiros e feirantes. Apesar de haver alguns cultivos, a espinheira-santa é alvo de extrativismo. Este trabalho teve como objetivo verificar o conhecimento popular relacionado à espinheira-santa e a procedência das folhas dessa planta que são comercializadas pelo mercado informal no centro da cidade de Pelotas (RS). Foram aplicadas entrevistas semiestruturadas a oito pessoas que atuam no mercado informal de plantas medicinais no centro da cidade de Pelotas, de agosto a outubro de 2013. Os entrevistados foram cinco erveiros e três feirantes, com idades variando de 17 a 74 anos, sendo 3 mulheres e 5 homens. Os relatos evidenciaram que o saber relacionado ao uso da espinheira-santa é transmitido de geração a geração, embora existam outras fontes de conhecimento, como livros e internet. Quanto à indicação popular de uso terapêutico da espinheira-santa, entre os informantes foram citados o uso preventivo e curativo de úlcera, tratamento de gastrite, problemas no estômago, inflamações no estômago, desconforto advindo de uma alimentação inadequada, ingestão exagerada de alimentos, refluxo, azia, promoção da cicatrização, depurativo do sangue e limpeza do sangue. Apesar da mesma ocupação, os entrevistados possuem diferentes formas de interação com o ambiente e estas constituem os saberes que são perpetuados pelas próprias interações com o ambiente, com a família e outras relações interpessoais. Os feirantes informaram que não cultivam plantas de espinheira-santa, mas realizam extrativismo, com a colheita das folhas de plantas que nascem espontaneamente na zona rural. Entre os erveiros, dois indicaram também realizar o extrativismo, com a colheita na natureza, e dois relataram possuir dois tipos de fornecedores: os agricultores e os laboratórios. Aqueles que realizavam a atividade extrativista não quiseram informar a localização das plantas de espinheira-santa. O motivo da recusa não foi claramente justificado pelos informantes, mas pode estar atrelado à tentativa de proteger o material de possíveis concorrentes ou, ainda, ao medo de uma fiscalização ambiental ou sanitária. No que se refere ao extrativismo da espinheira-santa, poucos demonstraram preocupação com a sua sustentabilidade, mas perceberam-se como parte responsável pelo equilíbrio da natureza. Os erveiros e feirantes que comercializam espinheira-santa no centro de Pelotas detém um conhecimento herdado de outras gerações familiares, possuindo algumas semelhanças (fonte do conhecimento, manutenção do conhecimento) e diferenças (formas de uso, período de tratamento, indicação de uso), que podem estar relacionadas a diferentes culturas dos indivíduos.

Agradecimentos: à Capes.

GERMINAÇÃO DE PROGÊNIES DE MANGABEIRA EM CONDIÇÕES DE VIVEIRO

Ana Veruska Cruz da Silva[1]; Adrielle Naiana Ribeiro Soares[2]; Marília Freitas de Vasconcelos Melo[3] e Josué Francisco da Silva Júnior[1]

[1] Pesquisadores da Embrapa Tabuleiros Costeiros, Aracaju, SE, Brasil. ana.veruska@embrapa.br; josue.francisco@embrapa.br.

[2] Engenheira Agrônoma, Doutoranda em Agricultura e Biodiversidade da UFS, São Cristovão, SE, Brasil. adrielle.naiana@hotmail.com

[3] Engenheira Florestal, Doutoranda em Ciências Florestais da FCA/Unesp, Botucatu, SP, Brasil. mariliafvm@yahoo.com.br

A mangaba (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma fruta nativa do Brasil, utilizada em grande parte para fabricação de polpas congeladas, sucos e sorvetes, além do consumo in natura e fabricação de xaropes, licores, doce, compotas e geléias. O Banco Ativo de Germoplasma da espécie em Sergipe existe desde 2009 e está localizado no município de Itaporanga d'Ajuda (11°06'40"S e 37°11'15"W). Atualmente o BAG consta de 271 indivíduos, propagados por sementes de polinização aberta, procedentes dos Estados da Bahia, Paraíba, Sergipe, Pernambuco, Alagoas, Ceará, Pará e Minas Gerais. Vislumbrando um programa de melhoramento genético da espécie, torna-se fundamental a produção e o conhecimento a respeito das progênies desse germoplasma. Assim, o objetivo do presente trabalho foi avaliar aspectos de germinação de sementes de diferentes acessos. Dos acessos em fase de produção no BAG mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros, foram colhidos frutos de 17 deles (ABP4, BIP2, ABP1, TCP1, PTP5, PTP1, TCP6, BIP4, PRP5, ABP2, PTP2, LGP4, TCP2, LGP1, CAP5, LGP3, PTP4). Frutos de cada acesso serão colhidos e identificados, para a retirada das sementes. Após beneficiamento as sementes foram colocadas em sacos de polietileno e permaneceram em casa de vegetação, sob condições de telado (50% de sombreamento). Neste trabalho avaliou-se a primeira contagem correspondente ao número de plântulas normais após a semeadura (PC) e o percentual de germinação, que corresponde à porcentagem de plântulas normais no final do teste de germinação, considerando aquelas com todas as suas estruturas essenciais bem desenvolvidas. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados, com 17 tratamentos e 20 repetições, sendo uma planta por parcela. Os dados foram submetidos à análise de variância, utilizando-se o teste F e, as médias comparadas pelo teste de Sckott-knott a 5% de probabilidade, utilizando o programa SAS. A emergência ocorreu após 15 dias da semeadura. Dos 17 materiais, apenas três apresentaram-se inferiores quanto ao percentual de germinação, com valores entre 60 e 75% (TCP1, BIP4 e PRP5). Os demais apresentaram germinação entre 85 e 100%. A variação apresentada nos resultados indica a possibilidade de seleção de indivíduos para propagação, seja para produção de mudas, produção de porta-enxertos e para uso em programas de melhoramento e conservação.

INIBIÇÃO DO CRESCIMENTO IN VITRO DE *FUSARIUM GRAMINEARUM* NA PRESENÇA DE DIFERENTES EXTRATOS OBTIDOS DA SEMENTE DE CANOLA

Angela Elis Schneider[1]; Cleverson Busso[2]; Joel Donazzolo[3]

[1] Acadêmica do Curso de Zootecnia, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, Paraná, Brasil, angelas@alunos.utfpr.edu.br

[2] Professor Doutor em Microbiologia, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, Paraná, Brasil, cleversonbusso@utfpr.edu.br

[3] Professor Doutor em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Dois Vizinhos, Paraná, Brasil, joel@utfpr.edu.br

A canola é uma oleaginosa pertencente a família Brassicaceae e tem origem a partir da seleção genética da colza (*Brassica napus* L. var. *oleifera* Metzg). Esta planta tem-se mostrado como alternativa a soja e outras oleaginosas na produção de óleo, principalmente por apresentar de 40 a 45% de óleo no grão e 35% de proteína. Segundo dados da FAO (2008) a canola é considerada a terceira oleaginosa mais cultivada no mundo, perdendo apenas para o óleo de palma e soja. Além de ser uma excelente fonte de óleo, a canola possui propriedades peculiares, tais como a presença dos compostos químicos glucosinolatos e isotiocianatos que estão associados ao controle de fitopatógenos, sendo utilizada inclusive como biofumigante no solo. No intuito de compreender a distribuição destes compostos na planta, bem como avaliar o efeito sobre o desenvolvimento fúngico, foram preparados diferentes extratos obtidos da semente da canola: Extrato Aquoso filtrado e sem óleo (EA); Extrato Oleoso com remoção da parte aquosa (EO) e Extrato Homogenizado (EH) constituído pela mistura de ambos. Amostras de cada extrato foram adicionadas em meio BDA (Batata Dextrose Agar) e em triplicata na concentração de 5 e 10%, com exceção do extrato oleoso, onde foi distribuído na superfície do meio de cultura. Posteriormente foi realizado um inóculo do fungo fitopatogênico *Fusarium graminearum* (Schwabe) no centro da placa, esta foi então vedada com plástico filme, incubada a 25ºC e realizadas medidas diárias do diâmetro da colônia (em centímetros) por um período de até 120 horas. Os resultados indicaram que na presença de 5% do EO de canola, houve uma inibição do crescimento fúngico de 42% após 96 horas de crescimento. Para o EH este índice foi menor, em torno de 22%, e para o EA, não houve inibição. Na concentração de 10% dos extratos, observou-se um índice de inibição de até 59% após 96 horas de crescimento na presença do EO, e de 53% para EH. Também foi observada uma inibição de 34% do EA, demonstrando que este extrato também pode ter efeito inibidor nesta concentração, aumentando ainda mais (40%) após 120horas. Curiosamente foi observado que após 96 horas, praticamente não houve progressão da inibição fúngica em ambas as concentrações do extrato, tanto em EH bem como no EO. Entretanto, no EA a taxa de inibição ainda teve progressão. Isto sugere que os compostos inibidores nas condições testadas possam perder a atividade após este período quando estão homogeneizados ou isolados no óleo. Este trabalho contribui para novos conhecimentos sobre as propriedades do óleo da semente da canola na inibição do desenvolvimento de fungos fitopatogênicos, como é o caso do *Fusarium graminearum*.

Agradecimentos: Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR.

ACLIMATIZAÇÃO DE PLANTAS DE *CAPSICUM FRUTESCENS* PROVENIENTES DO CULTIVO *IN VITRO* DE EMBRIÕES MADUROS

Rafael Walter[1]; Rafael Rhuan de Araújo da Silva[2]; Virginia Silva Carvalho[3]; Francielle de Souza Guimarães[4]; Andressa Leal Generoso[5]; Ramon de Moraes[6]

[1] Doutorando em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, rafaelwalter.bio@gmail.com.

[2] Graduação em Agronomia, UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, rafael_rhuan@hotmail.com.

[3] Professora Associada, Laboratório de Fitotecnia/Centro de Ciências e Tecnologia Agropecuária/UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, virginia@uenf.br.

[4] Mestranda em Produção Vegetal, UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, francielle_uenf@hotmail.com.

[5] Doutoranda em Genética e Melhoramento de Plantas, UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil, lealgeneroso@gmail.com.

[6] Graduação em Agronomia, UENF, Campos dos Goytacazes, Rio de Janeiro, Brasil.

O cultivo de pimentas e pimentões demanda constantemente o desenvolvimento de novas cultivares mais produtivas e resistentes a fatores abióticos e a doenças. E o melhoramento genético é o responsável por atender esta demanda, destacando-se o uso de hibridações. Porém, a hibridação normalmente é prejudicada por problemas de incompatibilidade. Um dos problemas frequentes de incompatibilidade é o aborto do embrião. Uma técnica que pode ser empregada com a finalidade de recuperar estes materiais vegetais é o resgate de embrião. Que permite também a redução dos ciclos de reprodução e para superar a dormência das sementes e a baixa germinação, assim o conhecimento das etapas do cultivo *in vitro* é de grande importância. Desta forma, objetivou-se avaliar o crescimento na aclimatização de plantas de *Capsicum frutescens* cultivadas *in vitro* em diferentes concentrações de sacarose. Para o presente estudo foram utilizadas sementes de um acesso de *C. frutescens* (UENF 1636, pimenta malagueta) da coleção de germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). As sementes foram encaminhadas para laboratório onde os embriões maduros foram isolados e posteriormente germinados em meio ½MS sem sacarose. Permaneceram 7 dias no escuro e 8 dias em luz, em seguida foram transferidos para frascos contendo meio ½MS com diferentes concentrações de sacarose (0, 10, 20, 30 e 40 g L^{-1}) durante 30 dias em luz. Após este período as plantas aclimatizadas em casa de vegetação onde permaneceram por 45 dias. Foram avaliadas taxa de sobrevivência, área foliar, número de folhas, volume radicular e massa da matéria seca da raiz, parte aérea e total. Não houve sobrevivência durante a aclimatização das plantas cultivadas na ausência de sacarose, provavelmente devido ao pequeno porte em que se encontravam. Houve diferença significativa para massa da matéria seca nos tratamentos com 10 e 40 g L^{-1} de sacarose, com resultados para parte aérea de 1,1190 e 0,9482 g, para raiz de 0,9010 e 0,7941 g e total com 2,0200 e 1,7423 g, respectivamente. Na área foliar também se destacaram os meios com 10 e 40 g L^{-1} de sacarose com resultados de 136,87 e 184,65 cm^2, respectivamente. Os maiores volumes radiculares também foram observados nos tratamentos com 10 e 40 g L^{-1} de sacarose com valores de 4,4 e 4,19 cm^3. O maior número de folhas foi obtido em 10 g L^{-1} de sacarose com 38,2 folhas. Assim recomenda-se o uso de 10 g L^{-1} de sacarose no meio de cultura para o crescimento de plântulas deste genótipo por ser a concentração mais baixa e atingindo bons resultados na fase de aclimatização.

Agradecimentos: A coordenação de aperfeiçoamento de pessoal de nível superior (CAPES).

USO DE LEDS NA MULTIPLICAÇÃO *IN VITRO* DE MINIROSA

Paulo Sérgio Gomes da Rocha[1]; Fernanda Biason Ribeiro de Freitas[2]; Claudete Clarice Mistura[3]; Ricardo Santolin[2], Talis Clauton Malacarne[2]

[1] Dr. Engº Agrônomo, URI Campus Erechim, Erechim-RS, Brasil, e-mail: rocha@uricer.edu.br

[2] Acadêmica de Agronomia, URI Campus Erechim, Erechim-RS, Brasil, e-mail: fernandaa_freitaas_@hotmail.com; ricardostln@hotmail.com; talisclaiton@gmail.com

[3] Eng. Agr. bolsista PDJ/CNPq, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, e-mail: c.mistura@uol.com.br

A roseira pertence ao gênero Rosa, o qual possui 200 espécies silvestres e mais de 30.000 variedades obtidas por meio de cruzamentos. Dentre as variedades existentes pode-se destacar as minirosas, que são exemplares anões de folhagem espessa, que geralmente não ultrapassam 15 centímetros de altura. Estas plantas são versões menores das rosas comuns e se apresentam nas cores branca, amarela, vermelha, rosa ou laranja. As rosas são uma das plantas ornamentais mais importantes e uma das mais utilizadas com fins ornamentais, medicinais e aromáticos, o que as transformou em uma espécie de grande importância econômica a nível mundial. Atualmente a minirosa é uma das plantas mais populares entre os paisagistas, principalmente quando é necessário menor esforço, cuidado e sobretudo, o pequeno espaço dos jardins. Convencionalmente, a propagação é feita por meio de partes vegetativas como o enraizamento de estacas e enxertia. Sendo esta forma considerada inadequada devido a disseminação de pragas e doenças. Diante do exposto, o presente trabalho tem por objetivo avalizar a qualidade da luz na multiplicação *in vitro*. Brotações de minirosas estabelecidas *in vitro* foram inoculadas em meio de cultura, acrescido 100 $mg.L^{-1}$ de mio-inositol, 7 $g.L^{-1}$ de ágar, 1,0 $mg.L^{-1}$ de BAP e 30 $g.L^{-1}$ de sacarose. Sendo o pH do meio de cultura foi ajustado para 5,8. Os frascos contendo as brotações foram cultivados em sala de crescimento com temperatura de 25 $\pm$ 1 ºC, 16 horas de fotoperíodo, com fluxo de fótons de 20 µmol m^{-2} s^{-1} durante 30 dias de cultivo. Os tratamentos utilizados foram constituídos por LEDs verdes - EDET 3LA1 530 nm, LEDs vermelhos - EDER 3LA3 630 nm, LEDs azuis -EDEB 3LA1 470nm e lâmpadas fluorescentes. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado com cinco repetições por tratamento, sendo a unidade experimental, em cada repetição, composta de um frasco de vidro com capacidade de 250 mL contendo uma 40 mL de meio de cultura e cinco brotações. As variáveis analisadas ao final de 30 dias de cultivo foram: número de brotações formadas por explante e comprimento médio das brotações. Os dados obtidos foram submetidos a análise da variância e a média comparada estatisticamente pelo teste de Duncan ao nível de 5% de probabilidade. Houve efeito significativo do tipo de luz para as variáveis analisadas. O maior número de brotações formadas por explante foi obtido sob os LEDs vermelhos- EDER 3LA3 630 nm (2,2 brotos/explante) e o menor sobre as lâmpadas fluorescentes (1,3 brotos/explante), os quais não diferiram dos LEDs azuis e LEDs verdes. Quanto ao comprimento médio das brotações, as maiores médias foram obtidas com as brotações provenientes do cultivo sob LEDs azuis e LEDs verdes, não ocorreu diferença entre as brotações cultivadas sob os LEDs vermelhos e lâmpadas fluprecentes. Os resultados obtidos possibilitam inferir que os LEDs vermelhos e LEDs azuis são os mais adequados para o cultivo *in vitro* das brotações de minirosas.

RESISTÊNCIA DE GENÓTIPOS DE ALGODOEIRO DO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFU À *SCLEROTINIA SCLEROTIORUM*

Leandro Henrique Mundim Aguiar[1]; Larissa Barbosa de Sousa[2]; Ernane Miranda Lemes[3]; Cláudio Ricardo da Silva[4]

[1] Engenheiro Agrônomo, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil, e-mail: leandrohma@live.com

[2] Professora, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil, e-mail: larissa@iciag.ufu.br

[3] Doutorando, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil, e-mail: ernanelemes@yahoo.com

[4] Professor, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Brasil, e-mail: claudio@iciag.ufu.br

A cultura do algodoeiro se destaca pelo alto valor agregado do produto obtido, a pluma. Existem inclusive espécies silvestres de algodão que produzem fibras coloridas com tonalidades variando entre o verde e o marrom, fato que amplia a diversificação de usos dessa cultura. O mofo branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) é uma doença fúngica de grande importância para a cotonicultura, especialmente em áreas irrigadas, e principalmente pelas perdas que pode promover à lavoura algodoeira que ainda não possui registros de resistência entre as variedades disponíveis. O potencial de virulência dessa doença está relacionado à produção de oxalato, que é toxico para planta e compromete diretamente suas defesas, o que facilita o processo infeccioso. O objetivo deste estudo foi de avaliar diferentes genótipos de algodoeiro do Banco de germoplasma da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), através de sua reação ao ácido oxálico como uma forma indireta de determinar níveis de resistência ao mofo branco. Plantas de cinco genótipos de algodoeiro de pluma branca e cinco de pluma colorida do Banco de germoplasma da UFU, em estádio V2, foram decepadas na base da haste, inseridas em tubos de ensaio contendo solução de ácido oxálico (20 mM, pH 4,0) e mantidas em ambiente com clima controlado por 36h. Após esse período foi avaliada a reação de murcha nas hastes, conforme escala descritiva, em que foram atribuidas notas com base nos sintomas de murcha: 1 (sem sintoma de murcha visível), 2 (uma folha com sintoma de murcha visível), 3 (duas folhas com sintoma de murcha visível), 4 (três folhas com sintoma de murcha visível), 5 (murcha dos pecíolos) e 6 (murcha de toda a planta). Após este período os dados foram utilizados para composição da área abaixo da curva de progressão da murcha (AACPM). Os resultados foram submetidos à ANAVA, após atendimento das pressuposições do modelo, e as médias agrupadas por Skott-Knott a 0,05 de significância. Três agrupamentos de reação ao ácido oxálico puderam ser distintos entre os genótipos, no entanto, não puderam ser feitas distinções entre os genótipos de pluma branca ou pluma colorida no sentido de que no mesmo agrupamento existiram genótipos tanto de pluma branca quanto de pluma colorida. Foi observado apenas um genótipo de algodão de pluma branca (MAB1) com maior tolerancia à murcha causada por ácido oxálico, apresentando uma AACPM cerca de 160% inferior à dos genótipos mais afetados pelo ácido. A métodologia de absorção do ácido oxálico provou ser eficiente em distinguir genótipos de algodoeiro quanto à sua reação ao ácido oxálico, sendo uma metodologia eficiente para a diferenciação de genótipos presentes nos bancos de germoplasma quanto à suscetibilidade ao mofo branco, e portanto uma metodologia capaz de auxiliar programas de melhoramento que visem a obtenção de genótipos resistentes à *Sclerotinia sclerotiorum.*

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

BANCO DE DNA DE PLANTAS E PRODUTOS BIOTECNOLÓGICOS DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA: CONSERVAÇÃO DE MATERIAL GENÉTICO E DOCUMENTAÇÃO DAS INFORMAÇÕES

Sylvana P P Costa[1], Carolina Pamplona[2], Zilneide P S Amaral[3], Vânia C R Azevedo[4]

[1]Analista Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Genética Vegetal, Brasília, Distrito Federal, Brasil, sylvana.costa@embrapa.br

[2]Graduanda, Biomedicina, Uniceub, estagiária Embrapa Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Genética Vegetal, Brasília, Distrito Federal, Brasil.

[3]Técnica, responsável pelo Laboratório de Genética Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF zilneide.amaral@embrapa.br

[4]Pesquisadora Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Laboratório de Genética Vegetal, Brasília, Distrito Federal, Brasil, vania.azevedo@embrapa.br

O Banco de DNA de Plantas da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia vem sendo enriquecido com amostras de diferentes espécies de plantas de maneira sistemática e significativa desde sua criação, em 2009. As informações de cada acesso estão sendo registradas e organizadas no Portal Alelo. Bancos de DNA são importantes para estocagem de materiais genéticos para estudos futuros. Entretanto, para que seja realmente utilizada deve estar toda detalhadamente documentada e os dados de fácil acesso. Neste trabalho são apresentadas as ações de conservação e de organização e informatização das informações relativas aos materiais conservados no Banco de DNA Vegetal no portal Alelo. O trabalho de preparo e organização do material genético de plantas vem sendo realizado no Laboratório de Genética Vegetal da Unidade e teve início no ano de 2009. A conservação vem sendo realizada desde 2014 no prédio do Banco Genético recém construído. Atualmente o Banco de DNA conta com dois freezers -80^{o}C, e tem capacidade para 88.000 amostras. Foi feito um levantamento de cada indivíduo e todas as informações foram repassadas para uma Ata, onde constam os dados de identificação por tubo, quantidade, concentração do DNA e o código de localização que permite identificar em qual freezer, gaveta, estante, prateleira e caixa cada indivíduo se encontra. Após feito todo esse trabalho de identificação dos acessos, iniciou-se o registro das informações no Alelo, sistema de apoio às pesquisas em recursos genéticos desenvolvidas na empresa. Inicialmente, como os dados já estavam todos lançados em planilhas de Excel, foi feita uma adaptação destas planilhas e os dados foram exportados para o Alelo. Atualmente quando novas amostras são incorporadas ao banco, as informações são lançadas no próprio portal, por um funcionário habilitado, acessando com login e senha, preenchendo os campos manualmente. Os dados cadastrados são os de passaporte, os que descrevem as espécies e os dados que dizem respeito à cada indivíduo (concentração de DNA por tubo, volume e localização de cada tubo). A metodologia de incorporação dos dados de caracterização do DNA está sendo discutida, pois deverá atender não somente aos Bancos de DNA incorporados no sistema, mas a todas as coleções cujos acessos possuem essas informações de genética e biologia molecular. O Alelo foi lançado em dezembro de 2013 e desde então foram inseridos dados de 1.657 indivíduos do Banco de DNA Vegetal. O Sistema ainda está em fase de adaptação, definindo-se os descritores mais apropriados e a forma mais prática para se trabalhar. O Banco de DNA possui 14.262 indivíduos de 22 espécies, 2.767 marcadores moleculares microssatélites de 24 espécies, que poderão ser utilizados na caracterização molecular e mais 19 pares de *primers* de DNA *barcode*. Ainda, estão conservadas no Banco amostras de vetores e micro-organismos utilizados em atividades de biologia molecular como *Escherichia coli XL 1 Blue*, *pGEM-T easy vector*, *Pspot*, *Agrobacterium* e mais de dez vetores e construções possíveis de serem disponibilizadas para uso. O Banco apresenta uma boa representatividade considerando a diversificação de espécies e a quantidade elevada de indivíduos em seu acervo, com eficiente método de conservação de DNA, além de disponibilizar de forma organizada as informações de cada indivíduo, permitindo identificá-los e futuramente disponibilizá-los para o público externo.

Agradecimento: Embrapa

B - Recursos genéticos microbianos

194 PROSPECÇÃO DE MICRORGANISMOS SOLUBILIZADORES DE FOSFATO EM NEOSSOLO LITÓLICO DISTRÓFICO

Maria Laura Turino Mattos[1], **Christiane Abreu Oliveira Paiva**[2], **Noel Gomes Cunha**[1], **Ane Gerber Crochemore**[3], **Liane Aldrighi Galarz**[1]; [1]*Embrapa Clima Temperado - Brazil*, [2]*Embrapa Milho e Sorgo - Brazil*, [3]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

195 CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DA COLEÇÃO DE BACTÉRIAS AERÓBIAS FORMADORAS DE ENDÓSPOROS DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA

Paulo Henrique Rosa Martins[1], **Danilo Cavalcante**[1], **Flávia Porto Carreiro**[1], **Juliana Capella Orem**[1], **Marlene Teixeira De-Souza**[1]; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*

196 DIVERSITY AND ACTIVITY OF ISOLATED ENDOPHYTES ACTINOMYCETES FROM RESIDENT SPECIES IN SEMI-ARID NORTHERN MINEIRO

Jotta Novaes[1], **Eloan Mendes Vieira**[1], **Ronize Viviane Jorge Faria**[1], **Sérgio Avelino Mota Nobre**[2]; [1]*Universidade Estadual de Montes Claros - Brazil*, [2]*Fundação Universidade Federal de Viçosa - Brazil*

197 MODERNIZATION OF THE COLLECTION OF PATHOGENIC MICROORGANISMS FOR LIVESTOCK - PESAGRO-RIO, BRAZIL

Maíra Halfen Teixeira Liberal[1], **Eunice Ventura Barbosa**[1], **Helena Magalhães**[1], **Waldo Moreno Gonçalves**[1], **Alcir Das Graças Paes Ribeiro**[1], **Clarissa Varajão Cardoso**[2], **Rossiane de Moura Souza**[1];[1]*Empresa de Pesquisa Agropecuária do Estado do Rio de Janeiro - Brazil*, [2]*Universidade Federal Fluminense - Brazil*

198 MICROBIAL CULTURE COLLECTION AT EMBRAPA SWINE AND POULTRY: PROMOTING BASIC RESEARCH ON THERMOPHILIC CAMPYLOBACTER IN CHICKEN MEAT

Clarissa Silveira Luiz Vaz[1], **Daiane Voss Rech**[2], **Sabrina Duarte**[2], **Arlei Coldebella**[2], **Marjo Cadó Bessa**[3], **Catia Silene Klein**[1]; [1]*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Brazil*, [2]*Embrapa Suínos e Aves - Brazil*, [3]*Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul - Brazil*

199 PERFIL PLASMIDIAL E FILOGENIA DE LINHAGENS DA COLEÇÃO DE BACTÉRIAS AERÓBIAS FORMADORAS DE ENDÓSPOROS DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA

Juliana Capella de Orem[1], **Danilo Cavalcante**[1], **Paulo Henrique Rosa Martins**[1], **Flávia Porto Carreiro**[1], **Marlene Teixeira De-Souza**[1]; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*

200 UTILIDADE DAS REGIÕES POLIMÓRFICAS DO DNA PARA A MANUTENÇÃO DE CULTURAS CELULARES DE LEPTOSPIRA

Bárbara Couto Roloff[1], **Leonardo Garcia Monte**[1], **Sérgio Jorge**[1], **Thaís Farias Collares**[1], **Daiane Drawanz Hartwig**[1]; [1]*Universidade Federal de Pelotas - Brazil*

201 COMPARISON OF MATRIX-ASSISTED LASER DESORPTION/IONIZATION TIME-OF-FLIGHT MASS SPECTROMETRY (MALDI-TOF MS) AND PCR-RAPD AS POTENTIAL TOOLS TO DIFFERENTIATE SACCHAROMYCES CEREVISIAE STRAINS

Bruna Carla Agustini[1], **Sheila Canossa**[2], **Vitor Manfroi**[2], **Gildo Almeida da Silva**[1]; [1]*Embrapa Uva e Vinho - Brazil*, [2]*Universidade Federal do Rio Grande do Sul - Brazil*

203 AVALIAÇÃO DO USO DE ENZIMA DE RESTRIÇÃO EM DNA DE STREPTOCOCCUS DO GRUPO MUTANS EXTRAÍDO POR MÉTODO RÁPIDO

Handressa Magalhães Ferreira[1], **Vitelhe Ferreira Almeida**[1], **Jotta Novaes**[1], **Thaís Tiemi Yoshinaga**, **Anna Clara Azevedo Silveira**[1], **Fabiana da Silva Vieira Matrangolo**, **Sergio Nobre**; [1]*Universidade Estadual de Montes Claros - Brazil*

204 OBTENÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE MUTANTES DE TRICHODERMA HARZIANUM CFAM-422 VISANDO A SELEÇÃO DE LINHAGENS PRODUTORAS DE CELULASES E HEMICELULASES.

Jéssyca Soares Alencar[1,2], **Mariana Santos Tamietti**[3], **Jhessica Couto Araújo**[3,2], **Léia Cecília de Lima Fávaro**[2]; [1]*Centro Universitário de Brasília - Brazil*, [2]*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Agroenergia - Brazil*, [3]*Universidade de Brasília - Brazil*

205 USO DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE VÍRUS DE INSETOS PARA OBTENÇÃO DE BIOINSETICIDAS MAIS EFICAZES

Maria Elita Batista Castro[1], **Luis Arthur Versiane Santos**[2], **Samantha Kalil Araujo**[2], **Saluana Rocha Craveiro**[3], **Zilda Maria Ribeiro**[1], **Ana Cristina Gomes**[1], **Carlos Marcelo Soares**[4]; [1]*Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brazil*, [2]*Centro Universitário de Brasília - Brazil*, [3]*Universidade de Brasília - Brazil*, [4]*Instituto Mato-Grossense do Algodão - Brazil*

206

TRANSFORMAÇÃO MEDIADA POR *AGROBACTERIUM TUMEFACIENS* DO FUNGO *TRICHODERMA HARZIANUM* CFAM-422 VISANDO À CARACTERIZAÇÃO DE GENES PARA DESCONSTRUÇÃO DE BIOMASSA LIGNOCELULÓSICA.

Alyssa Fernandes Shimizu[1,2], **Gláucia Okida Midorikawa**[1,2], **Léia Cecília de Lima Fávaro**[2], **Paula M.d. Jaramillo**[2]; [1]*Universidade de Brasília - Brazil*, [2]*Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Agroenergia - Brazil*

10º SIRGEALC
Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

Resumos

Quarta-feira, 28 de outubro

B - Recursos genéticos microbianos

PROSPECÇÃO DE MICRORGANISMOS SOLUBILIZADORES DE FOSFATO EM NEOSSOLO LITÓLICO DISTRÓFICO

Maria Laura Turino Mattos[1]; Christiane Abreu Oliveira Paiva[2]; Noel Gomes da Cunha[3]; Ane Gerber Crochemore[4]; Liane Aldrighi Galarz[5]

[1] Eng. Agr., Doutor, Pesquisador, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, maria.laura@embrapa.br

[2] Eng. Agr., Doutor, Pesquisador, Embrapa Milho e Sorgo, Pelotas, RS, Brasil, christiane.paiva@embrapa.br

[3]Eng. Agr., Mestre, Pesquisador, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, noel.cunha@embrapa.br

[4] Química, Doutor, Centro de Desenvolvimento Tecnológico - UFPel, Pelotas, RS, Brasil, anecrochemore@gmail.com

[5] Química, Mestre, Assistente, Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, Brasil, liane.galarz@embrapa.br

O isolamento e a seleção microrganismos solubilizadores de fosfato que tolerem altas temperaturas de secagem nos processos de granulação dos fertilizantes organominerais e que possuam alta capacidade de produção de fitormônios e ácidos orgânicos, constituem-se em demandas atuais para a sustentabilidade de sistemas agrícolas, em especial para as culturas de milheto e milho que apresentam alta produtividade com nutrição mineral adequada. Esses microrganismos podem ser encontrados em diferentes classes de solos e rizosferas de plantas, como em Neossolos Litólicos que, caracterizam-se como solos jovens, bem drenados e com alto estoque de fósforo (P) na fração lábil. O objetivo deste trabalho foi prospectar microrganismos solubilizadores de fosfato de solo classificado como Neossolo Litólico Distrófico, em campo nativo da Estação Experimental Cascata da Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS, visando o enriquecimento de fertilizantes organominerais. Coletaram-se três amostras compostas de solo, na profundidade de 0-10 cm, e analisaram-se os atributos químicos. Para cada amostra preparam-se diluições decimais sucessivas de 10^{-1} a 10^{-7}, partindo de 10 g de solo em 90 mL de água destilada estéril colocada em um frasco Duran de 250 mL, sendo este agitado mecanicamente por 10 minutos. De cada diluição, semearam-se quatro placas no *Spiral Plater System*, utilizando-se o meio de cultura *Pikovskaya* (PVK), e foram incubadas a 32 °C por 72 h. Os isolados que apresentaram zonas claras ao redor das colônias foram purificados e preservados. Para a determinação da capacidade de solubilização de fosfato realizou-se novo cultivo, inoculando-se os isolados puros em placas contendo meio PVK, incubando-se a 32 °C e analisando-se as zonas claras aos sete de dias de incubação. Determinou-se a taxa do diâmetro total (TDT) (colônia + zona do halo)/(diâmetro da colônia) utilizando-se um paquímetro digital 6". O valor do pH do solo foi de 4,72, indicando ambiente ácido onde há predominância de crescimento fúngico e maior disponibilidade de P. Obtiveram-se dez acessos solubilizadores de fosfato, sendo duas bactérias e oito fungos. Os valores de TDT variaram de 1,12 a 2,81 mm de halo, sendo que as maiores TDT foram de 2,81 e 2,05 mm para um fungo e para uma bactéria, respectivamente. Os resultados indicaram que os solubilizadores de fosfatos insolúveis mais ativos em Neossolo Litólico Distrófico foi a população de fungos. Esses acessos estão preservados na Coleção de Microrganismos Multifuncionais de Clima Temperado e serão avaliados, posteriormente, nos processos de granulação de fertilizantes organominerais.

CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DA COLEÇÃO DE BACTÉRIAS AERÓBIAS FORMADORAS DE ENDÓSPOROS DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA

Paulo Henrique Martins[1]; Danilo Cavalvante[2]; Flávia Porto-Carrero [2]; Juliana Orem[2]; Marlene De-Souza[3]

[1]MSc. Genética e Biologia Molecular, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, ph.biomedicina@gmail.com

[2]MSc. Biologia Microbiana, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, danilo.ac9@gmail.com, fportocarreiro@gmail.com, julianacapella@live.com

[3]PhD. Biologia Molecular, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, marlts@unb.br

Em escassez de nutrientes, Bactérias aeróbias formadoras de endósporos (Bafes) – filo *Firmicutes* – são capazes de produzir uma estrutura de resistência denominada esporo, o produto final do evento de diferenciação celular do esporângio, denominada endoesporulação. Pré-esporos podem ser esféricos, ovais ou alongados (como os esporos), ter localização de central a terminal e deformar ou não o esporângio. Tais características são de grande importância para a classificação. As Bafes são ubíquas, representam a maior parte da microbiota de muitos ambientes, sendo o solo o principal reservatório. O esporo bacteriano é a célula mais resistente conhecida. Apesar de algumas espécies apresentarem potencial patogênico, as Bafes são amplamente empregadas no desenvolvimento de grande variedade de produtos biotecnológicos. A Coleção de Bactérias aeróbias formadoras de endósporo (CBafes) da UnB está localizada no Laboratório de Microbiologia e é especializada em linhagens isoladas do solo do DF (SDF) por choque térmico. Este acervo vem sendo inspecionado em abordagem polifásica que visa a integração de diferentes tipos de informações (fenotípicas, genotípicas e moleculares) para auxiliar na classificação robusta das espécies. O presente trabalho tem como objetivo a caracterização fenotípica de linhagens SDFs cultivadas em meio rico sólido a 28 °C e analisadas quanto a resposta ao Gram, atividade hemolítica, morfologias colonial e de células vegetativas, esporângios e esporos. A grande heterogeneidade de colônias com diferentes tamanhos e morfologias observadas refletem a diversidade encontrada na Coleção. No exame a fresco das células vegetativas com forma bacilar foi possível observar células isoladas, diferentes arranjos (pares, pequenas cadeias ou estreptobacilos) e esporos com formas ovais (44,64%), esféricas (35,71%) ou alongadas (19,64%), sendo os pré-esporos localizados em posições terminais (35,41%), subterminais (33,34%) ou centrais (31,25%) e apenas 9,89% deformam o esporângio. Como esperado, a quase totalidade (95%) é Gram positiva, o que foi confirmado pelo teste de viscosidade negativo utilizando células vegetativas misturadas a KOH 3% sobre uma lâmina. O teste com KOH negativo indica que a rígida parede celular, típica Gram positivas não são atacadas por esta base, impedindo o vazamento do conteúdo citoplasmático, tal como ocorre em Gram negativas que apresentam parede celular delgada e não oferecem resistência. As demais células (5%) se mostraram Gram variável, uma característica observada em algumas células com parede celular tipicamente de Gram positiva. A atividade hemolítica analisada a 28 °C demonstrou que 10,76% e 32,30% foram positivas, quando crescidas a 24 h e 48 h, respectivamente. A 37 °C em ambos os tempos foi observado um incremento e 56,92% e 60,76% foram positivas com 24 h e 48 h, respectivamente. Os resultados de atividade hemolítica obtidos sugerem um potencial patogênico dessas estirpes, que necessita de investigação adicional. Não há um padrão ouro para identificar e classificar microrganismos e esta é a principal razão da importância da abordagem polifásica. Historicamente, o fenótipo tem sido um critério importante na rotina de estudos taxonômicos e a descrição fenotípica um elemento obrigatório para a classificação de espécies bacterianas. Portanto, em conjunto com outros dados genotípicos e moleculares de nosso grupo, o presente trabalho teve como proposito auxiliar na sistemática das linhagens SDFs da CBafes.

DIVERSITY AND ACTIVITY OF ISOLATED ENDOPHYTES ACTINOMYCETES FROM RESIDENT SPECIES IN SEMI-ARID NORTHERN MINEIRO

Jotta Júnior Novaes[1]; Eloan Mendes Vieira[1]; Ronize Viviane Jorge de Faria[2]; Sérgio Avelino Mota Nobre[3];

[1]Graduation student in Biological Science, Unimontes, Montes Claros, Minas Gerais, Brazil,

jottanovaes@gmail.com

[2]Master's degree student in Health Science, Unimontes, Montes Claros, Minas Gerais, Brasil,

ronizeviviane@gmail.com

[3]Professor of Center of Biological Science and Health, Unimontes, Montes Claros, Minas Gerais, Brazil, sergio.nobre@unimontes.br

Endophytic bacteria are silent colonizers of internal tissues of plants, without, however, express alterations on substantial morphology or pathology, but can influence positively the vegetal adaptability components. Commonly associated at plants roots, is classified like part of rhizosphere. It helps in vegetal growth acting in biochemical cycle as biological control agents. Actinomycetes are bacterias, usually aerobic and Gram-positive, whose similarity is given by the form of filamentous arrangement and sporulation pattern like the conidia. It inhabits the soil, where usually penetrate the vegetal tissues of plants. Are commonly used in pharmacology like antibiotic substances against pathological microorganisms. This study was carried out in order of establish a collection of actinobacteria from recurrent plants in biomes on semi-arid weather in northern of Minas Gerais, for future evaluation of biopharmaceuticals production potential. The actinomycetes were isolated from integral and health leaves, using the methodology proposed by Wilkinson et al. (1989), with adaptations. It was used three culture media distinctly: Starch-Ammonia Agar (SAA), Starch-Nitrate-Casein (SCN) and M615 agar. It were obtained pure culture from the isolates morphologically distinct, they were characterized and identified to the gender level with Bergey's Manual and posteriorly conserved as -80°C. Using the superimposed cultive method, each isolate challenged another pathogenic microorganism to the human specie: *Staphylococcus aureus* ATCC 25105, *Streptococcus mutans* ATCC 25175, *Candida albicans* ATCC 10231 and *Candida tropicalis* CSP 11/09 from buccal cavity of malignant neoplasm carrier patients with irradiation history. Isolated who presented an antagonist activity was selected for the cultive and extraction of the metabolites. From cultivated colonies in broth Czapek Dox were made mycelia extract (extractor: ethyl alcohol) and the products in media (extractor: methyl acetate). The extract was dried at 40°C in the forced circulation incubator, which were made concentrated solutions for the inhibition bioassay on difusion disc. The results led to the recognizing of 18 genders of actinomycetes, were two of them presented antibiotic activity: Terrabacter sp. to S. Aureus and Nocardiopsis sp. to S. mutans. The better actinomycetes providers were the vegetal species *Vernonia polysphaera* and *Acrocomia aculeata*. The more efficient culture medium for isolation of actinobacteria was SAA.

MODERNIZATION OF THE "COLLECTION OF PATHOGENIC MICROORGANISMS FOR LIVESTOCK" - PESAGRO-RIO, BRAZIL

Maíra Halfen Teixeira Liberal[1]; Eunice Ventura Barbosa[2]; Helena Magalhães[1]; Waldo Moreno Gonçalves[3]; Alcir das Graças Paes Ribeiro[1]; Clarissa Varajão Cardoso[4]; Rossiane de Moura Souza[1]

[1] Veterinarian, PESAGRO-RIO. Centro Estadual de Pesquisa em Sanidade Animal. Alameda São Boaventura 770, Fonseca. Niterói, RJ, Brazil. - CEP 24120-191. e-mail: mairahalfen@gmail.com

[2] Biologist, Scholarship TCT FAPERJ / PESAGRO-RIO. Niterói, RJ, Brazil. e-mail: euniceventurabarbosa@hotmail.com

[3] Biologist, PESAGRO-RIO. Niterói, RJ, Brazil. e-mail: wmorenogoncalves@yahoo.com.br

[4] Veterinarian, Scholarship CAPES/MSc Student UFF/PESAGRO-RIO. Niterói, RJ, Brazil. e-mail: cacavc@terra.com.br

The State Center for Research in Animal Sanity - CEPGM, from the State Agricultural Research Company of Rio de Janeiro - PESAGRO-RIO, Brazil, keep, for more than three decades, the "Collection of Pathogenic Microorganisms for Livestock" – CMPAP. In it are preserved strains of bacteria isolated from animals searched in specific research projects, strains from animals diagnosed by diagnostic services, as well as samples of Reference Cultures Collections, Nationals and Internationals. It covers the major Genera of Microorganisms responsible for diseases in domestic animals of economic interest and or experimentation. The main objective for the modernization, and the technological and managerial readjustment of the CMPAP, initiated in January 2015, is the rescue and the recovery of the microorganism samples, as well as to the phenotypic and genotypic characterization of microbial strains. The CMPAP is linked to the Component Project "Microorganisms of interest for Agricultural Industry and Animal Production", belonging to the Microbial Network, from the Brazilian National Platform of Genetic Resources. The "Collection" is being restructured for its suitability to compose the new proposal led by National Research Center of Dairy Cattle, linked to the new Project "Institutional Collections of Microorganisms", submitted to the Microbial Genetic Resources Strand, of the Portfolio of Strategic Management of Genetic Resources for Food, Agriculture and Bio-Industry, of Embrapa. Composed of three Sub Collections (Gram-Negative Bacteria - GN; Gram-Positive Bacteria - GP; and Fastidious Bacteria - BF), bacterial strains that make up the CMPAP are being subjected to the Test of Feasibility of Bacterial Strains (TVCB), by sowing it in specific culture media, for each Sub Collection. With samples proved viable we will made subcultures to perform tests for Confirmation of the Identity of Bacterial Strain (CICB), using specific staining techniques for microscopy (bacterial morphology), cultivation in chromogenic media to presumptive diagnosis, and realization of specific biochemical tests for determination of each Bacterial Genus. The first results obtained up to June 2015 by each Sub Collection were: GN = 200 strains sown (*Escherichia coli*; *Escherichia hermannii*; *Serratia* sp.; *Aeromonas* sp.; *Aeromonas hydrophila*; *Chromobacterium violaceum*; *Salmonella* sp.; *Salmonella enterica* subsp enterica; *Klebsiella oxytoca*; *Citrobacter freundii*; *Enterobacter* sp.; *Morganella morganii*; *Pseudomonas* sp.; *Pseudomonas aeruginosa*; *Shigella* sp.; *Proteus* sp.; *Vibrio* sp.). GP = 565 strains sown (*Streptococcus* sp.; *Streptococcus agalactiae*; *Staphylococcus aureus*; *Staphylococcus* sp.; *Staphylococcus epidermidis*; *Corynebacterium* sp.; *Archanobacterium pyogenes*; *Enterococcus* sp.; *Enterococcus faecalis*). For BF = 176 strains sown (*Pasteurella multocida*; *Rhodococcus equi; Haemophillus somnus*; *Clostridium* sp.; *Clostridium chauvoei*). Now we have 941 bacteria strains under study and the viable samples will be stored at - 20°C for subsequent test for Confirmation of Identity. All strains stored that have their characterization confirmed will be cryo-preserved at - 80°C and freeze-dried, and we will catalogued it at the System Computerized of Microbial Collections from Embrapa by using the Managerial Program "ALELO".

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

MICROBIAL CULTURE COLLECTION AT EMBRAPA SWINE AND POULTRY: PROMOTING BASIC RESEARCH ON THERMOPHILIC *CAMPYLOBACTER* IN CHICKEN MEAT

Clarissa Silveira Luiz Vaz[1]; Daiane Voss-Rech[1]; Sabrina Castilho Duarte[1]; Arlei Coldebella[1]; Marjo Cadó Bessa[2]; Catia Silene Klein[1]

[1] Embrapa Swine and Poultry, Concordia, SC, Brazil. E-mail: clarissa.vaz@embrapa.br

[2] Pontifícia Universidade Católica do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brazil.

Brazilian culture collections play a critical role as sources of microorganisms for national scientific research. The microbial culture collection at Embrapa Swine and Poultry (CMISEA) has been preserving bacterial strains to promote the knowledge on avian health, including food safety issues. Today, thermophilic *Campylobacter* species are a leading cause of bacterial foodborne disease worldwide. The consumption of contaminated raw or undercooked chicken is associated with the majority of human campylobacteriosis cases. However, it is believed that refrigerated storage might reduce the number of viable *Campylobacter* cells in contaminated chicken at retail and domestic level. Therefore, this study aimed to describe the isolation of chicken-related thermophilic *Campylobacter* strains preserved at the microbial collection and the use of these strains to study the effect of refrigeration on the survival of *Campylobacter* in raw chicken. A total of 78 trays of fresh chicken portions packed on the same or previous day of sampling were obtained from local stores in southern Brazil from 2012 through 2015. At the laboratory, samples were analyzed using qualitative or quantitative bacteriological techniques. At least one presumptive *Campylobacter* colony was subcultured from each plate of selective bacteriological agar and further characterized by standard morphological and biochemical procedures. In total, 56/78 (71.8%) samples were found to be thermophilic *Campylobacter*–positive. A subset of 33 *C. coli* and 58 *C. jejuni* isolated strains were preserved in the culture collection. One *C.* coli strain was selected for analysis of survival in refrigerated chicken samples. Chicken pieces (2 by 2.5 cm^2) cut from drumsticks that previously tested negative for thermophilic *Campylobacter* were inoculated with an aliquot of *C. coli* suspension to give a final concentration of approximately 10^7 CFU/g based on the weight of each piece. Samples were analyzed after 0, 24 and 72 h of storage at 6°C (±1°C). Counts of *Campylobacter* on chicken pieces were determined by rinsing individual samples with 10 mL of 0.1% buffered peptone water, homogenized in a stomacher for 1 min and further serially diluted and plated onto modified charcoal cefoperazone deoxycholate agar. Plates were incubated at 41.5°C for 44 h (±4 h) in microaerobic atmosphere. The number of *C. coli* was expressed per milliliter of chicken piece rinses. In total, six replicates were carried out for each given time interval. The results revealed that refrigerated storage produced a slight reduction in *C. coli* from 5.38±0.06 to 4.92±0.13 $\log_{10}$ CFU/mL on chicken pieces over a 3-days period, although there was no significant difference at a given day. These findings indicate that refrigerated storage was not able to significantly reduce or eliminate *C. coli* from chicken meat samples, suggesting that special attention should be taken for consumer education, with focus on safe handling and proper cooking of chicken. Further studies on *Campylobacter* survival in chicken at different temperatures will be conducted at Embrapa Swine and Poultry with other preserved strains from the same microbial collection.

PERFIL PLASMIDIAL E FILOGENIA DE LINHAGENS DA COLEÇÃO DE BACTÉRIAS AERÓBIAS FORMADORAS DE ENDÓSPOROS DA UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA

Juliana Orem[1]; Danilo Cavalvante[1]; Paulo Henrique Martins[1]; Flávia Porto-Carrero[1]; Marlene De-Souza[2]

[1] MSc, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, julianacapella@live.com, danilo.ac9@gmail.com, ph.biomedicina@gmail.com, fportocarreiro@gmail.com

[5] PhD, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, marlts@unb.br

Bactérias aeróbias formadoras de endósporos (Bafes) – filo *Firmicutes* – são isoladas dos mais diversos ambientes onde têm papel essencial na ecologia. As Bafes são Gram positivas e apresentam baixo conteúdo G+C e parede celular muito rígida. Ainda que a endoesporulação seja a característica mais marcante do filo, a habilidade em formar esporos não está presente em todas as linhagens. Apesar de algumas espécies serem patogênicas para humanos, as Bafes são exploradas com sucesso em grande variedade de produtos biotecnológicos. Não obstante a grande importância, o conhecimento sobre Bafes é extrapolado a partir de estudos envolvendo espécies modelos, como o *B. subtilis* e três espécies de *B. cereus sensu lato* (*B. cereus sensu stricto*, *B thuringiensis* e *B. anthracis*). Originalmente, as espécies do grupo do *B. cereus são* distinguidas por características fenotípicas, porém a filogenia tem invalidado esta classificação, demarcada primariamente pela importância médica e biotecnológica do grupo. Muitos fenótipos específicos de algumas espécies de Bafes são tipicamente relacionados à presença ou ausência de plasmídeos de alta massa molecular, muitos desses conjugativos e estreitamente relacionados com os plasmídeos que codificam os fatores de virulência de espécies pertencentes ao grupo do *B. cereus*. Neste trabalho linhagens SDFs (Solo do DF) depositadas na Coleção de Bactérias aeróbias formadoras de endósporos (CBafes; UnB/Laboratório de Microbiologia) foram avaliadas por filogenia, baseada em sequências de rDNA 16S e perfil plasmidial. As sequências de genes de rDNA 16S, obtidas pelo método de Sanger e alinhadas pela ferramenta ClustalW foram utilizadas para a construção da árvore filogenética por máxima verossimilhança, com o auxílio do aplicativo MEGA 6.0. Apesar da dificuldade em romper a estrutura das resistentes paredes celulares de parte das linhagens SDFs com lisozima, a extração de DNA plasmidial por lise alcalina, seguida de purificação em colunas de afinidade, foi eficiente, como demonstrado por análise em gel de agarose, e revelou a presença de plasmídeos na maioria das estirpes. A árvore filogenética e os perfis plasmidiais resultantes destes estudos indicam uma grande diversidade de espécies depositadas na CBafes. Esses dados, também, corroboram outras características das linhagens SDFs, tais como as fenotípicas e moleculares, obtidas em paralelo pelo nosso grupo de pesquisa, por microscopia eletrônica de transmissão e espectrometria de massa MALDI-TOF, respectivamente.

UTILIDADE DAS REGIÕES POLIMÓRFICAS DO DNA PARA A MANUTENÇÃO DE CULTURAS CELULARES DE *LEPTOSPIRA*

Bárbara Couto Roloff[1]; Leonardo Garcia Monte[2]; Sérgio Jorge[2]; Thaís Farias Collares[2]; Daiane Drawanz Hartwig[3]

[1]Biotecnologista, mestranda do Programa de Pós-graduação em Biotecnologia, Centro de Desenvolvimento Tecnológico – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, barbararoloff@gmail.com

[2]Dr. em Biotecnologia, PPGB/CDTec - UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil

[3]Profª. Drª. em Biotecnologia, PPGB/CDTec - UFPel, Pelotas, Rio Grande do Sul, Brasil, daianehartwig@gmail.com

A soroaglutinação microscópica (MAT) é considerada o método padrão para o diagnóstico da leptospirose. Para a realização da MAT, os níveis de anticorpos antígenos-específicos presentes no soro do animal/humano com suspeita de leptospirose são confrontados com uma coleção de cepas vivas de *Leptospira*. As cepas que fazem parte desta coleção são previamente descritas para padronização do teste em todo o mundo. Porém, além destas cepas padrão é recomendada a adição de cepas de *Leptospira* originadas de isolados locais, pois sua prevalência varia de acordo com a região. Para manutenção da eficácia do diagnóstico da leptospirose, a avaliação das cepas que constituem as baterias de cultivos de *Leptospira* deve ser realizada periodicamente. Para a caracterização das leptospiras isoladas podem ser utilizados métodos imunológicos ou moleculares, utilizando anticorpos monoclonais, hibridização e sequenciamento de genes. Contudo, apesar da especificidade, são metodologias onerosas e pouco disponíveis. A técnica de VNTR (*Variable-Number Tandem-repeats*) se baseia na existência de regiões polimórficas no genoma de diferentes indivíduos de uma população, e para isso, utiliza a PCR (*Polymerase Chain Reaction*) e *primers* específicos para essas regiões em questão. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi verificar as regiões polimórficas do DNA de isolados de *Leptosira* utilizados na rotina de diagnóstico da leptospirose da região sul. Para tal, o DNA dos isolados de *Canis familiaris* (cão), *Cavia aperea* (preá) e *Hydrochaeris hydrochaeris* (capivara), oriundas do Laboratório de Imunodiagnóstico (Centro de Desenvolvimento Tecnológico – Universidade Federal de Pelotas) foi extraído utilizando kit comercial e, posteriormente, analisado por eletroforese em gel de agarose (1,5%). A seguir, a análise por VNTR foi realizada utilizando sete *primers* discriminatórios, flanqueando os *loci* VNTR4, VNTR7, VNTR9, VNTR10, VNTR11, VNTR19 e VNTR23. A reação de PCR baseou-se em um ciclo de 94˚C por 5 min, seguido por 35 ciclos de amplificação a 94˚C por 30 min, 55˚C por 30s, 72˚C por 1 min, e um último ciclo de 72˚C por 30 s. O produto da PCR (*amplicons*) foi analisado por eletroforese em gel de agarose, e o número de repetições estimado por comparação. Como controle positivo foi utilizado DNA previamente caracterizado de *Leptospira interrogans* cepa Fiocruz L1-130, e como controle negativo foi utilizado água ultrapura para PCR estéril. Para os três isolados, a análise por VTNR apresentou um padrão de amplificação dos sete *primers* em que foi possível confirmar as espécies inicialmente descritas como *Leptospira interrogans* sorogrupo Icterohaemorrhagiae, sorovar Icterohaemorrhagiae ou Copenhageni. Frequentemente os laboratórios de referência no diagnóstico de leptospirose realizam avaliações das cepas de *Leptospira* utilizando soros padrões para cada cepa (sorogrupagem). Além dessas ferramentas imunológicas, as estratégias moleculares podem fornecer informações adicionais para a manutenção desses antígenos, e podem ser uma alternativa às avaliações padrões. Em conclusão, as atividades de manutenção para o controle microbiológico podem ser complementadas por metodologias moleculares, uma vez que a integridade dos antígenos utilizado na MAT é extremamente importante para os laudos laboratoriais e eficácia do diagnóstico.

Agradecimentos: Os autores agradecem o CNPq e a FAPERGS pelo auxílio financeiro.

COMPARISON OF MATRIX-ASSISTED LASER DESORPTION/IONIZATION TIME-OF-FLIGHT MASS SPECTROMETRY (MALDI-TOF MS) AND PCR-RAPD AS POTENTIAL TOOLS TO DIFFERENTIATE *SACCHAROMYCES CEREVISIAE* STRAINS

Bruna Carla Agustini[1]; Sheila Canossa[2]; Vitor Manfroi[3]; Gildo Almeida da Silva[4]

[1] Farmacêutica, EMBRAPA, Bento Gonçalves, Rio Grande do Sul, Brasil, bruna.agustini@embrapa.br

[2] Enóloga, UFRGS, Bento Gonçalves, Rio Grande do Sul, Brasil, sheilacssa@gmail.com

[3] Agrônomo, UFRGS, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil, manfroi@ufrgs.br

[4] Biomédico, EMBRAPA, Bento Gonçalves, Rio Grande do Sul, Brasil, gildo.almeida@embrapa.br

Saccharomyces cerevisiae plays an important role in wine industry as the main yeast to conduct the vinification. This species besides being responsible for converting sugars into alcohol has also an essential function on the release of byproducts that enhance wine aroma and complexity. The presence and the levels of these byproducts in wine are specific of each strain, which impact directly in the product quality. The use of autochthonous yeast can increase wine typicity and this regional character can contribute with the achievement of Geographical Indications for wines. In this sense, it is important to discriminate the genetic variability of the strains used on winemaking in order to authenticate them and, consequently, ensure product quality. The objective of this work is to evaluate the use of MALDI-TOF MS and PCR-RAPD fingerprinting for the distinction of *Saccharomyces cerevisiae* strains. Five strains were used in this study. Four of them (1B84, 26B84, 91B84 and 1VVT97) belong to vineyards from Bento Gonçalves (RS, Brazil) and the last one is a commercial strain (K1, Lallemand). For PCR-RAPD analysis, primers $(GTG)_5$, $(GAC)_5$, $(GACA)_4$ and M13 were used to discriminate the strains. Gel electrophoresis were conducted on 1,5% agarose and the band pattern were used to cluster analysis. For MALDI-TOF MS, a protein extraction was performed for each strain and were deposited in triplicate to minimize random effects. A consensus spectrum was produced and a main spectra projection (MSP) dendrogram was constructed using the specific function present on Biotyper software (v. 3.0.1, Bruker Daltonics, Germany). Concerning the potential for discriminating between the five strains, the primer GACA was not able to distinguish between K1, 26B84 and 1B84. The remaining primers discriminated 91B84 from the other strains. The primer M13 produced three different profiles, differentiating K1 and 26B84 from 1VVT97 and 1B84; and 91B84 presented a pattern completely different from the others. No correlation between PCR-RAPD and MALDI-TOF MS clustering was found. MALDI-TOF MS spectra are mainly composed of ribosomal proteins and may allow a strain-specific typing based on phenotypes. The dendrogram constructed from the average spectra of the strains has discriminated the commercial strain, K1, from the other four strains isolated from South Brazil. PCR-RAPD is a widespread technique for investigating genetic variability and its potential were confirmed for the strains analyzed. In the other hand, MALDI-TOF MS appears to be a powerful tool for determining the distributions of the strains such as its geographic locations. The combining techniques might bring a higher discriminatory ability for strain authentication purposes. This study is being expanded to more strains from different geographical regions.

Acknowledgments: The authors would like to thank Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) and Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS).

AVALIAÇÃO DO USO DE ENZIMA DE RESTRIÇÃO EM DNA DE *STREPTOCOCCUS* DO GRUPO *MUTANS* EXTRAÍDO POR MÉTODO RÁPIDO

Handressa Magalhães Ferreira[1]; Vitelhe Ferreira de Almeida[1]; Jotta Junior Novaes[1]; Thaís Tiemi Yoshinaga[1]; Anna Clara Azevedo Silveira[1]; Fabiana da Silva Vieira Matrangolo[2]; Sérgio Avelino Mota Nobre[3].

[1] Acadêmicos de curso de Ciências Biológicas Bacharelado, Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Montes Claros, Minas Gerais, Brasil. dessamag.fer@gmail.com

[2] Professora Doutora - Laboratório de Epidemiologia e Biocontrole de Microrganismos, Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Montes Claros – Minas Gerais, Brasil. fabianasvm@gmail.com

[3] Professor Doutor - Laboratório de Epidemiologia e Biocontrole de Microrganismos, Universidade Estadual de Montes Claros – Unimontes, Montes Claros – MG, Brasil. sergio.nobre01@gmail.com

Um dos principais fatores microbianos relacionado à iniciação da doença cárie é a colonização da cavidade bucal por *Streptococcus* do grupo *mutans*, considerados os principais agentes etiológicos dessa doença. Conhecimentos sobre aquisição, colonização, estabilidade e identificação das rotas de transmissão dessas espécies podem ser essenciais no planejamento de sua prevenção. Vários métodos têm sido utilizados para diferenciar e identificar estes microrganismos, incluindo análises da morfologia das colônias, testes bioquímicos, métodos imunológicos e métodos genéticos. A variabilidade genética de microrganismos pode ser detectada por esses testes sendo que cada um apresenta vantagens específicas. Considerando que *S. mutans* é a causa de doença que afeta um grande número de pessoas, a busca por diferentes tipos de análise da diversidade genética desse organismo torna-se relevante. O objetivo deste estudo foi avaliar a compatibilidade do uso das enzimas de restrição BamHI, EcoRI e HindIII em DNA de *Streptococcus* do grupo *mutans* obtido pelo método de extração com tampão TE (Tris-HCl + EDTA), sem a necessidade de purificação. Foram inoculadas quatro cepas: duas cepas referência de *S. mutans* e *S. sobrinus* e dois isolados que tiveram comportamento divergente nos testes bioquímicos realizados, C26VP e C26VB. Estes são pertencentes à coleção do Laboratório de Epidemiologia e Biocontrole de Microrganismos da Universidade Estadual de Montes Claros (Unimontes), que se encontra em criopreservação à -80ºC. Tais cepas foram submetidas ao método de extração de DNA com tampão TE e os sobrenadantes foram submetidos à eletroforese em gel de agarose. As amostras foram incubadas com as enzimas de restrição mencionadas e, após duas horas de incubação a 37 ºC, foram submentidas a eletroforese e avaliadas. O método usado para a extração de DNA foi previamente testado e apresentou bom resultado, porém não foi bem sucedido nos testes com as enzimas de restrição. Além de não observamos bandas na análise do gel, para nenhuma das enzimas testadas, observou-se a degradação do DNA. Conclui-se que, para uso de enzimas de restrição, há necessidade de purificação do DNA desta forma eliminando a grande quantidade de RNA e outros contaminantes.

Agradecimentos a FAPEMIG, CNPq, UNIMONTES.

OBTENÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE MUTANTES DE *TRICHODERMA HARZIANUM* CFAM-422 VISANDO A SELEÇÃO DE LINHAGENS PRODUTORAS DE CELULASES E HEMICELULASES

Jéssyca S. Alencar[1]; Mariana S. Tamietti[2]; Jhéssica C. Araújo[3]; Léia C. L. Fávaro[4]

[1]Graduação em Ciências Biológicas, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB, Brasília, Distrito Federal, Brasil, jessyca.alencar@colaborador.embrapa.br

[2]Graduação em Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil, marianasantostamietti@gmail.com

[3]Graduação em Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil, jhessica.araujo@colaborador.embrapa.br

[4]Pesquisadora, Embrapa Agroenergia, Brasília, Distrito Federal, Brasil, leia.favaro@embrapa.br

A biomassa lignocelulósica pode ser utilizada para a produção de biocombustíveis e químicos renováveis. No entanto, um dos principais desafios para seu aproveitamento é o aumento da eficiência de hidrólise enzimática. Isto pode ser obtido, por exemplo, por meio da obtenção de microrganismos capazes de produzir enzimas em concentrações elevadas e de serem cultivados em substratos de baixo custo. Diferentes estratégias de melhoramento genético de fungos têm sido utilizadas visando aumento da produção de enzimas para conversão de biomassa lignocelulósica. Neste contexto, este trabalho iniciou um programa de melhoramento por mutação/seleção recorrente de *T. harzianum* CFAM-422, visando à seleção de linhagens melhoradas quanto à produção de enzimas celulolíticas e hemicelulolíticas. A linhagem fúngica, isolada do bioma Amazônico, foi submetida a um primeiro ciclo de mutagênese com ultravioleta. Para tanto, 10^6 conídios/mL foram tratados com ultravioleta para obtenção de taxa de sobrevivência entre 1 e 5% e as células foram inoculadas em meio completo e em meio mínimo contendo carboximetilcelulose, Avicel, xilana e pectina. A biblioteca de prováveis mutantes foi caracterizada em testes em duplicata, utilizando a avaliação semi-quantitativa do índice enzimático nos substratos carboximetilcelulose, pectina e xilana, bem como a avaliação da taxa de crescimento no substrato Avicel. Linhagens promissoras foram selecionadas, purificadas para obtenção de culturas monospóricas e então reavaliadas do mesmo modo, porém em experimentos com 10 repetições. Linhagens selecionadas foram submetidas a um segundo ciclo de mutagênese com etilmetanossulfonato (10^6 conídios/mL tratados com EMS 10%, de modo a obter entre 1 e 5% de sobrevivência). A nova biblioteca de mutantes foi avaliada em duas etapas, conforme descrito anteriormente. Alguns mutantes selecionados foram caracterizados quanto à identidade genética por meio de marcadores moleculares RAPD. No primeiro ciclo de mutagênese com ultravioleta foi obtida uma biblioteca de 1047 linhagens. Dentre estas, 454 linhagens foram avaliadas quanto ao índice enzimático e taxa de crescimento e 2 linhagens (TA127 e TA99) foram selecionadas. No segundo ciclo de mutagênese com etilmetanossulfonato foram obtidas 205 linhagens provenientes do parental TA127 e 305 linhagens provenientes do parental TA99. Após a primeira etapa de triagem foi possível selecionar 32 linhagens provenientes do parental TA127 e 20 linhagens provenientes do parental TA99, as quais apresentaram índice enzimático e taxas de crescimento superiores em Avicel, Carboximetilcelulose e Pectina. Estas foram reavaliadas em testes com 10 repetições, e um total de 12 mutantes foram selecionados: 7A43, 7A47, 7A49, 7D23 em Avicel, 7A33, 7A38, 7A54, 7C30 em CMC, 9A6, 9E20, 9E57 e 9C53 em Pectina (6,694±0,194 - 7,156±0,297 - 7,238±0,116 - 6,581±0,356 - 1,529±0,051 - 1,706±0,152 - 1,518±0,053 - 1,530±0,085 - 4,713±0,133 - 4,263±0,116 - 4,481±0,080 - 4,400±0,108 respectivamente) como superiores aos parentais TA127 (4,760±0,122; 1,414±0,073; 1,083± 0,014) e CFAM-422 (5,430±0,164; 1,417±0,126; 4,157±0,106). A identidade genética de 4 mutantes melhorados (7A33, 7A49,7A38 e 7C19) foi investigada por meio de marcadores RAPD, em comparação com os parentais. De 23 oligonucleotídeos avaliados, 17 (OP-A03, OP-A13, OP-A18, OP-A 07, OP-A 09, OP-A10, OP-C02, OP-C06, OP-C07, OP-C08, OP-C11, OP-P03, OP-P06, OP-P07, OP-P15, OP-P19 e OP-X01) produziram perfil de amplificação de bandas adequado para análise e confirmaram a identidade genética das linhagens. A estratégia utilizada para obtenção de mutantes tem sido satisfatória e obteve-se até o momento uma biblioteca de 1558 linhagens. Os mutantes selecionados estão sendo avaliados quanto à produção de enzimas em cultivo submerso e espera-se obter linhagens com produção enzimática superior para aplicação na desconstrução de biomassa.

Agradecimentos: Embrapa

USO DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE VÍRUS DE INSETOS PARA OBTENÇÃO DE BIOINSETICIDAS MAIS EFICAZES

Maria Elita B. Castro[1]; Luis Arthur V. M. Santos[2]; Samantha K. Araujo[2]; Saluana R. Craveiro[3]; Zilda Maria A. Ribeiro[1], Ana Cristina M. M. Gomes[1], Carlos Marcelo S. Soares[4]

[1]Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, elita.castro@embrapa.br;

[2] Biólogo, UniCEUB, Brasília, DF, Brasil; [3]Bióloga, UnB, Brasília, DF, Brasil;

[4]Biólogo, Instituto Mato-Grossense do Algodão, Cuiabá, MT, Brasil

O maior grupo de vírus de insetos são os baculovirus pertencentes à família Baculoviridae. Esses vírus são encontrados na natureza e, por apresentarem elevada especificidade e patogenicidade em seus hospedeiros, em sua maioria lepidópteros, são amplamente utilizados como inseticidas virais. São vírus de DNA fita dupla, com genomas de 80 a 180 kb e com alta diversidade genética. Essa variabilidade pode ser causada por recombinações genéticas que, frequentemente, exibem variações no fenótipo, particularmente relacionadas à patogenicidade, rapidez de ação do vírus e produção de partículas virais. Portanto, essas variações podem ser vantajosas para o uso de baculovirus como agentes de biocontrole. Diversos representantes desses vírus de insetos coletados em plantações de campo estão armazenados na Coleção de Vírus de Invertebrados (CVI) da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Estes estão sendo estudados pelo grupo de pesquisa com o objetivo de conhecer a variabilidade genética existente em diferentes populações de vírus e entre isolados de uma mesma espécie viral e fazer uso das variações genéticas favoráveis para obtenção de fenótipos com características inseticidas mais eficazes no controle de pragas de importância agrícola no Brasil. Como parte deste estudo, isolados virais obtidos de larvas infectadas de Helicoverpa armigera e Chrysodeixis (Pseudoplusia) includens, pragas que atacam culturas como algodão, soja e milho, estão sendo analisados quanto à variabilidade genética e infectividade em seus hospedeiros naturais. Dentre os isolados de Helicoverpa armigera nucleopolyhedrovirus (HearNPV) testados por bioensaios, utilizando 1x107 poliedros/ dieta, o isolado HearNPV-MT5 foi o mais patogênico, apresentando 100% de larvas mortas após o 7º dia de infecção. Este isolado (HearNPV-MT5) e um isolado (PsinSNPV-IE) patogênico a C. includens, analisado em estudos anteriores, estão em fase de avaliação para determinação da concentração viral adequada (CL50) para testes de aplicações em campo. DNAs de cinco isolados de HearNPV (-MT1 a –MT5) purificados por extração com fenol-clorofórmio-álcool isoamílico e precipitação com etanol absoluto foram clivados com as enzimas de restrição BamHI, EcoRI, HindIII e PstI e analisados por eletroforese em gel de agarose 1%. Diferentes perfis de restrição foram gerados com presença de fragmentos submolares, demonstrando a existência de variantes genotípicos na população estudada. Em continuidade, essa variação genética será sendo avaliada pela detecção polimorfismos nos fragmentos de restrição analisados (RFLP) e pela relação filogenética entre os isolados virais em estudo. A ocorrência de variações genotípicas pela duplicação de genes, inserções e/ou deleções em DNAs de isolados naturais é um evento que favorece o aumento da diversidade em populações de vírus, o que vem sendo bem demonstrado na literatura.

Agradecimentos: Embrapa, IMAmt, UnB, FAPDF, CNPq, CAPES.

TRANSFORMAÇÃO MEDIADA POR *AGROBACTERIUM TUMEFACIENS* DO FUNGO *TRICHODERMA HARZIANUM* CFAM-422 VISANDO À CARACTERIZAÇÃO DE GENES PARA DESCONSTRUÇÃO DE BIOMASSA LIGNOCELULÓSICA

Alyssa M. F. Shimizu[1]; Gláucia E. O. Midorikawa[2]; Paula M. D. Jaramillo[3]; Léia C. L. Fávaro[4]

[1]Graduação em Biotecnologia, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, alyssa.maria@colaborador.embrapa.br

[2]Pós-doutorado, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, Brasil, glaucia.midorikawa@colaborador.embrapa.br
[3]Pós-doutorado, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, Brasil, paula.jaramillo@colaborador.embrapa.br

[4]Pesquisadora, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF, Brasil, leia.favaro@embrapa.br

A biomassa lignocelulósica pode ser utilizada para a produção de biocombustíveis e químicos renováveis. No entanto, um dos principais desafios para seu aproveitamento é o aumento da eficiência de hidrólise enzimática. Isto pode ser obtido, por exemplo, por meio de microrganismos capazes de produzir enzimas em concentrações elevadas e de serem cultivados em substratos de baixo custo. A Embrapa Agroenergia está realizando o melhoramento genético de *T. harzianum* CFAM-422, visando alcançar maiores níveis de produção de enzimas celulolíticas. Como parte deste programa de melhoramento genético, a adaptação de protocolos de transformação genética visando a manipulação de genes de interesse é essencial. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi estabelecer um protocolo de transformação genética mediada por *Agrobacterium tumefaciens* para *T. harzianum* CFAM-422 e obter uma biblioteca de transformantes visando à identificação de genes envolvidos na produção de enzimas lignocelulolíticas. Inicialmente, células de *A. tumefaciens* EHA105 carregando o vetor pFAT-gfp foram crescidas em meio YEP contendo espectinomicina e rifampicina (100 µg/mL e 100 µg/mL, respectivamente). Esta cultura foi ajustada para uma densidade ótica de 0,15 (600 nm) com meio de indução líquido suplementado com acetosiringona (200 mM) e incubada até atingir densidade ótica de 0,6 (600 nm). Esta suspensão de células foi misturada (1:1) com uma suspensão de conídios (10^6 conídios/mL). Alíquotas desta mistura foram espalhadas sobre discos de membrana de nylon (0,45 µm) em meio de indução sólido suplementado com 200 mM de acetosiringona. Placas de co-cultivo sem acetosiringona foram utilizadas como controle. Após co-cultivo a 25°C por 48h na ausência de luz, as membranas foram transferidas para meio seletivo PDA contendo higromicina B (100 µg/mL) e cefoxitina sódica (200 µg/mL). As placas foram incubadas por 7-20 dias a 28°C, até o surgimento de colônias resistentes a higromicina B. Os transformantes obtidos foram purificados e preservados. A estabilidade genética dos transformantes foi avaliada após repicagens sucessivas em PDA na ausência do agente seletivo. A confirmação da transformação foi realizada por PCR, por meio da amplificação do gene que confere resistência a higromicina B. A amplificação das regiões que flanqueiam a inserção do T-DNA foi realizada pela técnica TAIL-PCR. Os resultados mostraram que transformantes resistentes a higromicina B podem ser obtidos utilizando conídiosnão germinados como material inicial. Um total de 618 transformantes foi obtido, sendo que o número de transformantes por placa variou de 1 a 20, em um total de 164 placas. Os testes de estabilidade genética de 20 transformantes revelaram que 45% mantiveram a capacidade de crescer na presença de higromicina B após 10 repicagens sucessivas na ausência deste antibiótico. A transformação foi confirmada por PCR para 15 transformantes, a partir da amplificação de um fragmento de 600 pb, correspondente ao gene de resistência a higromicina B. Foi possível obter produtos de amplificação das regiões que flanqueiam o T-DNA dos transformantes de número 129, 236 e 250. Neste trabalho, foi possível adaptar um protocolo de transformação mediada por *Agrobacterium* para *T. harzianum* CFAM-422 e obter uma biblioteca de transformantes que poderá ser caracterizada para descoberta de genes de interesse envolvidos na produção de enzimas lignocelulolíticas.

Agradecimentos: CNPq e Embrapa.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

10º SIRGEALC

Simpósio de Recursos Genéticos para a América Latina e o Caribe

PALESTRAS

DESARROLLO DE BIOPESTICIDAS BASADOS EN LAS TOXINAS DE *BACILLUS THURINGIENSIS* CON INTERÉS PARA LA SALUD

Mario Soberón[1]; Alejandra Bravo[1, 2]

[1] Instituto de Biotecnología. Universidad Nacional Autónoma de México. Apdo. postal 510-3, Cuernavaca 62250, Morelos. México.

[2] bravo@ibt.unam.mx

Las proteínas insecticidas de cristal (toxinas Cry) de *Bacillus thuringiensis* (Bt) se utilizan ampliamente en el control de diferentes plagas de insectos y vectores de enfermedades humanas. Las toxinas Cry son proteínas modulares compuestos por tres dominios conectados por conectores simples. En esta presentation vamos a resumir los hallazgos recientes sobre el mecanismo de acción de estas toxinas. Las toxinas Cry interactúan con múltiples moléculas receptores que conducen a la formación de un poro en las membranas de los insectos susceptibles. Se ha propuesto una participación secuencial de estas moléculas receptoras para inducir la inserción de la toxina en la membrana. En los insectos lepidópteros, las toxinas Cry interactúan con un receptor cadherina que induce la oligomerización de la toxina, los oligómeros de toxina se unen con alta afinidad a receptores específicos tales como aminopeptidasa N (APN) y fosfatasa alcalina (ALP), que están ancladas a la membrana por un lípido glucosil-fosfatidil-inositol (GPI). La interacción con proteínas de APN y AlP es importante para la inserción del oligomero de toxina en la membrana formando un poro que mata a las células del insecto. En el caso de las toxinas Cry activas contra mosquitos vamos a presentar los últimos avances en la caracterización de los receptores donde proteinas ancladas por GPI también están implicadas. La estructura conservada de las toxinas Cry y la similitud en las moléculas receptoras caracterizadas tienden a sugerir que el mecanismo de acción es similar en diferentes insectos. El caso de las toxinas activas contra mosquitos es muy interesante ya que Bt subsp. israelensis (Bti) produce dos tipos diferentes de toxinas, proteínas Cry y Cyt, que en conjunto muestran un efecto sinérgico en su toxicidad contra los mosquitos. Cyt1Aa también supera la resistencia a insectos a toxinas Cry. Hemos encontrado que el mecanismo molecular del sinergismo implica la interacción de estas dos toxinas. Vamos a presentar datos que muestra que Cyt1Aa sinergiza o suprime la resistencia a las toxinas Cry al funcionar como un receptor unido a la membrana. Bti es una bacteria patógena muy eficaz ya que produce una toxina y también su receptor funcional, promoviendo la unión de la toxina a la membrana causando alta toxicidad. Hemos utilizado diferentes cepas de Bt para formular un producto mosquitocida altamente eficaz para el control de larvas de mosquitos. Este producto se llama Btmosquito esta compuesto de gránulos flotantes que atraen a las larvas. Presenta una duración de dos meses sin disolverse en el agua, es muy eficaz ya que mata todas las larvas en un período de 24h. Está diseñado para uso doméstico. Registro SSA No. RSCO INAC - 0105 - 0106 - 005 a 05, el registro COFEPRIS. Esta tecnología ya ha sido escalada y validada a través de ensayos de campo en los estados de Morelos y Yucatán, con resultados positivos, lo que demuestra que nuestra formulación tiene una mayor eficacia, durabilidad y resistencia a la rotación de agua con respecto a otras formulaciones a base de Bti.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

SVALBARD GLOBAL SEED VAULT - AND ITS ROLE IN GLOBAL FOOD SECURITY.

Åsmund Asdal[1]

[1] Environmental Scientist, Master in Horticulture, Nordic Genetic Resource Center, Alnarp, Sweden, asmund.asdal@nordgen.org.

The Svalbard Global Seed Vault (SGSV) provides a safety net for the international conservation system of plant genetic resources (PGR). The aim is to contribute to the securing of genetic diversity of importance to humanity for the long term. These goals are confirmed in the agreement between the three parties that are responsible for the operation of the Vault; the Norwegian Ministry of Agriculture and Food, the Crop Trust and The Nordic Genetic Resource Center (NordGen). Plant genetic material held by gene banks and institutes all over the world is instrumental for plant breeding, and perhaps the most vital resource for increasing global food production. The Vault was constructed due to the fact that many gene banks all over the world over the years have lost valuable genetic resources because of nature disasters, riots or war activities or simply due to economic constraints. Gene banks and institutes that have duplicated their collections at Svalbard will be able to rebuild their collections with seeds that can be returned from SGSV. By august 2015 the number of accessions conserved in the SGSV is 864,309. These seed accessions have been deposited from 63 different gene banks or research institutes. The genetic resources in the Vault originate from 232 countries. 5103 species from 943 genera are currently represented in the Vault. Wheat and rice are the two species that have the most numerous collections with approximately 150,000 accessions each. Despite this rather comprehensive collection there are still big parts of global plant genetic resources that are not sufficiently duplicated and conserved in the Vault. The operating parties encourage all holders of unique PGR to make use of the opportunity to duplicate their material at SGSV. Use of space for backup copies of plant cultivars, breeding lines, crop wild relatives and genetic stocks in the Vault is offered free of charge for the depositors. Seed material is shipped in sealed boxes and stored in dry conditions at minus 18^{o} C in the Vault, which are the same storing conditions as a majority of gene banks. The seeds are stored under black box conditions, which means that the depositor retain full ownership and all rights to the material. The boxes will not be opened by SGSV staff, and only the depositor institutes will have access to the material. More information about SGSV, including information to potential depositors and current content in the Vault can be seen on the webpage http://www.nordgen.org/sgsv/index.php?page=welcome

EL SISTEMA AGRO-ALIMENTARIO MESOAMERICANO PRECOLOMBINO: ORIGEN, DIVERSIFICACIÓN Y DIFUSIÓN DE SUS RECURSOS FITO-GENÉTICOS

Daniel Zizumbo Villarreal [1]

[1] Unidad de Recursos Naturales, Centro de Investigación Científica de Yucatán, México. zizumbodaniel@gmail.com

En Mesoamérica se desarrolló un sistema agro-alimentario complejo alrededor del maíz, el frijol y la calabaza, el cual constituyó la base de grandes culturas precolombinas. A este sistema se integraron más de 150 plantas cultivadas. Aún es tema de debate en dónde, cómo y quiénes generaron este sistema, así como las rutas de su difusión. En este trabajo buscamos contestar estas preguntas, integrando las evidencias paleo-ecológicas, arqueológicas, etnobotánicas y moleculares más recientes. Las evidencias paleo-ecológicas señalan que a finales del Pleistoceno e inicios del Holoceno arribaron a Mesoamérica grupos humanos que modificaron el paisaje de las selvas secas caducifolias del sur y oeste de Mesoamérica con el fuego asociado a la caza, favoreciendo algunas especies pioneras que respondieron a la selección y manejo humano y que resultaron domesticadas. Los registros arqueo-botánicos indican que el maíz y la calabaza habían sido domesticados hace cerca de 9,000 años y fueron llevadas a Suramérica hace cerca de 7,000 años. Evidencias arqueológicas y etnobotánicas indican que estos grupos humanos pudieron estructurar un sistema agro-alimentario complejo, con complementariedad nutricional y ecológica, utilizando técnicas ya disponibles durante su ingreso a América: el fuego, las piedras quebradoras-moledoras, los fogones y los hornos bajo tierra. Los registros arqueo-botánicos indican que el asentamiento temprano en nuevos ambientes fue favorecido por la diversificación, bajo selección humana, de los recursos genéticos. La similitud y la complejidad de las herramientas líticas arcaicas y la cerámica del formativo temprano entre el oeste mesoamericano y el sur de Ecuador sugieren relaciones culturales antiguas. Los registros arqueológicos y etno-históricos señalan que al momento del contacto europeo, los recursos fitogenéticos mesoamericanos habían sido difundidos a un gran número de ambientes suramericanos y norteamericanos. Se puede concluir que el sistema agro-alimentario Mesoamericano, se estructuró alrededor de especies favorecidas por el fuego, que respondieron positivamente a la selección y al manejo humano. La difusión de sus elementos se realizó tempranamente a través del Istmo Panameño. La alta diversidad de recursos fito-genéticos generados ha sido fundamental para desarrollar la agricultura moderna y son de gran relevancia para enfrentar los actuales cambios ambientales.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

VAVILOV AND VIR EXPLORATION OF LATIN AMERICA AND CARIBBEAN REGION

Igor G. Loskutov[1, 2]

[1] N.I.Vavilov Institute of Plant Genetic Resources, St-Petersburg, Russia, i.loskutov@vir.nw.ru.

[2] St-Petersburg State University, St-Petersburg, Russia.

In his work Vavilov concentrated much effort and energy on the collecting and study of plant genetic resources. He personally led expeditions to more than 50 countries in Asia, Africa, Central and South Americas, and collected a great number of seed samples of different crops. The collecting missions by Vavilov and his researchers involved not only crop explorations, seed collecting, gathering ecological information and studies of cultivation techniques, but also a geographical, historical and archaeological description of these countries and provinces. The numerous samples delivered by collecting missions were subjected to testing and evaluation according to a unified pattern at the Institute's experimental stations located in different climatic zones. The data resulting from the collecting of plant species and their complex study formed the basis of Vavilov's numerous papers and theories. Vavilov visited the American continent three times, in 1920, 1930 and 1932-33, and on two of these visits he explored territories of the Central and South Americas. In autumn 1930 Vavilov started implementing the plan of collecting missions in southern states of the USA, Mexico, Guatemala and Honduras. Vavilov's major tasks were to collect plant material and to identify the Primary Centers of species and variety formation for the major cultivated plants of America. The great diversity of endemic species of cultivated plants that initially originated in North America turned out to be associated with the exceptionally limited territory of Central America, consisting of southern Mexico, Guatemala, Honduras, EI Salvador, Nicaragua, Costa Rica and Panama. As a result of such explorations Vavilov wrote: “The investigators mainly used plants within the limits of the tropics and the mountain areas where the first civilizations of ancient America settled. The enormous stores of plants that are concentrated in the tropical regions of Central America and South America are still not fully known to man. Some 10,000 unique species are characteristic of the floras of Brazil, Peru, Venezuela and Colombia”. In 1932-33 Vavilov visited Puerto Rico, Cuba, the Yucatan Peninsula in Mexico, the western coast of Central America, as well as Ecuador, Peru, Bolivia, Chile, Argentina, Uruguay, Brazil and the Island of Trinidad. Explorations in North, Central and South Americas from August 1932 to February 1933 resulted in a multitude of new plant materials delivered to VIR. In Argentina, a complete set of cereal crop cultivars was acquired. For the first time a number of new cultivated plant forms endemic to Peru, Bolivia, Ecuador, Salvador, Brazil and Trinidad were collected and delivered. In that time many Vavilov’s colleagues visited different countries of South America. In the 1950-s and later on, numerous VIR expeditions explored territories of Central and South American countries. At present, the global VIR collection of plant genetic resources contains thousands of accessions collected in the Latin America and the Caribbean region by Vavilov and his colleagues.

Acknowledgements: This publication was supported by the Russian Scientific Foundation Project No. 14-16-00072.

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

ÍNDICE DE AUTORES

A

Abdelnour, A. 30
Abelardo Osorio 77
Adeliano Cargnin..... 121
Adielle Rodrigues da Silva 270
Adillio Luiz de França..... 111, 113
Adriana dos Santos de Oliveira 120
Adriana Mércia Guaratini Ibelli..... 44, 50
Adriana Rocha Franco da Silva 288
Adriane Leite do Amaral 125
Adrielle Naiana Ribeiro Soares 306
Adson Leonardo Mendes Souza 111, 113
Afonso R. G. Pinto 146
Alan Fontes Barres 302
Alane Emelly da Silva Lemos 51
Alcalá, Gabriela..... 72
Alcemir da Silva Marques Jr. 22, 36
Alcir das Graças Paes Ribeiro 318
Alejandra Bravo..... 328
Alejandra Calvete 80, 81
Alejandro Caro 95
Alejandro F. Barrientos Priego..... 208
Alejandro Perticari..... 91
Alessandra Pereira Fávero 252, 289
Alex A. T. Cortes de Sousa 196
Alex Damero Hardtke..... 267
Alexandre Cristiano Santos Júnior 166, 171
Alexandre Floriani Ramos..... 46, 47, 195, 197, 198
Alexandre Luiz Tessmann..... 44
Alexandre M. Sebbenn 135
Alexandre Pio Viana..... 33, 191
Alexandre Ramos Floriani..... 48
Alexandre Rodrigues Caetano 48
Alexandre Terracciano Villela..... 165
Alexandre Visconti 188
Alexssandra Dayane Soares de Campos..... 186
Alfredo do Nascimento Junior..... 224
Álida Siqueira Perrucho Mittaraquis 190
Aline Pacheco 55
Aline Sasso 268
Aline Silveira Cardoso Oliveira..... 305
Alineaurea Florentino Silva..... 226
Alison Fernando Nogueira..... 272
Alisson Luiz Pagnussatt..... 250, 259
Alline Morais Silva..... 288
Almir Rogério Evangelista de Souza..... 183, 222, 223
Alonso A. Silva..... 131
Aluana G. Abreu..... 246
Aluana Gonçalves Abreu..... 73
Álvarez, V..... 30
Alynne Regina N. Alves Maciel..... 230
Alyssa M. F. Shimizu 326
Amanda Beschorner 249
Amaury Martín Arzate-Fernández..... 37
Amistrong Mafaldo..... 158
Ana Abdelnour 23
Ana Alzate-Marin..... 66
Ana C. B. Freias 55
Ana Carolina de Oliveira Alves 184
Ana Carolina M. G. Silva..... 88
Ana Cecília Ribeiro de Castro..... 155
Ana Cláudia de Lima Silva 74, 108
Ana Cristina Krolow 34, 255, 258, 267
Ana Cristina M. M. Gomes 325
Ana Cristina Mazzocato..... 106, 107, 247, 302
Ana Cristina Richter Krolow..... 237
Ana Ferreira 299
Ana Flávia do N. Dias..... 206
Ana González..... 32
Ana Letícia Sirqueira Nascimento 297
Ana Lilia Alzate-Marin 168
Ana Paula de Queiroz..... 163
Ana Paula Noronha 164
Ana Veruska Cruz da Silva 190, 297, 306
Anádria Stéphanie da Silva 229
Ananda V. Aguiar 133, 135
Anderson Luiz Alves..... 195
André de Gusmão Chudzik 272
Andre Hildebrandt Noronha..... 301
André Rodolfo de Oliveira Ribeiro..... 229
Andréa Alves do Egito..... 197
Andréa del Pilar de Souza Peñaloza..... 285
Andrea Martina Clausen..... 31
Andréa Mittelmann 124, 184, 259, 298
Andrea P.S. Peñaloza 265
Andressa Leal Generoso..... 308
Andrezza Arantes Castro..... 109
Ane Gerber Crochemore 315
Anelise Hagemann 115, 129
Anete Pereira de Souza 289
Ângela Celis de Almeida Lopes..... 263, 303
Angela Elis Schneider..... 307
Angélica Halfen 184, 298
Angélica Leonel Coleto..... 131
Angélica Neugebauer Voigt..... 141
Anísio Lima Neto..... 54, 201
Anna Clara Azevedo Silveira..... 113, 199, 323
Anne Ramos de Santana..... 180, 192
Antônia Maria de Cássia Batista de Sousa..... 303
Antonieta N. Salomão 148, 150, 151, 152
Antonio Costa de Oliveira..... 35
Antonio Nascim Kalil Filho 245
Antonio Sabino Neto da Costa Rocha..... 73
Antonio W. Moita 178
Aparecido Lima da Silva..... 291
Argüello, F. 30
Ariel Dotto Blind..... 179
Arione da Silva Pereira 170, 280
Arjen ten Have 31
Arlei Coldebella 319
Arteaga-Garibay Ramón I. 94
Arthur da Silva Mariante..... 44, 46, 48, 50, 195, 197
Arthur Viana Lau 146
Artur Teixeira de Araujo Junior 35
Åsmund Asdal..... 329
Augusto Schneider 49
Aureliano Peña Lomelí..... 208

Aurélio Paes Barros Júnior 174, 175, 183, 222, 223
Avendaño-López A. N. 138
Avila Teresa 75
Aylton Bartholazzi Junior 55

B

Bárbara Couto Roloff 321
Beatriz Bellenda 80
Beatriz Cristina Konopatzki Hirota 93
Beatriz Susana Rosso 59
Bertin Pierre 75
Betania F. Quirino 88
Bettina Porta 65
Betzaida Lisbeth Bernal Rojas 19
Bianca Baccili Zanotto Vigna 289
Blair Matthew 75
Bruna Barcelos Cardias 269
Bruna Carla Agustini 322
Bruna Rafaela Pacheco 244
Bruno F. Farias 178
Bruno Freitas Farias 212
Bruno Guimarães Nascimento 171
Bruno M. T. Walter 150
Bruno Stéfano Lima Dallago 207

C

Camila Almeida 305
Camila Bitencourt 236
Camila Caliocane 292
Camila Fernanda de Oliveira Junkes 35
Camila Freitas de Oliveira 93
Camila LuzardoPorto 302
Camila R. B. Recco 133
Cândida Raquel Scherrer Montero 241
Carla Sigales de Vasconcelos 156, 248
Carlos Alberto da Silva Ledo 234
Carlos Alberto Martinez 168
Carlos Alberto Silva Ledo 60
Carlos Fernando Santos Martin 161
Carlos Humberto Aires Matos Filho 263
Carlos Lucero Casanova 45
Carlos Marcelo S. Soares 325
Carlos Martinez 66
Carmen S. S. Pires 196
Carmen Silvia Soares Pires 207
Carolina Barreto Teles 60
Carolina Cardoso Deuner 227
Carolina da Silva Silveira 283
Carolina González 95
Carolina González Almario 87
Carolina Pamplona 311
Caroline Jácome Costa 124
Caroline Marques Castro . 2, 5, 16, 140, 143, 170, 280
Carvajal, Y. 30
Catarina Corrêa Puttkammer 126
Catia Silene Klein 319
Cayan Atreio Portela Bárcena Saavedra 47
Celia R. Quirino 55
Celso Garcia Auer 93
Cesar Augusto Ticona-Benavente 179
César Tapia 64

Ch

Charlene Moro Stefanel 158
Charlene Stefanel 119
Charles A. Maciel Neto 146
Charles E. Simpson 265
Chirle de Oliveira Raphaelli 243
Chris B. Rollins 63
Christiane Abreu Oliveira Paiva 315
Christiane Mendes Cassimiro 284

C

Cileide M. M. Coelho 15
Cínthia C. Bonatto 211
Claiton Eicholz 165
Clandio Medeiros da Silva 210, 235, 240
Clara Inés Medina 77
Clara Inés Medina Cano 78
Clarissa S. Gomes 116
Clarissa Silva Pires de Castro 195
Clarissa Silveira Luiz Vaz 319
Clarissa Varajão Cardoso 318
Claudete Clarice Mistura 115, 117, 279, 309
Claudete Mistura 130, 300
Claudia M. Rezende 17
Cláudia Martellet Fogaça 121
Cláudia Pombo Sudré 145
Claudia Sales Marinho 33, 191
Cláudio H. S. Del Menezzi 17
Cláudio Lúcio Fernandes Amaral 295
Cláudio Ricardo da Silva 310
Clayton Queiroz Alves 180, 192
Cleverson Busso 307
Cortes-Aguilar Jesús 281
Cortés-Cruz, Moisés 138, 139, 161, 281
Cortés-Cruz, Moisés 72
Cristiane Barbosa D'Oliveira 22, 36, 132
Cristiane Bezerra da Silva 93
Cristiane da Silva Paula de Oliveira 93
Cristiane de Lima Wesp 239, 254
Cristiano Paiva Souto Braga 113
Cristina de Fátima Machado 234
Cristine Fonseca 165
Cruz-Gutiérrez E. J. 138
Cruz-Gutiérrez Esmeralda 281
Cruz-Gutiérrez, Esmeralda 72, 139

D

Dahis 109
Daiane da Silva dos Santos 302
Daiane Drawanz Hartwig 321
Daiane Peixoto Vargas 127, 154
Daiane Voss-Rech 319
Dalva Maria da Mota 62
Daniel Ausgusto Bravo 95
Daniel da Rosa Farias 35
Daniel Zizumbo Villarreal 330
Daniela Araújo 133
Daniela De Conti 244
Daniela Dias Peverada 300
Daniela L. Leite 178
Daniela Nascimento Santos 271, 273

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

Daniela Priori 114, 210, 279
Daniela Werner 210
Daniele C. Wondracek-Lüdke 265
Daniele de Souza Masiero 127, 154
Danieli Ferneda Candido 120
Danielle Azevedo 54
Danielle Figuerêdo da Silva 180
Danilla C. L. Souza 133
Danilo Cavalvante 316, 320
Danilo Fernandes da Silva Filho 179
Danyela de Cássia da Silva Oliveira 35
Darciana de Sousa 159, 160
Dario Grattapaglia 155
Darla Volcan 258
Darlyson Dos Santos Silva 111, 113
David G. Hall 63
David T. Jones 63
David Williams 24
Débora Andréa E. Façanha 51, 200
Débora Andréa Evangelista Façanha 52
Defacio R. 290, 304
Deise Schröder Sarzi 22, 36, 132
Denea de Araújo Fernandes Pires 53
Denise Aparecida Andrade de Oliveira 53
Dheyne Silva Melo 155
Dijalma Barbosa da Silva 17, 148, 149, 260, 285, 286, 287
Diógenes Silveira 232
Djalma Junior Roecker 244

E

Eberson Diedrich Eicholz 181, 186
Edison Julián Ramírez 45
Edison R. Sujii 196
Edivaldo Galdino Ferreira 284
Edna M. M. Oliveira 96
Edson Seizo Mori 153
Eduarda Acosta Konzgen 264
Eduarda Konzgen 238, 269, 275
Eduardo Campos Rojas 208
Eduardo Chumbinho de Andrade 63
Eduardo Espitia Rangel 161
Eduardo Geraldo Alves Coelho 53
Eduardo Oliveira 66
Eduardo Valduga 114
Elaine Facco Celin 288
Elena Beyhaut 110
Elena Charlotte Landau 118
Eleonora Araújo Barbosa 46
Elian Suelen de Jesus Santos 271, 273
Eliana M. G. Fontes 196
Eliézer da Cunha Pinheiro 184, 298
Elis Daiani Timm Simon 241
Elisa dos Santos Pereira 238, 243, 255, 264, 269
Elisa Pereira dos Santos 34
Elisabeth Atalla Mansur 299
Elisabeth Mansur 123, 292
Eliseu Marlônio Pereira de Lucena 63
Eloan Mendes Vieira 317
Emanuel Araya 23
Emanuel Maltempi de Souza 182
Emerson Gonçalves Martins 245
Enio Egon Sosinski Junior 115, 129, 164
Enrique A. B. Léon 116
Erlan Pirovani Silva 171
Ernane Miranda Lemes 310
Ernane Ronie Martins 187
Eugenia Jacira Bolacel Braga 35
Eugênia Martin 227
Eugenio E. Santacruz De León 208
Eunice Ventura Barbosa 318
Evandro Neves Muniz 190, 297
Everton Maksud Medeiros 300

F

Fábia Amorim da Costa 129
Fábia de Mello Pereira 195
Fabiana da Silva Vieira Matrangolo 113, 199, 323
Fábio Azzolin Dutra 129
Fábio de Oliveira Pedrosa 182
Fabio Dutra 115
Fábio Martinho Zambonim 188
Federico Condón 65, 110
Felipe da Silva 201
Felipe Mont'Alvão Canela 257, 260
Felipe Terres de Campos 49
Félix Alberto Guzmán 20
Fern Wickson 67
Fernanda Alvares da Silva 207
Fernanda Ancelmo de Oliveira 289
Fernanda Biason Ribeiro de Freitas 309
Fernanda Bortolini 250, 259
Fernanda Illamas Gallon 136, 144
Fernanda Marins Soares 163
Fernanda Quintanilha Azevedo 170
Fernanda Vidigal Duarte Souza 266
Fernando Antonio Souza de Aragão 288
Fernando Bonifácio-Anacleto 168
Fernando C. M. Medeiros 17
Fernando F.Y. Abrão 211
Fernando Fialho Pires 199
Fernando Patiño R. 24, 25
Fernando Rimá 201
Fernando Rodríguez Villamizar 87
Fernando Rogério Costa Gomes 237
Fernando Sarmento de Oliveira 183, 222, 223
Ferrer M. 290, 304
Flavia França Teixeira 118
Flávia Francisca de Almeida 163
Flávia Porto-Carrero 316
Flávia Porto-Carrero 320
Flávia Roberta Auler 256
Flávio Flôres Britto 295
Flávio Pereira dos Santos 74, 108
Flor Rivera Lopez 67
Florent Engelmann 123
Francielle de Souza Guimarães 308
Francine Cassana 130
Francine Ferreira Cassana 300, 301
Francine Souza Alves da Fonseca 187
Francis Radael Tatto 181
Francisco das Chagas Vidal Neto 155

Francisco Davi da Silva 288
Francisco de Souza 189
Francisco H. Dübbern de Souza 184, 231, 289
Francisco Manoares Machado 179
Francisco Ricardo Ferreira 18
Frederico Inácio Costa de Oliveira 288
Frederico Matta 189

G

Gabriel de Moraes Cunha Gonçalves 303
Gabriel Moreno Bernardo Gonçalves 142, 256
Gabriel Silva de Souza 259
Gabriela Cangahuala-Inocente 244
Gabriela Guerra dos Santos da Cunha 170
Gabriela Inocente 112
Gabriele Becker Delwing Sartori 121
Gabriele C. Furtado 146
Garro, G. 30
Georgia Pacheco 123, 292, 299
Geovani Bernardo Amaro 157
Geraldo Carvalho 54, 201
Geraldo Magela Cortes de Carvalho 195
Gerffeson Thiago Mota de Almeida Silva 174, 175
Germán Ríos Gallego 78
Gilberto Antônio P. Bevilaqua 165
Gilberto Hiragi 204, 206
Gildo Almeida da Silva 322
Gilmara de Melo Araújo 270
Giordanio Bruno Silva Oliveira 174
Giovani Bolson Gomes 117
Giovanni Garro 23
Gizely Azevedo Costa 171
Gláucia E. O. Midorikawa 326
Gláucia Sales Cortopassi Buso 229
Gláucia Salles Cortopassi Buso 257, 260
Gleice S. Lima 55
Gleiciane P. Sousa 92
Gleison Ricardo Biazio 48
Gleison Ricardo de Biazio 197
Gleyde Veras 201
Glyn M Figueira 287
Gomez, F. 30
Goméz-Estrada María M. 94
Goméz-Lizardi María J. 94
Gómez-Reyes Luis 281
Gracialda C. Ferreira 146
Graciele Lemos 274, 275, 276
Graziela da Silva Barbosa 175
Guadalupe Tiscornia 110
Guilherme A. Souza 246
Guilherme de Oliveira 60
Guilherme Godoy dos Santos 173, 177
Guilherme Telésforo Osório 282
Guillermo Galván 65, 80
Gustavo Antunes Marques Silveira 111
Gustavo Crizel Gomes 156, 169
Gustavo Heiden 5, 16, 58, 130, 134, 137, 300
Gustavo Henrique Ferrero Klabunde 162, 266

H

Handressa Magalhães Ferreira 199, 323
Heitor Castro Alves Teixeira 46, 198
Helena Magalhães 318
Hélio Nelson Brito Monteiro 263
Helisson Faoro 182
Hellen Santana 13, 17
Henrique K. M. Padilha 156
Herbert Uchoa Pontual 284
Heribert Schmitz 62
Hernández-Estrada Salvador 281
Hernández-Ibáñez Alba M. 94
Herrera, C. 30
Hilje, I. 30
Hiroshi Noda 179
Hugo Abelardo Arroyo-Martínez 37
Hugo Ferreira 174
Hugo Marcelo Atencio 31
Hugo Neves Brandão 180, 192
Hugo Pacheco de Freitas Fraga 126, 182
Hugo Rodolfo Jímenez 87
Humberto Bizzo 13, 17
Hymerson Costa Azevedo 47

I

Iana Sommavilla 294
Igor G. Loskutov 331
Igor Kennedy Pereira de Oliveira 192
Inês Claudete Burg 69
Ingrid Bergman Inchausti de Barros 239, 254
Ioná Santos Araújo Holanda 284
Irajá Ferreira Antunes 165
Iris Petronilia Dutra 171
Irlane Cristine de Souza Andrade Lira 226
Isabela Brandão de Sousa 292
Isadora Teixeira Coelho Malohlava 291
Ismael Gomes da Silva 149
Ismael S. Gomes 17
Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes 109, 251, 262
Ivo Sias 206
Ivonete Berto Menino 284
Ivy G. Reis 211
Izulmé R. I. Santos 150, 151, 152

J

Jacinara Hody G. Morais Leite 51, 52, 200
Jailton da Costa Carneiro 241
Jaime Mujica Sallés 21
Jaime Tobón Castaño 45
Jaison Pereira de Oliveira 108
Jaison Pereira Oliveira 74
Jamily Machado da Silva 126
Janaina Fadrique da Silva 49
Jânio Benevides de Melo 53
Jarbas Yukio Shimizu 245
Jardel Oliveira Santos 159, 160, 166
Jason Pérez 23
Jean Carlo Rodrigues Machado 254
Jeferson Benedetti Eilert 240
Jenny Paola Corredor-Prado 244
Jerffson Lucas Santos 295
Jéssica Barros Andrade 271, 273
Jessica Cruz 61

PROMOÇÃO SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos

REALIZAÇÃO Embrapa

Jéssica Daniele Lustosa da Silva 303
Jessica Delfini 225
Jéssica Mena Barreto de Freitas 294
Jéssica Monalisa Santos Pereira Oliveira 297
Jessica Nayara Basilio Silva 111, 113
Jéssyca S. Alencar 324
Jhéssica C. Araújo 96, 324
Joanderson Marques Silva 159, 160
João Batista Tavares da Silva 86
João Caetano Fioravanço 40
João Carlos Pinto Oliveira 106, 107
João Leodato Nunes Maciel 224
João Lucas Dilly 252
João Messias dos Santos 125
João Nakagawa 153
Jobimêre Dayanne da Silva Santos 226, 253
Joel Donazzolo 307
Jonathan Fresnedo Ramírez 83
Jonathan H. Crane 63
Jorge Franco 65
Jorge Soria 61
Jorgea Pradiee 49
José A. R. Machado 133, 135
José Albersio de Araújo Lima 175
José Antonio Alberto da Silva 63
José Cambuim 131, 135
José de Ribamar de Araújo Albuquerque 263
José Dias de Souza Neto 166
José dos Santos Neto 225, 235, 240
José Eduardo Vasconcelos de Carvalho Júnior 261
José Ernandes R. Sousa 52
José Ernani Schwengber 178, 267
José Eustáquio Menêzes 86
José F.M. Valls 265
José Flávio Lopes 157
José Francisco M. Valls 252
José Getúlio da Silva Filho 68
José Leandro da Silva Neto 226, 253
José López Medina 82
José Luis Piña-Escutia 37
José Luiz Carneiro da Rocha 180, 192
José Manoel Colombari Filho 246
José Maurício Cunha Fernandes 224
José Nilton Rodrigues Figueiredo 179
José Ribamar Felipe Marques 195
José Ricardo Peixoto 157
José Ricardo Tavares de Albuquerque .. 183, 222, 223
Jose Torres Filho 222
José Valls 24
Joseane Padilha da Silva 47
Joseane Padilha Silva 86
Josefa Grasiela Silva Santana 190
Josiane Maximino 184
Josiane Mendonça Vitória 169
Josiane Vargas de Oliveira Maximino 124, 298
Josiel B. Ferreira 51
Josiel Borges Ferreira 200
Jossana Santos 224, 227
Josué Francisco da Silva Júnior 62, 306
Jotta Junior Novaes 113, 323
Jotta Júnior Novaes 111, 317
Juan Camilo Ovalle 87
Juan Manuel Pichardo González 161
Juan Martin Dabezies 209
Juan Martínez Solís 208
Juhn Muroi 146
Júlia G. Jardim 55
Juliana Bernardi Ogliari 19, 39, 69, 142, 256, 282
Juliana Castelo Branco Villela 130, 156, 210, 300
Juliana Hey Coradin 127, 154
Juliana Oliveira da Silva 109, 251
Juliana Orem 316, 320
Juliana S.G. Teixeira 168
Juliana Sawada Buratto 225, 235, 272
Juliana Vinholes 274, 275, 276
Juliana Wegner 212
Juliano Gomes Pádua 147, 163
Juliano Lino Ferreira 107, 247, 302
Júlio Cesar Lopes Rodrigues 187
Julio Pisano 61

K

Kálita Cristina Moreira Cardoso 73
Kamila Katieli Kovali 268
Kamila Marcelino Brito Sobral 271, 273
Kamylla Teixeira Santos 111, 113
Karina Goulart dos Anjos 162, 182, 291
Karla Brito dos Santos 263
Karol Buuron da Silva 119, 158
Kássia Cauana Trapp 293
Katlin Suellen Rech 93
Kazumitsu Matsumoto 128, 149
Kennia Karolline Goncalves Pereira 111, 113
Keny Henrique Mariguele 188
Kleibe de Moraes Silva 48, 195

L

Laísa Boechel Barcelos 134
Larissa Barbosa de Sousa 310
Larissa Bittencourt 116, 119
Larissa S. Azevedo 148
Laurenice Araújo dos Santos 270
Lázaro José Chaves 108
Leandro Henrique Mundim Aguiar 310
Léia C. L. Fávaro 88, 92, 96, 324, 326
Leila do Nascimento Vieira 126, 162, 182
Léo Zimback 153
Leonardo Ferreira Dutra 127, 154
Leonardo Garcia Monte 321
Leonardo Luís Artico 247, 302
Leonardo Nora 243, 258
Leonardo Silva Boiteux 68
Letícia B. M. Lima 88
Letícia Baltar Pinto de Oliveira 236
Levi de Moura Barros 155
Lia R. S. Reiniger 116, 119
Lia Rejane Silveira Reiniger 158
Liana Jank 189
Liana Viviam Ferreira 127, 154
Liane Aldrighi Galarz 315
Liane Xavier Fonseca 237
Lidiane Vieira Lopes 250

Lígia M. C. Pegoraro 49
Lindomar da Silva 277
Lindomar Maria da Silveira... 174, 175, 183, 222, 223
Lirio Dal Vesco 244
Lisiane dos Santos Freitas 190
Lize de Moraes Vieira da Cunha 296
Lohanna Baltar Pinto de Oliveira 236
Lorea R. 290, 304
Lorena R. Mata 286
Lucas Gabriel Guse 159, 160
Lucas M. de Souza 196
Lucas Mesquita Barreto 185
Lucía Gutiérrez 65
Lúcia Vieira Hoffmann 73, 109, 262
Luciana Di Diego Vasconcelos 242
Luciana Mendes de Souza 187
Luciano Carlos da Maia 35
Luciano P. Silva 211
Luciene Dionízio Cardoso 128, 149
Lucimar Silva Padilha 152, 163
Lucio Flavo Lopes Vasconcelos 261
Lucky Akpere 44, 50
Ludivina L. Rodrigues 38
Luís Alberto B. Asensio 52, 200
Luis Antonio Suita de Castro 34, 255
Luis Arthur V. M. Santos 325
Luís Cleber Soares Machado 53
Luís Fernando Wolff 212
Luís Henrique Dal Molin 16
Luis Miguel Vázquez-García 37
Luis Willian Pacheco Arge 35
Luiz Aurélio Freitas Pereira 183, 222, 223
Luiz Fernando Würdig Roesch 22, 36
Luiz Pedro Bonetti 232
Luiza Kreimeier 236
Luz Adriana Vásquez Gallo 78
Luz Stella Barrero 95
Lyanne Tie Miyagawa 167

M

Magda Maria Guilhermino 51, 200
Magdalena Vaio 32
Maiara dos Santos Pinto 271, 273
Maíra Halfen Teixeira Liberal 318
Maislian de Oliveira 93
Manoel Abílio de Queiróz 175, 273
Manoel Avelino Paiva Neto 198
Manoel Galdino dos Santos 183, 222, 223
Mara Rejane Ritter 285
Marcel Diedrich Eicholz 186
Marcel Eicholz 181
Marcela A. Moraes 131
Marcela Gomes Vianna 123
Marcelo H.S. Ramada 211
Marcelo Nogueira do Amaral 35
Marcelo Piske Eslabão 58, 137
Marcelo Rogalski 182
Marcelo Tacán 76
Márcia Bündchen 242, 249, 301
Márcia Denise Rossarolla 162, 291
Márcia Vaz Ribeiro 305
Márcia Vizzotto 34, 156, 238, 243, 248, 255, 264, 269, 274, 275, 276, 279
Marcílio da Frota 54, 201
Marcio Lacerda Lopes Martins 60
Márcio Paim Mariot 169
Marco Antônio Ferreira 257, 260
Marco Aurélio 298
Marco Aurélio Schiavon Machado 124, 184
Marcos A. Gimenes 150
Marcos Aparecido Gimenes 147
Marcos Gimenes 29
Marcos José da Silva 148
Marene Machado Marchi 21, 210
Margarita García 80
Margot Alves Dode 207
Margoth Atahuachi B 25
Maria C. Quecine 88
Maria Carolina Blassioli Moraes 207
Maria Clideana Cabral Maia 261
Maria da Cruz Chaves Lima Moura 160
Maria da Cruz Moura 277
María del Carmen Herrera 20
Maria do C. Bassols Raseira 140
Maria do Carmo Bassols Raseira 40, 143, 283
Maria do Carmo Bssols Raseira 278
Maria do Socorro Maués Albuquerque .. 195, 197, 207
Maria do Socorro Padilha de Oliveira 176, 233
Maria Elita B. Castro 325
Maria Esther de Noronha Fonseca 68
Maria I Zucchi 287
Maria Imaculada Pontes de Moreira Lima 227
Maria Laura Turino Mattos 315
Maria Lorraine Fonseca Oliveira 33, 191
Maria Malane Magalhães Muniz 48
Maria Norma Ribeiro 53
Maria O. Vargas 77
Maria Rosa Costa 29
Maria Socorro Carneiro 201
Maria Socorro Padilha de Oliveira 230
Mariana S. Tamietti 324
Marília Freitas de Vasconcelos Melo 306
Marília Shibata 15
Marília Tedesco 294
Marilin Banchero 32
Marilis Dallarmi Miguel 93
Marina Ferreira da Vitória 297
Marina Junges 144
Marina Kaiate 123
Marina Michelotto Klacewicz 249, 301
Marina Vighi Schiavon 238, 243, 264, 269
Mario L. T. Moraes 131, 133
Mario L.T. Moraes 135
Mario Lobo A. 77
Mario Soberón 328
Marisa T. Pozzobon 265
Marisa Toniolo Pozzobon 229, 285
Marjo Cadó Bessa 319
Marlene De-Souza 316, 320
Martín Acevedo Pesanha 32
Martín Jaurena 110
Martínez-Peña Marcos D. 94

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

Martins, O. M. 213
Mateus Figueiredo Santos 257
Matheus Ferreira Inacio 111, 113
Matheus Henriques Tavares Benvindo Ribeiro33, 191
Matheus Lima da Silva 160
Maurício Marini Köpp 106, 107
Maximiliano Dini 61
Mayco Werllen dos Santos Sousa 229
Mayra Crystiane de Aragão Batista 190
Mercedes Rivas 79, 80, 81
Messias Gonzaga Pereira 228
Micaele F. Caratti 88
Michél Aldrighi Gonçalves 141
Miguel A.S. Rua 55
Miguel L .M. Freitas 135
Miguel L. M. Freitas 131, 133
Miguel Pedro Guerra 126, 162, 182, 244, 266
Mikael Bueno Longaray 259
Milena Moreira Peres 186
Milene Miranda Praça Fontes 185
Milton Guilherme da Costa Mota 176
Miquel Gonzalez-Meler 66
Molina, R. 30
Mônica C. T. Damaso 96
Mónica Cadenazzi 32
Mônica Corrêa Ledur 44, 50, 195
Monique Moreira Moulin 166, 171
Murielli Sabrina Gemeli 141

N

Naciele Marini 283
Nadia Canali Lângaro 224
Nádylla Dannuse Almeida 277
Nara Souza 257
Natália Carolina de Almeida Silva 19, 39
Nathalia Hack Moreira 47
Nayanny de Sousa Fernandes 288
Nayara Carvalho 257, 260
Nelson H. Hiramizu 146
Nerinéia Dalfollo Ribeiro 173, 177
Newton Alex Mayer 237
Nicole Portes 79
Noel Gomes da Cunha 315
Nora Altier 89
Normandes Vieira do Nascimento 46
Núbia Lettnin Ferri 237
Nubia Marilin Lettnin Ferri 34, 255, 267

O

Ofelia Galman Omitogun 44, 50
Olivardo Facó 48, 195
Oluronke Bolatito 44, 50
Orozco, R. 30
Oscar Oliveira Brasil 47
Osmar Alves Lameira 29

P

Pablo Speranza 32
Paola Alvares Bianchi 166
Parra, J. 30
Patrícia do Nascimento Bordallo 155
Patrícia Frizon 224, 227
Patrícia Ianella 48, 195, 197
Patrícia Maria Oliveira Pierre Castro 236
Patrícia Pagnoncelli Borba 268
Paula Francislaine Moura 93
Paula Lorena Grangeira Souto 46
Paula M. D. Jaramillo 92, 326
Paulo Augusto Viana Barroso 251, 262
Paulo Eduardo Ellert-Pereira 58, 137
Paulo Henrique dos Santos Leite 257, 260
Paulo Henrique Martins 316, 320
Paulo Hideo N. Rangel 38, 246
Paulo Mauricio Centenário Bueno 240
Paulo Ricardo Dias de Oliveira 40
Paulo Roberto Diniz da Silva 22, 136, 144
Paulo Sérgio Falanghe Carneiro 195
Paulo Sérgio Gomes da Rocha 117, 309
Paulo Sérgio Ribeiro de Mattos 207
Pedro Mario de Araújo 112
Pedro Martins Ribeiro Júnior 253
Peter Inglis 229
Peter W Ingli 287
Peter W. Ingli 286
Phablo Vinicius dos Santos Carneiro 192
Phillip Purdy 47
Pichardo-González Juan 139
Pichardo-González, Juan 72, 138, 281
Priscila Cardoso Munhoz 34, 255
Priscila Monalisa Marchi 141
Priscilla Cristine Passoni Silva 47
Priscilla Santana Santos 190

Q

Quintana-Camargo Martín 281
Quintana-Camargo, Martín 72, 138, 139

R

Rafael Anzanello 172
Rafael F. Silva 17
Rafael Ortega Paczka 26, 208
Rafael Plá Matielo Lemos 22, 36, 132
Rafael Reyno 110
Rafael Rhuan de Araújo da Silva 308
Rafael Rocha de Andrade 207
Rafael Vidal 39, 65
Rafael Walter 308
Rafaela de Sousa Corrêa de Magalhães .130, 169, 300
Rafaela Priscila Antonio 253
Rafaela Priscila Antônio 174, 226
Rafaela Silva Formoso 127, 154
Railson Schreinert dos Santos 35
Raimundo Bezerra 54
Raimundo Costa 201
Raimundo Nonato Oliveira Silva 228
Ramille B. da Silva 146
Ramon de Moraes 308
Ramon Felipe Scherer 162, 266
Raquel Bartz Kneib 280
Raquel Fernandes de Araújo Rodrigues 62
Raquel Kneib 170
Raquel S. Neitzke 248

Raquel Silviana Neitzke 156
Raúl Nieto Angel 208
Ravena FerreiraVidal 155
Rayanne Maria Paula Ribeiro 174, 175, 183, 222, 223
Raysa Marques Cardoso 73
Regina Célia de Oliveira 229
Regina Lucia Ferreira Gomes 228, 261, 263, 303
Reginaldo de Carvalho 226
Régis Ivan Hindersmann 106, 107
Regivaldo Vieira de Sousa 207
Rejane R. Souza 38
Renara Vieira Bittencourt 122
Renata Garcia 123, 292, 299
Renata Miranda Lopes 147
Renato dos Santos 198
Renato Fernandes Silva 296
René Andrés France Iglesias 90
Reyes Ximena 75
Ricardo Alexandre Valgas 170
Ricardo Elesbão Alves 63
Ricardo Lima de Castro 227
Ricardo Santolin 309
Richard J. Campbell 63
Rita de Cassia Souza Dias 253
Roberto Allan Ribeiro Silva 113
Roberto Fontes Vieira 17, 148, 149, 260, 285, 286, 287
RocioFenney Herrera 87
Rodolfo Franco 110
Rodrigo Cezar Franzon. 140, 143, 238, 264, 274, 275, 276
Rodrigo Dorneles Tortorella 198
Rodrigo Franzon 269, 278
Rodrigo Miranda Barbosa 33, 191
Rodríguez, G. 30
Rogério Peres Soratto 74
Rogério Ritzinger 234
Roja, J. 30
Romulo S. da Costa 146
Ronaldo Gomes 277
Ronize Viviane Jorge de Faria 317
Rosa B. N. Alves 17, 148, 149, 207, 285, 286, 287
Rosa Lia Barbieri 21, 58, 114, 115, 117, 129, 130, 137, 156, 164, 169, 210, 248, 274, 279, 300, 305
Rosa Maria de Deus de Sousa 157
Rosa Patrícia da Silveira 282
Rosana Rodrigues 145
Rosângela C. Mundim 151, 152
Rosangela Simeão 189
Rosenilda de Souza 69, 142, 256
Rosete Pescador 162, 244
Rosiele Corrêa 258
Rosiendi Polesello Menin 172
Rossiane de Moura Souza 318
Rubens Onofre Nodari 162, 182, 210, 291
Rudmar Seiter 181
Ryoko Machida-Hirano 161

S

Sabrina Castilho Duarte 319
Sabrina Isabel Costa de Carvalho 68
Sabrina Moreira dos Santos 266
Saluana R. Craveiro 325
Salvi N. 290
Samantha K. Araujo 325
Samuel Henrique Kamphorst 256
Samuel Rezende Paiva 44, 47, 48, 50, 195, 197
Sandoval, Isaac 72
Sandra Aparecida Santos 195
Sandra Maria Maziero 173, 177
Sandra Patussi Brammer 224, 227
Sandro Bonow 141, 283
Santos, M. do D. M. 213
Sara Pereira 80, 81
Sarah Zanon Agapito-Tenfen 67
Selma T. Ohashi 146
Semíramis Rabelo Ramalho Ramos 271, 273, 297
Sérgio Avelino Mota Nobre 317, 323
Sérgio de Oliveira Juchem 302
Sérgio Delmar dos Anjos e Silva 186, 241
Sérgio Jorge 321
Sergio José Alves 235
Sergio Segura Ledesma 20, 82, 208
Sheila Canossa 322
Sidinei José Lopes 294
Sileuza dos Santos 285
Silvane Maria Fonseca Murta 199
Silvia Carpenedo 278
Silvia M. Rabaiolli 119, 158
Silvia Tereza Ribeiro Castro 44, 50, 197, 207
Simone Alves Silva 270
Simone Meredith Scheffer Basso 224
Sofia Maria G. Rocha 187
Solange Bosio Tedesco 293
Solange C. B. R. José 147, 151
Solange Ferreira da Silveira Silveira 35
Solange Tedesco 294
Solmi A. 290, 304
Stela Mari Meneghello Gheller 49
Suarez F. 304
Suelen Martinez Guterrez 136
Sueli Corrêa Marques de Mello 86
Sylvana P P Costa 311

T

Taciane Finatto 268
Taiane Silva Sousa 233
Taíse Carbonari 115, 129, 279
Talis Clauton Malacarne 309
Tâmara Foster Acosta 181
Tamillys Cientielly de Lellis Albernaz Luz 128
Tamires Ebeling da Silva 169
Tammy Aparecida Manabe Kiihl 227
Tângela Denise Perleberg 169
Tassiane Terezinha Pinto 69, 142, 256
Tassiano Maxwell Marinho Câmara 125
Tatiana Mello 66
Tatiana Silveira Moura 136, 144
Tatiana Tavares Carrijo 185
Tatiane S. Bialves 248
Telma Nair Santana Pereira 33, 191, 228
Terezinha Catarina Heck 188

PROMOÇÃO
SBRG Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos
REALIZAÇÃO
Embrapa

Terezinha Dias 205
Thais D. Mendes 92, 96
Thais F. C. Salum 88, 92
Thaís Farias Collares 321
Thaís Tiemi Yoshinaga 323
Thales Lima Rocha 204
Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti 145
Thiago Henrique de Lima 262
Tiago Camponogara Tomazetti 291
Torres-García Edgar 138, 139

V

Valdemiro de Oliveira Pais 163
Valderês Aparecida de Sousa 245
Valdir Marcos Stefenon 22, 36, 122, 132, 136, 144
Valter R. Oliveira 178, 257
Vanessa Almeida 270
Vânia C R Azevedo 311
Vânia C. R. Azevedo 286, 287
Vânia Moda Cirino 235
Vânia Moda-Cirino 210, 225, 272
Varela, O. 30
Victor Hugo Dantas Guimarães 111, 113
Victoria Bonnecarrere 65
Vinícius Santos Freitas 303
Virgilio Jamir Gonçalves Mota 296
Virginia Silva Carvalho 308
Vitelhe Ferreira de Almeida 113, 199, 323
Vitor Manfroi 322
Vivian Teixeira Alves Branco 302
Viviany Rodrigues 54

W

Wagner Bastos dos Santos Oliveira 142, 256
Walace Sostene T. da Silva 200
Waldo Moreno Gonçalves 318
Waldomiro Barioni Jr. 231
Wallace Sóstene T. Silva 52
Walnice Maria Oliveira do Nascimento 167
Wanderley dos Santos 131, 133, 135
Welington L. Araújo 88, 92
Wellington Ronildo Clarindo 185
Wilder H.O.Vega 55
Willian Tsuyoshi Ogasawara 112
Wilma E. Silva 52

X

Ximena Cadima F. 24, 25

Y

Yuri Ferreira Quirido Veiga 171

Z

Zilda Maria A. Ribeiro 325
Zilneide P S Amaral 287, 311

Apoio

affymetrix
Biology for a better world

eppendorf

apl
Arranjo Produtivo Local de Alimentos da Região Sul

LANIIT

Programa de Apoio às Comunidades Indígenas
mbyá-GUARANI
BR 116/RS

Projeto Quintais Orgânicos de Frutas

UCS
UNIVERSIDADE DE CAXIAS DO SUL

CAPES

CNPq
Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico

Ministério do
Desenvolvimento Agrário

Realização

Embrapa

Ministério da
Agricultura, Pecuária e Abastecimento

GOVERNO FEDERAL
BRASIL
PÁTRIA EDUCADORA

Promoção

SBRG
Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos

Secretaria Executiva

Specialità
Eventos