CBRG

# IX Congresso Brasileiro de RECURSOS GENÉTICOS

Recursos Genéticos e Biotecnologia:
biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria

**10 a 13 de novembro de 2026**
Florianópolis - SC

# Anais



# IX CONGRESSO BRASILEIRO DE RECURSOS GENÉTICOS

## Anais...

Recursos Genéticos e Biotecnologia: biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria

10 a 13 de novembro de 2026

Centro de Eventos da UFSC | Florianópolis - SC

www.cbrg.com.br

IX Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos (IX CBRG)
Livro eletrônico de resumos
10 a 13 de novembro de 2026 | Florianópolis, Santa Catarina, Brasil
Promoção: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos (SBRG)
Editores: Everton Hilo de Souza, Fernanda Vidigal Duarte Souza, Valdir Marcos Stefenon
Florianópolis - SC | 2026

## Dados bibliográficos

ISBN: 978-65-88904-19-0

Ficha catalográfica:

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

Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos (9. : 2026 : Florianópolis, SC)
Anais do IX CBRG [livro eletrônico] : recursos genéticos e biotecnologia : biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria / editores, Everton Hilo de Souza, Fernanda Vidigal Duarte Souza, Valdir Marcos Stefenon. -- Florianópolis, SC : Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2026.
PDF

Vários autores.
Bibliografia.
ISBN 978-65-88904-19-0

1. Agroindústria 2. Agricultura familiar 3. Biodiversidade 4. Biotecnologia 5. Genética animal 6. Sustentabilidade ambiental I. Título.

26-414657.0 CDD-631.52

**Índices para catálogo sistemático:**

1. Recursos genéticos : Biotecnologia : Agricultura 631.52

Aline Graziele Benitez - Bibliotecária - CRB-1/3129

## Direitos Autorais e Licença de Uso

© 2026 Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos (SBRG).

Os direitos autorais dos resumos científicos pertencem aos respectivos autores. A Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos (SBRG) é responsável pela organização editorial e publicação desta obra.

É permitida a reprodução e a divulgação dos conteúdos para fins científicos, educacionais e não comerciais, desde que sejam devidamente citados os autores e a fonte original, observadas as autorizações e os direitos aplicáveis.

# Expediente e créditos editoriais

**Publicação**: Livro Eletrônico de Resumos do IX Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

**Instituição promotora**: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos (SBRG)

**Edição científica**: Everton Hilo de Souza, Fernanda Vidigal Duarte Souza, Valdir Marcos Stefenon

**Revisão e normalização editorial**: Everton Hilo de Souza

**Elaboração da arte**: Imagem desenvolvida com auxílio de inteligência artificial generativa (ChatGPT/OpenAI), a partir de orientações da Comissão Organizadora, utilizando a identidade visual oficial do evento.

**Contato e endereço eletrônico**: www.cbrg.com.br

**Nota editorial**: os conteúdos científicos e as opiniões expressas nos resumos são de responsabilidade dos respectivos autores.

# SUMÁRIO

1. COMITÊ ORGANIZADOR ..... 7

2. DIRETORIA DA SBRG | 2025-2027 ..... 8

3. REVISORES DOS TRABALHOS ..... 9

4. EDITORIAL 10: Recursos Genéticos e Biotecnologia: biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria ..... 10

5. PRÊMIO CLARA OLIVEIRA GOEDERT ..... 14

6. RELAÇÃO DOS TRABALHOS ..... 16

7. RESUMOS ..... 43

7.1. Recursos genéticos da área vegetal ..... 43

7.2. Recursos genéticos da área animal ..... 402

7.3. Recursos genéticos da área de microrganismos ..... 494

8. ÍNDICE REMISSIVO DE AUTORES ..... 584

# 1. COMITÊ ORGANIZADOR

**Presidente da Comissão Organizadora do IX Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos**

Prof. Valdir Marcos Stefenon - Departamento de Fitotecnia, UFSC

**Vice-Presidente da Comissão Organizadora do IX Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos**

Profa. Juliana Bittencourt - Campus Ponta Grossa, UTFPR

**Coordenação do Comitê Técnico-Científico**

Dr. Everton Hilo de Souza - Fundação Getulio Vargas/ UFRB

Dra. Fernanda Vidigal Duarte Souza - Embrapa Mandioca e Fruticultura

**Coordenação da Área Vegetal**

Dra. Ananda Virginia de Aguiar - EMBRAPA Florestas

Dra. Ana Cecília Ribeiro de Castro - EMBRAPA Agroindústria Tropical

**Coordenação da Área Animal**

Prof. Marson Bruck Warpechowski - Departamento de Zootecnia, UFPR

Profa. Márcia Regina Faita - Departamento de Entomologia, UFV

**Coordenação da Área de Microrganismos**

Profa. Juliana Bittencourt - Campus Ponta Grossa, UTFPR

**Coordenação Financeira**

Dra. Maria Clorinda Soares Fioravanti - EVZ, Universidade Federal de Goiás

**Coordenação da Feira da Agrobiodiversidade**

Profa. Silvana Moreira - IFPR

Dr. Luís Cláudio Maranhão Froufe - EMBRAPA Florestas

**Coordenação de Divulgação Científica**

Prof. Enéas Ricardo Konzen - CECLIMAR, Campus Litoral Norte, UFRGS

# 2. DIRETORIA DA SBRG | 2025-2027

**Presidente**

Prof. Dr. Everton Hilo de Souza - Fundação Getulio Vargas e Universidade Federal do Recôncavo da Bahia

**Vice-Presidente**

Profa. Dra. Mariana Pires de C. Telles - Pontifícia Universidade Católica de Goiás e Universidade Federal de Goiás

**Diretor Financeiro**

Dr. Marcos Ap. Gimenes - Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

**Vice-Diretor Financeiro**

Dr. Alexandre F. Ramos - Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

**Diretora Técnica e de Divulgação**

Dra. Fernanda Vidigal D. Souza - Embrapa Mandioca e Fruticultura

**Vice-Diretora Técnica e de Divulgação**

Profa. Dra. Maria Teresa G. Lopes - Universidade Federal do Amazonas

**Diretora de Eventos**

Dra. Ana Cecília R. de Castro - Embrapa Agroindústria Tropical

**Vice-Diretora de Eventos**

Rita Maria Devos Ganga - Universidade Federal de Goiás

**Diretora de Redes Regionais e Curadorias**

Maria Clorinda Soares Fioravanti - Universidade Federal de Goiás

**Vice-Diretora de Redes Regionais e Curadorias**

Ananda Virgínia de Aguiar - Embrapa Florestas

**Secretária Executiva**

Profa. Dra. Thannya Nascimento Soares - Universidade Federal de Goiás

**Secretária Administrativa**

Elisangela Siqueira

# 3. REVISORES DOS TRABALHOS

Alexandre F. Ramos
Ana C. Thomassewski
Ana Cecilia R. de Castro
Ana da Silva Ledo
Ananda V. de Aguiar
Cintia P. Feitosa Souza
Daniele Hneda
Enéas Ricardo Konzen
Everton Hilo de Souza
Fernanda Vidigal D. Souza
Fernando M. Vargas Jr.
Gabriel Virginio
Geraldo Carvalho
Helyemari V. Althaus
Igor Vinicius R. Otero
Janay Almeida dos Santos Serejo
Jardel Oliveira Santos
Juliana Moraes Dias
Juliano Gomes Pádua
Kelen Haygert Lencina
Lázaro José Chaves
Leocir José Welter
Letícia Cristina A. Cabral
Lucelia Cabral
Marcos A. Gimenes
Maria do S. P. de Oliveira
Maria Teresa G. Lopes
Mariana Nascimento
Marson B. Warpechowski
Raquel Soares Juliano
Renata Micketen
Rogério Biaggioni Lopes
Rosa Lia Barbieri
Sâmela A. L. de Oliveira
Sandra Aparecida Santos
Taliane Leila Soares
Thais Miranda Silva Freitas
Thannya N. Soares
Thiago Ornellas
Valderês A. de Sousa
Vanessa Vaz Leonel
Vânia Aparecida Vicente
Vítor Rodrigues Marin
Vivian Loges
Wilder Hernando O. Veja

# 4. EDITORIAL

## Recursos Genéticos e Biotecnologia: biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria

Everton Hilo de Souza · Fernanda Vidigal Duarte Souza · Valdir Marcos Stefenon

O Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos, promovido bienalmente pela Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos (SBRG), consolidou-se como um dos principais fóruns nacionais de discussão, integração e divulgação científica sobre a conservação, a caracterização e o uso sustentável dos recursos genéticos. Reunindo pesquisadores, estudantes, profissionais, instituições de ensino e pesquisa, representantes do setor produtivo e demais atores comprometidos com a biodiversidade brasileira, o Congresso constitui um espaço estratégico para o intercâmbio de conhecimentos, a formação de redes de colaboração e o fortalecimento da ciência, da tecnologia e da inovação no país.

Em sua nona edição, o Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos (IX CBRG), realizado de 10 a 13 de novembro de 2026, em Florianópolis, Santa Catarina, tem como tema “Recursos Genéticos e Biotecnologia: biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria”. A temática destaca a importância dos recursos genéticos como patrimônio biológico e estratégico para o desenvolvimento nacional, destacando seu papel na conservação da biodiversidade, na diversificação dos sistemas produtivos, na segurança alimentar e nutricional e na construção de alternativas sustentáveis para os desafios ambientais, econômicos e sociais contemporâneos.

A programação científica contempla as áreas de recursos genéticos vegetais, animais e de microrganismos, refletindo a amplitude e a interdisciplinaridade desse campo de conhecimento. Os estudos reunidos neste livro de resumos abrangem desde a identificação, a caracterização e a conservação da diversidade genética até o desenvolvimento de estratégias de melhoramento, a aplicação de ferramentas biotecnológicas e a valorização de espécies, variedades, raças e comunidades microbianas de interesse científico, ecológico, cultural e econômico.

A expressiva participação científica desta edição está representada por 539 trabalhos, dos quais 18 foram selecionados para apresentação oral e 521 para apresentação em pôsteres considerando a classificação das áreas nas programações, são 358 trabalhos relacionados aos recursos genéticos vegetais, 91 aos recursos genéticos animais e 90 aos recursos genéticos de microrganismos. Esses números demonstram a diversidade de temas, abordagens e experiências de pesquisa que compõem o congresso, além de evidenciarem o envolvimento da comunidade científica brasileira com a conservação e o uso sustentável dos recursos genéticos no âmbito nacional.

Na área de recursos genéticos vegetais, os trabalhos abrangem a diversidade genética, a caracterização morfológica, fisiológica, bioquímica e molecular, a avaliação de germoplasma, o melhoramento genético e as diferentes estratégias de conservação *in situ*, *ex situ* e *on farm*. Pesquisas com espécies agrícolas, florestais, frutíferas, medicinais e ornamentais demonstram a riqueza da biodiversidade vegetal e seu potencial para a geração de conhecimentos, produtos e tecnologias. Destacam-se investigações sobre conservação *in vitro*, criopreservação, genômica, transcriptômica e outras ferramentas que ampliam as possibilidades de caracterização, conservação e utilização da variabilidade genética. A presença de estudos sobre variedades locais, sistemas agrícolas tradicionais, conhecimentos de comunidades e restauração ecológica reforça a

importância de integrar o conhecimento científico às experiências e práticas de manejo desenvolvidas nos territórios.

No campo dos recursos genéticos animais, os trabalhos contemplam a caracterização e a conservação da diversidade genética, a estrutura populacional, a avaliação da endogamia, o uso de marcadores moleculares e ferramentas genômicas, além de estratégias de melhoramento e manejo. As pesquisas com raças localmente adaptadas e diferentes sistemas de produção evidenciam a importância desses recursos para a manutenção da variabilidade genética, a adaptação às condições ambientais e a sustentabilidade da produção animal. A valorização de raças tradicionais também contribui para reconhecer o patrimônio biológico, produtivo e cultural associado à criação animal, favorecendo a articulação entre conservação genética, desenvolvimento rural e segurança alimentar.

Os recursos genéticos de microrganismos, por sua vez, apresentam perspectivas relevantes para a agricultura, a biotecnologia industrial e a agroindústria. Os estudos incluem a diversidade e a identificação taxonômica de bactérias e fungos, a caracterização molecular e genômica, as interações entre microrganismos, plantas e solo, bem como o potencial de aplicação desses organismos na promoção do crescimento vegetal, no controle biológico de doenças e no desenvolvimento de bioinsumos. Pesquisas voltadas à caracterização de comunidades microbianas e à aplicação de processos biotecnológicos demonstram como o conhecimento sobre a diversidade microbiana pode contribuir para a inovação, a eficiência dos sistemas produtivos e a busca por soluções que reduzam impactos ambientais.

A integração entre essas três áreas evidencia que a conservação dos recursos genéticos não se limita à manutenção de coleções, bancos de germoplasma ou populações em seus ambientes naturais. Ela envolve também a geração de conhecimento, o desenvolvimento de tecnologias, a ampliação das possibilidades de utilização sustentável e a valorização dos diferentes contextos ecológicos, sociais e culturais nos quais esses recursos estão inseridos. Nesse sentido, a biotecnologia constitui uma importante aliada, desde técnicas consolidadas, como a micropropagação e a conservação *in vitro*, até abordagens contemporâneas baseadas em ferramentas ômicas e análises genômicas, que ampliam a capacidade de compreender e utilizar a diversidade biológica.

O tema desta edição também destaca a relação entre recursos genéticos, agricultura familiar e agroindústria. Essa conexão é fundamental para reconhecer a contribuição da biodiversidade à diversificação produtiva, à valorização de espécies e variedades locais, à geração de produtos e processos inovadores e ao fortalecimento de economias regionais. Da mesma forma, ressalta a importância dos agricultores, das comunidades tradicionais, das instituições de pesquisa, das empresas e do poder público na construção de estratégias que conciliem conservação, inovação e desenvolvimento sustentável.

Além da produção científica, o IX CBRG valoriza o diálogo entre a ciência e a sociedade. A realização de atividades de divulgação científica, educação, formação e interação com diferentes públicos amplia o alcance do conhecimento produzido e contribui para aproximar a pesquisa das demandas sociais. Essa dimensão é essencial para fortalecer a compreensão pública sobre a importância dos recursos genéticos e estimular o envolvimento coletivo em sua conservação e utilização responsável.

Nesse contexto, o IX CBRG integra iniciativas que ampliam as possibilidades de articulação entre pesquisa científica, inovação tecnológica, educação e valorização da agrobiodiversidade. Entre elas, destaca-se o **6º BioInova**, realizado em integração com o congresso, que promove o diálogo entre instituições de pesquisa, governo, ecossistemas regionais de inovação, empreendedores e setor produtivo. Sua programação contempla discussões sobre inovação agropecuária na Região Sul, iniciativas governamentais de apoio à inovação, desenvolvimento de bioinsumos e caminhos para

aproximar a produção científica do mercado. O BioInova Ignite Demo Day também proporciona espaço para a apresentação de projetos e o diálogo com especialistas, estimulando conexões entre conhecimento científico, empreendedorismo e desenvolvimento de soluções tecnológicas.

Outra atividade relevante é o **Workshop de Curadores de Recursos Genéticos**, que reúne profissionais envolvidos na conservação e na gestão de coleções de germoplasma para discutir desafios técnicos, institucionais e regulatórios. A programação aborda requisitos de qualidade, sistemas de informação, incluindo a plataforma Alelo, e iniciativas relacionadas à Política Nacional e ao Programa Nacional de Conservação *Ex Situ* de Recursos Genéticos. A atividade também favorece o intercâmbio de experiências sobre estratégias complementares de conservação, reforçando a importância do trabalho dos curadores para a manutenção, a documentação e a disponibilização dos recursos genéticos para pesquisa e uso futuro.

A dimensão educativa do Congresso ganha expressão no **Congressinho - Aprendizes da Conservação de Recursos Genéticos,** iniciativa voltada à participação de estudantes da educação básica e à aproximação entre ciência e comunidade escolar. Por meio de atividades educativas e oficinas, a proposta aborda a biodiversidade e a importância de sua conservação, com temas como plantas nativas da restinga, microrganismos e suas aplicações no cotidiano, além da propagação e conservação de orquídeas ameaçadas. Ao estimular a curiosidade científica e o contato com diferentes estratégias de conservação, o Congressinho contribui para ampliar a compreensão sobre o tema e incentivar o envolvimento das novas gerações na proteção da biodiversidade e dos recursos genéticos.

A **Feira da Agrobiodiversidade**, por sua vez, valoriza os agricultores familiares, os produtores, as associações e os conhecimentos relacionados à conservação e ao uso da diversidade biológica nos sistemas produtivos. A iniciativa promove a divulgação e o intercâmbio de produtos e experiências vinculados à agrobiodiversidade, com destaque para a conservação *on-farm*, o papel dos guardiões de sementes e a importância das espécies nativas e das palmeiras para diferentes territórios. A valorização de recursos como o butiá, associado à Região Sul, e o licuri, presente no Nordeste, evidencia a diversidade de espécies, usos e conhecimentos que integram o patrimônio biológico e cultural brasileiro em diferentes regiões. Ao aproximar produtores, pesquisadores e público, a Feira reforça o papel dos agricultores e das comunidades na conservação dos recursos genéticos e na construção de sistemas produtivos sustentáveis.

Em conjunto, essas iniciativas ampliam o alcance do IX CBRG ao integrar a produção científica à formação de profissionais, à gestão de coleções, ao empreendedorismo, à educação e à valorização dos sistemas produtivos e dos conhecimentos locais. Essa articulação evidencia que a conservação e o uso racional dos recursos genéticos dependem tanto do avanço científico e tecnológico quanto do envolvimento de instituições, produtores, comunidades e sociedade.

Os trabalhos reunidos neste livro representam, portanto, uma amostra da diversidade e da vitalidade da pesquisa brasileira em recursos genéticos. Em um cenário de perda de biodiversidade, mudanças climáticas e crescente demanda por sistemas produtivos resilientes, o investimento em ciência, tecnologia e inovação é indispensável para ampliar as possibilidades de conservação, promover o uso sustentável da diversidade biológica e subsidiar políticas públicas comprometidas com o desenvolvimento do país e a manutenção de seu patrimônio genético.

A Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos agradece a todos os autores, avaliadores, palestrantes, participantes, instituições parceiras e equipes envolvidas na realização do IX CBRG. A contribuição de cada um é fundamental para consolidar este espaço de encontro, compartilhamento de experiências e construção coletiva do conhecimento.

Que o Congresso fortaleça parcerias, estimule novas pesquisas e amplie o diálogo entre ciência, sociedade e setor produtivo, reafirmando os recursos genéticos como patrimônio estratégico do Brasil e fundamento para um futuro mais biodiverso, sustentável e inovador.

Boa leitura e um excelente IX Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos!




## 5. PRÊMIO CLARA OLIVEIRA GOEDERT

**Categoria Sênior**

- **Área Vegetal**
  Manoel Abílio de Queiróz

- **Área Animal**
  Maria Clorinda Soares Fioravanti

- **Área Microrganismos**
  Maria Laura Turino Mattos

**Categoria Trabalho Científico**

- **Área Vegetal**
  COSTA, Flaviane Malaquias; VIDAL, Rafael; SILVA, Natalia Carolina de Almeida; VEASEY, Elizabeth Ann; FREITAS, Fabio de Oliveira; ZUCCHI, Maria Imaculada. Archaeological findings show the extent of primitive characteristics of maize in South America. Science Advances, v. 10, eadn1466, 2024. https://doi.org/10.1126/sciadv.adn1466

- **Área Animal**
  BORGES, Gustavo Henrique Carvalho; SANTANA, Mário Luiz; LIGORI, Viviane Andrade; SARTI, Mayne Barboza; CARRARA, Eula Regina; VALENTE, Júlia de Paula Soares; MERCADANTE, Maria Eugênia Zerlotti; ZADRA, Lenira El Faro. Genetic diversity of Caracu cattle reveals contrasting trends between general and closed populations. Tropical Animal Health and Production, v. 58, e584, 2026. https://doi.org/10.1007/s11250-026-05351-9

- **Área Microrganismos**
  ZILLES, Fernanda Kelly da Silva; NASCIMENTO, Mariana Machado Fidelis; SANTOS, Izabeli Isidoro; LIMA, Mariana Mendoza; LAURINDO, Vinicius Oliveira. *Trichoderma endophyticum* to promote the growth and productivity of soybean. Ciência Rural, v. 55, e20240171, 2025. https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20240171

**Categoria Tese/ Dissertação**

- **Área Vegetal**
  Autora: Michele dos Santos Ferreira
  Título: Criopreservação de grãos de pólen de espécies silvestres de *Passiflora* L. e revisão sistemática de quatro décadas de pesquisa
  Orientadora: Claudineia Regina Pelacani Cruz
  Coorientadoras: Fernanda Vidigal Duarte Souza; Eva Maria Rodrigues Costa
  Tese (doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, 2024

- **Área Animal**
  Autor: Sebastião Ferreira Magagnin
  Título: Caracterização da carne, gordura e produto curado de suínos da raça Moura criados em pastoreio rotacionado
  Orientador: Giustino Tribuzi
  Coorientador: Marson Bruck Warpechowski
  Tese (doutorado) - Programa de Pós-Graduação em Ciências de Alimentos da Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, 2025

- **Área Microrganismos**
  Autora: Vanessa Vaz Leonel
  Título: Relações filogenéticas de espécies de *Ganoderma* utilizadas na produção de biomateriais
  Orientadora: Juliana Vitoria Messias Bittencourt
  Dissertação (mestrado) - Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Ponta Grossa, 2025

# 6. RELAÇÃO DOS TRABALHOS

| SESSÃO VEGETAL | | |
|---|---|---|
| **Nº** | **TÍTULO DO TRABALHO** | **APRESENTADOR** |
| RGV-002 | SEMENTES E TERRITÓRIOS DE AGROBIODIVERSIDADE: UM PERCURSO PARA O RECONHECIMENTO DE SISTEMAS AGRÍCOLAS TRADICIONAIS (SATS) NO URUGUAI | NATÁLIA DE ALMEIDA |
| RGV-005 | RANKING AGRONÔMICO E FINALIDADE DE USO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE MELÃO AMARELO | STEFESON B. MELO |
| RGV-006 | ANÁLISE DE PARETO APLICADA À CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MELÃO AMARELO QUANTO À PRODUTIVIDADE, QUALIDADE E FINALIDADE AGRONÔMICA | STEFESON B. DE MELO |
| RGV-007 | CONTAMINAÇÃO TRANSGÊNICA EM VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO CONSERVADAS NO SEMIÁRIDO CEARENSE | JAIANE SAMPAIO FRANÇA |
| RGV-008 | MANUTENÇÃO ON FARM DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO EM CASAS DE SEMENTES NO CENTRO-SUL DO CEARÁ | JAIANE S. FRANÇA |
| RGV-009 | HOJE NÃO TEVE FUTEBOL NA ALDEIA | FABIO DE OLIVEIRA FREITAS |
| RGV-010 | A DOMESTICAÇÃO E A INTENSIFICAÇÃO NO MANEJO AGRÍCOLA REMODELAM A COMPOSIÇÃO E A DIVERSIDADE DE FUNGOS ENDOFÍTICOS DE SEMENTES EM MILHO | SAMUEL H. KAMPHORST |
| RGV-011 | RESSEQUENCIAMENTO DO GENOMA COMPLETO DE BAIXA COBERTURA DE TRÊS ESPÉCIES DE ACROCOMIA REVELA SUA HISTÓRIA EVOLUTIVA | EDUARDO A. M. CASTRO |
| RGV-012 | SISTEMA AGROFLORESTAL TRADICIONAL DO PINHÃO (SAT PINHÃO): CONSERVAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS DA FLORESTA COM ARAUCÁRIA | ALEXANDRE SIMINSKI |
| RGV-013 | DIVERGÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERES DA QUALIDADE FÍSICA E FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO | NERINÉIA D. RIBEIRO |
| RGV-014 | DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PARA CARACTERES AGRONÔMICOS AVALIADOS EM MÚLTIPLOS EXPERIMENTOS | NERINÉIA D. RIBEIRO |
| RGV-015 | METILAÇÃO DO DNA EM TECIDOS DE EMBRIÃO E ENDOSPERMA DE MILHO DURANTE A GERMINAÇÃO SOB ESTRESSE SALINO | LIANA H. G. MENGARDA |
| RGV-016 | CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES DE QUALIDADE DE SEMENTES E O DESEMPENHO GERMINATIVO DE TRÊS GENÓTIPOS DE FEIJÃO SOB ESTRESSE SALINO | LIANA HILDA G. MENGARDA |
| RGV-017 | CARACTERIZAÇÃO ON FARM DE VARIEDADES LOCAIS DE FEIJÃO EM CASAS DE SEMENTES NO CENTRO-SUL DO CEARÁ. | ISA SILVA COSTA |
| RGV-018 | CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO À GIBERELA E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS | TAINARA FELDMANN |
| RGV-019 | CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA, REPRODUTIVA E PARÂMETROS GENÉTICOS DA ABÓBORA BRANCA (LAGENARIA SICERARIA (MOLINA) SUBSP. ASIATICA KOBEL) PARA SUA CONSERVAÇÃO NO CARIBE COLOMBIANO | IVÁN JAVIER P. VARGAS |
| RGV-021 | IDENTIFICAÇÃO E APLICAÇÃO IN SILICO DE MARCADORES SSR PLASTIDIAIS EM PLINIA EDULIS (MYRTACEAE) | JORDANA C. NAGEL |
| RGV-022 | ESPINHEIRA SANTA (MAYTENUS ILICIFOLIA MART. EX. REISSEK): VARIABILIDADE MORFOLÓGICA E QUÍMICA | ROGER R. CIPRIANO |
| RGV-024 | RECURSOS GENÉTICOS DE FEIJÃO-FAVA PARA ADAPTAÇÃO AO ESTRESSE TÉRMICO | RAIMUNDO N. O. SILVA |
| RGV-031 | RESTAURANDO PAISAGENS, CONSERVANDO RECURSOS GENÉTICOS: A EXPERIÊNCIA MBYÁ GUARANI NO SUL DO BRASIL | CLAUDETE C. MISTURA |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-036 | QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE PIMENTAS EM FUNÇÃO DA MATURAÇÃO DOS FRUTOS E DO REPOUSO PÓS-COLHEITA | KALINDI L. SCHWAIZER |
| RGV-037 | ANÁLISE FÍSICO-QUÍMICA DE FRUTOS EM CULTIVARES DE BANANA NO CERRADO DO AMAPÁ | LEANDRO T. CALDAS |
| RGV-038 | COLETA, CARACTERIZAÇÃO, USO E DISTRIBUIÇÃO DE SEMENTES DE FEIJÃO COMUM NO OESTE DE SANTA CATARINA | JOSANE BIAVATTI |
| RGV-039 | EUCALYPTUS PELLITA DE SEGUNDA GERAÇÃO NO BOLSÃO SUL-MATO-GROSSENSE EM AVALIAÇÃO PRECOCE | JULIA ARAUJO PETRECA |
| RGV-040 | SELEÇÃO DE PORTA-ENXERTOS PROMISSORES PARA A LARANJEIRA 'PERA CNPMF D6' VISANDO À CITRICULTURA SUSTENTÁVEL NO CERRADO DO AMAPÁ | IANÊ VALENTE PIRES |
| RGV-042 | DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE ACESSOS DE FEIJÃO CONSERVADOS NO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFSC | JOÃO PEDRO ANTONIUTTI |
| RGV-043 | RESTAURAÇÃO INCLUSIVA COMO ESTRATÉGIA DE PROMOÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DA MATA ATLÂNTICA | KARINE L. DOS SANTOS |
| RGV-044 | ESPÉCIES FLORESTAIS AMEAÇADAS DE EXTINÇÃO E RARAS NO SISTEMA AGROFLORESTAL TRADICIONAL DO PINHÃO | ENZO G. LUCIANO |
| RGV-045 | AVALIAÇÃO DE PARÂMETROS BIOMÉTRICOS, BIOMASSA E ESTOQUE DE CARBONO EM DICKSONIA SELLOWIANA EM PAISAGENS MANEJADAS PARA PRODUÇÃO DE PINHÃO NO PLANALTO CATARINENSE | ENZO G. LUCIANO |
| RGV-048 | QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE FEIJÃO COMUM DE DISTINTAS SAFRAS ARMAZENADAS EM AMBIENTE CONTROLADO. | MARIA LUIZA ANDREIS |
| RGV-049 | ESTABELECIMENTO IN VITRO DE SEMENTES DE MANDEVILLA VELAME (A.ST.-HIL.) PICHON: AVALIAÇÃO DE PROTOCOLOS DE DESCONTAMINAÇÃO E GERMINAÇÃO | THIAGO H. DIAS E SILVA |
| RGV-050 | CONSERVAÇÃO GENÉTICA EX SITU DE ASTRONIUM URUNDEUVA EM ÁREA DE CERRADO: PARÂMETROS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES EM FASE JUVENIL | MARILIA G. PEREIRA |
| RGV-051 | DINÂMICA DO APARATO FOTOSSINTÉTICO EM FOLHAS VARIEGATAS DE AECHMEA COMATA VAR. MAKOYANA | TAINÁ BURGARDT |
| RGV-052 | ADAPTAÇÃO METODOLÓGICA PARA ANÁLISE MULTIESPECTRAL DE SEMENTES DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO | RENATA CARVALHO |
| RGV-053 | AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE 17 ACESSOS DE GUABIJUZEIROS [MYRCIANTHES PUNGENS (O. BERG) D. LEGRAND] POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES AFLP | MAGNÓLIA A. S. DA SILVA |
| RGV-054 | PROPOSTA DE LISTA DE DESCRITORES MORFOLÓGICOS PARA O GUABIJUZEIRO [MYRCIANTHES PUNGENS (O. BERG) D. LEGRAND] | MAGNÓLIA A. S. DA SILVA |
| RGV-055 | SELEÇÃO DE CULTIVARES DE COFFEA ARABICA L. RESILIENTES ÀS CONDIÇÕES EDAFOCLIMÁTICAS DA AMAZÔNIA | ARTHUR A. OCCHIUTTO |
| RGV-058 | RESPOSTAS MORFOFISIOLÓGICAS DE PHYSALIS ANGULATA L. IN VITRO SUBMETIDA À SALINIDADE E MODULADA PELA APLICAÇÃO EXÓGENA DE PROLINA | ISABELA S. C. CONCEIÇÃO |
| RGV-059 | MODULAÇÃO BIOQUÍMICA E ANTIOXIDANTE POR PROLINA EXÓGENA EM PHYSALIS ANGULATA L. SOB ESTRESSE SALINO IN VITRO | ISABELA S. C. CONCEIÇÃO |
| RGV-060 | CONSERVAÇÃO ON FARM DE RECURSOS GENÉTICOS ALIMENTÍCIOS EM UNIDADES FAMILIARES DE SEARA, SC | GRACE KELLY MUNARETTO |
| RGV-061 | CARACTERIZAÇÃO FITOQUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE CROTON ARGYROPHYLUS KUNTH COLETADO NO SEMIÁRIDO | LUIZ A. S. SANTANA |

| | | |
|---|---|---|
| | BAIANO E SEU POTENCIAL PARA APLICAÇÕES AGRÍCOLAS SUSTENTÁVEIS | |
| RGV-064 | DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE BANANA NA PRIMEIRA SAFRA EM PORTO GRANDE-AMAPÁ | LEOMAR K. REIS DA CRUZ |
| RGV-067 | VIGOR INICIAL E MOMENTO DE COLHEITA NA CONSERVAÇÃO DA QUALIDADE DE SEMENTES DE FEIJÃO COMUM | HELEN C. SANDI |
| RGV-068 | ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES DE MAGONIA PUBESCENS: SUBSÍDIOS PARA A CONSERVAÇÃO GENÉTICA EX SITU | MARILIA G. PEREIRA |
| RGV-069 | AVALIAÇÃO FENOLÓGICA DE 16 ACESSOS DE GUABIJUZEIROS [MYRCIANTHES PUNGENS (O. BERG) D. LEGRAND] | SERGIO F. SCHWARZ |
| RGV-070 | MORFOLOGIA DE SEMENTES DE ORQUÍDEAS NATIVAS DA MATA ATLÂNTICA | WILLIAM S. CABRAL |
| RGV-071 | UM NOVO REGISTRO DE ESTRUTURAS SECRETORAS FLORAIS EM BROMELIACEAE: OS COLÉTERES PETALÍNEOS DE NEOGLAZIOVIA VARIEGATA (ARRUDA) MEZ. | WILLIAM S. CABRAL |
| RGV-072 | REVELANDO O PROCESSO DE DOMESTICAÇÃO E MELHORAMENTO DA FEIJOA SELLOWIANA NO URUGUAI | CLARA PRITSCH |
| RGV-073 | ANÁLISE DA VARIAÇÃO ESPACIAL E TEMPORAL DA ACIDEZ TITULÁVEL EM FOLHAS VARIEGADAS DE AECHMEA COMATA VAR. MAKOYANA | JAMILLE DA S. MARQUES |
| RGV-074 | RANDOM FOREST APLICADO A UM PROBLEMA DE CLASSIFICAÇÃO GENOTÍPICA EM GOIABEIRA-SERRANA | RITA C. DE MELO |
| RGV-075 | POTENCIAL PROPAGATIVO DE PROGÊNIES DE FEIJOA SELLOWIANA (O. BERG) O. BERG | RITA CAROLINA DE MELO |
| RGV-076 | PREDIÇÃO DO PESO DE POLPA EM FRUTOS DE FEIJOA POR RANDOM FOREST | GUSTAVO H. M. REGAZOLLI |
| RGV-077 | DIÂMETRO DE ÁRVORES DE ZEYHERIA TUBERCULOSA (VELL.) BUREAU EX VERL. EM UM TESTE DE PROGÊNIES NO SUL DE MINAS GERAIS | LAVÍNIA B. OLIVEIRA |
| RGV-078 | ÉPOCA DE COLETA EM MINIESTAQUIA DE FEIJOA SELLOWIANA (O. BERG) O. BERG | GUSTAVO H. M. REGAZOLLI |
| RGV-079 | AVALIAÇÃO DE MÉTODOS DE PREPARO DE AMOSTRAS PARA EXTRAÇÃO DE DNA EM BERTHOLLETIA EXCELSA BONPL. | LAVÍNIA B. OLIVEIRA |
| RGV-080 | PERFIL QUÍMICO E RENDIMENTO DE ÓLEOS ESSENCIAIS DE PITANGA E ARAÇÁ COM POTENCIAL PARA APLICAÇÕES EM BIOPRODUTOS | GABRIELA P. BENECIOTO |
| RGV-081 | METABOLOMA ASSOCIADO À COMPETÊNCIA EMBRIOGÊNICA DE LINHAGENS DE PINUS ELLIOTTII CARACTERIZADO POR CROMATOGRAFIA GASOSA ACOPLADA À ESPECTROMETRIA DE MASSAS | GABRIELA P. BENECIOTO |
| RGV-082 | PROLINA EM ACESSOS DE GLIRICIDIA SOB ESTRESSE SALINO: SUBSÍDIOS À CONSERVAÇÃO GENÉTICA | RAFAELA DA M. ANDRADE |
| RGV-083 | CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA DE GLIRICIDIA: RESPOSTAS AO ESTRESSE HÍDRICO | RAFAELA DA M. ANDRADE |
| RGV-085 | DESEMPENHO E ESTABILIDADE DE PORTA-ENXERTOS PARA LARANJEIRA ‘PERA D-6’ NO CERRADO AMAPAENSE | PAULO R. DOS SANTOS |
| RGV-086 | CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE CULTIVARES DE CAFÉ ARÁBICA EM CLIMA AMAZÔNICO | ANTONIO R. DA CUNHA NETO |
| RGV-089 | MEMÓRIA BIOCULTURAL E CONSERVAÇÃO ON FARM DE RECURSOS FITOGENÉTICOS EM SEARA, SC | HENRIQUE G. LORENZETT |
| RGV-091 | CONTRIBUIÇÕES DO MELHORAMENTO GENÉTICO PARA A DIVERSIDADE E PRODUTIVIDADE DA BATATA-DOCE: UM ESTUDO COMPARATIVO DE GENÓTIPOS. | JORGE A. B. GONZALEZ |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-092 | EFEITO DO PRÉ-TRATAMENTO COM LOADING E DO TEMPO DE EXPOSIÇÃO AO PVS3 NA CRIOPRESERVAÇÃO DE SEGMENTOS NODAIS DE PLEROMA HIRSUTISSIMUM | LUANA A. B. DE S. CORRÊA |
| RGV-094 | COMPORTAMENTO FOTOSSINTÉTICO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-GUANDU SOB DIFERENTES NÍVEIS DE SOMBREAMENTO | WELLINGTON F. CAMPOS |
| RGV-095 | FORMAÇÃO DE MICRÓCITOS E ELIMINAÇÃO DE CROMOSSOMOS EM UM ACESSO DE UROCHLOA BRIZANTHA | PEDRO H. S. DUHATSCHEK |
| RGV-096 | AVALIAÇÃO FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE VARIEDADES LOCAIS DE ARROZ SEQUEIRO EM FUNÇÃO DA POSIÇÃO NA PANÍCULA | LUIZA M. DE ALMEIDA |
| RGV-097 | PROPOSTA DE ESCALA FENOLÓGICA BBCH PARA MARACUJAZEIRO-AZEDO NO SUL DO BRASIL | SERGIO F. SCHWARZ |
| RGV-099 | POLIPLOIDIZAÇÃO ARTIFICIAL EM PHYSALIS ANGULATA L. | ISABELA DE A. OLIVEIRA |
| RGV-100 | GERMINAÇÃO DE SEMENTES E PROPAGAÇÃO CLONAL IN VITRO DE DIPTERYX ALATA VOGEL. PARA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS | VALENTINA N. MARÍN |
| RGV-101 | OTIMIZAÇÃO DO CULTIVO IN VITRO DE MERISTEMAS DE LÚPULO PARA PROPAGAÇÃO CLONAL | ERYC LUAN DIAS |
| RGV-102 | SEQUENCIAMENTO E MONTAGEM DE UM GENOMA DE ALTA QUALIDADE PARA EUGENIA UNIFLORA L. (MYRTACEAE) POR SEQUENCIAMENTO DE TERCEIRA GERAÇÃO | LIANA B. B. PETRARCA |
| RGV-103 | OTIMIZAÇÃO DE ETAPAS DA REGENERAÇÃO IN VITRO DE ANACARDIUM OCCIDENTALE L. COMO MODELO EXPERIMENTAL PARA ESPÉCIES DO GÊNERO ANACARDIUM | MARIANA G. MOREIRA |
| RGV-104 | RESPOSTAS FISIOLÓGICAS DE MUDAS DE EUTERPE EDULIS MART. SUBMETIDAS A DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE PROTEÇÃO CONTRA RADIAÇÃO SOLAR | ISABELE DA R. SCHADEK |
| RGV-108 | ESTAQUIA COMO ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO DO PAU-ROSA, ESPÉCIE AMEAÇADA DE EXTINÇÃO | REGINA C. QUISEN |
| RGV-112 | DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE PIPER HISPIDINERVUM C.DC. CONTIDOS EM BANCO DE GERMOPLASMA | JACSON R. S. NEGREIROS |
| RGV-113 | ESTUDO DE POPULAÇÕES DE PIPER ADUNCUM L. ORIUNDAS DO BANCO DE GERMOPLASMA PARA ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE GENÉTICA | JACSON R. DA S. NEGREIROS |
| RGV-114 | O PROJETO MÃOS GUARDIÃS E O FORTALECIMENTO DA CONSERVAÇÃO COMUNITÁRIA DE SEMENTES CRIOULAS EM TERRITÓRIOS QUILOMBOLAS NO LITORAL MÉDIO DO RS | JULIANA C. B. VILLELA |
| RGV-116 | AVALIAÇÃO DO COMPORTAMENTO MEIÓTICO DE UM ACESSO DE UROCHLOA BRIZANTHA (HOCHST. EX. A. RICH.) R. D. WEBSTER [SYN. BRACHIARIA BRIZANTHA (A. RICH.) STAPF] | BIBIANA H. ESTIVALET |
| RGV-117 | VARIABILIDADE NO COMPORTAMENTO GERMINATIVO DE POPULAÇÕES NATURAIS DE CONYZA SPP. EM RESPOSTA À TEMPERATURA | MARINA J. A. POSSATTI |
| RGV-118 | PREDIÇÃO DO RENDIMENTO DE GRÃOS EM POPULAÇÕES DE FEIJÃO COM APRENDIZADO DE MÁQUINA | MAURO B. DE SOUZA |
| RGV-119 | CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO À REAÇÃO AO OÍDIO E COMPONENTES PRODUTIVOS | GABRIEL DAL P. PELISSER |
| RGV-120 | ADERÊNCIA CROMOSSÔMICA E SEGREGAÇÃO IRREGULAR DOS CROMOSSOMOS EM UROCHLOA MOSAMBICENSIS (HANK) DANDY | MARIA F. R. DE TOMASI |
| RGV-121 | CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E MULTIPLICAÇÃO DAS VARIEDADES CRIOULAS DE BATATA-DOCE | FABIANE A. GRESELLE |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-123 | DIÂMETRO DO CAULE REVELA RESPOSTAS CONTRASTANTES EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-GUANDU SOB SOMBREAMENTO | WELLINGTON F. CAMPOS |
| RGV-124 | VIABILIDADE DO PÓLEN E INTERAÇÕES PÓLEN-PISTILO EM BROMUS AULETICUS: CONTRIBUIÇÕES PARA SUA CONSERVAÇÃO E USO | MARIANA VILARÓ |
| RGV-126 | CARACTERIZAÇÃO AMBIENTAL DOS SÍTIOS DE OCORRÊNCIA NATURAL DE POPULAÇÕES DE LIPPIA THYMOIDES MART. & SCHAUER | LENALDO M. DE OLIVEIRA |
| RGV-127 | CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE MEDUSANTHA MARTIUSSI (EX BENTH) HARLEY & J.F.B. PASTORE | LENALDO M. DE OLIVEIRA |
| RGV-130 | OBSERVATÓRIO DA QUALIDADE DAS SEMENTES CRIOULAS: FERRAMENTA DE APOIO À CONSERVAÇÃO ON FARM NO ESTADO DE SÃO PAULO | THÂMARA F.M. CAVALCANTI |
| RGV-131 | O LEGADO DO PARENTE SULINO DO AMENDOIM: GERANDO UM ATLAS TRANSCRIPTÔMICO DE ARACHIS VILLOSA | IGNACIO NAYA |
| RGV-133 | SELEÇÃO RECORRENTE EM VARIEDADE LOCAL DE MILHO COMO ESTRATÉGIA DE USO DE RECURSOS GENÉTICOS | CAROLINE P.ROVANI |
| RGV-134 | VARIEDADES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE MILHO: DESEMPENHO AGRONÔMICO E CONSERVAÇÃO PELO USO | FABIANE A. GRESELLE |
| RGV-135 | CARACTERIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE BANANEIRA DA EMBRAPA EM UNIDADE DE VALIDAÇÃO NO AMAPÁ | VITÓRIA L. G. UGARTE |
| RGV-137 | VALIDAÇÃO E SELEÇÃO DE CULTIVARES DE BANANA PARA A AGROINDÚSTRIA NO AMAPÁ VIA ANÁLISE GT BIPLOT | LUIZ R. GAMA CARNEIRO |
| RGV-138 | IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA FAMÍLIA DE GENES SNAKIN/GASA NO GENOMA DE ARACHIS VILLOSA | SUSANA R. DECUADRO |
| RGV-140 | ESTABELECIMENTO IN VITRO DE CAMPOMANESIA ADAMANTIUM (CAMBESS.) O. BERG (MYRTACEAE): AVALIAÇÃO DE MEIOS DE CULTURA E INDUÇÃO DE BROTAÇÕES LATERAIS | ROGER VIEIRA BRANDÃO |
| RGV-141 | ANÁLISE MULTIVARIADA DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE CONSTITUINTES NUTRICIONAIS EM FEIJÃO-COMUM | CARINA LOPES DJADJO |
| RGV-142 | VARIABILIDADE GENÉTICA PARA O TEOR DE FERRO EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-COMUM VISANDO À BIOFORTIFICAÇÃO | CARINA L. DJADJO |
| RGV-143 | CITOGENÉTICA COMO FERRAMENTA NA CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE UROCHLOA P. BEAUV. | BRUNA V. CADETE CANGUSSU |
| RGV-144 | PERFORMANCE MORFOAGRONÔMICA DE SEIS ACESSOS DE PIMENTEIRA-DO-REINO SOB A APLICAÇÃO DE FÓSFORO NO SOLO EM DOIS TIPOS DE TUTORAMENTO | ORIEL F. DE LEMOS |
| RGV-145 | TRANSMISSÃO DO BLACK PEPPER VIRUS F (BPVF) A PARTIR DE SEMENTES DE ACESSOS DE PIMENTEIRA-DO-REINO | ORIEL F. DE LEMOS |
| RGV-146 | A FLORA MEDICINAL DOS INY-KARAJÁ NO RIO ARAGUAIA, ARUANÃ, GOIÁS: CONTRIBUIÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO E A PROMOÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO CERRADO | ESTEVÃO MACIEL |
| RGV-147 | BIOPROSPECÇÃO DE COPRODUTOS DA CASTANHA-DO-BRASIL NEMATOTÓXICOS PARA AGREGAR VALOR EM RECURSOS GENÉTICOS | MARIANA N. BERBERT |
| RGV-149 | AVALIAÇÃO DAS CONDIÇÕES DE CRIOPROTEÇÃO E RECUPERAÇÃO VISANDO À CONSERVAÇÃO EM LONGO PRAZO DE TARENAYA ATROPURPUREA (CLEOMACEAE) | JAMINE PETTINELLI |
| RGV-150 | CRIOPRESERVAÇÃO DA ESPÉCIE TARENAYA ATROPURPUREA (CLEOMACEAE) PELA TÉCNICA DE D-CRIOPLACA | JAMINE PETTINELLI |
| RGV-151 | VARIAÇÃO NOS NÍVEIS DE PLOIDIA E DIVERSIDADE DO GENOMA PLASTIDIAL EM PSIDIUM CATTLEYANUM: RELAÇÕES | MAGDALENA VAIO |

| | | |
|---|---|---|
| | EVOLUTIVAS ENTRE POPULAÇÕES DO SUL DO BRASIL E DO URUGUAI | |
| RGV-152 | ESTUDO DE ANTIXENOSE DE TETRANYCHUS URTICAE KOCH EM CULTIVARES DE MORANGUEIRO | NATÁLIA S. DOS SANTOS |
| RGV-153 | CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E CULINÁRIA DE VARIEDADES LOCAIS DE MANDIOCA DE MESA | LUAN GUSTAVO POPP |
| RGV-154 | SELEÇÃO RECORRENTE EM VARIEDADE LOCAL DE MILHO: TERCEIRO CICLO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS | BRUNO H. S. CHIARELLO |
| RGV-156 | METABOLÔMICA APLICADA À DESCOBERTA E VALIDAÇÃO DE BIOMARCADORES ASSOCIADOS À COMPETÊNCIA RIZOGÊNICA EM ILEX PARAGUARIENSIS | BRUNA CAPRINI |
| RGV-157 | VALIDAÇÃO DE MEIO DE CULTURA OTIMIZADO PARA MICROPROPAGAÇÃO DE ILEX PARAGUARIENSIS COM BASE EM AJUSTES DE NITROGÊNIO E MICRONUTRIENTES | BRUNA CAPRINI |
| RGV-159 | AVALIAÇÃO PRELIMINAR DE RESISTÊNCIA AO TRIPES EM GENÓTIPOS DE CITRULLUS SPP. | RITA DE CÁSSIA S. DIAS |
| RGV-162 | IDENTIFICAÇÃO DE ACESSOS DE CENCHRUS CILIARIS L. COM POTENCIAL DE TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO | ANANDA DOS S. RABELO |
| RGV-163 | PREDIÇÃO DO TEOR DE FERRO EM ACESSOS DE FEIJÃO COM APRENDIZADO DE MÁQUINA | MAURO B. DE SOUZA |
| RGV-164 | RESPOSTA TRANSCRIPTÔMICA DE ACESSOS CONTRASTANTES DE CENCHRUS CILIARIS AO DÉFICIT HÍDRICO EVIDENCIA MECANISMOS MOLECULARES ASSOCIADOS À TOLERÂNCIA À SECA | ANANDA DOS S. RABELO |
| RGV-165 | DIVERSIDADE GENÉTICA E FENOTÍPICA DE ACESSOS DE HANCORNIA SPECIOSA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MANGABA DA EMBRAPA TABULEIROS COSTEIROS | JULIANA LOPES SOUZA |
| RGV-171 | INFLUÊNCIA DO TIPO DE RECIPIENTE NA ACLIMATIZAÇÃO DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE DENDROCALAMUS LATIFLORUS MUNRO | DANYELE SILVA D. PACHECO |
| RGV-179 | SELEÇÃO UNIVARIADA E ÍNDICE MGIDI NA IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE LINHAÇA | MARINA M. CRESTANI |
| RGV-180 | CRESCIMENTO E PRODUÇÃO DE BIOMASSA DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE BAMBU (DENDROCALAMUS LATIFLORUS MUNRO) SOB DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE FERTILIZAÇÃO | DANYELE SILVA D. PACHECO |
| RGV-183 | PATRIMÔNIO BIOCULTURAL E CONSERVAÇÃO DE BUTIA CATARINENSIS NO SUL DO BRASIL | CARLOS FELLIPE M. DE LIMA |
| RGV-184 | CONSERVAÇÃO IN SITU/ ON FARM DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS PARA ALIMENTAÇÃO E AGRICULTURA NO SUL DO BRASIL | CARLOS FELLIPE M. DE LIMA |
| RGV-185 | INDUÇÃO DE BROTAÇÕES IN VITRO EM SEGMENTOS NODAIS DE BAGASSA GUIANENSIS AUBL. COM USO DE DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE BAP | RAIRYS C. HERRERA |
| RGV-186 | ACLIMATIZAÇÃO DE BAGASSA GUIANENSIS AUBL. | RAIRYS CRAVO HERRERA |
| RGV-188 | CURVA DE CRESCIMENTO DE CALOS DE VOUACAPOUA AMERICANA AUBL. | ISRAELI INGRID C. DE BRITO |
| RGV-189 | USO DE TÉCNICAS IN VITRO PARA A CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA DE THEOBROMA SPECIOSUM: UMA ESPÉCIE SILVESTRE AMAZÔNICA | ISRAELI INGRID C. DE BRITO |
| RGV-190 | LACUNAS DE CONSERVAÇÃO AMEAÇAM PARENTES SILVESTRES DE PLANTAS CULTIVADAS ENDÊMICOS DO PAMPA | DAIANE R. VAHL |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-191 | VULNERABILIDADE CLIMÁTICA E POTENCIAL DE TOLERÂNCIA A SECA E CALOR EM PARENTES SILVESTRES DE LEGUMINOSAS NATIVAS DO PAMPA | DAIANE R. VAHL |
| RGV-192 | CIÊNCIA EXPERIMENTAL NA EDUCAÇÃO BÁSICA: DESPERTANDO O INTERESSE PELA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DO SEMIÁRIDO | ROSANE MAIA PEREIRA |
| RGV-193 | RESPOSTAS BIOQUÍMICAS E ESPECTROSCÓPICAS DE COMANTHERA MUCUGENSIS AO ESTRESSE SALINO IN VITRO | ROSANE MAIA PEREIRA |
| RGV-199 | VARIABILIDADE NO TEOR E NA COMPOSIÇÃO DE ÓLEOS ESSENCIAIS EM EUGENIA UNIFLORA L. | ROGER R. CIPRIANO |
| RGV-200 | CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE ACESSOS DE ABÓBORA SUBMETIDOS À INOCULAÇÃO COM MELOIDOGYNE INCOGNITA | LINDOMAR M. DA SILVEIRA |
| RGV-201 | AVALIAÇÃO DE DESEMPENHO VEGETATIVO DE ACESSOS DE ABÓBORA INOCULADOS COM MELOIDOGYNE INCOGNITA | LINDOMAR M. DA SILVEIRA |
| RGV-204 | PERFORMANCE IN VITRO DE CULTIVARES DE BATATEIRA EM MEIOS DE CULTURA ALTERNATIVOS | FRANCISCO W. R. JUNIOR |
| RGV-205 | DADOS FITOMÉTRICOS DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE CULTIVARES DE BATATEIRA CONFORME A ORIENTAÇÃO DE EXPLANTES | FRANCISCO W. R. JUNIOR |
| RGV-210 | REMOÇÃO DO OPÉRCULO COMO TRATAMENTO PRÉ-GERMINATIVO EM ESPÉCIES DE BUTIA DO RIO GRANDE DO SUL | VICTORIA F. DE OLIVEIRA |
| RGV-213 | EXPRESSÃO GÊNICA DE MANDIOQUINHA-SALSA EM RESPOSTA AO CALOR. | DIELLY M. COMELLI ALVES |
| RGV-214 | VARIABILIDADE DA COLORAÇÃO DOS GRÃOS EM LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA. | DIELLY M. C. ALVES |
| RGV-218 | DESCOBERTA DE POTENCIAIS VITIVIRUS POR MEIO DE VIRÔMICA EM GERMOPLASMA DE ABACAXI | FERNANDA V. D.SOUZA |
| RGV-219 | RELAÇÃO ENTRE A INTENSIDADE DE ATAQUE DA TRAÇA-DA-CASTANHA E A FENOLOGIA ENTRE ACESSOS DE CAJUEIRO | ANA CECÍLIA R. DE CASTRO |
| RGV-220 | ANÁLISE DA INFLUÊNCIA DA PROCEDÊNCIA SOBRE CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS DE ACESSOS DE ANACARDIUM OCCIDENTALE L. | ANA CECÍLIA R. DE CASTRO |
| RGV-221 | BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA CONSERVA VARIABILIDADE MORFOAGRONÔMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO | YASMIN PINCEGHER SIEGA |
| RGV-223 | PODE: UM BANCO DE DADOS FUNCIONAL PÓS-GENÔMICO PARA EXPRESSÃO DIFERENCIAL E MELHORAMENTO DE PRECISÃO EM PORTULACA OLERACEA SOB ESTRESSE ABIÓTICO | MANOEL T. SOUZA JÚNIOR |
| RGV-224 | ARQUITETURA MOLECULAR DA RESILIÊNCIA À SALINIDADE EM PORTULACA OLERACEA: UMA ANÁLISE DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE AQPS, HSPS E PROTEÍNAS LEA. | MANOEL T. SOUZA JÚNIOR |
| RGV-226 | COMPARAÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE POPULAÇÕES DE POLINIZAÇÃO ABERTA, HÍBRIDOS E CULTIVARES COMERCIAIS DE CEBOLA EM FLORIANÓPOLIS-SC | PATRIK F. DE A. MARQUES |
| RGV-234 | EFEITO DO USO DE ÓLEO ESSENCIAL DE LOURO (LAURUS NOBILIS L.) NA ATIVIDADE ALIMENTAR DA LAGARTA DIONE JUNO JUNO (CRAMER) (LEPIDOPTERA: NYMPHALIDAE) | BIANCA DE L. FERNANDES |
| RGV-245 | FENOLOGIA DO CAFEEIRO (COFFEA ARABICA L.) NAS CONDIÇÕES EDAFOCLIMÁTICAS DE NOVA TRENTO, SANTA CATARINA | MARIA L. D. SOUZA |
| RGV-247 | EFEITOS DO EXTRATO AQUOSO DE PESSEGUEIRO-BRAVO (PRUNUS MYRTIFOLIA (L.) URB.) NA ALIMENTAÇÃO DA LAGARTA-PRETA-DO-MARACUJÁ (DIONE JUNO JUNO (CRAMER) LEPIDOPTERA: NYMPHALIDAE) | LUÍS G. DOBGINSKI |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-248 | MODELAGEM NÃO DESTRUTIVA DA ÁREA FOLIAR DE CULTIVARES DE FEIJOA SUBMETIDAS A DIFERENTES MÉTODOS DE PROPAGAÇÃO | EMANUEL SCALFI SANTOS |
| RGV-250 | ESPECTROSCOPIA NO INFRAVERMELHO PRÓXIMO PARA PREDIÇÃO DO ENRAIZAMENTO DE MINIESTACAS DE ERVA-MATE | FELIPE PERIN SANTOS |
| RGV-251 | PLANTAS DE COBERTURA AUMENTAM A PRODUÇÃO DE BIOMASSA, A PRODUTIVIDADE E REDUZEM A PODRIDÃO DE CACHOS DA VIDEIRA VAR. VIOGNIER EM CAMPO LARGO, PR | MICHELLE B. TEIXEIRA-LOSS |
| RGV-253 | DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEIJÃO-FAVA COMO FONTE DE TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO NO MEIO NORTE NORDESTINO | REGINA L. F. GOMES |
| RGV-254 | DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA QUANTO À TOLERÂNCIA TÉRMICA | REGINA L. FERREIRA GOMES |
| RGV-255 | DO TEOSINTO AO MILHO: DOMESTICAÇÃO ESTRATIFICADA, DISPERSÕES HUMANAS E O PAPEL DA AMAZÔNIA E DE TRADIÇÕES CULTURAIS DO PASSADO REMOTO NA EVOLUÇÃO DO MILHO | FÁBIO OLIVEIRA FREITAS |
| RGV-256 | EXCELÊNCIA NA GESTÃO DE RECURSOS GENÉTICOS: A EXPERIÊNCIA DA EMBRAPA COM A CERTIFICAÇÃO DA QUALIDADE EM PD&I | CLARISSA S. P. DE CASTRO |
| RGV-257 | EFEITO DO TEMPO DE PRÉ-TRATAMENTO OSMÓTICO NA REGENERAÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE THEOBROMA CACAO L. SUBMETIDOS À CRIOPRESERVAÇÃO | ELIAS DA CRUZ RIBEIRO |
| RGV-259 | ESTABELECIMENTO DE PROTOCOLO PARA GERMINAÇÃO IN VITRO DE PÓLEN DE THEOBROMA CACAO L. | ELIAS DA CRUZ RIBEIRO |
| RGV-260 | EFEITO DE DIFERENTES CONCENTRAÇÕES E FREQUÊNCIAS DE APLICAÇÃO DE BIOFERTILIZANTE NO DESENVOLVIMENTO DE MUDAS DE ERVA-MATE | GABRIELA W. DE ARRUDA |
| RGV-261 | DINÂMICA DE MULTIPLICAÇÃO IN VITRO DE DENDROCALAMUS LATIFLORUS AO LONGO DE SUBCULTIVOS SUCESSIVOS | ANNA C. A. DE OLIVEIRA |
| RGV-262 | QUALIDADE TECNOLÓGICA DE MERLOT KHORUS® E MERLOT EM VITICULTURA DE ALTITUDE | GABRIELA W. DE ARRUDA |
| RGV-263 | ESTIMATIVA DO POTENCIAL DE PRODUÇÃO CLONAL DE PIPER ADUNCUM L. VIA EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA | NATÁLIA B. DE SOUZA |
| RGV-264 | EFEITO COMPARATIVO DA CONCENTRAÇÃO DE SAIS DO MEIO E DO TEMPO DE CULTIVO NA MULTIPLICAÇÃO CLONAL DE PIPER ADUNCUM L. | NATÁLIA BARROS DE SOUZA |
| RGV-265 | ESTABELECIMENTO IN VITRO DE PARABLECHNUM CORDATUM (BLECHNACEAE): DESINFESTAÇÃO E CONTROLE DE CONTAMINAÇÃO | IASMIN T. GROTT |
| RGV-267 | CAPACITAÇÃO TÉCNICA A PARTIR DO USO DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE PLANTAS AROMÁTICAS | ELIANE GOMES FABRI |
| RGV-269 | ECOFISIOLOGIA DO CAFEEIRO (COFFEA ARABICA L.) NAS CONDIÇÕES EDAFOCLIMÁTICAS DE SANTA CATARINA | MARIA LUIZA D. SOUZA |
| RGV-271 | ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MILHO COM GRÃOS DO TIPO PIPOCA ORIGINÁRIOS DA REGIÃO SUL DO BRASIL | FLAVIA F. TEIXEIRA |
| RGV-272 | ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MILHO ORIGINÁRIOS DA CAATINGA MINEIRA | FLAVIA FRANÇA TEIXEIRA |
| RGV-274 | PARÂMETROS GENÉTICOS PARA RENDIMENTO DE PALMITO EM PROGÊNIES DE PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA [ARCHONTOPHOENIX ALEXANDRAE (F.MUELL.) H.WENDL. & DRUDE] | KENY H. MARIGUELE |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-275 | ASSOCIAÇÃO DOS COMPONENTES DE PRODUÇÃO COMO DETERMINANTES DO RENDIMENTO TOTAL DE PALMITO EM PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA [ARCHONTOPHOENIX ALEXANDRAE (F.MUELL.) H.WENDL. & DRUDE] | KENY H. MARIGUELE |
| RGV-276 | RESPOSTA DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE IN VITRO AO USO DE DIFERENTES ESPECTROS LUMINOSOS PARA FINS DE CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA | EDUARDO A. T. CARVALHO |
| RGV-278 | EDIÇÃO GENÉTICA EM CULTIVARES ELITE DE CAFÉ ARÁBICA PARA SILENCIAMENTO DO GENE DXMT | EDUARDO A. T. CARVALHO |
| RGV-282 | AVALIAÇÃO MORFOMÉTRICA E FÍSICO-QUIMICA DE FRUTOS DE UMBU-CAJÁ PROCEDENTES DE PLANTAS SOB CONSERVAÇÃO ON FARM | SEMÍRAMIS R. R. RAMOS |
| RGV-283 | RB 0725 CAMILA: NOVA CULTIVAR DE GOIABEIRA-SERRANA | JOEL DONAZZOLO |
| RGV-284 | CRIOPRESERVAÇÃO DE ESPÉCIES DE MENTHA: OTIMIZAÇÃO DE CONDIÇÕES PARA O ESTABELECIMENTO DE UM BANCO CRIOGÊNICO | JONNY E. S. PEREIRA |
| RGV-286 | EFICIÊNCIA E REPRODUTIBILIDADE EM PROCEDIMENTOS DE MANIPULAÇÃO DURANTE A CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES DE BATATA (SOLANUM TUBEROSUM L.) | JONNY E. S. PEREIRA |
| RGV-290 | POTENCIAL EMBRIOGÊNICO DE COTILÉDONES HIPER-HIDRATADOS DE THEOBROMA CACAO L. PARA EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA SECUNDÁRIA | ELIAS CRUZ |
| RGV-291 | ESTIMATIVA DO NÚMERO DE ESTAMINÓDIOS PARA PRODUÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS VISANDO AO ESTABELECIMENTO DE UM BANCO CRIOGÊNICO DE THEOBROMA CACAO L. | ANA V. C. DE C. E SOUZA |
| RGV-292 | CARACTERIZAÇÃO SOCIOAGRONÔMICA DE AGRICULTORES GUARDIÕES E PRÁTICAS DE CONSERVAÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS NA SERRA DA IBIAPABA, CEARÁ | SAMUEL H. KAMPHORST |
| RGV-293 | OTIMIZAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO COMUM REGISTRADAS | GUSTAVO HOSSEL |
| RGV-294 | ESTRATÉGIAS DE MANEJO E CONSERVAÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO MANTIDAS EM CASAS DE SEMENTES DA SERRA DA IBIAPABA, CEARÁ | VALTER JÁRIO DE LIMA |
| RGV-295 | DIVERSIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COM BASE EM CARACTERES DO SISTEMA RADICULAR | LUAN T. DOS S. CARBONARI |
| RGV-296 | DIVERSIDADE DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO CONSERVADAS EM CASAS DE SEMENTES DA SERRA DA IBIAPABA, CEARÁ | VALTER J. DE LIMA |
| RGV-297 | IDENTIFICAÇÃO DA IMPORTÂNCIA DE CARACTERES FENOTÍPICOS PARA DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO | LUAN T. DOS S. CARBONARI |
| RGV-299 | INFLUÊNCIA DA ÉPOCA DE PROPAGAÇÃO E DE REGULADORES VEGETAIS NO ENRAIZAMENTO DE MINIESTACAS DE CAMPOMANESIA XANTHOCARPA | FELIPE P. SANTOS |
| RGV-302 | EFEITO DA ALTURA INICIAL NA ACLIMATIZAÇÃO E NO DESENVOLVIMENTO EX VITRO DE MUDAS DE DENDROCALAMUS LATIFLORUS | VANESSA A. SHANY |
| RGV-303 | CONSERVAÇÃO DE ESPÉCIES VEGETAIS DE INTERESSE MEDICINAL E AGRONÔMICO NO BANCO DE GERMOPLASMA DO NBV/UERJ | GEORGIA PACHECO |
| RGV-306 | BIODIVERSIDADE À MARGEM: RISCO DE EXTINÇÃO DE DUAS BROMÉLIAS ENDÊMICAS | JULIANA M. FERREIRA |
| RGV-307 | ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO EX SITU DE ARAUCÁRIA: TESTES DE PROGÊNIE PODEM ATUAR COMO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA? | JULIANA M. FERREIRA |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-309 | AVALIAÇÃO BIOMÉTRICA DE PLANTAS, FÍSICO-QUÍMICA DE FRUTOS DE MANGABEIRAS (HANCORNIA SPECIOSA,GOMES) DE POMAR COMERCIAL. | EDIVALDO G. FERREIRA |
| RGV-310 | SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA DE RECURSOS GENÉTICOS DE BATATA-DOCE DE POLPA ROXA PARA USO NO MELHORAMENTO | ANDRÉ RICARDO ZEIST |
| RGV-311 | AVALIAÇÃO DA COLEÇÃO COLOMBIANA DE SOLANUM PHUREJA PARA RESISTÊNCIA A SPONGOSPORA SUBTERRANEA | ELENA PAOLA G. JAIMES |
| RGV-312 | AVALIAÇÃO DA REPETIBILIDADE NA FIBRA SECA E SELEÇÃO DE ACESSOS DE FURCRAEA ANDINA PELO DESENVOLVIMENTO PRODUTIVO | JOSE MIGUEL C. TORRES |
| RGV-315 | DESEMPENHO DE GENÓTIPOS HÍBRIDOS DE BANANEIRA (MUSA SPP.) PROVENIENTES DE CRUZAMENTOS ENTRE VARIEDADES COMERCIAIS DO SUBGRUPO PRATA E DIPLOIDES MELHORADAS | RAMON F. SCHERER |
| RGV-316 | FREQUÊNCIA DE SEMENTES COMPLETAS E INCOMPLETAS GERADAS EM CRUZAMENTOS ENTRE PLANTAS DE BANANEIRA (MUSA SPP.) DE VARIEDADES DO SUBGRUPO PRATA (AAB) E VARIEDADES DIPLOIDES MELHORADAS (AA) | RAMON F. SCHERER |
| RGV-317 | INDUÇÃO DE CALOS COM POTENCIAL EMBRIOGÊNICO EM MANDIOQUINHA-SALSA | LAURA ABATTI |
| RGV-318 | STATUS DE OCORRÊNCIA, USO E CONSERVAÇÃO ON FARM DE VARIEDADES DE INHAME POR AGRICULTORES FAMILIARES EM ALAGOAS | SEMÍRAMIS R. R. RAMOS |
| RGV-319 | DIVERSIDADE GENÉTICA EM MUDAS DE ESPÉCIES FLORESTAIS PARA RESTAURAÇÃO ECOLÓGICA EM SANTA CATARINA | TIAGO MONTAGNA |
| RGV-320 | CRIA E RECRIA DE MUDAS: CENTRALIZAÇÃO DAS FONTES DE GERMOPLASMA PARA A RESTAURAÇÃO ECOLÓGICA | TIAGO MONTAGNA |
| RGV-321 | CARACTERIZAÇÃO MORFOFISIOLÓGICA DE SEMENTES DA CULTIVAR DE MARACUJÁ SCS437 CATARINA EM SISTEMAS DE AGRICULTURA FAMILIAR EM SANTA CATARINA | CAROLINA M. ZIMMERMANN |
| RGV-322 | SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA EM DUAS ETAPAS PARA PRODUTIVIDADE, QUALIDADE COMERCIAL E CAROTENOIDES EM BATATA-DOCE DE POLPA LARANJA | ADRIEL DA SILVA ALVES |
| RGV-323 | ESTABILIDADE DA SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE DE POLPA LARANJA: SENSIBILIDADE AO PESO DOS CARACTERES NO ÍNDICE MGIDI | ADRIEL DA S. ALVES |
| RGV-328 | CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E PRODUTIVA DE CULTIVARES CRIOULAS DE FEIJÃO | MARCOS P. DELA JUSTINA |
| RGV-329 | ANÁLISE DA IDENTIDADE GENÉTICA DE CLONES DE MANDIOQUINHA-SALSA PROPAGADOS IN VITRO | BÁRBARA N. DABOIT |
| RGV-330 | DESEMPENHO DE GENÓTIPOS CRIOULOS DE FEIJÃO QUANTO AOS COMPONENTES DE RENDIMENTO | MARCOS P. DELA JUSTINA |
| RGV-331 | ANÁLISE MORFOLÓGICA DE ACESSOS RECÉM-INTRODUZIDOS: SUBSÍDIO PARA INCORPORAÇÃO E MANEJO NO BANCO DE GERMOPLASMA DE ABACAXIZEIRO | RAFAELA S. SACRAMENTO |
| RGV-332 | FENOTIPAGEM DIGITAL NA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE PANÍCULAS DE ACESSOS DE MILHETO | ISABELA VOLPI FURTINI |
| RGV-334 | VARIAÇÃO DE DITERPENO SINTASES E PADRÃO DE ACÚMULO DE DITERPENOS EM FRUTOS DE COFFEA SALVATRIX | JOANA OLIVEIRA ZEIST |
| RGV-335 | VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE MANGABEIRA (HANCORNIA SPECIOSA GOMES) ORIUNDOS DE DIFERENTES ECOSSISTEMAS E PROVENIENTES DO JARDIM CLONAL DA EMPAER-PB. | EDIVALDO G. FERREIRA |
| RGV-336 | CARACTERIZAÇÃO NUTRICIONAL DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO | ANDRIELE ORBEN |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-337 | CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-COMUM QUANTO AO TEMPO DE COZIMENTO | ANDRIELE ORBEN |
| RGV-338 | AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GERMINATIVO DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO | OTAVIO LUCIO COSSETIN |
| RGV-339 | VARIABILIDADE AGRONÔMICA ENTRE GENÓTIPOS CRIOULOS DE FEIJÃO PRETO | OTAVIO L. COSSETIN |
| RGV-340 | HISTÓRIAS EM QUADRINHOS COMO RECURSO DIDÁTICO PARA A CONSERVAÇÃO E VALORIZAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS DO CERRADO | FLÁVIA MELO RODRIGUES |
| RGV-341 | CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE MANDIOCA PARA CONSERVAÇÃO PELO USO | EMILLY A. DE CAMPOS |
| RGV-342 | MANDIOCAS DE MESA EM ÁREA DE CERRADO DE RORAIMA NA SAFRA 2025/2026 | EVERTON DIEL SOUZA |
| RGV-344 | CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE MANDIOCA PARA CONSERVAÇÃO PELO USO | EMILLY A. DE CAMPOS |
| RGV-346 | POTENCIAL GERMINATIVO DE POPULAÇÕES DE TYPHA SPP. DO RIO GRANDE DO SUL: SUBSÍDIOS PARA SELEÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS | CATIUSCIA MARCON |
| RGV-347 | CARACTERIZAÇÃO NUTRICIONAL DE VARIEDADES CRIOULAS DE BATATA-DOCE | SERINEI CÉSAR GRÍGOLO |
| RGV-348 | CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE BATATA-DOCE (IPOMOEA BATATAS LAM.) | SERINEI C. GRÍGOLO |
| RGV-350 | EFEITO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO NOS ATRIBUTOS FÍSICO-QUÍMICOS DE FRUTOS DE ABACAXIZEIRO | FERNANDA V. D. SOUZA |
| RGV-352 | REGULADORES DE CRESCIMENTO VEGETAL NA CRIOPRESERVAÇÃO DE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI | FERNANDA V. D. DE SOUZA |
| RGV-353 | INDIGOFERA SUFFRUTICOSA: ANILEIRA COMO RECURSO GENÉTICO VEGETAL PROMOTOR DE SUSTENTABILIDADE ASSOCIADA AO TINGIMENTO NATURAL | VITOR C. BRITO |
| RGV-354 | CRIOGENIA DE ESPOROS: ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO EM LONGO PRAZO DE MATERIAL GENÉTICO DE SAMAMBAIAS | CATIUSCIA MARCON |
| RGV-355 | CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE COFFEA ARABICA L. DO BANCO DE GERMOPLASMA DE CAFÉ EM ESTAÇÃO SECA | JULIETA A. S. DE ALMEIDA |
| RGV-356 | DISPONIBILIZAÇÃO DE GENOMA DE REFERÊNCIA DE EUGENIA KLOTZSCHIANA (MYRTACEAE): UMA ESPÉCIE FRUTÍFERA DO CERRADO | CIMARA SALES VIEIRA |
| RGV-357 | OSMORREGULADORES PARA CONSERVAÇÃO IN VITRO DE BATATA-DOCE | MILENE MACHADO |
| RGV-361 | DIVERSIDADE FUNCIONAL EM FEIJÃO-COMUM: ACESSOS RESISTENTES À ANTRACNOSE REFORÇAM A IMPORTÂNCIA DO ALTO NOROESTE FLUMINENSE COMO REPOSITÓRIO DE RECURSOS GENÉTICOS | DIEGO CHAGAS BATISTA |
| RGV-362 | ÍNDICES ESPECTRAIS REVELAM A VARIABILIDADE FENOTÍPICA DE VARIEDADES LOCAIS DE FEIJÃO-COMUM OBTIDAS DE MISTURAS VARIETAIS CONSERVADAS ON-FARM | ANA C. DE F. GONÇALVES |
| RGV-364 | SELEÇÃO PARTICIPATIVA DE MATRIZES DE PALMEIRA JUÇARA PARA PRODUÇÃO DE AÇAÍ NA COMUNIDADE DOM TOMÁS BALDUÍNO, QUEDAS DO IGUAÇÚ-PR | JOEL DONAZZOLO |
| RGV-366 | USO DE QPCR PARA DIAGNOSE DE VÍRUS E VIROIDES EM PLANTAS CÍTRICAS REGENERADAS ATRAVÉS DA MICROENXERTIA | LUANA A. C. MARO |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-367 | CARACTERIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE COFFEA ARABICA E COFFEA CANEPHORA POR ESPECTROSCOPIA LIBS VISANDO À AUTENTICAÇÃO DE ESPÉCIES | INOÁ VICTÓRIA MARTINS |
| RGV-371 | DIVERSIDADE DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO CONSERVADO ON-FARM NA ZONA DA MATA MINEIRA | LUANA S. DAYRELL |
| RGV-373 | PAIOL COLETIVO DE SEMENTES DO CTA: CONSERVAÇÃO E CIRCULAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS NA ZONA DA MATA MINEIRA | LUANA S. DAYRELL |
| RGV-375 | INTEGRANDO VARIABILIDADE FENOTÍPICA E GENÉTICA PARA A CONSERVAÇÃO E O MANEJO DE EUTERPE EDULIS | PEGGY THALMAYR |
| RGV-376 | DOMESTICAÇÃO DE FRUTEIRAS NATIVAS DA SELVA PARANAENSE: AVANÇOS 2024-2026 | PEGGY THALMAYR |
| RGV-378 | ANÁLISE MULTIVARIADA DA COMPOSIÇÃO LIPÍDICA E DE COMPOSTOS BIOATIVOS EM GENÓTIPOS DE LINHAÇA | VANESSA G. BORGES |
| RGV-379 | PLANTAS ALIMENTÍCIAS NÃO CONVENCIONAIS (PANC) DA AGROECOLOGIA FAMILIAR RURAL DA GRANDE FLORIANÓPOLIS E POTENCIAL PARA CONSERVAÇÃO PELO USO | XIOMARA C. NIEVES |
| RGV-380 | QUIMIODIVERSIDADE DO PUXURI (LAURACEAE) EM AMBIENTE NATURAL E DE CULTIVO | FLÁVIA C. SCHIMPL |
| RGV-381 | EFEITO DE DIFERENTES TRATAMENTOS PRÉ-GERMINATIVOS NA GERMINAÇÃO E EMERGÊNCIA DE PLÂNTULAS DE ASTRONIUM URUNDEUVA ALLEMÃO | RAQUEL ARAÚJO GOMES |
| RGV-382 | EFEITO DE TRATAMENTOS PRÉ-GERMINATIVOS NA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE LICURI (SYAGRUS CORONATA MART. BECC.) | RAQUEL A. GOMES |
| RGV-384 | DA COMMODITY À BIOTECNOLOGIA FUNCIONAL: DUZENTOS ANOS DE EVOLUÇÃO CIENTÍFICA NA LITERATURA SOBRE O ÓLEO DE LINHAÇA | VANESSA G. BORGES |
| RGV-386 | MEIO SÉCULO DE PESQUISA SOBRE A FIBRA DE LINHO: DA TRADIÇÃO TÊXTIL AOS BIOCOMPÓSITOS SUSTENTÁVEIS DE BASE BIOLÓGICA | DANIEL S. AFFELDT |
| RGV-387 | EFICIÊNCIA DA CRIOTERAPIA NA REMOÇÃO DO COMPLEXO VIRAL PMWAV (PINEAPPLE MEALYBUG WILT-ASSOCIATED VIRUS) EM ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI | ANDRESSA H. SOUSA |
| RGV-388 | CARACTERIZAÇÃO PROTEÔMICA DE PROTOPLASTOS DE ARAUCARIA ANGUSTIFOLIA REVELA REMODELAMENTO METABÓLICO E DA PROTEOSTASE ASSOCIADO AO ISOLAMENTO CELULAR | EVELYN DOS SANTOS |
| RGV-390 | DIVERSIDADE FENOTÍPICA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA (BAG) DE PASSIFLORA DA EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA | JEOVANI S. ALMEIDA |
| RGV-391 | DESENVOLVIMENTO DE LIVRO ILUSTRADO COMO FERRAMENTA DE DIVULGAÇÃO CIENTÍFICA SOBRE A DIVERSIDADE FÚNGICA | VICTORIA B. VON HOLLEBEN |
| RGV-392 | PLANTAS MEDICINAIS COMO RECURSOS GENÉTICO: VALIDAÇÃO DE INSTRUMENTO ETNOBOTÂNICO EM COMUNIDADE RIBEIRINHA | BÁRBARA LUCAS PEREIRA |
| RGV-393 | SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE PASSIFLORA SPP. PARA RESISTÊNCIA A FUSARIOSE | JEOVANI S. ALMEIDA |
| RGV-394 | EVOLUÇÃO DO GENOMA DA CASTANHA DO BRASIL APÓS O COLAPSO DAS POPULAÇÕES PRÉ-COLOMBIANAS: IMPLICAÇÕES PARA A DOMESTICAÇÃO E A RESTAURAÇÃO DE ECOSSISTEMAS | FLAVIANE M. COSTA |
| RGV-396 | INDEXAÇÃO DE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE CITROS DA EPAGRI PARA HUANGLONGBING | LUANA A. CASTILHO MARO |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-398 | ALELOS NULOS E DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE ILEX PARAGUARIENSIS NO PLANALTO CATARINENSE | NEWTON C. F. DA COSTA |
| RGV-399 | ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL EM DIFERENTES SISTEMAS DE MANEJO DE ILEX PARAGUARIENSIS EM FLORESTA OMBRÓFILA MISTA | NEWTON C. F. DA COSTA |
| RGV-402 | PODERÁ HAVER EXISTÊNCIA DO MILHO CRIOULO FRENTE AO AVANÇO DAS CULTIVARES TRANSGÊNICAS? | LARISSA G. SPORNE |
| RGV-403 | ATRIBUTOS DE FRUTOS COMO FERRAMENTA PARA CARACTERIZAÇÃO E USO DE GERMOPLASMA DE TOMATEIRO | KAIO DOS S. RIBEIRO SILVA |
| RGV-404 | RECURSOS GENÉTICOS DE TOMATEIRO: DESCRITORES MORFOLÓGICOS COMO PONTE ENTRE CONSERVAÇÃO E USO | KAIO DOS S. RIBEIRO SILVA |
| RGV-405 | ANIMAÇÃO IMERSIVA EM 360° COMO TECNOLOGIA EDUCACIONAL PARA A PROMOÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO CERRADO | ANDREIA J. R. CALDEIRA |
| RGV-406 | GENÔMICA DE RECURSOS GENÉTICOS DE CAPSICUM SPP. NO BRASIL | EDIMAR O. CAMPOS JÚNIOR |
| RGV-408 | CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DA GERMINAÇÃO E DO DESENVOLVIMENTO INICIAL DE CATTLEYA GRANDIS COMO SUBSÍDIO À CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS | ELINTON SOARES PONTES |
| RGV-409 | PROMOÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS POR MEIO DE MATERIAL EDUCATIVO SOBRE PLANTAS MEDICINAIS E PRÁTICAS INTEGRATIVAS NO SUS, ARUANÃ/GO | ANDREIA J. R. CALDEIRA |
| RGV-410 | TEOR E APORTE DE NUTRIENTES VIA BIOMASSA DE PODAS DE LEUCAENA LEUCOCEPHALA EM SISTEMA AGROFLORESTAL SUCESSIONAL | MATEUS R. GRISANG |
| RGV-411 | PROPAGAÇÃO VEGETATIVA DE ERVA-BALEEIRA POR ESTAQUIA EM DIFERENTES SUBSTRATOS | ADEJARIO HOMEM BOTELHO |
| RGV-412 | REGULADOR VEGETAL AIB NO ENRAIZAMENTO DE ESTACAS DE VARRONIA CURASSAVICA | RAQUEL LINS |
| RGV-419 | CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE ACESSOS DE TRIGO (TRITICUM AESTIVUM L.) COMO SUBSÍDIO À CONSERVAÇÃO E USO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS | SILVANA SLOWIK |
| RGV-421 | CARACTERIZAÇÃO DA GERMINAÇÃO E EMERGÊNCIA DE VARIEDADES CRIOULAS DE LEGUMINOSAS COMO SUBSÍDIO À CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS | SILVANA SLOWIK |
| RGV-422 | ANOMALIAS RADICULARES COMO INDICADORES PRECOCES DE ALTERAÇÕES NA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES EXPOSTAS A ANTIMICROBIANOS: IMPLICAÇÕES PARA RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS | LUIZ G. PAULON REZENDE |
| RGV-424 | MONTAGEM E ANOTAÇÃO DOS GENOMAS PLASTIDIAL E MITOCONDRIAL DA CEREJEIRA-DO-RIO-GRANDE (EUGENIA INVOLUCRATA DC.) A PARTIR DE LEITURAS LONGAS | SOPHIA CASSOL |
| RGV-427 | INTEGRIDADE POSICIONAL DE TRANSCRITOS COMO INDICADOR MOLECULAR DA DETERIORAÇÃO CRÍTICA EM SEMENTES DE FEIJÃO | CRISTIELLY DE O. S. MACHADO |
| RGV-428 | O LIMIAR CRÍTICO DE DETERIORAÇÃO É DEPENDENTE DO GENÓTIPO, MAS A TRANSIÇÃO MOLECULAR É CONSERVADA EM SEMENTES DE FEIJÃO | CRISTIELLY DE O. S. MACHADO |
| RGV-430 | CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE HÍBRIDOS E ESPÉCIE DE PINUS COM BASE NO FLUXO DE RESINA | TALITA C. DE S. SANTOS |
| RGV-431 | VARIABILIDADE GENÉTICA DE PINUS CARIBAEA VAR. BAHAMENSIS EM ESPAÇAMENTOS DIFERENTES | TALITA C. DE S. SANTOS |
| RGV-432 | SISTEMAS REPRODUTIVOS DE SINCORAEA (BROMELIACEAE) E IMPLICAÇÕES PARA O USO ORNAMENTAL SUSTENTÁVEL | EVERTON HILO DE SOUZA |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-433 | DIVERSIDADE DE BROMELIACEAE DA BAHIA COMO PATRIMÔNIO DE RECURSOS GENÉTICOS: RIQUEZA, ENDEMISMO E POTENCIAL DE USO | EVERTON HILO DE SOUZA |
| RGV-435 | CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE POPULAÇÕES RELICTUAIS DE MANILKARA BIDENTATA PARA A CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS NO NORTE DO PERU | EINSTEIN BRAVO CAMPOS |
| RGV-437 | VARIAÇÃO ENTRE PROCEDÊNCIAS E MATRIZES DE UMBUZEIRO NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO | ANA DA SILVA LEDO |
| RGV-438 | CONSERVAÇÃO ON FARM DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO | GUSTAVO HOSSEL |
| RGV-439 | MULTICOLINEARIDADE NÃO ALTERA A DIFERENCIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PARA PRODUTIVIDADE E MINERAIS | LUCAS PIOVESAN LAGO |
| RGV-440 | DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA QUANTO A CARACTERES MORFOLÓGICOS E FISIOLÓGICOS | REGINA L. F. GOMES |
| RGV-441 | AVALIAÇÃO IN VITRO DE EXTRATOS DE PRÓPOLIS E GEOPRÓPOLIS DE DIFERENTES ORIGENS DE SANTA CATARINA SOBRE XANTHOMONAS HORTORUM PV. GARDNERI | AMANDA C. DE FIGUEIREDO |
| RGV-443 | DIVERGÊNCIA FENOTÍPICA ENTRE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS E CULTIVARES COMERCIAIS DE MORANGUEIRO | DÉBORA F. DE SOUZA |
| RGV-444 | ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE MORANGUEIRO (FRAGARIA × ANANASSA DUCH.) POR MEIO MARCADORES ISSR | JOANA D. N. DA SILVA LIMA |
| RGV-445 | VOLUME DE MEIO E INTERVALO DE IMERSÃO NA MULTIPLICAÇÃO IN VITRO DE MORANGUEIRO EM BIORREATOR | LUCIANA C. N. LONDE |
| RGV-447 | CRIOPRESERVAÇÃO DE PÓLEN DE DIPLOIDES SILVESTRES DE MUSA SPP. | JANAY A. DOS S. SEREJO |
| RGV-448 | CRIOPRESERVAÇÃO DE SUSPENSÕES CELULARES DE BANANEIRA CV. PRATA ANÃ POR CONGELAMENTO LENTO | JANAY A. DOS S. SEREJO |
| RGV-451 | AVANÇO NA CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE CARYOCAR BRASILIENSE (PEQUI): NOVA MONTAGEM DE REFERÊNCIA EM NÍVEL DE PSEUDOCROMOSSOMOS | MARIANA P. DE CAMPOS TELLES |
| RGV-455 | DESEMPENHO AGRONÔMICO E ECOFISIOLÓGICO DA VIDEIRA "MONTEPULCIANO" NA REGIÃO DE SÃO JOAQUIM, SANTA CATARINA | SOL ANAHÍ Q. KIEFL |
| RGV-459 | PROSPECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE BANANAS COMERCIALIZADAS NA FEIRA DE AGROECOLOGIA DA UFRRJ | MARILENE H. DOS SANTOS |
| RGV-460 | DESENVOLVIMENTO FENOLÓGICO DE ACESSOS DE PHYSALIS PERUVIANA L. EM CULTIVO PROTEGIDO EM SEROPÉDICA, RIO DE JANEIRO | MARILENE H. DOS SANTOS |
| RGV-461 | EFEITO DE ÁCIDO GIBERÉLICO E DIFERENTES ESPECTROS LUMINOSOS SOBRE A GERMINAÇÃO E O DESENVOLVIMENTO IN VITRO DE FEIJOA SELLOWIANA | SOL ANAHÍ Q. KIEFL |
| RGV-462 | PROPAGAÇÃO CLONAL COMO ESTRATÉGIA PARA CONSERVAÇÃO E USO DE RECURSOS GENÉTICOS DE OLIVEIRA (OLEA EUROPAEA L.): EFEITO DA SACAROSE, ÁCIDO INDOLBUTÍRICO E MIO-INOSITOL NO VIGOR DE MINIESTACAS | SANDRA R. CABEL |
| RGV-465 | VARIABILIDADE QUÍMICA DE MORFOTIPOS DE PAU-ROSA (ANIBA SPP., LAURACEAE): SUBSÍDIOS PARA A SELEÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS NA AMAZÔNIA | CAROLINE S. LARA |
| RGV-466 | RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS E FORMAÇÃO EM BIOLOGIA: LACUNAS CURRICULARES E PERSPECTIVAS PARA A ASTROBOTÂNICA | EDUARDO LIMA BOMFIM |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-467 | DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÔMICA DE POPULAÇÕES DE EUTERPE PRECATORIA E EUTERPE OLERACEA NA AMAZÔNIA BRASILEIRA | MARCOS A. O. R. GOMES |
| RGV-471 | MONTAGEM E ANOTAÇÃO DO GENOMA DE REFERÊNCIA PARA A CEREJEIRA-DO-RIO-GRANDE (EUGENIA INVOLUCRATA DC.) | SOPHIA CASSOL |
| RGV-472 | RESPOSTA IN VITRO DE DIFERENTES CULTIVARES DE BATATA À ADIÇÃO DE HIPOCLORITO DE SÓDIO AO MEIO DE CULTURA | ERYC LUAN DIAS |
| RGV-473 | VIABILIDADE POLÍNICA DE GENÓTIPOS DIPLOIDES DE BANANEIRA (Musa spp.) AVALIADA POR GERMINAÇÃO IN VITRO EM CLIMA SUBTROPICAL | GRACE K. K. ROMANI |
| RGV-474 | CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE PORTULACA OLERACEA L. POR MARCADORES ISSR: SELEÇÃO DE PRIMERS PARA ESTUDOS DE DIVERSIDADE GENÉTICA | MARIA F. LEAL LACERDA |
| RGV-475 | DIVERSIDADE GENÉTICA EM UM PLANTIO EXPERIMENTAL DE COPAÍBA NA AMAZÔNIA CENTRAL | RAYSSA G. VASCONCELOS |
| RGV-476 | RESGATE DE REGENERAÇÃO NATURAL COMO ESTRATÉGIA PARA CONSERVAÇÃO EX SITU DE COPAÍBA | RAYSSA GOMES VASCONCELOS |
| RGV-477 | PRÉ-EMBEBIÇÃO FAVORECE A GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE LICURI | RAQUEL A. GOMES |
| RGV-478 | CONSERVAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE PAU-ROSA POR AGRICULTORES FAMILIARES DA REGIÃO DA FLORESTA NACIONAL DE PAU-ROSA | GLORIA CECILIA M. RUIZ |
| RGV-479 | O PLASTOMA DE PAU-ROSA É CONSERVADO AO LONGO DE SUA DISTRIBUIÇÃO NA AMAZÔNIA CENTRAL | CAROLINE S. LARA |
| RGV-480 | RESISTOGRAFIA COMO FERRAMENTA DE FENOTIPAGEM NÃO DESTRUTIVA PARA CARACTERIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS FLORESTAIS CONSERVADOS EX SITU | ANANDA V. DE AGUIAR |
| RGV-481 | O EXCESSO ENANTIOMÉRICO DO LINALOL EM ÓLEO ESSENCIAL DE PAU-ROSA VARIA ENTRE MATERIAIS VEGETAIS E PROCEDÊNCIAS DE SEMENTES | GLORIA C. MACIA RUIZ |
| RGV-483 | CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO FAVA SOB ESTRESSE TÉRMICO | REGINA L. FERREIRA GOMES |
| RGV-484 | ASSOCIAÇÃO DA TEMPERATURA E DA RADIAÇÃO SOLAR COM PEGAMENTOS DE FRUTOS EM HIBRIDAÇÕES DIRIGIDAS DE CAPSICUM ANNUUM L. | MARIA L. G. CARVALHO |
| RGV-485 | MARCADORES MOLECULARES ISSR CANDIDATOS PARA CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE FEIJOA SELLOWIANA | LEVI LEMUEL DE S. COSTA |
| RGV-486 | ESTUDO DE OTIMIZAÇÃO METODOLÓGICA PARA OBTENÇÃO DE DNA DE FEIJOA SELLOWIANA (O. BERG) O. BERG | LEVI LEMUEL DE SOUZA COSTA |
| RGV-487 | TRIAGEM FENOTÍPICA RECORRENTE EM ESTABELECIMENTO DE PROGÊNIES COMO ESTRATÉGIA DE CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE ABACATEIRO (PERSEA AMERICANA MILL.) | LOISIANA F. DOS SANTOS |
| RGV-488 | MODELAGEM ESTOCÁSTICA MARKOVIANA DA DINÂMICA DO ÍNDICE DE ÁREA FOLIAR EM GENÓTIPOS DE ALFAFA | DAVI H. DE SOUZA AMÂNCIO |
| RGV-489 | DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS FENOTIPICAMENTE SELECIONADOS DE ABACATEIRO (PERSEA AMERICANA MILL.) DA GRANDE FLORIANÓPOLIS | LOISIANA F. DOS SANTOS |
| RGV-491 | DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAPSICUM ANNUUM L POR DESCRITORES MORFOLÓGICOS. | MARIA LUIZA G. CARVALHO |
| RGV-492 | AGRICULTURA FAMILIAR NA SELEÇÃO PARTICIPATIVA DE LINHAGENS AVANÇADAS DE FEIJÃO-FAVA | REGINA L. FERREIRA GOMES |
| RGV-493 | INVENTÁRIO DO BANCO DE GERMOPLASMA DE CAPSICUM DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ-CAMPUS TERESINA | REGINA L. F. GOMES |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-494 | PRODUÇÃO DE MUDAS CLONADAS DE CAFEEIRO | MARCELO SOUZA ROCHA |
| RGV-495 | MONTAGEM DO GENOMA DE ANACARDIUM HUMILE ST. HIL. (CAJUZINHO-DO-CERRADO) | THANNYA N. SOARES |
| RGV-496 | GENOMA DE REFERÊNCIA DE ALTA CONTIGUIDADE DA JABUTICABEIRA-DE-CABINHO, PLINIA TRUNCIFLORA (O. BERG) KAUSEL | INGRID L. DEGERING BRAND |
| RGV-497 | CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA PARA CONSERVAÇÃO EX SITU DE PINUS MAXIMINOI EM TESTES DE PROGÊNIES | NAYARA D. RODRIGUES |
| RGV-498 | ESTABELECIMENTO DE LINHAGENS EMBRIOGÊNICAS DE COFFEA ARABICA IN VITRO | JULIA A. CALIXTO |
| RGV-499 | AVALIAÇÃO FENOTÍPICA E POTENCIAL DE SELEÇÃO DE JABUTICABEIRAS NATIVAS DA SERRA DAS PIAS, ALAGOAS | RICARDO ELESBÃO ALVES |
| RGV-500 | PADRÕES GENÔMICOS ASSOCIADOS À DOMESTICAÇÃO DA PUPUNHA (BACTRIS GASIPAES) NA AMAZÔNIA | ANA P. J. DE VASCONCELOS |
| RGV-503 | USO DA ESPECTROSCOPIA NIR PARA DETECÇÃO QUÍMICA E CARACTERIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS | RICARDO G. NOLETO |
| RGV-505 | VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES HÍBRIDAS DE PÍNUS COM BASE NO FLUXO DE RESINA | NAYARA D. RODRIGUES |
| RGV-506 | DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS DE VARIEDADES LOCAIS DE TALINUM PANICULATUM (JACQ.) GAERTN. E TALINUM FRUTICOSUM (L.) JUSS. | MARILENE S. DE LIMA |
| RGV-508 | PROSPECÇÃO E VALIDAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA CAMARINHA | BIANCA LANZONI FILTER |
| RGV-509 | ENRAIZAMENTO DE MINIESTACAS DE ERVA-MATE (ILEX PARAGUARIENSIS) PROVENIENTES DE MINIJARDIM CLONAL NA REGIÃO SERRANA DE SANTA CATARINA | LEONARDO RIBEIRO |
| RGV-510 | GERMINAÇÃO IN VITRO DE AQUÊNIOS DE MORANGUEIRO (FRAGARIA × ANANASSA): EFEITO DE DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE ÁCIDO GIBERÉLICO ($GA_3$) SOB ESCARIFICAÇÃO QUÍMICA | EDUARDA SCHONWALD |
| RGV-511 | COMPARAÇÃO DE ESTRATÉGIAS PARA MONTAGEM E REFINAMENTO DO GENOMA DE PLINIA TRUNCIFLORA (O. BERG) KAUSEL | INGRID L. DEGERING BRAND |
| RGV-512 | CARACTERIZAÇÃO DE ELEMENTOS REPETITIVOS E ANOTAÇÃO ESTRUTURAL DO GENOMA DA JABUTICABEIRA-DE-CABINHO, PLINIA TRUNCIFLORA (O. BERG) KAUSEL | INGRID L. D. BRAND |
| RGV-515 | RESPOSTAS FISIOLÓGICAS E ANATÔMICAS DE GUAPIRA OPPOSITA À SALINIDADE E MODULAÇÃO POR FUNGOS ECTOMICORRÍZICOS | ANA JÚLIA POLETTO |
| RGV-517 | CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE GAYLUSSACIA BRASILIENSIS (SPRENG.) MEISSN | GABRIEL M. GIRARDELLO |
| RGV-519 | CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE MOSTO, MATURAÇÃO E VINHO DA UVA PIWI ‘MERLOT KHORUS’ | ROGÉRIO S. M. DA SILVA |
| RGV-520 | DIVERSIDADE FENOTÍPICA PARA CARACTERÍSTICAS DE FRUTOS E SEMENTES DE PUPUNHEIRAS INERMES SELECIONADAS PARA PRODUÇÃO DE PALMITO | CAROLINE BOGO ROTA |
| RGV-521 | VARIAÇÃO GENÉTICA PARA BROTAÇÃO DE CEPA EM TESTE DE PROGÊNIES E PROCEDÊNCIAS DE DIPTERYX ALATA VOGEL | THAYNA S. S.ALVES |
| RGV-522 | PARÂMETROS GENÉTICOS E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NO PRIMEIRO TESTE DE SEGUNDA GERAÇÃO DE ARAUCARIA ANGUSTIFOLIA (BERTOL.) KUNTZE | BRUNO M. DE SOUZA |
| RGV-523 | DETERMINAÇÃO DA DOSE LETAL 50 (DL50) DE ETIL METANOSSULFONATO (EMS) PARA MUTAGÊNESE INDUZIDA EM DUAS CULTIVARES DE ARROZ IRRIGADO (ORYZA SATIVA L.) | LUIZA B.GUIDOLIN |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-524 | EFEITO DO MÉTODO DE PROPAGAÇÃO SOBRE O DESENVOLVIMENTO VEGETATIVO E PRODUTIVO DE CULTIVARES DE FEIJOA SELLOWIANA O. BERG | GABRIEL M. GIRARDELLO |
| RGV-525 | CONSERVAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE PINUS CARIBAEA VAR. HONDURENSIS | BRUNO M. DE SOUZA |
| RGV-526 | ESTUDO DE PADRÕES E TENDÊNCIAS FÍSICO-QUÍMICAS EM VINHOS FINOS DA CAMPANHA GAÚCHA E SERRA DO SUDESTE | ROGÉRIO S. M. DA SILVA |
| RGV-527 | IMPLANTAÇÃO E MANUTENÇÃO DE BANCO DE GERMOPLASMA DE SEMENTES CRIOULAS NO VALE DO CANINDÉ, PIAUÍ | JUÇARA J. N. SILVA |
| RGV-528 | DIVERSIDADE FENOTÍPICA E SELEÇÃO DE PLANTAS NO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE ACROCOMIA SPP. DO IAC | MURILO C. BATISTA ALVES |
| RGV-529 | CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-CAUPI NO VALE DO CANINDÉ, PIAUÍ | JUÇARA J. NASCIMENTO SILVA |
| RGV-530 | DIVERSIDADE TAXONÔMICA, FISIOLÓGICA E GENÉTICA DA ADAPTAÇÃO AO DÉFICIT HÍDRICO EM PASSIFLORA SPP.: DA PAISAGEM CIENCIOMÉTRICA À MOBILIZAÇÃO DE GERMOPLASMA TOLERANTE | JULIA FRANÇA SILVA |
| RGV-531 | CARACTERIZAÇÃO BROMATOLÓGICA DE GERMOPLASMAS LOCAIS DE TALINUM PANICULATUM (JACQ.) GAERTN. E TALINUM FRUTICOSUM | MARILENE S. DE LIMA |
| RGV-532 | DIVERSIDADE MORFOLÓGICA DE ACESSOS DE TARO CONSERVADOS NO BANCO DE GERMOPLASMA DO INCAPER | ROSENILDA DE SOUZA |
| RGV-535 | ÉPOCA DE COLHEITA E POTENCIAL FISIOLÓGICO DE SEMENTES DE FEIJÃO-DE-PORCO | TUANE REIS DE SOUZA |
| RGV-536 | DIVERSIDADE NA DINÂMICA DE MATURAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR VIA FENOTIPAGEM ESPECTRAL | CAMILA BARROS ATAIDES |
| RGV-537 | CONSERVAÇÃO DE GENÓTIPOS DE HEVEA BRASILIENSIS COM POTENCIAL PARA PRODUÇÃO DE MADEIRA | THAYNA S. S. ALVES |
| RGV-540 | ENCAPSULAMENTO-DESIDRATAÇÃO DE ESPOROS DE CYATHEA ATROVIRENS PARA CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA VEGETAL | IASMIN TASSI GROTT |
| RGV-544 | COMPONENTES DE PRODUÇÃO DE ACESSÕES DE FEIJÃO-CAUPI, VARIEDADE PYTÃ'I, COLETADAS NA REGIÃO NORTE DO PARAGUAI | CIPRIANO R. E. GARAY |
| RGV-545 | VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI, VARIEDADE PYTÃ'I, COLETADOS NO SUL DO PARAGUAI | CIPRIANO R. ENCISO-GARAY |
| RGV-546 | ESTABELECIMENTO IN VITRO DE CULTIVARES DE FEIJOA SELLOWIANA VISANDO O REJUVENESCIMENTO ONTOGENÉTICO | KELEN H. LENCINA |
| RGV-547 | ESTRUTURA DIMENSIONAL E PROSPECÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE ILEX PARAGUARIENSIS NO PLANALTO CATARINENSE | KELEN HAYGERT LENCINA |
| RGV-548 | ENSAIOS PRELIMINARES PARA O DESENVOLVIMENTO DE PROTOCOLO DE CULTIVO IN VITRO DE ILEX PARAGUARIENSIS PARA O PLANALTO CENTRAL CATARINENSE | LEONARDO RIBEIRO |
| RGV-551 | CONHECENDO O BIOMA PAMPA ATRAVÉS DA EDUCAÇÃO CIENTÍFICA: O PAPEL DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA E DO HERBÁRIO NO PROJETO EMBRAPA & ESCOLA | ANA C. MAZZOCATO |
| RGV-552 | INFLUÊNCIA DA LUMINOSIDADE NA MORFOANATOMIA FOLIAR DE CLONES DE ERVA-MATE (ILEX PARAGUARIENSIS A. ST.-HIL.) | JOÃO ANTONIO SANTOS |
| RGV-553 | PRODUÇÃO DE FRUTOS, SEMENTES E TEOR DE ÓLEO FIXO EM PROGÊNIES DE SACHA-INCHI (PLUKENETIA VOLUBILIS L.) | FRANCISCO C. M. CHAVES |
| RGV-555 | TEOR E CARACTERIZAÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE PAU-ROSA (ANIBA ROSAEODORA) | FRANCISCO C. MAIA CHAVES |

| | | |
|---|---|---|
| RGV-558 | DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE CAMBUIZEIRO (MYRCIARIA FLORIBUNDA) EM SERGIPE: SUBSÍDIOS PARA CONSERVAÇÃO | ANA VERUSKA C. DA SILVA |
| RGV-559 | COLORAÇÃO E SECAGEM DAS VAGENS COMO INDICADORES DA MATURIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE MORINGA | ANA VERUSKA C. DA SILVA |
| **SESSÃO ANIMAL** | | |
| **Nº** | **TÍTULO DO TRABALHO** | **APRESENTADOR** |
| RGA-001 | PAINÉIS GENÔMICOS CUSTO-EFFICIENTES PARA TESTE DE PATERNIDADE EM OVINOS E CAPRINOS BRASILEIROS | CAMILA SOUZA RODRIGUES |
| RGA-003 | ESTRUTURA POPULACIONAL E CONSERVAÇÃO DA RAÇA SINDI (BOS TAURUS INDICUS) NO BRASIL | CLEUZA S. ALVES SOUZA |
| RGA-004 | DISTRIBUIÇÃO DA RAÇA SINDI (BOS TAURUS INDICUS) NOS BIOMAS BRASILEIROS E SUAS CARACTERÍSTICAS ADAPTATIVAS | MICHELE C. MACHADO |
| RGA-020 | CORRELAÇÃO GENETICA ENTRE AS CARACTERISTICAS DE CARCAÇA E CRESCIMENTO EM BOVINOS DA RAÇA CRIOULA LAGEANA | ANA KARLA ALVARENGA |
| RGA-023 | PAINEL REDUZIDO DE MARCADORES SNPS PARA ATRIBUIÇÃO RACIAL EM OVINOS BRASILEIROS LOCALMENTE ADAPTADOS | CAMILA SOUZA RODRIGUES |
| RGA-027 | ESTIMATIVA DA HERDABILIDADE DAS CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA E CRESCIMENTO DE BOVINOS DA RAÇA CRIOULA LAGEANA | ANA K. ALVARENGA |
| RGA-028 | NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DE GALINHAS DE OVOS BRANCOS DA RAÇA LEGORNE | JOSE VICTOR V. ISOLA |
| RGA-029 | NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DE GALINHAS DAS RAÇAS RHODE ISLAND RED E PLYMOUTH ROCK BRANCA PARA O DESENVOLVIMENTO LINHAGENS DE POEDEIRAS SEXÁVEIS PELA COR DA PLUMAGEM | JOSE VICTOR V. ISOLA |
| RGA-032 | POLIMORFISMOS NO GENE GDF9 E ASSOCIAÇÕES COM CARACTERÍSTICAS DE PROLIFICIDADE EM OVELHAS DA RAÇA "ILE DE FRANCE" NA CABANHA SÃO GALVÃO (BOM RETIRO-SC) | VICTÓRIA M. SABINO |
| RGA-033 | CONTROLE DE QUALIDADE DO SÊMEN CONSERVADO NO BANCO BRASILEIRO DE GERMOPLASMA ANIMAL | THYAGO X. PORTO |
| RGA-062 | BIOMETRIA DE PORCOS DA RAÇA MOURA | FLÁVIA E SILVA SIERACKI |
| RGA-065 | CLASSIFICAÇÃO DE REPRODUTORES PARA GANHO DE PESO E TOLERÂNCIA AO CARRAPATO EM BOVINOS CANCHIM | MAYNE BARBOZA SARTI |
| RGA-084 | CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DA PELAGEM DO ECÓTIPO JUMENTO NORDESTINO | CAMILLY L. RAMOS DE JESUS |
| RGA-088 | EFEITOS DA ENDOGAMIA EM CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE FÊMEAS NELORE EM UM REBANHO FECHADO | BEATRIZ A. NIIMOTO |
| RGA-090 | EFEITOS DA ENDOGAMIA NO TEMPERAMENTO E DESEMPENHO DE BOVINOS NELORE EM UM REBANHO FECHADO | BEATRIZ A. NIIMOTO |
| RGA-106 | CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUÍNOS COMERCIAIS E CRIOULOS PARAGUAIOS UTILIZANDO REDES NEURAIS ARTIFICIAIS SOBRE MARCADORES MICROSSATÉLITES | ROBERTO MARTÍNEZ-LÓPEZ |
| RGA-107 | FERRAMENTAS DE APRENDIZADO DE MÁQUINA APLICADAS À SELEÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES DISCRIMINANTES PARA A RASTREABILIDADE GENÉTICA DO SUÍNO CRIOULO PARAGUAIO | ROBERTO MARTÍNEZ-LÓPEZ |
| RGA-110 | DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS COMPOSTO MONTANA | GABRIEL COSTA MEDEIROS |
| RGA-111 | DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA HÍDRICA EM BOVINOS COMPOSTO MONTANA | GABRIEL COSTA MEDEIROS |
| RGA-122 | RESPOSTA DO PESO AO NASCIMENTO DE OVINOS BARRIGA NEGRA AO AMBIENTE TÉRMICO DA SAVANA AMAZÔNICA | JOSÉ TEODORO DE PAIVA |

| | | |
|---|---|---|
| RGA-125 | AVALIAÇÃO DA QUALIDADE SENSORIAL DA CARNE DE TAMBAQUI (COLOSSOMA MACROPOMUM) E MATRINXÃ (BRYCON AMAZONICUS) CULTIVADOS NO EXTREMO NORTE | ELINE MARIA FINCO |
| RGA-129 | AVALIAÇÃO DO IMPACTO DO ARMAZENAMENTO A FRIO NA VIABILIDADE DE FIBROBLASTOS OBTIDOS DO FOLÍCULO DE PENAS DE AVES PARA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS | GIOVANNA D. E. SANTOS |
| RGA-132 | ANÁLISE SENSORIAL DE LINGUIÇA SUÍNA ARTESANAL NO MUNICÍPIO DE BOA VISTA, RORAIMA | ELINE MARIA FINCO |
| RGA-136 | DESEMPENHO PONDERAL DE BOVINOS NELORE SOB ELEVADA CARGA TÉRMICA NO EXTREMO NORTE BRASILEIRO | JOSÉ TEODORO DE PAIVA |
| RGA-155 | PROTOCOLO DE AMOSTRAGEM PARA DETERMINAÇÃO DO TEOR DE GORDURA NO LEITE DE BOVINOS DA RAÇA CRIOULO PANTANEIRO | DIRCE FERREIRA LUZ |
| RGA-160 | ESTUDO ZOOMETRICO E TERMOGRÁFICO DO CASCO DE PÔNEIS DA RAÇA PÔNEI BRASILEIRO | CELIA RAQUEL QUIRINO |
| RGA-161 | DIVERSIDADE GENÉTICA EM EQUINOS DA RAÇA PÔNEI BRASILEIRO | CELIA RAQUEL QUIRINO |
| RGA-166 | VALIDAÇÃO DE MARCADORES SNP PARA IDENTIFICAÇÃO DE HÍBRIDOS ENTRE JAVALIS E SUÍNOS DOMÉSTICOS | DIOGO G.S DE S. COSTA |
| RGA-167 | CRIOULO LAGEANO E CARACU: DESEMPENHO A PASTO DE BOVINOS MESTIÇOS SOB CONDIÇÕES TROPICAIS | LUCAS M. SANTOS BASÍLIO |
| RGA-168 | PRECOCIDADE SEXUAL DE FÊMEAS BOVINAS MESTIÇAS DE GENÉTICA CRIOULA LAGEANA E CARACU | LUCAS M. SANTOS BASÍLIO |
| RGA-172 | GENES ASSOCIADOS AO TAMANHO CORPORAL EM EQUINOS DO LAVRADO DE RORAIMA | KATHERINE V. V. INGLIS |
| RGA-173 | GENES RELACIONADOS A DOENÇAS GENÉTICAS EM EQUINOS DO LAVRADO EM RORAIMA | KATHERINE V. V. INGLIS |
| RGA-176 | GERMOPLASMA OVINO CONSERVADO NO BANCO GENÉTICO DA EMBRAPA: QUANTITATIVO ATÉ 2026 | JÚLIA NUNES F. DE OLIVEIRA |
| RGA-182 | HERDABILIDADES E CORRELAÇÕES GENÉTICAS PARA CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA E REPRODUÇÃO NA RAÇA SANTA GERTRUDIS | CASSIA M. BRITO ARAÚJO |
| RGA-195 | AVALIAÇÃO DE POLIMORFISMOS EM REGIÕES PROMOTORA E CODIFICANTE DO GENE IL-13 EM CAPRINOS | CAIO VICTOR D. CARVALHO |
| RGA-196 | AVALIAÇÃO DE POLIMORFISMOS EM REGIÕES INTRÔNICAS DO GENE IL-13 EM CAPRINOS E SUAS IMPLICAÇÕES NA CONSERVAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA | CAIO V. D. CARVALHO |
| RGA-215 | EFEITO DA TOLERÂNCIA À ANAPLASMOSE EM BOVINOS CANCHIM | GEOVANA M. DE SOUZA |
| RGA-216 | GENOTIPAGEM DA KAPPA-CASEÍNA (CSN3) EM BÚFALOS POR MEIO DE SONDA LNA | FLÁVIA F. C. SANTANA |
| RGA-229 | ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DO CAMARÃO-GIGANTE-DA-MALÁSIA (MACROBRACHIUM ROSENBERGII) NO BRASIL | PATRICIA IANELLA |
| RGA-230 | ANÁLISE DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DE DUAS RAÇAS BOVINAS BRASILEIRAS COM USO DE PAINÉIS DE SNPS DE ALTA DENSIDADE | PATRICIA IANELLA |
| RGA-231 | CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DO BANCO BRASILEIRO DE GERMOPLASMA DO BOVINO CURRALEIRO PÉ-DURO UTILIZANDO MARCADORES SNP | MAYSA DIAS SOUSA |
| RGA-232 | NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DE SUÍNOS DA RAÇA MOURA | ELSIO A. P. DE FIGUEIREDO |

| | | |
|---|---|---|
| RGA-233 | NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DAS RAÇAS PLYMOUTH ROCK BRANCA E RHODE ISLAND RED PARA O DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE FRANGOS DE CORTE INDUSTRIAL E COLONIAL | ELSIO ANTONIO P. DE FIGUEIREDO |
| RGA-236 | AVALIAÇÃO DO MÉRITO GENÉTICO GENÔMICO DE UM REBANHO DE BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO DA FAZENDA SOL POSTO | GERALDO M. C. CARVALHO |
| RGA-237 | GESTÃO DO PARENTESCO GENÔMICO PARA CONCILIAR MELHORAMENTO E CONSERVAÇÃO EM BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO | GERALDO M. C. CARVALHO |
| RGA-252 | SNPS RELACIONADOS A COR DA PELAGEM EM BOVINOS DA RAÇA CRIOULO LAGEANO | LAURA DE MORAES GUAZZELLI |
| RGA-266 | AVALIAÇÃO QUANTIQUALITATIVA DA CARCAÇA DE SUÍNOS DA RAÇA MOURA PROVENIENTES DE DIFERENTES PROPRIEDADES DO PARANÁ | FABIAN DOMINGUES |
| RGA-268 | FREQUÊNCIAS GENOTÍPICAS E ALÉLICAS DO POLIMORFISMO A1/A2 DO GENE CSN2 EM BOVINOS SINDI NO BRASIL | MARIA G. R. ROGERIO |
| RGA-287 | FREQUÊNCIA DO GENÓTIPO A2A2 DO GENE DA BETA-CASEÍNA (CSN2) EM BOVINOS LEITEIROS NO CENTRO-OESTE BRASILEIRO | MARIA G. R. ROGERIO |
| RGA-288 | AVALIAÇÃO DO PESO AO NASCER DE BEZERROS DO REBANHO SINDI DA EMBRAPA SEMIÁRIDO, BRASIL | DÉBORA A. DE CARVALHO |
| RGA-308 | ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA INDICADORES DE LONGEVIDADE EM OVELHAS DA RAÇA MERINO SUL-AFRICANO | LUÍS F. BATISTA PINTO |
| RGA-324 | VALORIZAÇÃO DO QUEIJO DO LEITE DE OVELHAS PANTANEIRAS POR MEIO DE REVESTIMENTO COMESTÍVEL À BASE DE EXTRATO DE BACUPARI | MARIA V. M. PACHECO |
| RGA-325 | ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA REVELA REGIÕES COM VARIAÇÕES NO NÚMERO DE CÓPIAS ASSOCIADAS A PONTUAÇÕES DE MORFOLOGIA E DE MARCHA EM EQUINOS DA RAÇA CAMPOLINA | RAPHAEL B. COSTA |
| RGA-326 | POLIMORFISMOS NO GENE PRNP ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA À SCRAPIE EM CAPRINOS MOXOTÓ | GREGORIO M. F. DE CAMARGO |
| RGA-327 | DESEMPENHO PRODUTIVO DE OVELHAS PANTANEIRAS CONFINADAS DURANTE A LACTAÇÃO | GIOVANNI D. FUNATSU NUNES |
| RGA-349 | RAÇA CRIOULA LANADA: RECURSO GENÉTICO ESTRATÉGICO PARA A SUSTENTABILIDADE DA OVINOCULTURA | VITOR CARLOS BRITO |
| RGA-359 | INVESTIGAÇÃO DO POLIMORFISMO NO GENE DA BETA-CASEINA (CSN2) NO REBANHO SINDI DA EMBRAPA SEMIÁRIDO | DÉBORA A. DE CARVALHO |
| RGA-368 | MORFOMETRIA DO DIMORFISMO SEXUAL NO PORCO MOURA: UMA ABORDAGEM MULTIVARIADA | MARIA MARTA LODDI |
| RGA-369 | DIVERSIDADE E HISTÓRIA GENÉTICA DO “SRD BRASILEIRO”: UM ESTUDO SOBRE A VARIABILIDADE DO VIRA-LATA | ADAM NAVA |
| RGA-370 | VARIABILIDADE E HISTÓRIA GENÉTICA DE FELINOS DOMÉSTICOS SEM RAÇA DEFINIDA DO BRASIL | GIULIA DE C. CONCEIÇÃO |
| RGA-372 | CARACTERIZAÇÃO DA ENDOGAMIA E DO NÚMERO EFETIVO DE RAÇAS CAPRINAS LOCALMENTE ADAPTADAS MANTIDAS EM NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO | KLEIBE DE M. SILVA |
| RGA-377 | CARACTERIZAÇÃO DA ENDOGAMIA E DO TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL EM RAÇAS OVINAS LOCALMENTE ADAPTADAS MANTIDAS EM CONSERVAÇÃO | KLEIBE M. SLVA |
| RGA-383 | ENDOGAMIA GENÔMICA E ESTRUTURA DE HOMOZIGOSE EM OVINOS PANTANEIROS | FERNANDO M. DE V. JUNIOR |

| | | |
|---|---|---|
| RGA-385 | AVALIAÇÃO DA TOLERÂNCIA AO CALOR EM PORCOS DA RAÇA MOURA E CRUZADOS MEIO-SANGUE MOURA COM LINHAGENS INDUSTRIAIS | IGOR DANILENKO |
| RGA-400 | CARACTERIZAÇÃO DE ILHAS DE HOMOZIGOSE E PROSPECÇÃO GÊNICA NO MANGALARGA PAULISTA | GIULIA DE C. CONCEIÇÃO |
| RGA-401 | PADRÕES DE ENDOGAMIA GENÔMICA E DIFERENCIAÇÃO POPULACIONAL EM TRÊS RAÇAS EQUINAS | GIULIA DE C. CONCEIÇÃO |
| RGA-413 | ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA PROFUNDIDADE TORÁCICA EM BOVINOS DA RAÇA CURRALEIRO PÉ-DURO | MANOEL B. SILVA JUNIOR |
| RGA-414 | CARACTERÍSTICAS DISTINTIVAS PRÓPRIAS DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS COMO ELEMENTO DE IDENTIFICAÇÃO DO PATRIMÔNIO GENÉTICO BRASILEIRO | MARCIANO T. DA SILVA |
| RGA-425 | PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS E COMPOSTOS VOLÁTEIS DA CARNE DE SUÍNOS MOURA COMPARADOS AOS COMERCIAIS CONVENCIONAIS | SEBASTIÃO F. MAGAGNIN |
| RGA-426 | PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS E QUALIDADE DE GORDURA SUBCUTANEA DE SUÍNOS MOURA E DOS COMERCIAIS CONVENCIONAIS | SEBASTIÃO F. MAGAGNIN |
| RGA-442 | VISÃO COMPUTACIONAL E APRENDIZADO DE MÁQUINA NA CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE OVINOS PANTANEIROS | FERNANDO M. DE VARGAS JUNIOR |
| RGA-452 | ALTA FREQUÊNCIA DO ALELO FAVORÁVEL AO MARMOREIO EM BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO: MARCADOR FABP4 3691G>A | MANOEL B. SILVA JÚNIOR |
| RGA-456 | ASSOCIAÇÃO DO SNP RS315789643 NO GENE LEPR COM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM GALINHAS CANELA-PRETA | SIMONE S. C. DA SILVA |
| RGA-457 | EZOOGNÓSIA DOS PORCOS DA RAÇA MOURA DA FAZENDA ESCOLA CAPÃO DA ONÇA NO ANO DE 2025 | VINICIUS A. GORTE |
| RGA-458 | MEDIDAS MORFOMÉTRICAS DOS PORCOS MACHOS E FÊMEAS DA RAÇA MOURA DA FAZENDA ESCOLA CAPÃO DA ONÇA NO ANO DE 2025 | VINICIUS ADRIANO GORTE |
| RGA-464 | COMPORTAMENTO HIGIÊNICO DE ABELHAS AFRICANIZADAS ASSOCIADO À REMOÇÃO DE LARVAS DE AETHINA TUMIDA | CAROLINE FERREIRA MEDINA |
| RGA-468 | INTEGRAÇÃO GENÔMICA-METABOLÔMICA PARA EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS NELORE | JESSICA M. MALHEIROS |
| RGA-469 | IDENTIFICAÇÃO DO METABOLOMA FECAL DE BOVINOS CARACU POR 1H RMN: UMA ANÁLISE INICIAL | JESSICA M. MALHEIROS |
| RGA-470 | CARACTERIZAÇÃO DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DE UM REBANHO NÚCLEO DE OVINOS CORRIEDALE DO URUGUAI | RAFAELA LONGO |
| RGA-490 | APLICAÇÃO DE SPLINES QUADRÁTICO-QUADRÁTICOS NA CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE BOVINOS DE CORTE | LEONARDO T. CAMPOS |
| RGA-502 | ESTRUTURA POPULACIONAL DE PORCOS MOURA E CRIOLLO ARGENTINO DE MISIONES EM COMPARAÇÃO A RAÇAS COMERCIAIS | RAFAELA LONGO |
| RGA-513 | CONTRIBUIÇÃO DE REPRODUTORES E CONSANGUINIDADE COMO INDICADORES DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM REBANHOS PURUNÃ | PAMELA CARLA MACHADO |
| RGA-514 | AVALIAÇÃO E RENDIMENTO DE CORTES E PRODUTOS PROCESSADOS DE SUÍNOS DA RAÇA MOURA | FABIÁN DOMINGUES |
| RGA-518 | VARIAÇÃO GENÉTICA E CORRELAÇÕES ENTRE ESCORES DE EXPRESSÃO RACIAL, APRUMOS E SEXUALIDADE À DESMAMA EM BOVINOS NELORE | SIMONE S. C. DA SILVA |
| RGA-533 | ESTRESSE OXIDATIVO E COMPORTAMENTO DE PORCOS MOURA EM DOIS SISTEMAS DE ENGORDA | MARSON B. WARPECHOWSKI |

| | | |
|---|---|---|
| RGA-534 | COMPATIBILIDADE DOS SISTEMAS DE CRIAÇÃO DE SUÍNOS MOURA COM NORMATIVAS SANITÁRIAS E AMBIENTAIS NO SUL DO BRASIL | MARSON B. WARPECHOWSKI |
| RGA-541 | REGIÕES RICAS EM HETEROZIGOSIDADE REVELAM ILHAS GENÔMICAS CANDIDATAS À ADAPTAÇÃO NA RAÇA CARACU | GUSTAVO H. C. BORGES |
| RGA-542 | DISTRIBUIÇÃO DA ENDOGAMIA ENTRE FAMÍLIAS E MANUTENÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA NA RAÇA CARACU | GUSTAVO H. C. BORGES |
| RGA-543 | INTEGRANDO CONHECIMENTO DE PESCADORES COMO FONTE DE INFORMAÇÕES SOBRE RECURSOS GENÉTICOS DA ICTIOFAUNA AMAZÔNICA | CATARINA DE M. TORRES |
| RGA-556 | TROCA DE SABERES E CONSTRUÇÃO DA IDENTIDADE DE MULHERES GUARDIÃS DE GALINHAS CAIPIRAS NA ZONA DA MATA MINEIRA | ANA C. J. L. B. CALDERARO |
| RGA-557 | GUARDIÃS DE GALINHAS CAIPIRAS CRIOULAS: INTERCÂMBIO DE SABERES E CONSERVAÇÃO DA AGROBIODIVERSIDADE NA 17ª TROCA DE SABERES | ANA C. J. L. B. CALDERARO |
| **SESSÃO MICRORGANISMOS** | | |
| **Nº** | **TÍTULO DO TRABALHO** | **APRESENTADOR** |
| RGM-025 | DIVERSIDADE BACTERIANA DO SOLO EM SISTEMA DE PLANTIO DIRETO COM DIFERENTES CULTIVOS DE VERÃO E INVERNO | LEONARDO K. GIOVANETTI |
| RGM-026 | DIVERSIDADE FÚNGICA DO SOLO EM SISTEMA DE PLANTIO DIRETO COM DIFERENTES CULTIVOS DE VERÃO E INVERNO | LEONARDO K. GIOVANETTI |
| RGM-034 | CARACTERIZAÇÃO TAXONÔMICA E FUNCIONAL DO GÊNERO NITROSPIRILLUM | JERRI ZILLI |
| RGM-035 | IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR E DELIMITAÇÃO DE ESPÉCIES DE FUNGOS DO GÊNERO TRICHODERMA POR MEIO DE UM PROTOCOLO MOLECULAR ECONÔMICO | LUCAS B. ROCHA |
| RGM-041 | POTENCIAL DE STREPTOMYCES NA PROMOÇÃO DO CRESCIMENTO E BIOCONTROLE DE FUSARIUM EM FEIJÃO SOB DÉFICIT HÍDRICO | GIOVANI H. D. DE OLIVEIRA |
| RGM-046 | DIVERSIDADE VEGETAL COMO FONTE DE COMPOSTOS BIOATIVOS COM POTENCIAL ANTIMICROBIANO | ANA C. L. F. DE OLIVEIRA |
| RGM-047 | PERFIL METAGENÔMICO DE LEVEDURAS E BACTÉRIAS DURANTE A FERMENTAÇÃO DE UVAS CABERNET SAUVIGNON EM VINHOS DA REGIÃO DE ALTITUDE DE SANTA CATARINA | DENIS DALL AGNOLO |
| RGM-056 | ATIVIDADES PROMOTORAS DO CRESCIMENTO DE ISOLADOS ENDOFÍTICOS DE ERVA-MATE (ILEX PARAGUARIENSIS) | THIAGO BET HAAG |
| RGM-057 | MULTIFUNCIONALIDADE DE PSEUDOMONAS SP. COMO RIZOBACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO E AGENTES DE BIOCONTROLE | JOYCE F. KIELT |
| RGM-063 | POTENCIAL BIOATIVO DO ÓLEO ESSENCIAL DE CROTON CAMPESTRIS NO CONTROLE DE MACROPHOMINA EUPHORBICOLA | LUIZ A. SOUZA SANTANA |
| RGM-066 | A COLEÇÃO INTERNACIONAL DE CULTURA DE GLOMEROMYCOTA (CICG) COMO ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO EX SITU DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES | LÍDIA KLESTADT LAURINDO |
| RGM-087 | ANÁLISE GENÔMICA E PROSPECÇÃO DE STREPTOMYCES SP. BTM289 COM POTENCIAL PARA PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO VEGETAL | NATHAN AIKO HOTTA |
| RGM-093 | RESINOTECA MICROBIANA COMO FERRAMENTA DE DIVULGAÇÃO CIENTÍFICA | AMANDA L. F. DE ALMEIDA |

| | | |
|---|---|---|
| RGM-098 | FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES E BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS NO APROVEITAMENTO DO FOSFATO NATURAL REATIVO E CRESCIMENTO INICIAL DO MILHO | EMANUEL S. SANTOS |
| RGM-148 | LEGADO MICROBIANO DA RIZOSFERA DO ALGODOEIRO NA CAATINGA E SEU POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO NA AGRICULTURA SOB DÉFICIT HÍDRICO | FERNANDA L. DOS SANTOS |
| RGM-158 | INOCULAÇÃO COM RPCV PARA VIABILIZAR A MULTIPLICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE PINUS TAEDA | JULIA H. G. BALBINOTTI |
| RGM-169 | ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO ASSOCIADAS À RIZOSFERA DE EUCALIPTO | ANDREZA DE J. CORREIA |
| RGM-170 | BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO NO CRESCIMENTO DE MUDAS SEMINAIS DE EUCALIPTO | ANDREZA DE J. CORREIA |
| RGM-174 | ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS DE MUDAS DE PUPUNHEIRA | MARIA E. C. BETINARDI |
| RGM-175 | BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO VEGETAL NA PRODUÇÃO DE MUDAS DE PUPUNHEIRA | RYAN MIRANDA HAMMOUD |
| RGM-177 | MUDAS DE EUCALYPTUS UROGRANDIS INOCULADAS COM BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO | KAUANNA B. F. PEPE |
| RGM-178 | BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO NO CRESCIMENTO DE MUDAS DE EUCALYPTUS DUNNII | KAUANNA B. F. PEPE |
| RGM-181 | BACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO VEGETAL NA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE PINUS TAEDA | GUSTAVO JOSÉ P. ALVES |
| RGM-187 | LINHAGENS DE PRIESTIA ARYABHATTAI DA CAATINGA COM POTENCIAL PARA MITIGAÇÃO DE ESTRESSE HÍDRICO EM PLANTAS | RAFAEL A. NIERI |
| RGM-194 | BIOPROSPECÇÃO DE RIZOBACTÉRIAS MULTIFUNCIONAIS DO CERRADO REVELA ISOLADOS PROMISSORES PARA BIOINSUMOS AGRÍCOLAS | JULIANA DE F. MACHADO |
| RGM-198 | CARACTERIZAÇÃO MORFOCULTURAL, MOLECULAR E ATIVIDADE ANTAGÔNICA DE ACTINOBACTÉRIAS CONTRA XANTHOMONAS EUVESICATORIA PV. PERFORANS | EDER MARQUES |
| RGM-202 | DIVERSIDADE TAXONÔMICA DE ACTINOMICETOS EM ÁREA REMANESCENTE DE MATA ATLÂNTICA E ÁREA AGRÍCOLA | DANIELE HNEDA |
| RGM-203 | BIOPROSPECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS ISOLADAS DE SOLO DO CERRADO COM POTENCIAL PARA A AGRICULTURA | KÁSSIA L. M. DE PAULA |
| RGM-206 | VARIABILIDADE NA PRODUÇÃO DE ÁCIDO INDOL-3-ACÉTICO POR CEPAS COMERCIAIS DE TRICHODERMA HARZIANUM | VANISLENE B. DA SILVA |
| RGM-207 | DINÂMICA TEMPORAL DA PRODUÇÃO DE ÁCIDO INDOL-3-ACÉTICO POR TRICHODERMA HARZIANUM BRM 29600 EM DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DO INÓCULO | VANISLENE B. DA SILVA |
| RGM-208 | CARACTERIZAÇÃO DA COMUNIDADE BACTERIANA ASSOCIADA A DIFERENTES GENÓTIPOS DE PINUS TAEDA | KRISLE DA SILVA |
| RGM-209 | COMPOSIÇÃO DA COMUNIDADE BACTERIANA ASSOCIADA A CLONES DE ERVA-MATE COM DIFERENTES CAPACIDADES DE ENRAIZAMENTO | KRISLE DA SILVA |
| RGM-212 | PERFIL BACTERIANO E RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM ISOLADOS DE MASTITE BOVINA PROVENIENTES DE PROPRIEDADES LEITEIRAS DOS CAMPOS GERAIS | RENATA MICKETEN |
| RGM-217 | MACROFUNGOS DA MATA DE ARAUCÁRIA: UM TESOURO GENÉTICO SUBEXPLORADO | JULIA BASTOS DOS SANTOS |
| RGM-222 | CULTURA DE CÉLULAS VEGETAIS COMO UMA ALTERNATIVA PARA A PRODUÇÃO DE METABÓLITOS SECUNDÁRIOS | LUCIANA G. DE AZEVEDO |

| | | |
|---|---|---|
| RGM-225 | RESPOSTAS DO MICROBIOMA DO SOLO À CONVERSÃO DO USO DA TERRA: UMA ABORDAGEM METAGENÔMICA PARA O MONITORAMENTO DA RESTAURAÇÃO DE CAMPOS NATIVOS | JESIANE S. DA SILVA BATISTA |
| RGM-227 | VARIABILIDADE FUNCIONAL DE ESTIRPES DE PSEUDOMONAS NA SOLUBILIZAÇÃO DE DIFERENTES FORMAS MINERAIS DE FÓSFORO | JESIANE S. DA SILVA BATISTA |
| RGM-228 | IDENTIFICAÇÃO GENÔMICA DE ISOLADOS ELITE DE RIZOBACTÉRIAS COM POTENCIAL PARA O BIOCONTROLE DE DOENÇAS | LEANDRA G. FRANCO |
| RGM-235 | ISOLAMENTO DE MICRORGANISMOS DA RIZOSFERA DO CAPIM-ANNONI (ERAGROSTIS PLANA-NESS) EM TERRAS BAIXAS | LARISSA C. SCHÖNHOFEN |
| RGM-238 | SOLO E ESPÉCIE DETERMINAM A COMPOSIÇÃO DA COMUNIDADE BACTERIANA RIZOSFÉRICA EM ÁRVORES NEOTROPICAIS | ELISETE P. RODRIGUES |
| RGM-239 | DIVERSIDADE E POSICIONAMENTO FILOGENÉTICO DE RIZÓBIOS ISOLADOS DE SOLANÁCEAS | ANDRÉ LUIZ M. DE OLIVEIRA |
| RGM-240 | DIVERSIDADE TAXONÔMICA DE BACTÉRIAS CULTIVÁVEIS E SEU POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO EM REMANESCENTE DE MATA ATLÂNTICA E ÁREA AGRÍCOLA | HELYEMARI V. ALTHAUS |
| RGM-241 | CARACTERIZAÇÃO ESTRUTURAL, FUNCIONAL E ANÁLISE DE CONSERVAÇÃO DA AMINOPEPTIDASE LAP1 (C7Z6W1) EM ESPÉCIES DO GÊNERO FUSARIUM | SÂMELA A. L. DE OLIVEIRA |
| RGM-242 | CIÊNCIA PARA TODOS: OS CAMINHOS E IMPACTOS DO ODISSÉIA MICROBIOLÓGICA | GABRIEL VIRGINIO-PEREIRA |
| RGM-243 | PROSPECÇÃO DE BACTÉRIAS COM POTENCIAL PARA O CONTROLE BIOLÓGICO DE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS | LEANDRA G. FRANCO |
| RGM-244 | RESPOSTA DIFERENCIAL DE LINHAGENS DE ESCHERICHIA COLI PROVENIENTES DE COLEÇÃO MICROBIOLÓGICA FRENTE A ÓXIDOS DE COBRE DOPADOS COM ZINCO | LETICIA C. A. CABRAL |
| RGM-246 | EFEITO DA MICROBIOLIZAÇÃO COM BACTÉRIAS ASSOCIADAS AO GÊNERO ANANAS SPP. NA SEVERIDADE DA MURCHA DOS ABACAXIZEIROS ‘BRS DIAMANTE’ E ‘BRS SOL BAHIA’ | FERNANDA V. D. SOUZA |
| RGM-249 | CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E POTENCIAL ANTAGONISTA DE ACTINOBACTÉRIAS CONTRA XANTHOMONAS CAMPESTRIS PV. CAMPESTRIS | CEJANA R. DE JESUS BARBOSA |
| RGM-258 | CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E AGRUPAMENTO FENOTÍPICO DE RIZOBACTÉRIAS ASSOCIADAS A GRAMÍNEAS EM SISTEMA | JULIANA DE F. MACHADO |
| RGM-270 | PRODUÇÃO DE MELANINA POR BACTÉRIAS ISOLADAS DE AFLORAMENTOS ROCHOSOS DO PARQUE ESTADUAL DO GUARTELÁ (TIBAGI/PR) | EMERSON G. FIDENCIO |
| RGM-273 | USO DE INOCULANTE MICORRÍZICO E BIOFERTILIZANTE À BASE DE ÁCIDOS HÚMICOS NO CRESCIMENTO INICIAL DE QUINOA | EMANUELI MARCHIORO |
| RGM-277 | ARQUITETURA TERPÊNICA DE EUCALYPTUS COMO BASE PARA A SELEÇÃO DE PERFIS ANTIFÚNGICOS CONTRA PENICILLIUM EXPANSUM | MILENKA RIVERA |
| RGM-279 | AVALIAÇÃO DO POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE SERENDIPITA RESTINGAE (SEBACINALES) PARA MITIGAÇÃO DE ESTRESSE HÍDRICO EM TOMATEIRO | LUCIANA N. JOÃO FAUSTINO |
| RGM-280 | MINERAÇÃO GENÔMICA DE BGCS REVELA PERFIL DIFERENCIAL E POTENCIAL DE BIOCONTROLE EM PSEUDOMONAS SPP. DA RIZOSFERA DO MILHO | JOYCE FERNANDA KIELT |
| RGM-281 | DIVERSIDADE QUÍMICA E PROSPECÇÃO DE METABÓLITOS SECUNDÁRIOS DE ASPERGILLUS NIGER SOB ESTRESSE POR | RAFAEL SCUR ORTIZ |

| | | |
|---|---|---|
| | NANOPARTÍCULAS DE PALÁDIO: UMA ABORDAGEM METABOLÔMICA | |
| RGM-285 | EFEITO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS ASSOCIADAS AO GÊNERO ANANAS NO DESENVOLVIMENTO RADICULAR E DA PARTE AÉREA DE MICROPLANTAS DAS CULTIVARES BRS DIAMANTE E BRS SOL BAHIA. | FERNANDA V. D. SOUZA |
| RGM-289 | CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA E FILOGENÉTICA DE LINHAGENS DE GANODERMA COM POTENCIAL PARA PRODUÇÃO DE BIOTECIDO | VANESSA VAZ LEONEL |
| RGM-301 | DIVERSIDADE, COMPOSIÇÃO TAXONÔMICA E PERFIL FUNCIONAL POTENCIAL DE RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS ASSOCIADOS A BIOINSUMOS COMERCIAIS E PRODUZIDOS ON-FARM | EMANUELLE V. PANISSON |
| RGM-304 | EFEITO DE BACTÉRIAS PROMOTORAS DO CRESCIMENTO VEGETAL NO DESENVOLVIMENTO INICIAL A CAMPO DE SENNA MACRANTHERA | YASMIN A. KUHN |
| RGM-305 | DIVERSIDADE DE RIZÓBIOS ISOLADOS DE NÓDULOS RADICULARES DA ESPÉCIE AMEAÇADA DE EXTINÇÃO MIMOSA STROBILIFLORA BURKART | YASMIN APARECIDA KUHN |
| RGM-313 | POTENCIAL DO HIDROLATO DE MELALEUCA | SUZANA STRUIVING |
| RGM-333 | INFLUÊNCIA DE RIZOBACTÉRIAS NO DESENVOLVIMENTO DE PLANTAS DE FEIJÃO-CARIOCA SOB ESTRESSE TÉRMICO | BÁRBARA N. DABOIT |
| RGM-343 | CONSERVAÇÃO E ANTAGONISMO IN VITRO DE FUNGOS DE ORQUÍDEAS DO CERRADO CONTRA MAGNAPORTHE ORYZAE E FUSARIUM VERTICILLIOIDES | WANESSA L. F. ROSA |
| RGM-358 | RESPOSTAS FISIOLÓGICAS DA BATATA-DOCE INOCULADA COM BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO CULTIVADAS SOB BAIXA DISPONIBILIDADE DE FÓSFORO | MILENE MACHADO |
| RGM-360 | CARACTERIZAÇÃO DO POTENCIAL DE SOLUBILIZAÇÃO DE MACRONUTRIENTES (P E K) POR MACROFUNGOS | LÉIA CECILIA DE L. FÁVARO |
| RGM-363 | GESTÃO DA QUALIDADE NA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS MULTIFUNCIONAIS E FITOPATOGÊNICOS DA EMBRAPA MILHO E SORGO | PRISCILA CORDEIRO GOMES |
| RGM-365 | DIVULGAÇÃO CIENTÍFICA NAS REDES SOCIAIS: ANÁLISE DA COLEÇÃO CMRP-UTFPR PONTA GROSSA | MELISSA MARTINS |
| RGM-374 | DA PRESERVAÇÃO À UTILIZAÇÃO: ANÁLISE RETROSPECTIVA DA COLEÇÃO DE LEVEDURAS DE INTERESSE INDUSTRIAL ENTRE 2018 E 2025 | SÂMELA A. L. DE OLIVEIRA |
| RGM-395 | POTENCIAL DE BIOCONTROLE DE ISOLADOS BACTERIANOS CONTRA BIPOLARIS ORYZAE EM ARROZ | KAMILLA R. MENDONÇA |
| RGM-397 | OBTENÇÃO DE CLONES RECOMBINANTES DE ESCHERICHIA COLI DH5A CONTENDO O GENE LACZ DE SERRATIA MARCESCENS | ANA CARLA THOMASSEWSKI |
| RGM-407 | EFICIÊNCIA DE MÉTODOS DE BAIXO CUSTO NA CONSERVAÇÃO EX SITU DE MACROFUNGOS COMESTÍVEIS E MEDICINAIS | LOENI LÜDKE FALCÃO |
| RGM-415 | POTENCIAL DO FUNGO ENDOFÍTICO DO MANGUEZAL DE SANTA CATARINA APIOSPORA ARUNDINIS RASC1B20231 COMO PRODUTOR DE PIGMENTOS ANTIOXIDANTES | GIOVANNA AMARAL FILIPE |
| RGM-417 | PERFIL MULTIFUNCIONAL IN VITRO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS DA ERVA-MATE (ILEX PARAGUARIENSIS): POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO PARA NUTRIÇÃO FOSFATADA E TOLERÂNCIA OSMÓTICA | THIAGO BET |
| RGM-418 | RECUPERAÇÃO PÓS-CRIOPRESERVAÇÃO DE MICROALGAS CONSERVADAS A −80°C COM DIFERENTES CRIOPROTETORES | LÉIA C. DE LIMA FÁVARO |

| | | |
|---|---|---|
| RGM-420 | EFEITO DE MÉTODOS DE CONSERVAÇÃO NO VIGOR MICELIAL DE MACROFUNGOS COMESTÍVEIS E MEDICINAIS | VINÍCIUS LOPES BECKMANN |
| RGM-423 | BIOCONTROLE DA ANTRACNOSE EM GOIABEIRA-SERRANA: POTENCIAL ANTAGÔNICO DE ISOLADOS DO COMPLEXO TRICHODERMA ASPERELLUM CONTRA COLLETOTRICHUM THEOBROMICOLA | EMILY C. DA SILVA |
| RGM-436 | AÇÃO DE FUNGICIDAS SOBRE O MICROBIOMA DO PÃO DA ABELHA DE APIS MELLIFERA (HYMENOPTERA: APIDAE) | MARCIA REGINA FAITA |
| RGM-446 | USO BIOTECNOLÓGICO DE RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS NO DESENVOLVIMENTO DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE BANANEIRA PRATA-ANÃ | RENATA A. NERES FARIA |
| RGM-449 | DIVERSIDADE E COMPOSIÇÃO DA COMUNIDADE FÚNGICA DA RIZOSFERA DE ARAUCARIA ANGUSTIFOLIA ACESSADAS POR METABARCODING: CONTRIBUIÇÕES PARA PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO E A CONSERVAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS DA ESPÉCIE | YANKA ROCHA KONDO |
| RGM-450 | COMPOSIÇÃO TAXONÔMICA DA COMUNIDADE FÚNGICA DA RIZOSFERA DE ARAUCARIA ANGUSTIFOLIA EM CINCO MUNICÍPIOS DA REGIÃO SUL DO BRASIL E SUAS IMPLICAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO GENÉTICA DA ESPÉCIE | YANKA ROCHA KONDO |
| RGM-453 | REORGANIZAÇÃO TEMPORAL DO TRANSCRIPTOMA DURANTE A EMBEBIÇÃO DE SEMENTES DE UM ACESSO DE FEIJÃO-COMUM CONSERVADO EX SITU | MARCOS A. GIMENES |
| RGM-454 | RESPOSTAS MOLECULARES PRECOCES À EMBEBIÇÃO DE SEMENTES DE UM ACESSO DE FEIJÃO-COMUM CONSERVADO EX SITU | MARCOS A. GIMENES |
| RGM-482 | RESPOSTA DE ISSATCHENKIA ORIENTALIS À EXPOSIÇÃO A NANOPARTÍCULAS DE MAGNETITA EM CULTIVO FERMENTATIVO | NAIARA JACINTA CLERICI |
| RGM-501 | ANÁLISE DA DIVERSIDADE DA COMUNIDADE BACTERIANA EM BAGAS DE VIDEIRA POR SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO | JONATHAN E. GIEHL MUELLER |
| RGM-504 | GÊNEROS MICROBIANOS COM POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO ENCONTRADOS EM BAGAS DE VIDEIRA | JONATHAN E. G. MUELLER |
| RGM-507 | CAPACITAÇÃO EM SEQUENCIAMENTO POR NANOPORE NO CABBIO: FORMAÇÃO E COOPERAÇÃO LATINO-AMERICANA EM RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS | INGRID L. D. BRAND |
| RGM-516 | BIOINTERFACE NANOESTRUTURADA DE PCL MODULA O COMPORTAMENTO DE ISSATCHENKIA ORIENTALIS EM FERMENTAÇÃO LIGNOCELULÓSICA | NAIARA J. CLERICI |
| RGM-538 | DIVERSIDADE FÚNGICA EM BAGAS DE VIDEIRA DE DIFERENTES VINHEDOS DE SANTA CATARINA POR SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO | MARCELI R. BURIN |
| RGM-539 | DIVERSIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA EM BAGAS DE UVA DE DISTINTOS VINHEDOS DE SANTA CATARINA | MARCELI RAQUEL BURIN |
| RGM-550 | ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS E RIZOSFÉRICAS DE PLANTAS DO GÊNERO PASPALUM | ANA CRISTINA MAZZOCATO |

CBRG

IX Congresso Brasileiro de

# RECURSOS GENÉTICOS

Recursos Genéticos e Biotecnologia:
biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria

**10 a 13 de novembro de 2026**
Florianópolis - SC

# Resumos da ÁREA VEGETAL



# 7. RESUMOS

## 7.1. Recursos genéticos da área vegetal

### RGV 002 - SEMENTES E TERRITÓRIOS DE AGROBIODIVERSIDADE: UM PERCURSO PARA O RECONHECIMENTO DE SISTEMAS AGRÍCOLAS TRADICIONAIS (SATs) NO URUGUAI

Natália de Almeida[1,4]*; Rafael Vidal[2,4]; Flaviane Malaquias Costa[3,4]; Ximena Castro[2]; Magdalena Vaio[2]; Valentina Martínez[1]; Florencia Diano[1]; Sofía Cortizas[1]

[1]Grupo de Agroecología, Sustentabilidad y Medio Ambiente (GASMA), Universidad Tecnológica del Uruguay. [2]Universidad de la República. [3]Universidad de Oxford. [4]Grupo Interdisciplinario de Estudios en Agrobiodiversidad (InterABio). *natalia.almeida@utec.edu.uy

A agrobiodiversidade compreende a diversidade genética dentro e entre espécies, os agroecossistemas e os sistemas culturais associados. Representa um patrimônio biocultural resultante da interação entre as comunidades humanas e seu entorno, por meio de processos de domesticação de plantas, animais e paisagens. No Uruguai, seu desenvolvimento remonta a mais de 5000 anos, como evidenciam os Cerritos de Índios, estruturas pré-hispânicas nas quais foram encontrados vestígios de cultivos de milho, feijão, abóbora e outras espécies. Essa longa história de interação entre comunidades humanas, sementes e territórios continua presente nos sistemas agrícolas familiares atuais, onde a agrobiodiversidade segue sendo recriada, manejada e sustentada entre gerações. Neste marco, o presente trabalho reúne resultados de uma década de pesquisas participativas sobre sementes crioulas e agrobiodiversidade no Uruguai, buscando contribuir para a construção de ações colaborativas entre guardiões de sementes, universidades e organizações da sociedade civil para a salvaguarda do patrimônio genético, cultural e territorial. Ao longo desses 10 anos, foram realizadas entrevistas semiestruturadas, percursos guiados em propriedades da agricultura familiar, além de oficinas, jornadas e encontros. Os resultados evidenciaram a persistência de mais de 150 variedades crioulas de milho, amendoim, abóboras, batata-doce, favas e diversas espécies de feijão, entre outras, manejadas em sistemas agrícolas familiares, assim como práticas e estratégias locais de manejo, uso e conservação da agrobiodiversidade. Entre elas destacam-se os bancos familiares de sementes, os policultivos, práticas de cuidado do solo e formas tradicionais de armazenamento de sementes, como a *troja* e a *pirva* ou *parva*. Entre as principais ameaças identificadas encontram-se os eventos climáticos extremos, as dificuldades de acesso à terra, a sucessão geracional e a contaminação genética por transgênicos, especialmente no milho. Entre as ações de salvaguarda destacam-se os respaldos de sementes em bancos de germoplasma de universidades públicas, a caracterização da diversidade mantida pelos guardiões de sementes, os processos de repatriação e rematriação de sementes e a geração de espaços de formação e articulação entre universidades, guardiões e organizações locais. Os resultados também permitiram identificar três microcentros de diversidade de milho e zonas de agrobiodiversidade no país, evidenciando a relevância dos territórios para a conservação dinâmica das sementes crioulas. Nesse sentido, espera-se que os avanços construídos ao longo desse processo possam contribuir para estabelecer bases para o reconhecimento de Sistemas Agrícolas Tradicionais (SATs) no Uruguai.

**Palavras-chave:** Conservação *in situ* e *ex situ*, Diversidade biocultural, Variedades crioulas, Recursos genéticos.

# RGV 005 - RANKING AGRONÔMICO E FINALIDADE DE USO DE LINHAGENS E HÍBRIDOS DE MELÃO AMARELO

Cleriston Vitor dos Santos[1]; Francisco Rafael Inácio de Araújo[1]; Adriano Ferreira Martins[1]; Glauber Henrique de Souza Nunes[1]; Francisco Davi Freitas Alves[1]; Stefeson Bezerra de Melo[1]*

[1]Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA. *stefeson@msn.com

Este resumo apresenta uma análise complementar do ranqueamento agronômico e da finalidade de uso de linhagens e híbridos de melão amarelo, a partir das médias de 29 genótipos (sete linhagens, vinte e um híbridos simples e a testemunha comercial Goldex). Foram consideradas as características número de frutos por parcela, peso médio do fruto, produtividade, fator de forma, espessura de polpa, firmeza da polpa e sólidos solúveis totais. Como a base corresponde a médias por genótipo, a interpretação teve caráter descritivo e exploratório. O objetivo foi indicar os materiais mais promissores para diferentes finalidades. O híbrido L1XL7 foi o destaque geral, com a maior produtividade (44,60 t ha-1) e o maior número de frutos (média de 17), superando a Goldex em produtividade, número de frutos, espessura de polpa, firmeza e sólidos solúveis, sendo o mais indicado para produtividade ampla e equilíbrio comercial. Outros materiais produtivos foram L1XL5 (41,70 t ha-1), L2XL5 (40,20 t ha-1) e L1XL2 (39,80 t ha-1). Para qualidade de consumo, medida pelos sólidos solúveis totais, sobressaíram-se L2XL4, L1XL4, L4XL6, L3XL4 e L4XL7, com o maior valor em L2XL4 (12,20 °Brix), evidenciando que os genótipos mais produtivos não são necessariamente os mais doces. Para firmeza de polpa, L3XL6 superou a Goldex em 38,38%, sendo indicado quando se busca maior resistência ao transporte e à conservação pós-colheita. Entre as linhagens, L1 destacou-se como genitor para peso médio e espessura de polpa, L7 como genitor equilibrado e produtivo, L4 como fonte de sólidos solúveis e L6 como fonte de firmeza. Conclui-se que o ranking agronômico por finalidade é uma ferramenta útil para converter dados médios em informações práticas para a seleção de híbridos e genitores de melão amarelo, apoiando a tomada de decisão em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; produtividade; qualidade de frutos.

**Agradecimentos:** À Universidade Federal Rural do Semi-Árido, CNPq e CAPES.

# RGV 006 - ANÁLISE DE PARETO APLICADA À CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MELÃO AMARELO QUANTO À PRODUTIVIDADE, QUALIDADE E FINALIDADE AGRONÔMICA

Francisco Rafael Inácio de Araújo[1]; Cleriston Vitor dos Santos[1]; Adriano Ferreira Martins[1]; Glauber Henrique de Souza Nunes[1]; Francisco Davi Freitas Alves[1]; Stefeson Bezerra de Melo[1]*

[1]Universidade Federal Rural do Semi-Árido - UFERSA. *stefeson@msn.com

A caracterização e a avaliação de germoplasma são etapas centrais da cadeia de uso dos recursos genéticos, pois definem quais acessos serão conservados, multiplicados e empregados em pré-melhoramento. O ranqueamento por uma única característica descarta acessos com combinações favoráveis, porém não líderes, estreitando a base genética, já que produtividade, qualidade de fruto e adequação comercial são atributos frequentemente conflitantes. O objetivo foi aplicar a Análise de Pareto à caracterização multiobjetivo de germoplasma de melão amarelo, identificando acessos eficientes e complementares e gerando recomendações por finalidade agronômica, como subsídio à conservação e ao uso dos recursos genéticos da espécie. Foram utilizadas as médias de 29 genótipos, sendo sete linhagens, 21 híbridos simples e a testemunha Goldex, avaliados para número de frutos por parcela, peso médio do fruto, produtividade, fator de forma (FF), espessura de polpa, firmeza de polpa e sólidos solúveis totais (SST). O cenário principal maximizou produtividade, SST, espessura e firmeza de polpa e minimizou a distância do FF em relação a 1, referência para frutos arredondados; avaliaram-se ainda cenários de produtividade, qualidade e pós-colheita. Por se basear em médias, a análise foi descritiva e exploratória. Um genótipo permanece na fronteira de Pareto quando nenhum outro o supera simultaneamente em todos os objetivos, critério que preserva perfis distintos em vez de impor ordem única. A fronteira principal incluiu 17 genótipos, revelando ampla complementaridade entre acessos. O híbrido L1XL7 foi o mais robusto, presente nos oito cenários, com a maior produtividade e firmeza superior à testemunha. L1, L1XL4, L2XL4 e L4XL6 destacaram-se em sete cenários, com perfil de qualidade, sobretudo em sólidos solúveis, no qual L2XL4 teve o maior valor. L3XL6 e L6XL7 sobressaíram-se em firmeza e pós-colheita; as linhagens L1 e L7 mostraram valor como genitores. Conclui-se que L1XL7 é o híbrido mais promissor para equilíbrio entre produtividade e qualidade, enquanto L2XL4, L1XL4 e L4XL6 se destacam para qualidade. A Análise de Pareto mostrou-se ferramenta de apoio à gestão de recursos genéticos, por explicitar a complementaridade entre acessos, reduzir a erosão da base genética por descartes baseados em rankings univariados e orientar prioridades de conservação e uso do germoplasma de meloeiro.

**Palavras-chave:** *Cucumis melo* L.; otimização multiobjetivo; conservação da variabilidade.

**Agradecimentos:** À Universidade Federal Rural do Semi-Árido, ao CNPq e à CAPES.

# RGV 007 - CONTAMINAÇÃO TRANSGÊNICA EM VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO CONSERVADAS NO SEMIÁRIDO CEARENSE

Jaiane Sampaio França[1]*; Isa Silva Costa[1]; Lucas Pereira de Alencar[1]; Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes[1]

[1]Instituto Federal do Ceará, Acopiara. *jaiane.sampaio09@aluno.ifce.edu.br

As variedades crioulas de milho (*Zea mays* L.) representam importantes recursos genéticos vegetais conservados por agricultores familiares e mantidos em sistemas comunitários de conservação *on farm*. A presença de organismos geneticamente modificados (OGM) nessas variedades pode comprometer a integridade genética dos materiais tradicionais conservados no semiárido brasileiro. Objetivou-se avaliar a ocorrência de proteínas transgênicas em variedades crioulas de milho conservadas em Casas de Sementes Comunitárias do Centro-Sul cearense. Foram analisadas 33 amostras, sendo 29 variedades locais e quatro variedades comerciais, provenientes de 11 Casas de Sementes Comunitárias. Uma amostragem composta foi realizada conforme adaptações das RAS do MAPA, obtidas das regiões superior, mediana e inferior dos recipientes de armazenamento. A detecção das proteínas recombinantes foi realizada utilizando o kit imunocromatográfico AgraStrip® Corn Screening Comb Bulk Grain (Romer Labs®) para os marcadores RUR-HS (CP4 EPSPS), Cry1A, PAT/LL e PMI, seguindo as recomendações do fabricante. Os resultados demonstraram que 39,4% das amostras apresentaram positividade para pelo menos um dos marcadores avaliados, enquanto 60,6% permaneceram negativas. Considerando apenas as variedades locais, 44,8% apresentaram algum nível de contaminação transgênica. A proteína Cry1A apresentou maior frequência de detecção, ocorrendo em 36,4% das amostras analisadas, enquanto os marcadores RUR-HS e PMI ocorreram em apenas 6,1% das amostras cada. Não houve detecção do marcador PAT/LL. Algumas variedades apresentaram positividade simultânea para mais de um marcador, sugerindo possíveis processos sucessivos de introgressão genética. A ocorrência de proteínas transgênicas torna-se especialmente relevante considerando que a região estudada não apresenta distribuição oficial de sementes transgênicas pelo Programa Hora de Plantar, coordenado pela Secretaria do Desenvolvimento Agrário e pela EMATERCE. Esses resultados sugerem que trocas informais de sementes, circulação regional de materiais agrícolas e mistura mecânica de sementes podem atuar como importantes rotas indiretas de introdução de transgenes em variedades crioulas conservadas por agricultores familiares. Conclui-se que variedades crioulas mantidas em sistemas comunitários de sementes estão suscetíveis à disseminação silenciosa de transgenes, reforçando a necessidade de monitoramento genético e fortalecimento das estratégias de conservação dos recursos fitogenéticos no semiárido brasileiro.

**Palavras-chave:** Agrobiodiversidade; conservação *on farm*; fluxo gênico.

**Agradecimentos:** FUNCAP, CÁRITAS, IFCE.

# RGV 008 - MANUTENÇÃO *ON-FARM* DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO EM CASAS DE SEMENTES NO CENTRO-SUL DO CEARÁ

Jaiane Sampaio França[1]*; Isa Silva Costa[1]; Lucas Pereira de Alencar[1]; Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes[1]

[1]Instituto Federal do Ceará, Acopiara. *jaiane.sampaio09@aluno.ifce.edu.br

As Casas de Sementes Comunitárias (CSC) contribuem para a conservação *on-farm* de variedades locais de milho (Zea mays L.) no semiárido brasileiro, mantendo recursos genéticos e saberes tradicionais. Caracterizar a diversidade, o manejo e o uso comunitário dessas variedades é essencial para fortalecer estratégias de conservação. Objetivou-se caracterizar as formas de conservação e manejo das variedades locais de milho mantidas em Casas de Sementes do Centro-Sul do Ceará. Foram analisados dados de diagnóstico aplicado em 15 CSC dos municípios de Acopiara, Jucás, Pedra Branca, Saboeiro e Senador Pompeu, considerando aspectos estruturais e funcionais das unidades, além da diversidade e das condições de manutenção das variedades. Registraram-se 17 variedades locais de milho, evidenciando a diversidade conservada pelas comunidades rurais. As CSC Resgatando Vidas, em Saboeiro, e Trabalho e Vida, em Jucás, apresentaram as maiores riquezas varietais, com oito e sete variedades, respectivamente. Destacaram-se Sabugo Fino e Massa, presentes em quatro unidades, e Branco, em três CSC, indicando maior circulação entre comunidades. Também foram identificadas variedades restritas, como Dente de Leão, Mexicano, Jaboatão, Palha Roxa, Agulha e Pontinha Amarela, importantes para conservar a diversidade genética local. A conservação ocorre por armazenamento comunitário, controle de estoques e empréstimo de sementes, com devolução acrescida de 10% a 20%, favorecendo a reposição dos estoques e a permanência dos recursos genéticos nas comunidades. A seleção das sementes, baseada sobretudo em critérios visuais, evidencia a importância dos conhecimentos tradicionais na conservação e multiplicação das variedades locais. Além disso, os roçados comunitários e a Rede de Intercâmbio de Sementes fortalecem a circulação de germoplasma e a conservação *on-farm*. Porém, baixa participação comunitária, dependência de sementes externas, uso de agrotóxicos e pouca participação dos jovens podem comprometer a continuidade desses processos. Conclui-se que as CSC são estratégias relevantes de conservação *on-farm* dos recursos genéticos de milho no Centro-Sul do Ceará, contribuindo para a diversidade agrícola, a agricultura familiar e a conservação do patrimônio genético do semiárido brasileiro.

**Palavras-chave:** Agrobiodiversidade; conservação *in situ*; fluxo gênico.

**Agradecimentos:** FUNCAP, CÁRITAS e ao IFCE.

# RGV 009 - HOJE NÃO TEVE FUTEBOL NA ALDEIA

Fábio de Oliveira Freitas[1]*; Joana Zelma Figuerêdo Freitas[2]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [2]FUNAI (aposentada).
*fabio.freitas@embrapa.br

A conservação e uso de recursos genéticos (RG) estão intimamente atrelada à dinâmica evolutiva de uma dada cultura humana. Uma mudança cultural não necessariamente causa a perda de um dado RG, mas esse pode deixar de ser utilizado e, em alguns casos, essa mudança pode afetar, em paralelo, a qualidade de um outro RG, que ainda continua em uso. O povo Kayabi, do Xingu - MT historicamente tem no amendoim - *Arachis hypogaea*, um dos seus principais produtos agrícolas e base alimentar, com uma grande diversidade de variedades. Tradicionalmente, as sementes e vagens de amendoim, uma vez colhidas e secas, eram guardadas em grandes balaios, chamados de Munuwiyrü, confeccionados a partir de duas espécies coletadas na floresta, que compõem a estrutura de ripas e fibra de amarração. Ocorre que, devido ao gradativo aumento do contato com as cidades, eles passaram a utilizar, ao invés das cestas tradicionais, garrafas PETs e sacos de ráfia. Essas novas embalagens, fáceis de obter e de baixo custo, fizeram com que hoje não seja encontrado mais Munuwiyrü na maior parte das casas Kayabi. Essa substituição traz dois problemas principais, um de perda cultural e outro de saúde. O de saúde é devido ao fato de que é muito comum ocorrer nas sementes e vagens do amendoim contaminações por aflatoxina, que constitui um grupo de toxinas produzidas por fungos do gênero *Aspergillus*. E essa contaminação se faz mais presente quando as sementes são estocadas úmidas e sem aeração. Já nas cestas Munuwiyrü, por sua estrutura de ripas, o ar circula muito mais, se comparado aos recipientes atuais que as substituíram. Desse modo, preocupados com a perda cultural e risco à saúde do povo Kayabi, uma oficina de produção de cestas Munuwiyrü foi realizada, com o apoio da Embrapa, na aldeia Ilha Grande, em maio de 2026, a fim de que o ancião da aldeia ensinasse aos mais jovens como produzir Munuwiyrü e também discutir o assunto relacionado à saúde. O programa da oficina, assim como a dinâmica da mesma, ficou a critério da própria comunidade da aldeia, numa construção metodológica totalmente participativa. O sucesso da oficina foi constatado pela grande participação dos membros da aldeia, incluindo jovens, crianças e mulheres, além do fato de que a oficina ocorreu em um sábado e domingo, se estendendo até o horário em que os jovens normalmente jogam futebol, mas nesses dois dias não jogaram, não porque estava proibido, mas sim porque estavam entretidos na oficina. Um exemplo de preservação cultural, uso de RG e parceria participativa entre comunidade e pesquisador. A oficina foi filmada, a fim de que o processo de produção fique preservado para as futuras gerações, fortalecendo assim a rica história cultural e tradições do povo Kayabi.

**Palavras-chave**: Conhecimento tradicional; Fortalecimento Cultural; Munuwiyrü.

**Agradecimentos**: Projeto Embrapa e TED-MDA.

# RGV 010 - A DOMESTICAÇÃO E A INTENSIFICAÇÃO NO MANEJO AGRÍCOLA REMODELAM A COMPOSIÇÃO E A DIVERSIDADE DE FUNGOS ENDOFÍTICOS DE SEMENTES EM MILHO

Any Caroline Pantaleão Bueno[1]; Julia Benini dos Santos Cardoso[2]; Thaynara Cristina de Carvalho[2]; Marahia Isabel Guevara Robayo[1]; Rafaella Costa Bonugli Santos[1,2]; Samuel Henrique Kamphorst[1,2]*

[1]Programa de Pós-graduação em Biociências, Universidade Federal da Integração Latino-Americana (UNILA). [2]Instituto Latino-Americano de Ciências da Vida e da Natureza, Universidade Federal da Integração Latino-Americana (UNILA).
*samuel.kamphorst@unila.edu.br

A domesticação vegetal, o melhoramento genético e a intensificação no manejo agrícola promoveram alterações nas características genéticas e fenotípicas das plantas cultivadas, bem como em sua microbiota associada, componente do holobionte vegetal. Os efeitos desses processos sobre a microbiota fúngica associada a sementes de milho permanecem pouco explorados. Este estudo investigou a comunidade de fungos endofíticos associada às radículas de sementes de milho com diferentes níveis de domesticação: o parente silvestre *Zea luxurians* (teosinto), as variedades crioulas de milho-pipoca Vermelha, Roxa e Colorida e o híbrido transgênico SX 3197 TR. A comunidade fúngica foi caracterizada por *metabarcoding* da região ITS, e o perfil funcional preditivo foi inferido por meio da ferramenta FUNGuild. Os resultados revelaram diferenças significativas na estrutura da comunidade, composição taxonômica, abundância diferencial de táxons e perfil funcional da microbiota entre os genótipos avaliados. O teosinto apresentou maior diversidade fúngica, maior heterogeneidade taxonômica e maior representação funcional predita. As variedades crioulas exibiram padrões intermediários, preservando grupos taxonômicos e funcionais distintos, enquanto o híbrido SX 3197 TR apresentou microbiota mais homogênea, caracterizada pela abundância de poucos grupos taxonômicos e menor representação funcional. A presença de táxons diferencialmente abundantes entre os genótipos evidencia a reorganização ecológica da microbiota ao longo do gradiente de domesticação. Esses resultados indicam que a domesticação, o melhoramento genético e o manejo agrícola influenciam a estrutura e o potencial funcional da microbiota fúngica endofítica associada às sementes de milho. O teosinto e as variedades crioulas estudadas se destacaram como importantes reservatórios de diversidade e recursos genéticos microbianos, com potencial para prospecção de microrganismos de interesse biotecnológico e aplicação em sistemas agrícolas mais resilientes e sustentáveis.

**Palavras-chave:** domesticação vegetal; *Zea mays*; fungos endofíticos.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem a UNILA, pelo apoio através da concessão de bolsa PROBIU (Programa de Bolsa Institucional) e pela concessão de auxílio às atividades de pesquisa (PAAP) na categoria de custeio e investimento (EDITAL Nº 145 / 2023 - PRPPG (10.01.05.19) - UNILA).

# RGV 011 - RESSEQUENCIAMENTO DO GENOMA COMPLETO DE BAIXA COBERTURA DE TRÊS ESPÉCIES DE *Acrocomia* REVELA SUA HISTÓRIA EVOLUTIVA

Eduardo Antonio Monge-Castro[1]*; Jonathan André Morales-Marroquín[4]; Brenda Díaz-Hernández[2]; Suelen Alves Vianna[3]; Caroline Bertoco Garcia[1]; Carlos Colombo[2]; Maria Imaculada Zucchi[1]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo. [2]Instituto Agronômico (IAC). Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA). [3]Acelen Energia Renovável. [4]Universidad del Valle de Guatemala. *eduardo.mongee@gmail.com

As palmeiras do gênero *Acrocomia* vêm se destacando como recursos promissores para a bioeconomia neotropical devido ao seu elevado potencial de produção de óleo. Apesar desse interesse, sua história evolutiva ainda permanece pouco compreendida, com a maioria dos estudos baseando-se principalmente em abordagens GBS, oferecendo apenas uma visão parcial da diversidade genômica. Neste estudo, sequenciamos o genoma completo em baixa cobertura de 85 indivíduos de *A. aculeata*, *A. totai* e *A. intumescens* ao longo da sua distribuição natural, incluindo amostras desde México até Argentina. Estudamos a diversidade genômica, estrutura populacional, história demográfica e os padrões de fluxo gênico entre populações, além dos sinais de adaptação local associados a diferentes condições ambientais. As análises revelaram quatro linhagens genômicas principais: *A. aculeata* da América Central, *A. aculeata* do sudeste brasileiro, um clado misto reunindo indivíduos de *A. aculeata* e *A. intumescens*, e uma linhagem única de *A. totai*. Os modelos demográficos sugerem uma origem amazônica para o gênero, seguida pela divergência antiga de *A. totai* e pelo surgimento mais recente de *A. intumescens*. Também observamos uma forte diferenciação entre os pools gênicos da América Central e da América do Sul. Os padrões genômicos apontam para uma história moldada pelas mudanças climáticas ao longo do Mioceno e do Pleistoceno, gerando períodos de conexão e isolamento entre as populações. Gargalos populacionais foram detectados em *A. intumescens* e em populações de Roraima, enquanto as análises de fluxo gênico indicam um movimento predominante de alelos desde a América do Sul em direção à América Central. Em todas as linhagens identificamos regiões genômicas potencialmente associadas à adaptação local, reforçando a importância das condições ambientais na diversificação dessas palmeiras. Em conjunto, os resultados revelam como geografia, clima e interação humana contribuíram para moldar a trajetória evolutiva das espécies. Além de ampliar o conhecimento sobre as palmeiras *Acrocomia*, demonstramos também o potencial do sequenciamento genômico de baixa cobertura para compreender a história evolutiva de espécies neotropicais e apoiar estratégias futuras de conservação e uso sustentável de seus recursos genéticos.

**Palavras-chave:** *Acrocomia*; genômica populacional; história demográfica.

**Agradecimentos:** CAPES, FEALQ, IAC, ACELEN.

# RGV 012 - SISTEMA AGROFLORESTAL TRADICIONAL DO PINHÃO (SAT PINHÃO): CONSERVAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS DA FLORESTA COM ARAUCÁRIA

Alexandre Siminski[1]*; Karine Louise dos Santos[1]; Enzo Gonçalves Luciano[1]; Natalia Camargo Rodrigues[1]; Mauricio Sedrez dos Reis[1]; Julia Goetten Wagner[1]; Natal João Magnanti[2]; Adelar Mantovani[3]; Tiago Montagna[4]; Daisy Christiane Zambiazi[4]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). [2]Centro Vianei de Educação Popular. [3]Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC). [4]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *alexandre.siminski@ufsc.br

A conservação dos recursos genéticos depende do reconhecimento de sistemas produtivos capazes de conciliar uso resiliente, manutenção da biodiversidade e valorização dos conhecimentos locais e tradicionais. Uma rede interinstitucional formada pela UFSC, UDESC, IMA, Centro Vianei e CISAMA, com apoio da Fapesc e do CNPq, desenvolve desde 2017 ações de pesquisa, extensão e inovação voltadas à conservação pelo uso da Floresta com Araucária no Planalto Serrano Catarinense. O presente trabalho sintetiza resultados obtidos na caracterização social, econômica, cultural e ecológica do Sistema Agroflorestal Tradicional do Pinhão (SAT Pinhão), uma paisagem cultural baseada no extrativismo de pinhão (*Araucaria angustifolia*). Os dados foram obtidos por meio de distintas estratégias, como aplicação de entrevistas semiestruturadas com 26 agricultores extrativistas, bem como inventários florestais realizados em 40 parcelas permanentes distribuídas em 10 unidades produtivas do SAT Pinhão. Os resultados demonstram que o extrativismo do pinhão constitui importante fonte de renda para agricultores familiares, podendo responder por até cerca de 60% da renda anual dessas famílias. Além disso, o extrativismo do pinhão está associado a práticas tradicionais de manejo, conhecimentos ecológicos locais e estratégias de condução da paisagem transmitidas ao longo do tempo. As áreas estudadas apresentaram diversidade com registro de até 78 espécies arbóreas, incluindo espécies endêmicas e ameaçadas de extinção, além de elevados estoques de carbono. A araucária apresentou alta representatividade estrutural, correspondendo a aproximadamente 45% dos indivíduos amostrados e sendo responsável por 79% do carbono estocado no sistema. Os resultados evidenciam que o SAT Pinhão contribui para a manutenção da diversidade biológica, dos processos ecológicos e dos conhecimentos tradicionais associados à Floresta com Araucária. A experiência demonstra o potencial de sistemas tradicionais de uso dos recursos naturais para a conservação dos recursos genéticos vegetais aliado à geração de renda, constituindo uma estratégia relevante de conservação *on farm* e valorização da sociobiodiversidade.

**Palavras-chave:** Conservação pelo uso; sistema agroflorestal tradicional; sociobiodiversidade.

**Agradecimentos:** À Fapesc (2021TR000534) e CNPq pelo apoio financeiro; Capes e Fapesc pelas Bolsas.

# RGV 013 - DIVERGÊNCIA GENÉTICA PARA CARACTERES DA QUALIDADE FÍSICA E FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO

Nerinéia Dalfollo Ribeiro[1]*; Éverton Luis da Silva Celmer[1]; Fabricio Fuzzer de Andrade[1]; Sandra Maria Maziero[2]; Henrique da Silva Argenta[1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM). [2]Universidade Federal da Fronteira Sul (UFFS). *nerineia.ribeiro@ufsm.br

Análises de agrupamento são importantes para a caracterização da diversidade genética, para a conservação de germoplasma e para a utilização desses recursos genéticos em programas de melhoramento. Para caracteres da qualidade física e fisiológica de sementes de feijão há uma lacuna de estudos de divergência genética. Os objetivos desta pesquisa foram avaliar se genótipos de feijão diferem para a qualidade física e fisiológica de sementes e selecionar parentais com caracteres favoráveis para uso em cruzamentos controlados. Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, em duas épocas de cultivo (safra e safrinha). Os 11 genótipos (linhagens e cultivares) de feijão de grãos carioca e preto foram avaliados para nove caracteres físicos e quatro caracteres fisiológicos das sementes. Os dados foram submetidos a análises de variância e de agrupamento pelo método de ligação média entre grupos com média aritmética (UPGMA). Para 12 dos 13 caracteres avaliados houve efeito de genótipo significativo. No entanto, a maioria dos caracteres exibiu, também, interação genótipo × ambiente significativa, evidenciando que esses caracteres variaram quando os genótipos foram cultivados em diferentes épocas. Os valores de luminosidade (L) das linhagens LEP 01-16 (L ≤ 22,00) e LEC 03-16 (L ≥ 55,00) atendem os padrões de coloração de grãos recomendados para feijão preto e carioca, respectivamente, nas duas épocas de cultivo. Essas duas linhagens têm forma elíptica e grau de achatamento semi-cheio, adequados à demanda de mercado. Alta germinação (≥ 88,50%) foi observada para todos os genótipos. Adicionalmente, o teste de condutividade elétrica individual mostrou maior sensibilidade para estratificar o vigor, identificando a cultivar IPR Urutau e a linhagem LEP 01-16 como as de maior vigor, independentemente da época de cultivo. O método UPGMA foi pouco discriminativo, separando os genótipos em dois grupos: I (genótipos de feijão preto) e II (genótipos de feijão carioca). A linhagem LEP 01-16 se destacou pela coloração mais escura (L ≤ 22,00) das sementes e a IPR Urutau pela maior massa de 100 sementes (25 a 30 g). Ambos os genótipos se sobressaíram em relação a alta qualidade fisiológica das sementes. Os genótipos de feijão carioca e preto diferem para caracteres avaliados. O cruzamento entre LEP 01-16 e IPR Urutau é recomendado para a obtenção de segregantes com alta qualidade física e fisiológica das sementes.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*; UPGMA; seleção de parentais.

**Agradecimentos:** CNPq, FAPERGS e CAPES.

# RGV 014 - DIVERGÊNCIA GENÉTICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PARA CARACTERES AGRONÔMICOS AVALIADOS EM MÚLTIPLOS EXPERIMENTOS

Nerinéia Dalfollo Ribeiro[1]*; Sandra Maria Maziero[2]; Henrique da Silva Argenta[1]; Lucas Piovesan Lago[1]; Junior Ismael Ferreira[1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM). [2]Universidade Federal da Fronteira Sul (UFFS). *nerineia.ribeiro@ufsm.br

Muitos caracteres agronômicos importantes para a seleção apresentam herança quantitativa em feijão, ou seja, são muito influenciados pelo ambiente. Como consequência, o padrão de agrupamento de genótipos pode variar entre ambientes, induzindo a erros na caracterização da diversidade genética, na conservação e na utilização desses recursos genéticos em programas de melhoramento. Esse estudo foi realizado com o objetivo de analisar se o número de experimentos influencia no padrão de agrupamento obtido pelo método hierárquico de ligação completa (Vizinho mais Distante) para caracteres agronômicos e selecionar parentais a serem combinados. Os quatro experimentos foram instalados em quatro épocas de cultivo (safra 2022, safrinha 2023, safra 2023 e safra 2024) em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Os 11 genótipos de feijão preto foram avaliados para seis caracteres de arquitetura de planta e para massa de 100 grãos e produtividade de grãos. As análises de variância e de agrupamento Vizinho mais Distante foram implementadas a partir de dados de um, dois, três e de quatro experimentos. Interação genótipo × ambiente (experimento) significativa foi observada para a maioria dos caracteres agronômicos e os caracteres que mais contribuíram para a divergência genética variaram entre as épocas de cultivo. Por isso, o número de grupos formados pelo método Vizinho mais Distante e a composição desses grupos foram diferente quando se consideraram dados de um, dois, três e de quatro experimentos. Portanto, análises de divergência genética baseadas em dados de um experimento induzem a erros na caracterização da diversidade genética e na utilização de recursos genéticos em programas de melhoramento. Com dados médios de quatro experimentos foram formados dois grupos: I (genótipos com alta produtividade de grãos - CNFP 17973, IPR Uirapuru, BRS Esteio e IPR Urutau) e II (demais genótipos). O uso de dados de quatro experimentos possibilitou a diferenciação assertiva dos genótipos de feijão e foi eficiente para selecionar parentais contrastantes. O padrão de agrupamento obtido no método Vizinho mais Distante varia com o número de experimentos. O cruzamento entre a linhagem CNFP 18552 e a cultivar IPR Urutau é promissor para a obtenção de recombinantes com arquitetura de planta ereta, maior massa de 100 grãos e alta produtividade de grãos.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*; método de ligação completa; padrão de agrupamento.

**Agradecimentos:** CNPq, CAPES e FAPERGS.

# RGV 015 - METILAÇÃO DO DNA EM TECIDOS DE EMBRIÃO E ENDOSPERMA DE MILHO DURANTE A GERMINAÇÃO SOB ESTRESSE SALINO

Ingrid Belchior dos Santos Silva[1]; Maria Augusta Andrade[1]; João de Paula Monteiro de Castro[1]; Lucas Santos Castiglioni[1]; Cássia Nogueira de Abreu[1]; Isabella Sobreira Alexandre Assis[1]; Marcia Flores da Silva Ferreira[1]; Liana Hilda Golin Mengarda[1]*

[1]Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Centro de Ciência Agrárias e Engenharias (CCAE). *liana.mengarda@ufes.br.

Modificações na expressão gênica sem alterações na sequência nucleotídica do DNA (epigenéticas) constituem uma camada fundamental de regulação fisiológica vegetal e podem ativar vias de tolerância ao estresse. A metilação do DNA é um dos mecanismos epigenéticos mais estudados e consiste na adição de um grupo metil à citosina, originando a 5-metilcitosina (5-mC). Objetivou-se estudar alterações dinâmicas no perfil global de metilação do DNA em tecidos de embrião e de endosperma de sementes de milho (*Zea mays*) cv. Imperador, submetidas ao estresse salino durante a germinação. O milho Imperador (ES-204 Incaper) é a primeira variedade de milho desenvolvida para produção orgânica do Espírito Santo e representa um importante resgate de material genético de milho crioulo; por ser uma variedade, é mais rústica, apresenta custo de semente cerca de 50% menor que os híbridos e tem a grande vantagem de permitir que suas sementes sejam utilizadas em novos plantios. Durante o teste de germinação em água e sob salinidade (-1,2 MPa de NaCl), em cada uma das fases da germinação, sendo: pré-germinação (tempo inicial), durante a germinação (2 e 7 horas de embebição) e após a germinação (7 dias), foram coletadas amostras das sementes que foram imediatamente congeladas e liofilizadas; em seguida, foram dissecadas em eixo embrionário e endosperma, sendo realizada a extração do DNA nos diferentes tecidos e estimada a metilação do DNA por meio da quantificação global de 5-mC em Cromatografia Líquida de Alta Eficiência (HPLC). Houve redução significativa no vigor das sementes sob estresse salino, com menor porcentagem e velocidade de germinação. O tecido de embrião apresentou maior porcentagem de 5-metilcitosina (5-mC) que do endosperma, indicando maior nível global de metilação do DNA nesse tecido; sob estresse salino houve maior metilação global do DNA nas fases iniciais da germinação, o que pode estar associado à repressão transcricional de genes. Na pós-germinação (7 dias), as diferenças entre germinação em água e ambiente salino tornaram-se não significativas. Conclui-se que o estresse salino induz alterações dinâmicas na metilação do DNA, com maior metilação sob salinidade durante as fases iniciais (2 e 7 horas) da germinação, especialmente nos tecidos do embrião, sugerindo que mecanismos epigenéticos participam da regulação das respostas associadas à tolerância ao estresse salino na germinação de milho.

**Palavras-chave:** epigenética; salinidade; *Zea mays*.

**Agradecimentos:** CNPq.

# RGV 016 - CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES DE QUALIDADE DE SEMENTES E O DESEMPENHO GERMINATIVO DE TRÊS GENÓTIPOS DE FEIJÃO SOB ESTRESSE SALINO

Marcelo Augusto Pires Feletti[1]; Ingrid Belchior dos Santos Silva[1]; Maria Augusta Andrade[1]; Paula Aparecida Muniz de Lima[1]; Adésio Ferreira[1]; Liana Hilda Golin Mengarda[1]*

[1]Universidade Federal do Espírito Santo (UFES), Centro de Ciência Agrárias e Engenharias (CCAE). *liana.mengarda@ufes.br

A busca por genótipos aptos para o cultivo em solos salinizados é um desafio para a agricultura, especialmente para culturas sensíveis, como o feijoeiro. Sabe-se que cada genótipo pode apresentar diferente desempenho germinativo sob estresse. Busca-se viabilizar que medidas fenotípicas rápidas, como a condutividade elétrica (CE), sejam eficientes para identificar o vigor das sementes sob salinidade e com isso, identificar genótipos com potencial para estudos de fisiologia molecular de resposta ao estresse. Objetivou-se investigar as correlações entre caracteres de qualidade física e fisiológica de sementes de feijão e, com isso, apontar indicadores de tolerância inicial ao estresse salino. As características foram mensuradas para três genótipos de feijão, sendo os parâmetros físicos: massa seca da semente (DSeM), peso de mil sementes (PMS), umidade (U), e CE da solução de embebição; e os parâmetros fisiológicos: porcentagem de germinação (G%), índice de velocidade de germinação (IVG), comprimento e massa seca média da raiz (CR e MSR) e da parte aérea (CPA e MSPA), e massa seca total (MS) aos 9 dias. Para as variáveis fisiológicas foi estimado o desempenho relativo (%) expresso em porcentagem com relação ao controle (em água) para cada potencial osmótico (solução salina a -1,2 e -1,6 MPa de NaCl). A análise das correlações entre os caracteres foi realizada pelo programa R e plotadas em gráficos de calor (*Heatmap*). Quando as sementes germinaram em água, G% não apresentou correlação significativa com as demais características físicas e fisiológicas, as quais se correlacionam em dois grandes grupos. A G% dos feijões sob -1,2 MPa de NaCl foi próximo ao controle, mas houve comprometimento do IVG; verificou-se que maior CE, ao contrário do que seria esperado, se correlaciona positivamente com maior germinação e maior crescimento de parte aérea. Sob -1,6 MPa de NaCl, os genótipos de feijão tiveram redução do desempenho fisiológico; CE se relacionou positivamente com CPA. Logo, no presente estudo, a formação de plântulas normais de feijão que germinam sob estresse salino teve relação positiva com a maior CE da solução de embebição. A CE mostrou potencial como variável associada à tolerância inicial ao estresse salino na germinação dos genótipos de feijão avaliados no presente estudo, devendo ser validada em um conjunto maior de genótipos.

**Palavras-chave:** germinação; *Phaseolus vulgaris;* salinidade.

# RGV 017 - CARACTERIZAÇÃO *ON-FARM* DE VARIEDADES LOCAIS DE FEIJÃO EM CASAS DE SEMENTES COMUNITÁRIAS NO CENTRO-SUL DO CEARÁ

Isa Silva Costa[1]; Jaiane Sampaio França[1]; Lucas Pereira de Alencar[1]; Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes[1]

[1] Instituto Federal do Ceará, Acopiara. *isa.silvas.costa26@gmail.com

As variedades locais de feijão constituem importante componente dos recursos genéticos vegetais conservados por agricultores familiares do Semiárido brasileiro, contribuindo para a segurança alimentar, adaptação às condições ambientais locais e manutenção da agrobiodiversidade. Nesse contexto, as Casas de Sementes Comunitárias (CSC) desempenham papel estratégico na conservação *on-farm* desses materiais. O objetivo deste estudo foi diagnosticar a manutenção e conservação de variedades locais de feijão nas CSC do Centro-Sul cearense. A pesquisa foi realizada em 15 CSC, mediante aplicação de questionários semiestruturados e levantamento de informações sobre organização comunitária, manejo e armazenamento das sementes, infraestrutura, sistemas produtivos e conservação da agrobiodiversidade. As casas avaliadas foram implantadas entre 2008 e 2020, principalmente com apoio da Cáritas Diocesana de Iguatu e de iniciativas voltadas à convivência com o Semiárido. Foram registradas 19 variedades locais de feijão conservadas em seis das unidades visitadas, destacando-se Canapum, Vagem Roxa, Vagem de Coroa, Zé Valério, Chifre, Cató, Paraíba, Guandu e Pingo de Ouro. A Casa de Sementes Resgatando Vidas apresentou a maior diversidade, com 11 variedades conservadas. O armazenamento ocorre predominantemente em garrafas PET, bombonas plásticas e silos de sacaria, com identificação dos materiais por meio de etiquetas e fichas de controle. Observou-se forte participação comunitária na gestão dos estoques, baseada em sistemas de empréstimo e devolução de sementes, favorecendo a manutenção e multiplicação das variedades locais. Todas as CSC participam da Rede de Intercâmbio de Sementes do Centro-Sul, fortalecendo a circulação de materiais adaptados às condições edafoclimáticas regionais e ampliando a conservação dinâmica desses recursos genéticos. Entre os principais desafios identificados destacam-se a baixa participação de jovens, dificuldades de mobilização comunitária e limitações estruturais em algumas unidades. Conclui-se que as CSC constituem importantes estratégias de conservação *on-farm* de variedades locais de feijão no Semiárido cearense, contribuindo para a manutenção da diversidade genética, fortalecimento da agricultura familiar e promoção da soberania e segurança alimentar das comunidades rurais.

**Palavras-chave:** Agrobiodiversidade; conservação *on farm*; feijão crioulo.

**Agradecimentos:** FUNCAP, CÁRITAS e IFCE.

# RGV 018 - CARACTERIZAÇÃO DE GENÓTIPOS DE TRIGO À GIBERELA E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

Tainara Feldmann[1]*; Josane Biavatti[1]; Maria Luiza Andreis[1]; Volmir Kist[1]

[1]Instituto Federal Catarinense, Campus Concórdia. *tainarafeldmann15@gmail.com

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um cereal estratégico para a segurança alimentar. Na região Sul do Brasil, a elevada umidade e as temperaturas amenas favorecem doenças fúngicas, com destaque para a giberela, causada principalmente por *Fusarium graminearum*, que reduz a produtividade e compromete a qualidade tecnológica e sanitária dos grãos. A resistência genética é estratégia relevante para reduzir perdas e ampliar a sustentabilidade da cultura. Assim, a caracterização de genótipos em fase final de seleção permite identificar recursos genéticos com potencial de uso direto ou como fonte de alelos favoráveis ao melhoramento. O objetivo foi caracterizar, sob condições naturais de campo, genótipos de trigo em fase final de seleção quanto à reação à giberela e à produtividade de grãos. O experimento foi conduzido no IFC - Campus Concórdia, SC, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 13 genótipos cedidos pela empresa Semevinea. As parcelas foram constituídas por cinco linhas de 5 m, espaçadas em 0,20 m, considerando-se área útil as três linhas centrais, com exclusão de 0,50 m nas extremidades. O manejo seguiu as recomendações técnicas para a cultura, sem aplicação de fungicidas. Foram avaliadas a severidade da giberela, estimada pela área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD), e a produtividade de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. Houve diferença significativa entre genótipos para AACPD e produtividade, evidenciando variabilidade genética útil para resistência à giberela e desempenho produtivo. Com base na AACPD, os genótipos 3, 4, 5, 7, 8, 9, 12 e 13 apresentaram menor progresso da doença, sendo classificados como mais resistentes. Para produtividade, os genótipos 1, 2 e 3 apresentaram as maiores médias, próximas a 3.000 kg $ha^{-1}$. Os genótipos 1 e 2 associaram elevada produtividade à suscetibilidade, enquanto o genótipo 3 reuniu produtividade superior e maior resistência. Embora parte dos genótipos resistentes tenha apresentado limitação produtiva, estes constituem fontes potenciais de alelos de resistência. Conclui-se que há variabilidade genética entre os genótipos avaliados para reação à giberela e produtividade. O genótipo 3 destacou-se pela associação entre resistência e desempenho produtivo, apresentando potencial para avanço na seleção e uso no melhoramento genético do trigo.

**Palavras-chave:** *Triticum aestivum*; *Fusarium graminearum*; resistência genética.

**Agradecimentos:** Ao CNPq pela concessão de bolsa à primeira autora do trabalho, ao IFC - Campus Concórdia pelo apoio e à Semevinea pelas sementes utilizadas no experimento.

# RGV 019 - CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA, REPRODUTIVA E PARÂMETROS GENÉTICOS DA ABÓBORA BRANCA [*Lagenaria siceraria* (Molina) subsp. *asiatica* Kobel] PARA SUA CONSERVAÇÃO NO CARIBE COLOMBIANO

Iván Javier Pastrana-Vargas[1]*; César Augusto Vergara-Córdoba[1]; Carlos Enrique Cardona-Ayala[1]

[1]Universidad de Córdoba. *ivanpastranav@correo.unicordoba.edu.co

A abóbora branca é um recurso genético vegetal fundamental para a economia camponesa e a segurança alimentar na Região do Caribe colombiano, no entanto, é considerada uma espécie subutilizada com alto risco de erosão genética. O objetivo deste trabalho foi integrar a caracterização morfométrica de frutos e sementes, a biologia floral, a avaliação da viabilidade do pólen e a estimativa de parâmetros genéticos em populações crioulas cultivadas no Médio Vale do Sinú, Córdoba, a fim de estabelecer uma base para sua conservação e melhoramento genético. Foram estimados parâmetros genéticos, correlações e análise de trilha para as características biométricas de frutos (16 variáveis) e sementes (8 variáveis) de abóbora branca coletados em 13 procedências (entre 5 e 15 frutos / procedência) no departamento de Córdoba (Colômbia). Foi aplicado um delineamento inteiramente casualizado não balanceado com 140 frutos, avaliando 24 variáveis biométricas (16 dos frutos e 8 das sementes). Simultaneamente, flores (15 masculinas e 15 femininas em antese) foram usadas para caracterizar segundo as variáveis associadas à corola, cálice, pedúnculo e estruturas reprodutivas, utilizando um calibrador digital com precisão de 0,01 mm. Entretanto, grãos de pólen proveniente dessas flores foram utilizados para determinar a viabilidade armazenado sob refrigeração e congelamento por 30 dias. Foi determinada utilizando-se coloração com aceto-orceína a 2%. Os resultados morfométricos mostraram alta variabilidade fenotípica nos frutos e sementes, com a formação de seis agrupamentos estruturados. Estimativas genéticas e análises de trilha permitiram a identificação de características morfométricas de frutos altamente herdáveis com efeito direto na produtividade, tornando esses critérios cruciais para a seleção em futuros programas de melhoramento de plantas. Em termos de reprodução, a morfometria floral confirmou um dimorfismo sexual adaptativo acentuado. As flores femininas apresentaram dimensões de corola maiores (33,72 mm *vs*. 26,66 mm de comprimento) e maior desenvolvimento ovariano, garantindo a recepção bem-sucedida dos grãos de pólen e desenvolvimento dos frutos. Enquanto isso, as flores masculinas exibiram estruturas altamente especializadas para a dispersão. Finalmente, testes de viabilidade demonstraram que os grãos de pólen mantiveram sua funcionalidade por até 30 dias sob refrigeração e congelamento, sendo este último responsável por proporcionar maior manutenção da viabilidade a longo prazo. Conclui-se que a população crioula avaliada possui uma base genética ampla e estruturada, sustentada por uma fisiologia reprodutiva viável que permite a coleta e o armazenamento dos grãos de pólen, bem como cruzamentos direcionados. Os resultados fornecem uma base de conhecimento interessante sobre características morfométricas, reprodutivas e genéticas cruciais para o estabelecimento de estratégias para mitigar a erosão genética, conservar os recursos genéticos das plantas e desenvolver futuros programas de melhoramento que forneçam cultivares resilientes para promover a segurança alimentar regional.

**Palavras-chave:** Agrobiodiversidade; análise de trilhas; viabilidade do pólen.

**Agradecimentos:** Universidade de Córdoba; FCA-04-24.

# RGV 021 - IDENTIFICAÇÃO E APLICAÇÃO *IN SILICO* DE MARCADORES SSR PLASTIDIAIS EM *Plinia edulis* (MYRTACEAE)

Jordana Caroline Nagel[1]; Thaís Mariane Bialozur[2]; Sophia Cassol[3]; Yohan Fritsche[3]; Valdir Marcos Stefenon[3]

[1]Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões. [2]Universidade Regional Integrada do Alto Uruguai e das Missões. [3]Universidade Federal de Santa Catarina.
*jordananagel@san.uri.br

*Plinia edulis* (Vell.) Sobral, pertencente à família Myrtaceae e conhecida como cambucá, é uma espécie arbórea nativa da Mata Atlântica brasileira. Sua distribuição restrita reforça a necessidade de ferramentas para estudos evolutivos, filogeográficos e de conservação genética, visando a caracterização e ao manejo desse potencial recurso genético. Marcadores microssatélite plastidiais (cpSSR) têm sido utilizados na análise de relações evolutivas e na reconstrução da história de dispersão das espécies devido à herança predominantemente uniparental e à conservação estrutural do plastoma. Este trabalho teve como objetivo desenvolver cpSSR para *P. edulis*, avaliar sua transferibilidade *in silico* em espécies de Myrtaceae e inferir relações filogenéticas entre os táxons analisados. O software SSRdev v. 3.1 (Stefenon, V. M., não publicado) foi empregado na prospecção de regiões SSR, no desenho de *primers*, na caracterização da origem genômica dos marcadores e na validação *in silico* por meio de PCR e eletroforese virtuais. O plastoma de *P. edulis*, obtido no NCBI, foi prospectado para motivos mononucleotídicos (≥8 repetições), dinucleotídicos (≥4 repetições) e tri-, tetra-, penta- e hexanucleotídicos (≥3 repetições). Outros 41 genomas plastidiais de Myrtaceae, disponíveis no NCBI/GenBank, foram empregados para avaliar a transferibilidade dos marcadores e estimar a similaridade genética a partir de uma matriz de dissimilaridade obtida pelo complemento do Índice de Jaccard, com base na presença e ausência dos alelos amplificados. Foram desenvolvidos 328 cpSSR para *P. edulis*. A validação *in silico* em 42 genomas plastidiais de Myrtaceae resultou na amplificação de 210 (64,0%) desses marcadores, com um a 21 alelos por marcador distribuídos entre representantes dos gêneros *Plinia*, *Eugenia*, *Campomanesia*, *Psidium*, *Syzygium*, *Eucalyptus* e *Corymbia*. A PCR virtual confirmou a amplificação dos 328 locos em *P. edulis*, enquanto *Corymbia maculata* apresentou amplificação parcial, indicando menor conservação dos sítios de ancoragem dos *primers*. Dentre os marcadores desenvolvidos, o Mk48 foi o mais polimórfico, apresentando 21 variantes alélicas com tamanhos entre 492 e 545 pb. A análise UPGMA, baseada na presença e ausência dos alelos amplificados, distinguiu agrupamentos formados predominantemente por espécies sul-americanas daqueles compostos por representantes da Australásia. A elevada transferibilidade entre gêneros e a recuperação de agrupamentos consistentes com a distribuição geográfica das espécies demonstram a aplicabilidade dos cpSSR desenvolvidos para *P. edulis* em estudos comparativos e filogenéticos em Myrtaceae. Esses marcadores constituem ferramentas promissoras para a caracterização da diversidade genética, contribuindo para o conhecimento, a conservação e o manejo dos recursos genéticos de *P. edulis* e de espécies relacionadas. Entretanto, sua aplicação em genética populacional e filogeografia deverá ser confirmada por validação experimental com amostragens mais amplas.

**Palavras-chave:** Cambucá; filogenia; cpSSR.

**Agradecimentos:** Ao CNPq e à CAPES pelo apoio à pesquisa.

# RGV 022 - ESPINHEIRA SANTA (*Maytenus ilicifolia* Mart. ex. Reissek): VARIABILIDADE MORFOLÓGICA E QUÍMICA

Roger Raupp Cipriano[1]*; Dener Júnior Ribeiro[1]; Gabriel Rodrigues Klem[1]; Julie Gabrielly Camargo Vieira[1]; Luiza Bussadori Guidolin[1]; Cícero Deschamps[1]

[1]Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná. *rogerraupp@gmail.com

Espinheira-santa (*Maytenus ilicifolia*) é uma espécie nativa da América do Sul. No Brasil, ocorre principalmente nos estados do Paraná, Santa Catarina e Rio Grande do Sul. É uma espécie de interesse, pois é autorizada como fitoterápico para uso no Sistema Único de Saúde (SUS), sendo indicada contra úlceras gástricas e gastrite. Apresenta grande quantidade de compostos, entre eles os compostos fenólicos (taninos e epicatequina), que são considerados o principal princípio ativo da espécie. Variações ambientais e variabilidade genética podem conferir grande amplitude fitoquímica, podendo influenciar sua ação terapêutica. Além da variabilidade química, a espécie também apresenta grande variação em caracteres morfológicos, como, por exemplo, o número de espinhos. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade química e a morfologia foliar de cinquenta acessos de *M. ilicifolia*, cultivados na Universidade Federal do Paraná. Os genótipos distintos são oriundos de propagação seminal. Foram avaliadas as quantidades de fenólicos e taninos totais por espectrofotometria, e de epicatequina por cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC), em duas épocas do ano, inverno e verão. Para as determinações químicas, os extratos aquosos foram produzidos a partir de folhas secas e trituradas, sendo as análises realizadas em triplicata. Os dados obtidos foram submetidos ao teste de Scott-Knott a 5% para comparação de médias. Para as análises estatísticas, foi utilizado o programa R. Nos estudos morfológicos, foram avaliadas 20 folhas por planta. Foram determinados área foliar ($cm^2$), massa seca (g), área foliar específica ($cm^2/g$), número de espinhos, comprimento (cm), largura (cm) e formato das folhas. Para a determinação da área foliar, foi utilizado o software WinRhizo. O formato da folha foi atribuído levando-se em consideração a razão entre seu comprimento e sua largura. Os resultados demonstram grande variação na quantidade de compostos fenólicos, taninos e epicatequina entre os genótipos avaliados. Para os compostos fenólicos e taninos, as médias foram maiores no verão, resultado esperado devido à sua ação protetora contra raios ultravioletas e na neutralização de radicais livres. A epicatequina apresentou, assim como os compostos fenólicos e os taninos, grande variação entre os genótipos; porém, na média, não apresentou diferença entre as estações. Os valores de taninos e epicatequina foram superiores aos recomendados pela Farmacopeia Brasileira — 2,0% e 0,28%, respectivamente — para drogas derivadas de folhas secas de *M. ilicifolia*. As avaliações morfológicas também demonstraram variabilidade entre os genótipos: número de espinhos (1,15 a 14,25), área foliar (4,37 a 16,52 $cm^2$) e área foliar específica (34,87 a 65,83 $cm^2/g$). Foram identificadas folhas elípticas, oblongas, ovadas e lanceoladas. A variação observada, tanto nos caracteres morfológicos quanto nos químicos, evidencia potencial para uso em futuros programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** compostos fenólicos; epicatequina; morfometria; genótipos.

**Agradecimentos:** Programa de Pós-graduação em Agronomia - Produção Vegetal, UFPR.

# RGV 024 - RECURSOS GENÉTICOS DE FEIJÃO-FAVA PARA ADAPTAÇÃO AO ESTRESSE TÉRMICO

Raimundo Nonato Oliveira Silva[1]*; Valdemiza da Silva Campelo[1]; Manoel José Pereira Neto[1]; Joara Milena da Silva Alves[2]; José Ribamar de Assunção Filho[3]; Francisca Aparecida de Sousa Alves[4]; Regina Lucia Ferreira Gomes[5]; Ângela Celis de Almeida Lopes[5]

[1]Universidade Federal do Piauí - Campus Amílcar Ferreira Sobral (CAFS). [2]Universidade Federal de Lavras. [3]Instituto Federal do Maranhão. [4]Escola Municipal Raimundo de Moura Fé. [5]Universidade Federal do Piauí - Campus Universitário Ministro Petrônio Portella.
*jraio@ufpi.edu.br

As mudanças climáticas intensificam o estresse térmico no semiárido brasileiro, comprometendo a produtividade e a segurança alimentar, o que torna urgente a identificação de recursos genéticos de feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) capazes de combinar rendimento de grãos e tolerância ao calor. Objetivou-se avaliar a variabilidade agronômica e fisiológica de 12 genótipos da Coleção de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí, integrando produtividade e termoestabilidade da membrana celular para seleção de materiais promissores ao melhoramento. O experimento de campo foi conduzido em delineamento em blocos casualizados, com três repetições, enquanto a termoestabilidade foi avaliada em laboratório, nas fases de floração e maturação, por meio do extravasamento de eletrólitos em discos foliares, com leituras de condutividade elétrica antes e após autoclavagem para estimativa do dano celular. As análises incluíram análise de variância, teste de Tukey, correlação de Spearman e índice combinado, com ponderação de 70% para produtividade e 30% para termoestabilidade. Foram observadas diferenças significativas entre genótipos para produtividade e termoestabilidade, além de interação genótipo × época para a resposta fisiológica, evidenciando variação útil no germoplasma avaliado e desempenho diferenciado entre floração e maturação. PHCAFS-23 apresentou a maior produtividade de grãos (926,07 kg $ha^{-1}$). Quanto à termoestabilidade, PHCAFS-8 apresentou a menor média de extravasamento de eletrólitos na floração (42,3 µS $cm^{-1}$), enquanto PHCAFS-48 manteve desempenho intermediário e relativamente estável entre as duas fases, sugerindo tolerância mais ampla ao calor. As correlações entre produtividade e termoestabilidade não foram significativas, indicando ausência de associação direta entre rendimento e estabilidade de membrana nas condições avaliadas. O índice integrado destacou PHCAFS-23, PHCAFS-6 e PHCAFS-55 como genótipos mais equilibrados. O germoplasma avaliado apresenta variabilidade útil para seleção direta e cruzamentos dirigidos, possibilitando combinar produtividade e tolerância térmica e contribuindo para o uso sustentável de recursos genéticos vegetais na adaptação do feijão-fava às mudanças climáticas.

**Palavras-chave:** Germoplasma; *Phaseolus lunatus*; Termoestabilidade.

**Agradecimentos:** CAFS/UFPI; Colégio Técnico de Floriano.

# RGV 031 - RESTAURANDO PAISAGENS, CONSERVANDO RECURSOS GENÉTICOS: A EXPERIÊNCIA MBYÁ GUARANI NO SUL DO BRASIL

Claudete Clarice Mistura[1]*; Ênio Egon Sosinski Jr[2]; Rodrigo Rasia Cossio[3]; Rosa Lía Barbieri[2]

[1]FAPEG. [2]Embrapa Clima Temperado. [3]AEPIM. *c.mistura@gmail.com

Muitas aldeias Mbyá Guarani estão em áreas ambientalmente degradadas, onde a diversidade de espécies de frutas nativas pode ser usada para restauração da paisagem, contribuindo para a soberania e segurança alimentar e para a conservação dos recursos genéticos associados à sociobiodiversidade. Com o objetivo de contribuir para a conservação e o uso de recursos genéticos de frutas nativas nas aldeias, sementes de araçá (Psidium cattleyanum Sabine), pitanga (Eugenia uniflora L.), araticum (Annona neosalicifolia H. Rainer), cereja do mato (Eugenia involucrata DC.), goiaba serrana [Acca sellowiana (O.Berg) Burret], guabiroba (Campomanesia xanthocarpa O. Berg), ingá (Inga vulpina Mart. ex Benth.) e jerivá [Syagrus romanzoffiana (Cham.) Glassman] foram coletadas nas áreas de ocorrência e na coleção de trabalho da Embrapa Clima Temperado. Foram semeadas em bandejas com substrato comercial + areia, e as mudas transplantadas para saquinhos contendo substrato comercial + areia. Mudas de butiá [Butia odorata (Barb.Rodr.) Noblick & Lorenzi e Butia catarinensis Noblick & Lorenzi] foram resgatadas em quintais urbanos e áreas de silvicultura com eucalipto, onde não teriam condições de se desenvolver. Nos quintais, as mudas eram provenientes da regeneração natural sob palmeiras adultas. Nas áreas de silvicultura, essas mudas se originaram a partir do banco de sementes do solo onde havia antigos butiazais. As mudas resgatadas foram transplantadas para vasos com substrato comercial + areia. As mudas foram estabelecidas em aldeias situadas na área de ocorrência natural das respectivas espécies, onde são mantidas e manejadas pelas comunidades, contribuindo para sua conservação e uso. De 2023 a junho de 2026 foram transplantadas 2.214 mudas de araçá, 781 de pitanga, 115 de araticum e 430 de butiá, 132 de cereja do mato,10 de goiaba serrana, 320 de guabiroba, 300 de ingá e 30 jerivás, totalizando 4.332 mudas, ampliando a disponibilidade de frutíferas nativas de importância alimentar, ecológica e cultural. As ações beneficiaram 202 famílias, em 14 aldeias. Além de contribuir para a conservação e o uso dos recursos genéticos das espécies de frutas nativas do Sul do Brasil, por meio de seu estabelecimento e manutenção nas aldeias, a iniciativa amplia a disponibilidade de recursos alimentares, contribui para a recuperação de paisagens culturalmente significativas e para o fortalecimento do diálogo entre conhecimentos científicos e saberes tradicionais.

**Palavras-chave:** povos indígenas; soberania alimentar; restauração de paisagens.

**Agradecimentos:** CPFL Transmissão; Secretaria do Meio Ambiente e Infraestrutura do Rio Grande do Sul (SEMA-RS); CNPq; Finep; e Ministério da Ciência, Tecnologia e Inovação (MCTI).

# RGV 036 - QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE GENÓTIPOS DE PIMENTAS EM FUNÇÃO DA MATURAÇÃO DOS FRUTOS E DO REPOUSO PÓS-COLHEITA

Kalindi Linara Schwaizer[1]*; Guilherme Antonio Lappe[1]; Volmir Kist[1]

[1]Instituto Federal Catarinense (IFC). *kalindilinara14@gmail.com

O gênero *Capsicum* reúne recursos genéticos vegetais de importância econômica, alimentar, nutricional e sociocultural, com ampla variabilidade de formas, cores, pungência e usos. A produção de sementes com elevada qualidade fisiológica é essencial para a multiplicação, conservação e uso sustentável desses genótipos. Contudo, informações sobre ponto de colheita e manejo pós-colheita de frutos destinados à produção de sementes ainda são limitadas para diferentes genótipos de pimenta. O objetivo deste trabalho foi determinar o ponto de colheita e o período de repouso pós-colheita de frutos de *Capsicum* spp. que proporcionam maiores índices de qualidade fisiológica das sementes. O cultivo das plantas foi realizado no campo, na área experimental do Curso de Agronomia do IFC - Campus Concórdia, SC. O ensaio de laboratório foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 5 × 3 × 4, com quatro repetições de 40 sementes. Foram avaliados cinco genótipos, Biquinho, Dedo-de-Moça e os acessos P10, P29 e P95; três estádios de maturação dos frutos, definidos pelas colorações verde, laranja e vermelha; e quatro períodos de repouso pós-colheita, 0, 7, 14 e 21 dias. Os frutos foram colhidos conforme a coloração de cada estádio, e as sementes extraídas manualmente após o respectivo período de repouso. Foram avaliados a porcentagem de germinação e o índice de velocidade de germinação. As sementes provenientes de frutos vermelhos apresentaram maiores valores de germinação e vigor, independentemente do genótipo, não havendo necessidade de repouso dos frutos na pós-colheita. Em sementes extraídas de frutos verdes e laranja, a qualidade fisiológica aumentou com o prolongamento do repouso dos frutos. Para frutos laranja, os melhores índices de germinação e vigor foram observados com aproximadamente 16 dias de repouso. Sementes extraídas de frutos verdes apresentaram qualidade fisiológica inferior àquelas obtidas de frutos laranja e vermelhos, mesmo após o repouso. Conclui-se que frutos vermelhos, colhidos no estádio de maturidade fisiológica e processados logo após a colheita, proporcionam sementes de maior qualidade fisiológica em genótipos de *Capsicum* spp. O repouso pós-colheita é estratégia complementar para frutos colhidos em estádio intermediário de maturação, contribuindo para a produção, multiplicação e conservação de recursos genéticos de pimenta.

**Palavras-chave:** *Capsicum* spp.; acessos; germinação; vigor; maturidade fisiológica.

**Agradecimentos:** Ao Instituto Federal Catarinense - Campus Concórdia pelo suporte ao desenvolvimento deste trabalho.

# RGV 037 - ANÁLISE FÍSICO-QUÍMICA DE FRUTOS EM CULTIVARES DE BANANA NO CERRADO DO AMAPÁ

Leandro Tavares Caldas[1]*; Paulo Ricardo dos Santos[1]; Ianê Valente Pires[1]; João Vitor de Andrade Soares[1]; Jackson de Araujo dos Santos[2]; Leomar Karine Reis da Cruz[1]; Vitória Letícia Guimarães Ugarte[1]; Luiz Ramon Gama Carneiro[1]; José Duarte Reis[1]; Mateus Marques da Silva[1]

[1]Instituto Federal do Amapá (IFAP). [2]Embrapa Amapá. *leandrocaldastavares@gmail.com

A bananeira (Musa spp.) possui elevada relevância econômica e social no Brasil, destacando-se como uma frutífera estratégica para a agricultura familiar e para a segurança alimentar. No estado do Amapá, a banana apresenta consumo expressivo, contudo, a produção interna é insuficiente para suprir a demanda local, o que torna o mercado dependente da importação de outros estados, principalmente do Pará e da região Nordeste. Diante desse cenário, torna-se imprescindível a identificação de genótipos que apresentem alta adaptabilidade às condições edafoclimáticas locais e atributos de frutos superiores, visando o fortalecimento da autossuficiência produtiva regional. Nesse sentido, objetivou-se avaliar a qualidade física e físico-química dos frutos de sete cultivares de bananeira desenvolvidas pela Embrapa (BRS Pacovan Ken, BRS Pacoua, BRS Princesa, BRS Terra-Anã, BRS Conquista, BRS Japira e a cultivar FHIA 18), visando selecionar materiais genéticos com potencial de aceitação comercial e agroindustrial. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental do Instituto Federal do Amapá (IFAP), Campus Porto Grande, sob delineamento em blocos casualizados, com três repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de Tukey ($p < 0,05$) utilizando o software GENES. A partir dos dados obtidos, observou-se diferença significativa entre os genótipos. A cultivar BRS Terra-Anã destacou-se pelos maiores valores de comprimento (23,5 cm), diâmetro (41,17 mm), massa da casca (58,2 g), acidez titulável (0,52%), massa de polpa (134,19 g), matéria seca (33,03%) e sólidos solúveis totais (30,63 °Brix). Já a BRS Princesa e BRS Conquista apresentaram maior relação polpa/casca (3,78 e 3,54 respectivamente), enquanto a FHIA 18 apresentou maior ratio (75,72), associada à percepção de maior doçura dos frutos, já a BRS Japira e BRS FHIA 18 apresentaram maiores valores de pH (4,99). A 'BRS Terra-Anã' destaca-se pelo elevado rendimento e teor de sólidos solúveis, mostrando-se promissora para o processamento agroindustrial. Para o consumo in natura, as cultivares 'BRS Princesa' e 'BRS Conquista' apresentam o melhor desempenho. Portanto, esses genótipos configuram-se como alternativas viáveis para fortalecer a produção local e reduzir a dependência de importação no estado do Amapá.

**Palavras-chave:** bananicultura; genótipos; agroindústria.

**Agradecimentos:** Ao IFAP pelo apoio institucional, à Embrapa Amapá e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsa de iniciação científica.

# RGV 038 - COLETA, CARACTERIZAÇÃO, USO E DISTRIBUIÇÃO DE SEMENTES DE FEIJÃO COMUM NO OESTE DE SANTA CATARINA

Josane Biavatti[1]*; Tainara Feldmann[1]; Maria Luiza Andreis[1]; Volmir Kist[1]

[1]Instituto Federal Catarinense - Campus Concórdia. *biavattijosane@gmail.com

O feijão comum (Phaseolus vulgaris L.) integra a base alimentar da população brasileira e reúne diversidade genética conservada por agricultores familiares. A substituição de variedades locais por cultivares modernas e a redução de guardiões ampliam o risco de erosão genética. O objetivo foi relatar ações de coleta, multiplicação, caracterização e distribuição de sementes de variedades locais mantidas no Banco Ativo de Germoplasma do Grupo AGROBIO. A experiência foi desenvolvida no IFC - Campus Concórdia, vinculado ao Programa Sementes da Paixão. As primeiras amostras foram obtidas em 2018, por coletas junto a agricultores do Oeste de Santa Catarina e do Noroeste do Rio Grande do Sul. Ao final de 2025, o acervo reunia aproximadamente 60 variedades. Na safra 2025/26, 12 variedades foram multiplicadas e avaliadas em blocos casualizados, com três repetições. As parcelas foram constituídas por quatro linhas de 5 m, com 300.000 plantas $ha^{-1}$. As variedades foram caracterizadas quanto ao hábito de crescimento, ciclo, reação a antracnose (ANT), crestamento bacteriano (CRE) e mancha angular (MAN), componentes de rendimento e produtividade. A análise de variância revelou diferenças significativas ($p<0,05$) para totas as variáveis. Foram observados hábitos dos tipos I, II e III. A AGB9 destacou-se para CRE e MAN, a AGB28, para ANT a MAN, e a AGB38, para ANT e CRE. Outras variedades apresentaram resistência superior para uma doença apenas. A produtividade variou de 650 a 1.000 kg $ha^{-1}$, com destaque para AGB10, que foi 15% superior à SCS205 (comercial), embora estatisticamente igual. Outras cinco variedades apresentaram produtividades igual à comercial. Parte das sementes colhidas foram destinadas à manutenção do banco de germoplasma e ações de ensino, pesquisa e extensão. As ações extensionistas distribuíram sementes para mais de 250 interessados em sua multiplicação. No ensino, as sementes beneficiaram mais de 200 estudantes de Agronomia e Técnico em Agropecuária. A distribuição das sementes amplia unidades mantenedoras, estimula o cultivo continuado e favorece a adaptação dinâmica das variedades, reduzindo a dependência exclusiva da conservação institucional. Conclui-se que a conservação de variedades locais de feijão comum é fortalecida quando associada à multiplicação, caracterização e distribuição social das sementes. O Programa Sementes da Paixão articula conservação *ex situ* e *on-farm*, formação discente e valorização dos agricultores guardiões, contribuindo para o uso sustentável dos recursos genéticos vegetais.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*; conservação *on farm*; agricultores guardiões.

**Agradecimentos:** Ao IFC - Campus Concórdia, Grupo AGROBIO, agricultores guardiões e às organizações parceiras.

# RGV 039 - *Eucalyptus pellita* DE SEGUNDA GERAÇÃO NO BOLSÃO SUL-MATO-GROSSENSE EM AVALIAÇÃO PRECOCE

Julia Araujo Petreca[1]*; Gustavo Vano Zacarias Jolvino[1]; Marília Gabriela Pereira[1]; Alonso Ângelo da Silva[1]; José Cambuim[1]; Mario Luiz Teixeira de Moraes[1]

[1]Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS-UNESP). *julia.araujo-petreca@unesp.br

O gênero *Eucalyptus* é de relevância econômica no Brasil, sendo amplamente empregado na produção de madeira, celulose, carvão vegetal e diversos outros produtos não madeireiros. Dentre as espécies de interesse, *Eucalyptus pellita* é uma das mais rústicas, resistente à seca e com boas possibilidades de uso em programas de melhoramento genético na região do Bolsão Sul-Mato-grossense, como espécie pura ou em hibridação com *E. urophylla*. Assim, a partir de um teste de procedências e progênies (TPP) de *E. pellita*, cedido pelo Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF), e instalado em 17/05/2016 na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE) em Selvíria-MS foram selecionadas e coletadas sementes de 15 árvores matrizes, com florescimento precoce, em agosto de 2022, o que proporcionou a instalação de um teste de progênies (TP) de segunda geração em 04/07/2023, no delineamento de blocos casualizados com 15 tratamentos (progênies), 33 repetições e uma planta por parcela no espaçamento de 3,0 x 2,0 metros, no mesmo local. Dessa forma, dois anos após o plantio, foram avaliados os caracteres: altura (alt, m), diâmetro à altura do peito (dap, cm) e a sobrevivência. Na estimativa dos componentes de variância e dos parâmetros genéticos, utilizou-se o procedimento REML/BLUP. Verificou-se que não houve diferença significativa entre as progênies nos três caracteres estudados nesta idade e que as médias foram de 90,8% para a sobrevivência, de 9,93 m (alt) e 8,27 cm (dap). Os coeficientes de variação genética individuais foram de 6,17% (dap) e 7,62% (alt). As herdabilidades da média de progênies variaram de 0,28 (dap) a 0,47 (alt). O coeficiente de variação relativa foi de 0,16 (alt) e de 0,10 (dap). As acurácias de seleção de progênies ficaram entre 53,1% (dap) e 68,7% (alt). Portanto, com base na avaliação precoce no TP, verifica-se que o desenvolvimento e a adaptação das progênies na região foram satisfatórios, inclusive com árvores em florescimento precoce. No entanto, a variação genética e a acurácia dos caracteres estudados não foram expressivas, o que não recomenda a seleção precoce aos dois anos, embora possa ocorrer em outras idades. Também se pode sugerir a seleção de um número maior de árvores matrizes no TPP que estejam florescendo, para ampliar a base genética.

**Palavras-chave:** Adaptação, Parâmetros genéticos, Teste de procedências e progênies.

**Agradecimentos:** CAPES/CNPQ; FEIS-UNESP; Laboratório de Genética de Populações, Evolução e Silvicultura; Pontal Flora; e ao Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais (IPEF).

# RGV 040 - SELEÇÃO DE PORTA-ENXERTOS PROMISSORES PARA A LARANJEIRA 'PERA CNPMF D6' VISANDO À CITRICULTURA SUSTENTÁVEL NO CERRADO DO AMAPÁ

Ianê Valente Pires[1]*; Cleverton França Vaz[2]; Gabriel Bousse Picanço[2]; Gilberto Ken Iti Yokomizo[3]; Leandro Tavares Caldas[1]; Leomar Karine Reis da Cruz[1]; Vitória Letícia Guimarães Ugarte[1]; Fábio de Lima Gurgel[4]; Erialdo de Oliveira Feitosa[5]; Paulo Ricardo dos Santos[1]

[1]Instituto Federal do Amapá (IFAP), Campus Porto Grande. [2]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; [3]EMBRAPA Amapá; [4]EMBRAPA Amazônia Oriental. [5]Instituto Federal do Piauí (IFPI), *Campus* Avançado Pio IX. *iane.pires@ifap.edu.br

O cerrado amapaense apresenta grande potencial para a expansão frutícola, porém a atividade esbarra em restrições edafoclimáticas locais. Nesse cenário, o uso de recursos genéticos constitui ferramenta indispensável para o estabelecimento de sistemas produtivos resilientes e sustentáveis, voltados à agricultura familiar e à agroindústria regional. Objetivou-se avaliar o desempenho agronômico e a qualidade tecnológica dos frutos da laranjeira 'Pera CNPMF D6' enxertada sobre 14 genótipos de porta-enxerto no cerrado do Amapá. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados com 14 porta-enxertos com quatro repetições. As avaliações foram realizadas em três safras (2022-2024). Foram mensuradas variáveis relativas ao crescimento vegetativo, componentes de produção e atributos físico-químicos dos frutos: volume da copa (VOL), número de frutos por planta (NF), massa de frutos (MF), massa de suco (MS), teor de sólidos solúveis (BRIX), produção por planta (PROD), rendimento de suco por planta (RSP) e produção de suco por planta (PSP). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de significância. Os resultados indicaram diferenças significativas entre genótipos e safras. As variações meteorológicas específicas de cada safra afetaram diretamente o comportamento das plantas, confirmando a expressiva influência da interação genótipo x ambiente na região. Os porta-enxertos 'BRS N. Gimenes Fernandes', 'BRS Matta' e 'BRS Donadio' destacaram-se pelo incremento na eficiência produtiva, vigor vegetativo e qualidade de fruto, atendendo às exigências do mercado *in natura* e do processamento industrial. Em contrapartida, os acessos 'HTR - 069', 'BRS S. Moreira' e 'BRS Cunha Sobrinho' apresentaram desempenho inferior, não sendo recomendados para as condições testadas. Conclui-se que a ampla variabilidade genética observada e as diferentes respostas aos porta-enxertos respaldam a recomendação das cultivares da série BRS como alternativas estratégicas para promover a estabilidade, modernização e sustentabilidade da citricultura no Amapá.

**Palavras-chave**: Citrus sinensis; Estabilidade produtiva; Seleção de germoplasma.

**Agradecimentos:** Ao IFAP, IFPI, Embrapa Amapá e Embrapa Amazônia Oriental pelo apoio institucional e ao CNPq pela concessão de bolsa de iniciação científica.

# RGV 042 - DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE ACESSOS DE FEIJÃO CONSERVADOS NO BANCO DE GERMOPLASMA DA UFSC

João Pedro Antoniutti[1]*; Willame dos Santos Candido[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *joaopedroantoniutti@gmail.com

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma das leguminosas mais importantes do mundo, constituindo a base da alimentação da população. No Brasil, a espécie desempenha papel fundamental na segurança alimentar, sendo uma importante fonte de proteínas, fibras, vitaminas e minerais. Além de sua relevância socioeconômica, o feijão apresenta ampla variabilidade genética e o conhecimento dessa diversidade é fundamental para a conservação e o uso sustentável dos recursos genéticos. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar a diversidade fenotípica de acessos de feijão comum conservados no Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal de Santa Catarina (BAG-UFSC), visando identificar a variabilidade existente e gerar informações que subsidiem estratégias de conservação e uso dos recursos genéticos em programas de melhoramento. O estudo foi conduzido em laboratório e casa de vegetação da UFSC, em Florianópolis. Foram avaliados 50 acessos de *Phaseolus vulgaris* pertencentes ao BAG-UFSC. A caracterização fenotípica foi realizada com base em 13 descritores morfológicos (12 qualitativos e 1 quantitativo) de sementes e plântulas preconizados pelo International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). Os descritores avaliados incluíram padrão do tegumento, cor mais escura e mais clara do tegumento, brilho da semente, cor do hilo e do halo, forma e tamanho da semente, relação comprimento/largura e largura/espessura da semente, cor do hipocótilo, forma do folíolo terminal e peso de 100 sementes. Os dados obtidos foram submetidos à análise descritiva para determinação da frequência das classes fenotípicas, enquanto a diversidade entre os acessos foi estimada por meio da matriz de dissimilaridade obtida pela distância de Gower. Os descritores evidenciaram ampla variabilidade fenotípica entre os acessos avaliados, com maior polimorfismo para características relacionadas ao tegumento das sementes. Predominaram sementes sem padrão (60%), de coloração preta (44%) ou vermelha (32%) e com brilho brilhante (44%), além de expressiva variação para forma e tamanho das sementes. A análise de diversidade revelou elevada dissimilaridade entre os acessos, com valores variando de 0,0549 a 0,7091. Os acessos UFSC-10 e UFSC-29 foram os mais similares com distância de 0,0549, enquanto UFSC-17 e UFSC-39 foram os mais divergentes com distância de 0,7091. Portanto, conclui-se que os acessos de feijão conservados no BAG-UFSC apresentam elevada diversidade fenotípica. Essa variabilidade constitui um importante recurso para a conservação de germoplasma e representa uma fonte promissora de alelos favoráveis para uso em programas de melhoramento genético do feijoeiro.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; recursos genéticos; variabilidade genética.

# RGV 043 - RESTAURAÇÃO INCLUSIVA COMO ESTRATÉGIA DE PROMOÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DA MATA ATLÂNTICA

Karine Louise dos Santos[1]*; Ana Luiza de Rosa Castro[1]; Alexandre Siminski[1]; Neomar Pinto Ribeiro[2]; Enzo Gonçalves Luciano[1]; Michelle Christine de Almeida Mota[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais (PPGEAN/UFSC/Campus Curitibanos). [2]Assentamento Índio Galdino/ Curitibanos, SC, Brasil. *karine.santos@ufsc.br

A crescente demanda por restauração exige estratégias capazes de conciliar a recuperação ambiental com o engajamento das pessoas envolvidas, condição fundamental para a efetividade das ações em longo prazo. Nesse contexto, a valorização dos recursos genéticos vegetais (RGVs) pode contribuir para fortalecer processos de conservação pelo uso. O Projeto REFORMA (Restauração Ecológica da Floresta Ombrófila Mista) adotou abordagem de restauração inclusiva, envolvendo agricultores familiares, estudantes, técnicos e pesquisadores na construção de estratégias de restauração. A proposta envolveu a restauração de áreas em dois contextos distintos: uma unidade de conservação, Parque Estadual Rio Canoas em Campos Novos/SC; e o Assentamento Rural Índio Galdino localizado em Curitibanos e Frei Rogério/SC. Nesse trabalho buscou-se sistematizar as ações de educação, divulgação e promoção dos RGVs realizadas entre 2022 e 2026 no âmbito geral do projeto Reforma. Foram analisados registros de cursos, oficinas, dias de campo, visitas técnicas, feiras de sementes, intercâmbios e processos participativos relacionados à escolha das espécies e implantação das áreas restauradas. No período foram realizadas 44 atividades, envolvendo 1.461 participantes. As ações contemplaram a identificação, produção de mudas, coleta de sementes, manejo de mudas arbóreas, conservação e usos de espécies empregadas em restauração ecológica, enriquecimento florestal e sistemas agroflorestais. A seleção das espécies ocorreu de forma participativa. Essa integração promoveu o uso de 64 espécies, sendo 47 nativas da Mata Atlântica. Para os sistemas agroflorestais, espécies exóticas não invasoras de interesse econômico foram utilizadas em conjunto com nativas, contribuindo para atender demandas produtivas das famílias e ampliar a adesão às ações de restauração. O envolvimento dos participantes favoreceu a integração entre conhecimentos científicos e locais, ampliando o reconhecimento dos valores ecológicos, culturais e econômicos da biodiversidade regional. Os resultados demonstram que a restauração inclusiva constitui uma estratégia eficaz para a educação, divulgação e promoção dos recursos genéticos vegetais, fortalecendo o vínculo entre agricultores e espécies nativas, e contribuindo para a conservação da biodiversidade em paisagens rurais.

**Palavras-chave:** Conservação pelo uso; sociobiodiversidade; pesquisa participativa.

**Agradecimentos:** Aos agricultores participantes; INCRA; BNDES; FAPESC.

# RGV 044 - ESPÉCIES FLORESTAIS AMEAÇADAS DE EXTINÇÃO E RARAS NO SISTEMA AGROFLORESTAL TRADICIONAL DO PINHÃO

Enzo Gonçalves Luciano[1]*; Vinicius Costa Cysneiros[1]; Alexandre Siminski[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *enzogoncalvesluciano@gmail.com

A conservação de recursos genéticos vegetais é fundamental para a manutenção da biodiversidade, e sistemas agrícolas tradicionais podem complementar áreas protegidas ao promoverem a conservação *on farm*. Inserido na Floresta Ombrófila Mista, fitofisionomia da Mata Atlântica historicamente reduzida por mudanças no uso da terra e exploração, o Sistema Agroflorestal Tradicional do Pinhão (SAT Pinhão) constitui uma paisagem cultural-produtiva que integra usos e manutenção da floresta nativa. Nesse contexto, o presente trabalho objetivou identificar e quantificar espécies vegetais raras e ameaçadas de extinção associadas ao SAT Pinhão no Planalto Serrano Catarinense. Foram avaliadas 11 propriedades rurais, nas quais os extrativistas indicaram áreas utilizadas para a coleta de pinhão. Em cada propriedade foi delimitada uma unidade de estudo de 200x100 m contendo quatro unidades amostrais de 50x40 m, onde foi realizado inventário de indivíduos com diâmetro à altura do peito superior a 10 cm, registrando-se espécie, diâmetro e altura. A classificação das espécies ameaçadas baseou-se nas listas estadual, nacional e internacional de conservação, e a raridade segundo o Inventário Florístico Florestal de Santa Catarina. Foram registrados 5.129 indivíduos pertencentes a 76 espécies nativas. Destacam-se 2.218 indivíduos de *Araucaria angustifolia* (criticamente em perigo em Santa Catarina e pela IUCN, e em perigo no Brasil), 208 de *Dicksonia sellowiana* (criticamente em perigo em Santa Catarina e em perigo no Brasil), 245 de *Podocarpus lambertii* (em perigo em Santa Catarina) e seis de *Colletia exserta*, considerada rara. Em conjunto, as espécies ameaçadas totalizaram 2.671 indivíduos, correspondendo a 52,1% dos indivíduos amostrados. Os resultados evidenciam que áreas manejadas para o extrativismo do pinhão desempenham papel relevante na conservação *on-farm* da flora nativa, mantendo populações expressivas de espécies ameaçadas. Embora a araucária constitua o principal recurso associado ao sistema, sua manutenção favorece a persistência de outras espécies de interesse para a conservação sob seu dossel. Mais do que usuários da floresta, os extrativistas do pinhão atuam como agentes ativos na manutenção da biodiversidade da Floresta Ombrófila Mista. Os resultados reforçam a necessidade de políticas públicas voltadas ao reconhecimento e fortalecimento desses sistemas agroflorestais tradicionais, cujo patrimônio biocultural contribui para a conservação de espécies raras e ameaçadas.

**Palavras-chave:** paisagem biocultural; conservação *on farm*; floresta com araucárias.

**Agradecimentos:** FAPESC, CNPq, Núcleo de Estudos em SocioAgroBiodiversidade (NESBIO) e Programa de Pós-graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais (PPGEAN).

# RGV 045 - AVALIAÇÃO DE PARÂMETROS BIOMÉTRICOS, BIOMASSA E ESTOQUE DE CARBONO EM *Dicksonia sellowiana* EM PAISAGENS MANEJADAS PARA PRODUÇÃO DE PINHÃO NO PLANALTO CATARINENSE

Enzo Gonçalves Luciano[1]*; Nayara Alves dos Santos[1]; Maurício Sedrez dos Reis[1]; Alexandre Siminski[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *enzogoncalvesluciano@gmail.com

A conservação *on farm* de espécies ameaçadas representa uma estratégia complementar para a manutenção dos recursos genéticos vegetais em paisagens produtivas. Nesse contexto, *Dicksonia sellowiana* Hook. (xaxim), samambaia arborescente típica da Floresta Ombrófila Mista, destaca-se tanto por seu papel ecológico quanto por sua importância para a socioagrobiodiversidade. Além de fornecer abrigo para a fauna e moldar o estabelecimento de outras plantas, a espécie possui usos tradicionais, ornamentais, farmacêuticos e potenciais para restauração ecológica. Entretanto, a intensa exploração de seus fustes para a produção de vasos e substratos, associada à perda de habitat, levou ao declínio de suas populações e à sua inclusão na lista de espécies ameaçadas. Assim, este trabalho objetivou avaliar parâmetros biométricos, biomassa e estoque de carbono de *D. sellowiana* em áreas manejadas sob o Sistema Agroflorestal Tradicional do Pinhão (SAT Pinhão), no Planalto Serrano Catarinense, visando avaliar o potencial de conservação desta espécie no Sistema. Foram inventariadas seis parcelas de 40 x 50 m, totalizando 1,2 ha, nos municípios de Painel e São Joaquim (SC), considerando todos os indivíduos da espécie com mais de 10 cm de diâmetro à altura do peito. A biomassa seca acima do solo foi estimada por equação alométrica específica para a espécie e o estoque de carbono calculado a partir do teor médio de carbono da biomassa, realizando-se o processamento nos softwares R e RStudio. Dos 324 fustes registrados, 237 apresentaram informações suficientes para as estimativas. O diâmetro médio foi de 36,35 ± 20,39 cm e a altura média de 4,10 ± 1,38 m. A biomassa média foi de 44,33 ± 33,71 kg por fuste, correspondendo a 17,85 ± 13,58 kg de carbono. A biomassa total estimada foi de 10,51 mg (8,75 mg $ha^{-1}$), equivalente a um estoque de 4,23 mg de carbono (3,53 mg $ha^{-1}$). Os resultados demonstram que os remanescentes manejados pelos extrativistas do pinhão mantêm populações expressivas desta espécie ameaçada de extinção e contribuem para o armazenamento de carbono, evidenciando que essas paisagens bioculturais conciliam conservação e uso sustentável. Mais do que favorecer a conservação da araucária, a espécie emblemática da Floresta Ombrófila Mista, este sistema (SAT Pinhão) favorece funções ecológicas, conhecimentos tradicionais e oportunidades para o desenvolvimento de estratégias de manejo capazes de favorecer a conservação do xaxim.

**Palavras-chave:** biodiversidade; estoque de carbono; sistema agroflorestal tradicional.

**Agradecimentos:** FAPESC, CNPq, CAPES, Núcleo de Estudos em SocioAgroBiodiversidade (NESBIO) e Programa de Pós-graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais (PPGEAN).

# RGV 048 - QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE FEIJÃO COMUM DE DISTINTAS SAFRAS ARMAZENADAS EM AMBIENTE CONTROLADO

Maria Luiza Andreis[1]*; Josane Biavatti[1]; Luiza Moreira de Almeida[1]; Yasmin Pincegher Siega[1]; Volmir Kist[1]

[1]Instituto Federal Catarinense - Campus Concórdia. *marialuizaandreis11@gmail.com

O uso de sementes crioulas de feijão comum é estratégico para a conservação *on farm* de recursos genéticos e para a autonomia produtiva da agricultura familiar. A manutenção de sementes entre safras depende de suas condições iniciais e de práticas de armazenamento capazes de preservar a germinação e o vigor. Entre elas, o freezer doméstico é comumente utilizado por agricultores guardiões, embora seus efeitos sobre as sementes ainda sejam pouco documentados. O objetivo do trabalho foi avaliar a manutenção da qualidade fisiológica de diferentes variedades crioulas de feijão de distintas safras armazenadas em freezer. O experimento foi conduzido no Instituto Federal Catarinense (IFC) - campus Concórdia, com sementes das variedades Carioquinha, Chumbinho, Macanudo e Charmoso, provenientes das safras 2023, 2024 e 2025 e pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma do Grupo de Pesquisa AGROBIO. Foram avaliadas a germinação (GE) e a primeira contagem de germinação (PG1), como testes de vigor, conforme as Regras para Análise de Sementes. Na GE, apenas a variedade Macanudo apresentou valores inferiores a 80%, valor mínimo exigido em sementes comerciais, sendo estatisticamente inferior às demais variedades das safras 2023 e 2024. Em contrapartida, as sementes da safra 2025 apresentaram germinação superior a 95% em todas as variedades, indicando que o armazenamento por até um ano mantém elevada a viabilidade. Na PG1, Carioquinha e Chumbinho apresentaram os maiores índices de vigor, 91% e 90%, respectivamente, enquanto o Charmoso atingiu 70% e o Macanudo, 50%. As sementes da safra de 2025 apresentaram maior vigor (90%), enquanto as de 2023 alcançaram apenas 65%, evidenciando redução do vigor com o aumento do período de armazenamento. A interação entre variedade e safra demonstrou que Carioquinha e Chumbinho mantiveram elevado vigor, ao passo que Macanudo apresentou redução acentuada. Os resultados indicam que todas as variedades mantêm desempenho satisfatório por até um ano de armazenamento em freezer; entretanto, em períodos superiores, apenas Carioquinha e Chumbinho preservam elevado vigor. Conclui-se que a manutenção da qualidade fisiológica de sementes crioulas de feijão armazenadas em freezer depende da variedade, sendo Carioquinha e Chumbinho as mais indicadas para armazenamento prolongado, contribuindo para a conservação de recursos genéticos e para a disponibilidade de sementes de qualidade na agricultura familiar.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; Agricultura familiar; Armazenamento em freezer.

**Agradecimentos:** Ao IFC - campus Concórdia pela bolsa de estudo ao primeiro autor e apoio ao desenvolvimento da pesquisa.

# RGV 049 - ESTABELECIMENTO *IN VITRO* DE SEMENTES DE *Mandevilla velame* (A.St.-Hil.) Pichon: AVALIAÇÃO DE PROTOCOLOS DE DESCONTAMINAÇÃO E GERMINAÇÃO

Thiago Hernandez Dias e Silva[1]; Sérgio Tadeu Sibov[1]; Cristiane dos Santos[1]

[1]Universidade Federal de Goiás, Goiânia, Goiás, Brasil. *thiagohernandez@discente.ufg.br

A *Mandevilla velame* (A.St.-Hil.) Pichon, popularmente conhecida como velame-branco, é uma espécie medicinal do Cerrado amplamente utilizada por comunidades tradicionais devido a compostos medicinais presentes em seu xilopódio, aos quais são atribuídos efeitos analgésicos, anti-inflamatórios e cicatrizantes, obtidos por meio de infusões, garrafadas e compressas. O extrativismo, associado à perda de habitat pela expansão agrícola no Cerrado, vem reduzindo as populações naturais da espécie, ameaçando sua conservação genética e a cadeia de raizeiros que dela depende. Até o presente estudo, os protocolos de micropropagação *in vitro* estabelecidos para a espécie ainda são incipientes e com baixa eficiência para germinação, representando uma limitação para o desenvolvimento de estratégias biotecnológicas voltadas à sua conservação e ao seu potencial bioeconômico. Este trabalho teve como objetivo estabelecer um protocolo inicial para o estabelecimento *in vitro* de *M. velame*, com foco nas etapas de descontaminação e germinação de sementes. Para tanto, sementes de diferentes populações foram homogeneizadas e submetidas a dois métodos de descontaminação: o T1, com pré-lavagem em detergente Tween® 20 a 0,05%, e o T2, com pré-imersão em cloreto de benzalcônio 1,7 mg $L^{-1}$, por 10 minutos. Após isso, ambos passaram pelo mesmo processo de descontaminação, imersão em hipoclorito de sódio com 2% de cloro ativo por 15 minutos e álcool 70% por 1 minuto. Após a descontaminação, as sementes foram avaliadas quanto à germinação em papel e em meio Murashige & Skoog (MS), com (1,5 mg $L^{-1}$) e sem ácido giberélico ($GA_3$). Os dados de descontaminação foram analisados por teste Qui-Quadrado, e os de germinação por modelo linear generalizado binomial, complementado por teste de Comparação Pareada de Proporções nos casos de diferença significativa. O T2 apresentou eficácia de descontaminação significativamente superior ao T1 (51,6% contra 30,6%; $p < 0,05$), e a germinação foi maior no papel com $GA_3$ (40,5%), seguida do papel sem $GA_3$ (20,9%), sendo o meio MS inferior a 5% mesmo com adição de $GA_3$. Conclui-se que o tratamento com cloreto de benzalcônio (T2) constitui o método mais eficaz de descontaminação, e que o papel suplementado com $GA_3$ favorece a germinação, sendo observada uma taxa de germinação maior que a prescrita anteriormente para a espécie na literatura, fornecendo parâmetros iniciais para o desenvolvimento de protocolos de micropropagação da espécie.

**Palavras-chave:** micropropagação; espécie medicinal; ácido giberélico.

**Agradecimentos:** Agradecemos ao LabCulTive, à Universidade Federal de Goiás, ao programa de PPGGMP (UFG) e à CAPES pelo fornecimento da bolsa de mestrado.

# RGV 050 - CONSERVAÇÃO GENÉTICA *EX SITU* DE *Astronium urundeuva* EM ÁREA DE CERRADO: PARÂMETROS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES EM FASE JUVENIL

Marilia Gabriela Pereira[1]*; Francieli Alves Caldeira Saul[1]; Mirian Oliveira Santos[1]; Regivan Antonio de Saul[1]; Julia Araujo Petreca[1]; Alonso Ângelo da Silva[1]; Thayná Sayuri Shinohara Alves[1]; Selma Maria Bozzite de Moraes[1]; Mario Luiz Teixeira de Moraes[1]

[1]Universidade Estadual Paulista - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira.
*marilia.pereira@unesp.br

*Astronium urundeuva* (M. Allemão) Engl., popularmente conhecida como aroeira, é uma espécie arbórea nativa de ampla distribuição no território brasileiro. Devido à qualidade de sua madeira e às suas propriedades farmacológicas, a espécie foi intensamente explorada, o que resultou na redução e na fragmentação de suas populações naturais. Nesse contexto, o Banco Ativo de Germoplasma de Aroeira (BAG-A), mantido pela Unesp, representa uma importante estratégia de conservação genética *ex situ* da espécie. Esta pesquisa teve como objetivo estimar a variação genética para os caracteres altura de plantas (ALT, m) e sobrevivência na fase juvenil em uma população *A. urundeuva*, procedente de Corumbá, MS (Pantanal) e instalada em Selvíria, MS (Cerrado). O experimento foi implantado em 25/05/2023, em blocos casualizados, composto por 30 progênies, 12 repetições e uma planta por parcela, no espaçamento de 3,0 x 3,0 m. Os componentes de variância e os parâmetros genéticos foram estimados por meio da metodologia REML/BLUP. Aos três anos, a sobrevivência foi de 97,8%, evidenciando uma excelente adaptação das progênies às condições ambientais da região. A média da altura foi de 1,20 m. Com base no teste da razão de verossimilhança (LRT), foram detectadas diferenças significativas entre as progênies para ALT (16,06*) a 1% de significância. A herdabilidade individual no sentido restrito ($\hat{h}_a^2 = 0{,}41$) e a da média de progênies ($\hat{h}_{mp}^2 = 0{,}58$) foram de média magnitude. Os coeficientes de variação genética entre progênies ($CV_{gp} = 14{,}9\%$) e individual ($CV_{gi} = 29{,}7\%$) evidenciam a existência de variação genética na população. O coeficiente de variação experimental ($CV_e$) foi de 43,8% e a acurácia ($r_{\hat{a}a}$) de 76,2%. A população de *A. urundeuva* proveniente do Pantanal apresentou variabilidade genética na fase juvenil, mesmo cultivada fora de seu bioma de ocorrência, reforçando a importância do BAG-A de Selvíria, MS, para a conservação *ex situ* da espécie. Em um cenário de intensa fragmentação das populações naturais, esses resultados evidenciam o potencial desse banco ativo de germoplasma para a preservação da variabilidade genética. Avaliações em idades mais avançadas são recomendadas para orientar estratégias de conservação, melhoramento genético e manejo da população avaliada.

**Palavras-chave:** aroeira; variação genética; altura.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) - Código de Financiamento 001 - e à Pontal Flora (Presidente Venceslau, SP).

# RGV 051 - DINÂMICA DO APARATO FOTOSSINTÉTICO EM FOLHAS VARIEGATAS DE *Aechmea comata* var. *makoyana*

Tainá Burgardt[1]*; William S. Cabral[1]; Jamille S. Marques[1]; Camille C. Nardi[1]; Tainá C. Kuhn[1]; Lenita C. dos Anjos[1]; Isabele R. Schadek[1]; Thiago S. Ornellas[1]; Paulo T. Mioto[1]; Rosete Pescador[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *burgardt.bio.tai@gmail.com

A variegação foliar impõe desafios bioenergéticos pela perda de tecidos fotossintéticos. Em bromélias de tanque, soma-se a isso o gradiente funcional longitudinal das folhas. A espécie *Aechmea comata* var. *makoyana* (Mez) L.B.Sm. destaca-se pelo seu valor ornamental. Compreender como essa mutação afeta os pigmentos é essencial para validar a viabilidade do germoplasma, aliando conservação ao uso sustentável. Objetivou-se caracterizar a distribuição de pigmentos fotossintéticos e carotenóides, e relações estequiométricas na lâmina foliar. Folhas variegatas (n=6) foram seccionadas em quatro porções: Ápice Verde (AV), Base Verde (BV), Ápice Branco (AB) e Base Branca (BB). Alíquotas de aproximadamente 1,0 g de tecido fresco foram imersas em Dimetilsulfóxido (DMSO) puro em banho-maria até completa eluição. As absorbâncias foram lidas a 480, 649 e 665 nm. Os dados foram submetidos à ANOVA e Teste de Tukey ($\alpha$=0,05) no R. A Clorofila Total apresentou alta significância ($p<0,001$), com gradiente decrescente: máximos no AV (2,37±0,51 mg $g^{-1}$), intermediários na BV (1,51±0,29 mg $g^{-1}$), e mínimos equivalentes nas porções aclorofiladas AB (0,63±0,25 mg $g^{-1}$) e BB (0,66±0,37 mg $g^{-1}$). Esse arranjo valida a heterogeneidade morfofuncional foliar. A razão Clorofila a/b também variou ($p=0,006$); porções verdes mantiveram as maiores razões (AV: 2,42±0,42; BV: 2,41±1,02), a BB exibiu declínio drástico (1,11±0,88), e o AB agiu como transição (1,17±0,65). A queda acentuada descarta contaminação mecânica na amostragem (que manteria a razão estável) e comprova um ajuste plástico molecular via investimento em complexos antena (LHCII), ricos em clorofila b, viabilizado por plastídeos residuais com atividade metabólica discreta. A razão Carotenóides/Clorofila Total não variou significativamente ($p=0,197$) entre as porções (AV: 0,33±0,09; BV: 0,25±0,08; AB: 0,49±0,14; BB: 0,83±0,94), demonstrando a manutenção da proporcionalidade basal fotoprotetora ao longo da folha. Conclui-se que a espécie demonstra alta estabilidade molecular compensatória nas áreas albinas, chancelando a integridade fisiológica deste recurso genético ornamental.

**Palavras-chave:** Bromeliaceae; Clorofilas; Recursos genéticos.

**Agradecimentos:** À Universidade Federal de Santa Catarina pela infraestrutura laboratorial e à FAPESC pelo apoio financeiro e concessão de bolsas.

# RGV 052 - ADAPTAÇÃO METODOLÓGICA PARA ANÁLISE MULTIESPECTRAL DE SEMENTES DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO

Renata Carvalho[1]*; Andrea Viazzi[2]; Marikena Rodriguez[2]; Maria Umpierrez[2]; Sofia Cortiza[2]; Valentina Martinez[2]; Ignacio Naya[1]; Nicolás Glison[1]; Magdalena Vaio[1]; Natália de Almeida[2]; Rafael Vidal[1]

[1]Facultad de Agronomía, Universidad de la República (UdelaR). [2]Instituto Tecnológico Regional Centro Sur, Universidad Tecnológica del Uruguay (UTEC). *rcarvalho@fagro.edu.uy

Análise de imagem multiespectral é uma tecnologia não invasiva que permite avaliar as características físicas, fisiológicas e bioquímicas das sementes, aumentando a eficiência e a precisão da sua caracterização. Em um contexto de banco de germoplasma, o uso desta tecnologia pode enriquecer os dados já disponíveis, melhorar a gestão das coleções e, consequentemente, das atividades relacionadas à sua conservação, facilitando a descoberta de características e o melhoramento das culturas. O objetivo deste estudo foi desenvolver um protocolo de caracterização multiespectral de variedades crioulas de milho, determinando qual método e tamanho amostral mais adequados e identificando possíveis bandas associadas com teor de proteína. Foram analisados 12 acessos do Banco de Germoplasma da Facultad de Agronomia, um total de 400 sementes cada. Usando o equipamento VideometerLab, se compararam os dados multiespectrais dos tecidos de embrião e endosperma e depois a forma como se capturaram as imagens, usando placas de acetato (200 sementes) ou o alimentador automático do equipamento (*autofeeder*) (200 sementes). Por análises de componentes principais não se encontraram diferenças espectrais entre os tecidos, mas sim na forma de capturar as imagens. Quando se analisaram os dados multiespectrais com o teor de proteína de cada variedade somente imagens capturadas com o *autofeeder* apresentaram correlações moderadas e tecido-específico para as bandas combinadas de 490/600, 365/700 e 470/700 nm, revelando que imagens capturadas do endosperma mostraram melhor correlação com o teor de proteína (r = 0,67). Baseado nestes resultados, hipotetizou-se qual seria o tamanho amostral ótimo de sementes de milho a passar pelo *autofeeder* de maneira que essa amostragem fosse representativa do perfil espectral das 200 sementes usadas na primeira etapa da metodologia. Para este fim, foi utilizada a abordagem estatística de subamostragem repetida sem reposição e o número ótimo mínimo foi de 80 sementes. Além disso, a metodologia desenvolvida possibilita a análise de acessos que dispõem de menos sementes, o que aumenta a sua aplicabilidade prática em um contexto de banco de germoplasma e promove um equilíbrio entre o custo do processamento dos dados e a confiabilidade dos resultados.

**Palavras-chave:** tecnologia não destrutiva; conservação *ex situ*; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** UdelaR, UTEC, Agencia Nacional de Investigación y Innovación, Comisión Sectorial de Investigación Científica.

# RGV 053 - AVALIAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE 17 ACESSOS DE GUABIJUZEIROS [*Myrcianthes pungens* (O. Berg) D. Legrand] POR MEIO DE MARCADORES MOLECULARES AFLP

Rodrigo Areze da Silva Santos[1]; Magnólia Aparecida Silva Da Silva[1]*; Dalvan Carlos Beise[2]; Valdir Marcos Stefenon[2]; Sérgio Francisco Schwarz[1]

[1]Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. [2]Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Santa Catarina. *magnolia.silva@ufrgs.br

O estudo da variabilidade genética de frutíferas nativas subutilizadas é fundamental para compreender e preservar sua diversidade, além de fomentar estratégias de conservação e promover o desenvolvimento regional nos territórios onde estão inseridas. O guabijuzeiro (*M. pungens*) apresenta ocorrência natural desde o estado de São Paulo até o norte do Uruguai. O presente estudo teve como objetivo estudar a diversidade genética dos 17 acessos de guabijuzeiros pertencentes à coleção de trabalho da UFRGS em Eldorado do Sul, RS. Essa pesquisa está registrada no SisGen sob o código AE7A83F. A coleção de guabijuzeiros é composta por 16 acessos (G01 - G16), provenientes de sementes coletadas em diferentes municípios do RS e um acesso propagado por estaquia (G17). A pesquisa foi realizada em 2024, utilizando folhas jovens e sadias de 85 indivíduos (5 de cada acesso), para extração de DNA e posterior genotipagem via PCR. As análises de polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado (AFLP) seguiram as etapas de restrição, ligação e amplificação. A genotipagem foi conduzida em eletroforese capilar e os fragmentos amplificados foram visualizados e registrados com software GeneMapperTM. A similaridade foi estimada com base no coeficiente de *Jaccard* e a agregação por UPGMA. As análises revelaram diversidade genética moderada para a coleção de trabalho de guabijuzeiro, com médias de nº total de alelos (Na) = 1,00, nº efetivo de alelo (Ne) = 1,25, Índice de Shannon (I) = 0,23 e heterozigosidade esperada (He) = 0,15. Os acessos G04, G11 e G15 apresentaram os maiores valores de diversidade, em contrapartida os acessos G01 e G17 os menores valores. O número de alelos privados na coleção de trabalho variou de 2 a 27, sendo o maior número pertencente ao acesso G02. Os marcadores AFLP demonstraram eficiência na detecção de polimorfismos, possibilitando a formação de quatro grupos distintos entre os acessos. De modo geral, os agrupamentos não seguiram o padrão de origem geográfica dos acessos. A análise de variância molecular (AMOVA) revelou divergência genética de 9% entre acessos e 91% dentro dos acessos, evidenciando maior variabilidade genética intrapopulacional.

**Palavras-chave:** Myrtaceae; recursos genéticos; frutos do Brasil.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da CAPES - Código de Financiamento 001.

**RGV 054 - PROPOSTA DE LISTA DE DESCRITORES MORFOLÓGICOS PARA O GUABIJUZEIRO [*Myrcianthes pungens* (O. Berg) D. Legrand]**

Rodrigo Areze da Silva Santos[1]; Magnólia Aparecida Silva Da Silva[1]*; Sergio Francisco Schwarz[1]

[1]Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul. *magnolia.silva@ufrgs.br

A caracterização fenotípica do germoplasma, baseada em descritores morfológicos, agronômicos e botânicos, é uma etapa essencial nos estudos com recursos genéticos. O guabijuzeiro (*M. pungens)*, pertencente à família Myrtaceae, é uma espécie arbórea nativa da América do Sul. Essa espécie apresenta potencial comercial, especialmente pelo consumo de seus frutos *in natura*, que possuem sabor adocicado e agradável, permitindo serem utilizados na elaboração de geleias, sorvetes e licores, além de se destacarem por suas propriedades nutracêuticas, atribuídas à presença de compostos bioativos com atividade antioxidante. O presente estudo teve como objetivo verificar a variação de caracteres morfológicos em indivíduos pertencentes à coleção de trabalho de guabijuzeiros da UFRGS, com vistas à proposição de uma lista de descritores morfológicos para a espécie. Essa pesquisa está registrada no SisGen sob o código AE7A83F, com o título: *Estudo de caracterização do guabijuzeiro* e foi conduzida em 2024 na Estação Experimental Agronômica da UFRGS, localizada em Eldorado do Sul, RS. Considerando a diversidade morfológica observada na coleção de trabalho composta por mais de 160 indivíduos de guabijuzeiro, propõe-se uma lista de caracteres morfológicos como descritores para a espécie. Os descritores foram definidos com base em caracteres da parte aérea da planta capazes de distinguir os indivíduos, abrangendo parâmetros da planta como um todo, bem como de órgãos específicos: folhas (formato do limbo, do ápice e da base), frutos e sementes. As avaliações foram realizadas individualmente em cada planta da coleção. Sempre que foram identificados dois ou mais caracteres distintos, os descritores foram elaborados com base nas variações observadas, utilizando fotografias e desenhos para ilustrar as diferenças morfológicas da espécie. Os resultados revelaram variações morfológicas para os caracteres avaliados, destacando-se diferentes formatos de copa (circular, semicircular, obovado, colunar e retangular), folhas (lanceoladas, ovadas, orbiculares e elípticas) de ápice cuspidado ou acuminado e base obtusa ou atenuada, frutos (esféricos ou oblatos) e sementes (com base achatada ou esféricas). A partir dessas observações, foi possível propor uma lista de descritores morfológicos aplicáveis ao guabijuzeiro, contribuindo para sua caracterização, conservação e potencial utilização em programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** Myrtaceae; caracterização; espécie nativa.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da CAPES - Código de Financiamento 001.

# RGV 055 - SELEÇÃO DE CULTIVARES DE *Coffea arabica* L. RESILIENTES ÀS CONDIÇÕES EDAFOCLIMÁTICAS DA AMAZÔNIA

Arthur Arnoni Occhiutto[1]*; Kleyton Farias Barbosa[2]; Paulo Vinicius Semblano Martins[2]; Michael Matheus Pereira de Souza[2]; João Vitor de Andrade Soares[2;] Karoline Raiol de Souza[2]; Kalil Ley Vasconcelos de Sousa[2]; Gabrielle Vitória Nascimento de Andrade[2]; Antonio Rodrigues da Cunha Neto[1]; Marina Lima Nogueira[1,2]

[1]UNIFAL-MG. [2]UNIFAP . *arthur.aocc@gmail.com

A cafeicultura desempenha um papel fundamental na economia nacional e em sua expansão para a região Norte, especialmente para o estado do Amapá, há demanda para a identificação de genótipos capazes de suportar condições ambientais desafiadoras. Neste sentido, o objetivo deste trabalho foi avaliar a sobrevivência de mudas de diferentes cultivares de *Coffea arabica* L. submetidas ao estresse combinado de acidez do solo e temperaturas elevadas características do clima e solo amazônico, visando subsidiar a seleção de materiais adaptados. A metodologia de plantio seguiu os padrões técnicos de produção de mudas, utilizando as cultivares Siriema, Catucaí Amarelo 785/15, Catucaí Amarelo 2SL, Catucaí Amarelo 24/137, Asa Branca, Acauã e Paraíso MG2. O experimento foi conduzido em casa de vegetação com delineamento inteiramente casualizado, utilizando 5 mudas por cultivar e os dados foram avaliados por análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey, sob temperaturas máximas variando entre 27 °C e 36 °C, mantendo-se acima de 30 °C na maior parte do período avaliado. A análise de sobrevivência concentrou-se nos materiais que apresentaram germinação efetiva, sendo monitorada aos quatro e seis meses após a germinação. Aos quatro meses, observou-se alta taxa de sobrevivência em todos os materiais, com destaque para Catucaí Amarelo 785/15 (93,2%), 2SL (91,55%) e Paraíso MG2 (90,26%). Contudo, verificou-se uma queda acentuada nos índices de sobrevivência entre o quarto e o sexto mês em praticamente todas as cultivares, evidenciando o efeito acumulado do estresse causado pelo pH baixo (4,5) do solo e temperatura elevada para o cultivo do café sobre o desenvolvimento inicial. Aos seis meses, as cultivares Catucaí Amarelo 24/137 (43,51%) e Catucaí Amarelo 785/15 (41,35%) apresentaram os melhores desempenhos relativos, indicando maior resiliência às condições locais. Em contrapartida, Asa Branca (15,50%), Catucaí Amarelo 2SL (14,29%) e Paraíso MG2 (16,23%) demonstraram os menores percentuais finais de sobrevivência. Conclui-se que existe variabilidade fenotípica para a tolerância ao estresse ambiental entre as cultivares avaliadas, sendo Catucaí Amarelo 24/137 e Catucaí Amarelo 785/15 os materiais mais promissores para programas voltados à consolidação da cafeicultura em solo e clima de Macapá.

**Palavras-chave:** Variabilidade fenotípica; Resiliência térmica; Melhoramento vegetal.

**Agradecimentos:** FAPEMIG, CAPES e CNPq (nº 447139/2024-0 e nº 314880/2025-9).

# RGV 058 - RESPOSTAS MORFOFISIOLÓGICAS DE *Physalis angulata* L. *IN VITRO* SUBMETIDA À SALINIDADE E MODULADA PELA APLICAÇÃO EXÓGENA DE PROLINA

Isabela Souza Coccorese Conceição[1]*; Gabriela Torres da Silva[1]; Alana Kelly Costa Luz Venas[1]; Alone Lima-Brito[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais - Universidade Estadual de Feira de Santana. *isabelauefs@hotmail.com

A salinização dos solos destaca-se como um dos principais entraves à agricultura em regiões áridas e semiáridas, impactando diretamente o desenvolvimento vegetal e a produtividade agrícola. Diante desse cenário, o desenvolvimento de estratégias voltadas para indução da tolerância das plantas ao estresse salino torna-se imprescindível para assegurar a sustentabilidade e a viabilidade da produção de alimentos. A prolina, aminoácido associado ao ajuste osmótico e à defesa antioxidante tem sido apontada como um composto capaz de mitigar os efeitos deletérios do NaCl. A espécie *Physalis angulata* L. (camapú) pertencente à família Solanaceae apresenta elevado potencial agronômico, nutricional e medicinal, sendo fonte de compostos bioativos com propriedades antioxidantes e anti-inflamatórias. Devido à sua moderada sensibilidade ao estresse salino, a investigação de mecanismos adaptativos é fundamental para viabilizar o seu cultivo em ambientes adversos. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da aplicação exógena de prolina (6-10 µM) sobre respostas morfofisiológicas de plantas de *P. angulata* cultivadas *in vitro* sob estresse salino induzido por NaCl (75 mM). As variáveis analisadas foram crescimento (comprimento da parte aérea e raiz, massa seca e área foliar), teor relativo de água (TRA) e porcentagem de integridade absoluta das membranas (PIA). Os resultados demonstraram que o estresse salino reduziu significativamente o crescimento, os teores de clorofila e a massa seca, além de comprometer o status hídrico e a integridade celular. A aplicação exógena de prolina atenuou esses efeitos, com destaque para as concentrações 7 e 8 µM, que promoveram maior crescimento da parte aérea e raiz, recuperação do TRA (90,1% e 85,6%) e preservação da integridade das membranas (>89%). Em contrapartida, doses muito baixas (6 µM) ou elevadas (10 µM) foram menos eficientes, sugerindo resposta dose-dependente. Conclui-se que a aplicação da prolina exógena em concentrações intermediárias contribui para a manutenção do crescimento vegetativo, do status hídrico e da integridade celular de *P. angulata*, o que reforça o seu potencial mitigador sob condições de estresse salino.

**Palavras-chave:** NaCl; Osmoproteção; Tolerância.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - Brasil (CNPq) pelo suporte financeiro.

# RGV 059 - MODULAÇÃO BIOQUÍMICA E ANTIOXIDANTE POR PROLINA EXÓGENA EM *Physalis angulata* L. SOB ESTRESSE SALINO *IN VITRO*

Isabela Souza Coccorese Conceição[1]*; Gabriela Torres da Silva[1]; Vitor Oliveira dos Santos[1]; Alone Lima-Brito[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais - Universidade Estadual de Feira de Santana. *isabelauefs@hotmail.com

A salinização dos solos compromete o metabolismo vegetal, reduzindo a assimilação de carbono e favorecendo a formação de espécies reativas de oxigênio (EROs). Nesse cenário, a prolina se destaca como um aminoácido multifuncional, capaz de atuar no ajuste osmótico, na estabilização de estruturas celulares e na defesa antioxidante. A espécie *Physalis angulata* L. (camapú), pertencente à família Solanaceae, possui elevado potencial agronômico, nutricional e medicinal, sendo fonte de compostos bioativos com propriedades antioxidantes e anti-inflamatórias. Entretanto, sua sensibilidade moderada à salinidade torna relevante a investigação de mecanismos fisiológicos e bioquímicos envolvidos na resposta ao estresse que possam favorecer sua tolerância a essa condição. O presente trabalho teve como objetivo avaliar os efeitos da aplicação exógena de prolina (6-10 µM) sobre parâmetros bioquímicos e enzimáticos, bem como sobre a atividade antioxidante total de plantas de *P. angulata* cultivadas *in vitro* sob estresse salino induzido por NaCl (75 mM). Os resultados demonstraram que o estresse salino reduziu os teores de açúcares solúveis totais (AST) e de açúcares redutores (AR), indicando comprometimento do metabolismo de carboidratos. A aplicação de prolina modulou esse metabolismo, com recuperação parcial dos AST em concentrações mais altas e manutenção de baixos níveis de AR. O conteúdo de prolina endógena foi elevado em todos os tratamentos com aplicação exógena deste aminoácido, evidenciando incorporação metabólica e possível papel no ajuste osmótico e na proteção celular. Em relação às enzimas antioxidantes, a atividade da superóxido dismutase (SOD) manteve-se estável entre os tratamentos, enquanto a guaiacol peroxidase (POD) foi reduzida sob estresse salino e não foi recuperada pela prolina. Por outro lado, a atividade antioxidante total, avaliada pela capacidade de sequestro do radical DPPH, foi superior nos tratamentos com prolina, indicando maior capacidade de neutralização de EROs e reforçando seu papel como mitigador de danos oxidativos. Conclui-se que a aplicação exógena de prolina contribui para a modulação do metabolismo de carboidratos e para o aumento da capacidade antioxidante de *P. angulata* sob salinidade, configurando-se como estratégia promissora para a indução de tolerância ao estresse salino em condições adversas.

**Palavras-chave:** NaCl; Osmoproteção; Tolerância.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - Brasil (CNPq) pelo suporte financeiro.

# RGV 060 - CONSERVAÇÃO *ON FARM* DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS EM UNIDADES FAMILIARES DE SEARA, SC

Grace Kelly Munaretto[1]*; Henrique Giombelli Lorenzett[1]; Eduardo João Moro[2]; Volmir Kist[2]

[1]Acadêmicos do Curso de Agronomia do Instituto Federal Catarinense, Campus Concórdia.
[2]Docentes do Instituto Federal Catarinense, Campus Concórdia. *munarettograce@gmail.com

A conservação *on-farm* de recursos genéticos vegetais é fundamental para a manutenção da agrobiodiversidade, segurança alimentar e preservação do conhecimento tradicional associados à agricultura familiar. Em Seara, SC, agricultores familiares mantêm variedades locais, sementes e estruturas propagativas de espécies cultivadas, contribuindo para a conservação de recursos genéticos pouco disponíveis em sistemas formais de produção. O objetivo do trabalho foi analisar as estratégias de conservação de recursos genéticos vegetais em unidades familiares conservacionistas, identificar a sua contribuição para a autonomia econômica e compreender os desafios relacionados à sucessão geracional. A pesquisa foi conduzida por meio de entrevistas semiestruturadas em cinco unidades de produção familiar, reconhecidas como conservacionistas. Foram identificadas diferentes variedades de milho, trigo, feijão, ervilha, soja, batata-doce, mandioca, batata-salsa, abóbora, melancia, alho e cebola-família, além de bambu para fins alimentícios e artesanais. As estratégias de conservação do germoplasma variaram entre as famílias, envolveram seleção de plantas, de sementes e outras estruturas propagativas e o armazenamento de sementes para assegurar a sua utilização nas safras seguintes. A manutenção desses recursos genéticos está associada principalmente ao autoconsumo, à qualidade dos alimentos, à autonomia produtiva e à preservação de patrimônio genético e cultural. A sua contribuição econômica ocorreu sobretudo pela redução da dependência da aquisição de sementes, alimentos e insumos externos. Em relação à sucessão geracional, observou-se um cenário de incerteza, relacionado ao envelhecimento dos agricultores responsáveis pela conservação e ao êxodo rural, embora alguns relatos indiquem interesse de jovens na continuidade dessas práticas. As feiras regionais de troca de sementes e a organização comunitária foram destacadas como importantes espaços para o intercâmbio de sementes e outras estruturas propagativas, à troca de conhecimentos e o fortalecimento das redes locais de conservação. As unidades familiares estudadas mantêm expressiva diversidade de recursos genéticos vegetais, com relevância para a segurança alimentar, a autonomia das famílias e a conservação *on-farm* da agrobiodiversidade. A continuidade dessas práticas depende do fortalecimento das redes comunitárias, da valorização do conhecimento tradicional e de estratégias que fortaleçam a sucessão geracional.

**Palavras-chave:** agrobiodiversidade; agricultura familiar; sementes crioulas.

**Agradecimentos:** Ao IFC - Campus Concórdia e aos agricultores participantes da pesquisa.

# RGV 061 - CARACTERIZAÇÃO FITOQUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE *Croton argyrophylus* Kunth COLETADO NO SEMIÁRIDO BAIANO E SEU POTENCIAL PARA APLICAÇÕES AGRÍCOLAS SUSTENTÁVEIS

Luiz Antonio Souza Santana[1]*; Davi Ferreira Amorim[1]; André Luis Celestino Santos[1]; Sinara Miranda Lima[2]; Lorena Araújo Peixoto Correia[3]; Paulo Roberto Ribeiro Mesquita[3]; Franceli da Silva[1]

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [2]Universidade Estadual de Feira de Santana. [3]Centro Tecnológico Agropecuário do Estado da Bahia. *tecluizsantana@gmail.com

Espécies nativas do gênero *Croton* L. representam importante patrimônio dos Recursos Genéticos Vegetais, pois reúnem variabilidade química associada à adaptação ecológica e ao potencial biotecnológico. A caracterização de metabólitos secundários em óleos essenciais contribui para a conservação, uso sustentável e agregação de valor à biodiversidade regional. O objetivo foi realizar a caracterização fitoquímica do óleo essencial de *Croton argyrophylus* e discutir a relevância ecológica dos compostos majoritários e suas perspectivas de uso na agricultura. Material vegetal coletado na comunidade de Guabiraba (10°57'37.3"S 40°23'25.9"W), município de Saúde-BA e herborizado sob o HURB 38805 e SISGEN A295E73. O óleo essencial foi obtido por hidrodestilação em aparelho de Clevenger por 2,5 h no laboratório de Fitoquímica (UFRB). A quantificação e identificação dos constituintes foram realizadas por CG-MS (Sistemas GC G3540A e MS 5977B, Agilent Technologies) e comparação com a biblioteca NIST20, no CETAB (Salvador-BA), em maio de 2025. O total identificado foi de 95,39%, evidenciando boa resolução analítica da amostra. Os compostos majoritários identificados foram: elemeno (11,18%), sabineno (10,92%), β-bisaboleno (8,87%), α-pineno (8,61%), limoneno (6,78%), humuleno (6,75%), cypereno (5,95%) e cariofileno (5,47%). Esse perfil rico em mono e sesquiterpenos sugere funções ecológicas relacionadas à defesa química contra herbívoros e microrganismos, sinalização planta-inseto e possível mediação de interações tróficas no ambiente semiárido. Do ponto de vista aplicado, esses compostos apresentam potencial para formulação de bioinsumos agrícolas, incluindo produtos com ações antifúngicas, repelentes e agentes de manejo integrado de pragas, além de uso em revestimentos naturais pós-colheita. Assim, a espécie se destaca como recurso genético promissor para inovação em produtos de base ecológica. O *Croton argyrophylus* apresentou perfil químico relevante e aplicável, reforçando a importância da bioprospecção fitoquímica de espécies nativas para conservação e uso estratégico dos recursos genéticos vegetais, com perspectivas concretas para o desenvolvimento de tecnologias agrícolas mais sustentáveis.

**Palavras-chave:** Bioprospecção; Biopotencial; Bioproduto.

**Agradecimentos:** CNPq/Capes/Projeto Nexus/UFRB/CETAB.

# RGV 064 - DESEMPENHO AGRONÔMICO DE CULTIVARES DE BANANA NA PRIMEIRA SAFRA EM PORTO GRANDE - AMAPÁ

Leomar Karine Reis da Cruz[1]*; Paulo Ricardo dos Santos[1]; Jackson de Araujo dos Santos[2]; Ianê Valente[1]; Maxwel Rodrigues Nascimento[1]; Natalino Reis[1]; Vitória Letícia Guimarães Ugarte[1]; Leandro Tavares Caldas[1]; Luiz Ramon Gama Carneiro[1]; José Reis[1]

[1]Instituto Federal do Amapá (IFAP), Campus Agrícola Porto Grande [2]Embrapa Amapá.
*kreis1351@gmail.com.

A bananeira (*Musa* spp. *L.*) apresenta grande relevância socioeconômica global e nacional, sendo o Brasil um dos principais produtores. No estado do Amapá, a cultura sofreu forte declínio após a introdução da sigatoka-negra (*Mycosphaerella fijiensis* Morelet (1969)), doença que compromete severamente a produtividade, especialmente em cultivares tradicionais suscetíveis. Recentemente, a introdução de novos materiais genéticos no Cerrado amapaense desenvolvidos pela Embrapa tem impulsionado a retomada da bananicultura local, sobretudo na agricultura familiar. Contudo, a produtividade média regional ainda é baixa, demandando avaliações locais de adaptabilidade. Neste cenário, objetivou-se avaliar o desempenho vegetativo e produtivo de seis cultivares de bananeira desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético da Embrapa Mandioca e Fruticultura e a cultivar FHIA 18, no município de Porto Grande, Amapá. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental do Instituto Federal do Amapá (IFAP) - *Campus* Porto Grande, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e parcelas de 13 plantas (espaçamento 3 x 3 m). Os tratamentos foram constituídos pelas cultivares: BRS Pacovan Ken, BRS Pacoua, FHIA 18, BRS Princesa, BRS Terra-Anã, BRS Conquista e BRS Japira, selecionadas por apresentarem resistência ou tolerância à sigatoka-negra e ao mal-do-panamá em sua grande maioria. No primeiro ciclo de produção, avaliaram-se características vegetativas (altura, diâmetro do pseudocaule e número de folhas viáveis) e componentes de rendimento (massas do cacho e engaço, número e peso de pencas, número de frutos, além de comprimento, diâmetro e massa de frutos da segunda penca). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). Os resultados revelaram divergência significativa entre os genótipos. A cultivar BRS Conquista apresentou nítida superioridade agronômica, sobressaindo-se com produtividade de 13,04 t $ha^{-1}$, peso de pencas de 10,54 kg $planta^{-1}$, além das maiores médias para número de pencas por cacho (11,5) e número de frutos por penca (14,3). Esse desempenho sugere elevada adaptação da cultivar às condições edafoclimáticas da região, aliada às características genéticas incorporadas pelo programa de melhoramento da Embrapa, especialmente aquelas relacionadas à resistência às principais doenças da cultura, favorecendo sua estabilidade produtiva. Logo, conclui-se que existe variabilidade fenotípica entre as cultivares avaliadas, com destaque para a 'BRS Conquista', que expressa elevado potencial produtivo e adaptativo para a região de Porto Grande, configurando-se como uma alternativa tecnológica estratégica para a superação dos gargalos fitossanitários e fortalecimento da bananicultura no Amapá.

**Palavras-chave:** *Musa* spp.; *Mycosphaerella fijiensis;* Fitossanidade.

**Agradecimentos:** IFAP - *Campus* Porto Grande; Embrapa Amapá; CNPq.

# RGV 067 - VIGOR INICIAL E MOMENTO DE COLHEITA NA CONSERVAÇÃO DA QUALIDADE DE SEMENTES DE FEIJÃO COMUM

Helen Sandi[1]*; Darlan Scussel[1]; Yasmin Pincegher Siega[1]; Volmir Kist[1]

[1]Instituto Federal Catarinense, Campus Concórdia. *helenc.sandi@gmail.com

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é espécie estratégica para a segurança alimentar e apresenta grande importância em sistemas de produção da agricultura familiar e empresarial. A conservação, multiplicação e uso de genótipos de feijão dependem da obtenção de sementes com elevada qualidade fisiológica, pois o vigor influencia o estabelecimento inicial das plantas, a uniformidade do estande e o potencial produtivo. Além disso, o momento de colheita pode afetar o desempenho agronômico e a qualidade das sementes das safras subsequentes. O objetivo do trabalho foi avaliar o efeito do vigor inicial das sementes e do momento de colheita sobre o desempenho agronômico das plantas e a qualidade fisiológica das sementes produzidas pelo genótipo BAF 42. O experimento foi conduzido na safra 2024/25, no Instituto Federal Catarinense - campus Concórdia, em delineamento de blocos casualizados, em esquema fatorial 2x3. O primeiro fator consistiu em dois níveis de vigor inicial das sementes (alto e baixo), obtidos pelo envelhecimento acelerado controlado. O segundo fator compreendeu três momentos de colheita: antecipada em cinco dias (com dessecação prévia), ponto de colheita mecanizada (≈16% de umidade) e colheita atrasada em 10 dias. Foram avaliadas altura de planta, número de vagens por planta, número de sementes por vagem, peso de mil sementes e produtividade, germinação, índice de velocidade de germinação (IVG), e envelhecimento acelerado. O vigor inicial das sementes não afetou os caracteres agronômicos, indicando que, sob condições ambientais favoráveis e com ajuste da densidade de plantas, o genótipo apresentou plasticidade para compensar as diferenças iniciais de vigor. Entretanto, o vigor da semente-mãe influenciou a qualidade fisiológica das sementes produzidas, com sementes oriundas de plantas de alto vigor apresentando superioridade em germinação e IVG. O momento de colheita afetou o número de vagens por planta, peso de mil sementes e produtividade. O ponto de colheita mecanizada foi o manejo mais equilibrado, por favorecer componentes de rendimento e preservar a qualidade fisiológica das sementes. A colheita atrasada reduziu o desempenho produtivo pela maior exposição das plantas às intempéries, enquanto a colheita antecipada comprometeu variáveis fisiológicas relevantes. Conclui-se que o momento de colheita é determinante para preservar o potencial agronômico e fisiológico de sementes do genótipo BAF 42. A colheita no ponto de colheita mecanizada constitui a estratégia mais adequada para a produção de sementes de maior qualidade, contribuindo para a conservação, multiplicação e uso de recursos genéticos de feijão comum.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; maturidade fisiológica; germinação.

# RGV 068 - ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM TESTE DE PROGÊNIES DE *Magonia pubescens*: SUBSÍDIOS PARA A CONSERVAÇÃO GENÉTICA *EX SITU*

Marilia Gabriela Pereira[1]*; Thayná Sayuri Shinohara Alves[1]; Francieli Alves Caldeira Saul[1]; Mirian Oliveira Santos[1]; Regivan Antonio de Saul[1]; Julia Araujo Petreca[1]; Alonso Ângelo da Silva[1]; Selma Maria Bozzite de Moraes[1]; Mario Luiz Teixeira de Moraes[1]

[1]Universidade Estadual Paulista - Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira.
*marilia.pereira@unesp.br

*Magonia pubescens* A.St.-Hil. é uma espécie arbórea nativa do Cerrado, adaptada a condições edafoclimáticas restritivas, sendo indicada para a recuperação de áreas degradadas, com potencial madeireiro e energético. Contudo, a escassez de informações sobre a base genética da espécie limita a definição de estratégias voltadas ao manejo dos recursos genéticos. O objetivo do trabalho foi estimar a variabilidade genética de uma população de segunda geração, originada a partir de um teste de progênies (TP-TIN) implantado em 2007 em área pertencente à Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira (FEIS-UNESP), em Selvíria-MS. Em 2022, sementes de 10 árvores do TP-TIN deram origem a dois testes de progênies, implantados em 2023: TP-Tingui-1, em blocos casualizados, com quatro repetições e parcelas de cinco plantas, e TP-Tingui-2, em blocos casualizados, com 10 repetições e parcelas de uma planta. Aos três anos, foram avaliadas a altura (ALT, m) e a sobrevivência. Os parâmetros genéticos foram estimados por meio do procedimento REML/BLUP, a partir da análise conjunta dos testes de progênies. A sobrevivência média foi de 88,7% e a média geral da altura foi de 0,75 m. A análise de verossimilhança (LRT) não detectou diferenças significativas entre progênies para ALT aos três anos (0,04$^{ns}$). As estimativas de herdabilidades individual ($\hat{h}_a^2$ = 0,01) e de média de progênies ($\hat{h}_{mp}^2$ = 0,03) foram baixas, enquanto os coeficientes de variação genética entre progênies ($CV_{gp}$ = 4,4%) e individual ($CV_{gi}$ = 8,9%) apresentaram valores reduzidos. O coeficiente de variação experimental ($CV_e$ = 33,46%) foi elevado, e a acurácia foi de 18,44%. Na idade avaliada, não foram observadas diferenças significativas entre as progênies para ALT. Contudo, em espécies arbóreas do Cerrado, os caracteres de crescimento podem apresentar maior expressão da variação genética à medida que a idade avança. Ressalta-se que o TP-TIN foi constituído por apenas 13 progênies, oriundas do resgate de uma população remanescente à margem de rodovia, sujeita a perturbações antrópicas. Assim, a conservação genética *ex situ* dessas progênies é essencial para a manutenção da variabilidade genética de *M. pubescens* e para subsidiar futuras estratégias de conservação, manejo e recuperação de áreas degradadas.

**Palavras-chave:** cerrado; tingui; variação genética.

**Agradecimentos:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001. À Pontal Flora (Presidente Venceslau-SP).

# RGV 069 - AVALIAÇÃO FENOLÓGICA DE 16 ACESSOS DE GUABIJUZEIROS [*Myrcianthes pungens* (O. Berg) D. Legrand]

Rodrigo Areze da Silva Santos[1]; Magnólia Aparecida Silva Da Silva[1]; Sergio Francisco Schwarz[1]*

[1]Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, Faculdade de Agronomia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre. *schwarz@ufrgs.br

A fenologia representa a interação entre genótipo e ambiente, manifestando-se nos diferentes estádios de desenvolvimento das plantas. Fornece informações antecipadas sobre as prováveis datas de colheita e indica o potencial de adaptação de uma espécie às condições climáticas específicas de cada região. O guabijuzeiro (*M. pungens*) é uma espécie frutífera nativa da Região Sul do Brasil, com reconhecido potencial alimentício e econômico. O objetivo deste trabalho foi avaliar a época e a duração dos estádios fenológicos de 16 acessos de guabijuzeiro pertencentes à coleção de trabalho da UFRGS, bem como caracterizar o padrão da curva de crescimento dos frutos. O estudo foi conduzido em Eldorado do Sul (RS), na Estação Experimental Agronômica da UFRGS, durante dois ciclos produtivos: 2018/2019 e 2019/2020. Essa pesquisa está registrada no SisGen sob o código AE7A83F. A coleção de guabijuzeiros, instalada em 2013, é composta por 16 acessos, provenientes de sementes coletadas em diferentes municípios do RS. O local apresenta clima subtropical úmido (Cfa), com temperatura média anual de 18,8 °C e precipitação média de 1.455 mm. As avaliações foram realizadas semanalmente, acompanhando as mudanças nos principais estádios de crescimento. Quatro plantas por acesso tiveram seu desenvolvimento monitorado ao longo de todo o ciclo. Os estádios fenológicos observados entre agosto e abril foram: crescimento vegetativo desde o desenvolvimento das gemas foliares, expansão das folhas e elongação do ramo principal; e crescimento reprodutivo desde o aparecimento das flores, floração, formação e maturação dos frutos. Para cada avaliação, a planta inteira foi observada em seus quatro quadrantes, considerando como critério que pelo menos 50% da planta apresentasse o mesmo estádio fenológico. A curva de crescimento dos frutos foi determinada por meio da medição do diâmetro transversal (equatorial). O crescimento dos frutos seguiu uma curva sigmóide simples. Em 2018/2019, o ciclo completo (vegetativo e reprodutivo) variou de 145 a 166 dias, com soma térmica (ST) entre 1.769 e 2.082 ºC. Já em 2019/2020, o ciclo variou de 139 a 170 dias, com ST de 1.713 a 2.211 ºC. O período de floração ocorreu de meados de outubro até o final de novembro, enquanto a colheita dos frutos concentrou-se entre o final de janeiro e meados de março. Os acessos G02 e G03 não floresceram nos ciclos avaliados. O acesso G13 destacou-se pelo comportamento mais precoce na maturação dos frutos, seguido por G01 e G11. Em contrapartida, os acessos G06 e G14 apresentaram maturação mais tardia.

**Palavras-chave:** Myrtaceae; caracterização; frutos do Brasil.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da CAPES - Código de Financiamento 001.

## RGV 070 - MORFOLOGIA DE SEMENTES DE ORQUÍDEAS NATIVAS DA MATA ATLÂNTICA

William Santos Cabral[1]*; Lis Macedo Mendes[1]; Elinton Soares Pontes[1]; Fernanda Espíndola Assumpção Bastos[1]; Luciana Pereira da Silva[1]; Fernanda Maria Cordeiro de Oliveira[1]; Rosete Pescador[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias - Florianópolis/SC - Brasil. *willsantoscab@gmail.com

Orchidaceae destaca-se como uma das maiores famílias botânicas, apresentando ampla distribuição geográfica e elevada diversidade de espécies. A Mata Atlântica constitui um dos principais centros de diversidade de orquídeas no Brasil, abrigando elevado número de espécies endêmicas. As sementes dessas espécies são extremamente pequenas e dispersas predominantemente pelo vento, apresentando características morfológicas de potencial interesse para estudos taxonômicos, ecológicos e de conservação. O presente estudo teve como objetivo caracterizar a morfologia das sementes de dez espécies de orquídeas nativas conservadas no Banco de Germoplasma do Núcleo de Pesquisa em Biotecnologia Vegetal da Universidade Federal de Santa Catarina (NPBV-UFSC). As sementes foram fixadas, desidratadas em álcool e posteriormente em acetona pura. Após secagem em bancada, as amostras foram montadas em stubs metálicos, metalizadas com ouro e analisadas em microscópio eletrônico de varredura. As análises evidenciaram diferenças marcantes na organização celular do tegumento entre as espécies avaliadas. *Bifrenaria tyrianthina* apresentou células delgadas e levemente torcidas, enquanto *Bulbophyllum exaltatum* exibiu sementes com organização espiralada. Em *Cirrhaea fasciolutea* observaram-se diferentes formatos de sementes, com células epidérmicas regulares recobertas por fina camada de cera epicuticular. *Cyrtopodium flavum* e *Cyrtopodium gigas* apresentaram células conspícuas e afiladas nas extremidades. Em *Encyclia patens*, as células mostraram-se alongadas e levemente alinhadas. *Epidendrum latilabrum* e *Epidendrum rigidum* apresentaram células estreitas e alongadas, sendo que nesta última espécie as sementes exibiram discreta conformação espiralada. *Gomesa flexuosa* apresentou células de paredes espessas formando elipses nas extremidades, enquanto *Rodriguezia decora* apresentou sementes alongadas com pequenos ganchos nas extremidades. As sementes apresentaram comprimento aproximado de 50 µm em *B. exaltatum*; 100 µm em *B. tyrianthina*, *C. fasciolutea*, *E. patens*, *E. latilabrum*, *E. rigidum* e *G. flexuosa*; e 200 µm em *C. flavum*, *C. gigas* e *R. decora*. Os gêneros apresentaram padrões distintos quanto à organização das células do tegumento, sugerindo que essas características estejam relacionadas ao estrato florestal ou ao ambiente ocupado pelas espécies. Os descritores morfológicos identificados constituem caracteres úteis para a caracterização de acessos conservados em bancos de germoplasma, subsidiando estudos de taxonomia, conservação *ex situ* e estratégias de manejo de recursos genéticos de Orchidaceae.

**Palavras-chave:** Orchidaceae; Restinga; Varredura.

**Agradecimentos:** UFSC; LFDGV; NPBV; LAVeg; LCME; FAPESC; CAPES; PPGRGV-UFSC.

# RGV 071 - UM NOVO REGISTRO DE ESTRUTURAS SECRETORAS FLORAIS EM BROMELIACEAE: OS COLÉTERES PETALÍNEOS DE *NEOGLAZIOVIA VARIEGATA* (ARRUDA) MEZ.

William Santos Cabral[1]*; Luiza Teixeira-Costa[2]; Makeli Garibotti Lusa[1]; Ana Claudia Rodrigues[1]; Fernanda Maria Cordeiro de Oliveira[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Biológicas - UFSC, Florianópolis/SC - Brasil. [2]Université Libre de Bruxelles -ULB, Bruxelas, Bélgica.
*willsantoscab@gmail.com

A Caatinga é um bioma brasileiro caracterizado pelo clima semiárido e por uma vegetação altamente adaptada à escassez hídrica e às altas temperaturas. Ocupando cerca de 10% do território nacional, o bioma abriga uma rica biodiversidade, na qual a família Bromeliaceae se destaca. Nesse ambiente, a maioria das bromélias possui hábito terrestre ou rupícola, sobrevivendo graças a especializações morfológicas e fisiológicas como a disposição das folhas em roseta, o metabolismo ácido das crassuláceas (CAM) e a presença de tricomas especializados. Embora os tricomas sejam amplamente documentados em órgãos vegetativos, e o nectário septal seja a estrutura secretora floral mais conhecida da família, estudos recentes têm revelado novos aparatos glandulares reprodutivos. Diante disso, este trabalho investigou as pétalas de Neoglaziovia variegata (Arruda) Mez, uma espécie endêmica do Brasil e nativa da Caatinga, que apresenta estruturas semelhantes a tricomas em seus botões florais desenvolvidos. Para compreender a estrutura, a composição e a função do exsudato, as pétalas foram submetidas a testes histoquímicos, processo de diafanização (clareamento) e análise em microscopia eletrônica de varredura (MEV), que envolveu a fixação, desidratação, secagem em ponto crítico e metalização com ouro das amostras. Os resultados e a revisão da literatura permitiram identificar essas estruturas como coléteres. Os dados sobre coléteres em Bromeliaceae ainda são escassos, com registros prévios limitados apenas ao eixo reprodutivo e às brácteas. Assim, os achados deste estudo revestem-se de grande importância botânica por representarem o provável primeiro registro de coléteres em pétalas na família Bromeliaceae, evidenciando estruturas com forte potencial sistemático, taxonômico e ecológico para a compreensão das adaptações desse grupo ao ambiente semiárido.

**Palavras-chave:** Flor; Secreção; Caatinga.

**Agradecimentos:** UFSC; CCB; LAVeg; PPGFAP; CAPES.

# RGV 072 - REVELANDO O PROCESSO DE DOMESTICAÇÃO E MELHORAMENTO DA *Feijoa sellowiana* NO URUGUAI

Clara Pritsch[1]*; Mauricio Pesce[1]; Magdalena Vaio[1]

[1]Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. *clara@fagro.edu.uy

*Feijoa sellowiana* (Myrtaceae), o feijoa, é uma árvore nativa do Uruguai, Brasil e Argentina. No Uruguai, os processos de domesticação provavelmente começaram já desde a década de 1850. A espécie foi propagada e plantada junto aos casarões de estâncias e sítios, como ornamental e frutífera, na área de influência de Montevidéu (no sul do Uruguai), e longe das áreas de distribuição das populações selvagens. Em particular, a primeira dispersão internacional da espécie em 1890 ocorreu a partir de material domesticado do Uruguai, submetido à propagação por estaquia aérea. Desde então, vários países têm relatado o desenvolvimento de cultivares de feijoa, enquanto, no Uruguai, o interesse renovado em sua domesticação e melhoramento é recente (desde os anos 2000), acompanhado de um aumento contínuo do interesse de produtores e consumidores pela espécie. Os níveis de diversidade genética em populações silvestres de feijoa no Uruguai são altos; no entanto, ainda não foi estabelecido qual foi a contribuição dessas populações nos processos de domesticação e melhoramento no país. Neste estudo preliminar, nosso objetivo foi conhecer as relações entre acessos silvestres, domesticados e cultivares de feijoa, por meio do sequenciamento e anotação dos plastomas de 33 acessos do Uruguai, Argentina, Brasil e Nova Zelândia. Várias cultivares da Nova Zelândia e da região sul do Uruguai compartilharam um dos dois haplótipos de cloroplasto identificados no Uruguai. O segundo haplótipo corresponde a um cultivar do Uruguai cuja mãe foi coletada em áreas silvestres do norte do país. Além disso, os acessos do Uruguai e os de Misiones, na Argentina, foram atribuídos a um mesmo haplogrupo, indicando uma possível via de dispersão natural ou antrópica da espécie através da bacia do rio Uruguai; enquanto, em geral, o grupo de acessões do Brasil se diferenciou claramente do restante, provavelmente associado a processos evolutivos históricos, que explicam sua distribuição nos biomas Pampa e Mata Atlântica, respectivamente. Este trabalho contribui para o conhecimento da história evolutiva da feijoa, assim como dos processos recentes de domesticação e melhoramento genético.

**Palavras-chave:** feijoa; plastoma; diversidade.

**Agradecimentos:** CSIC Udelar.

# RGV 073 - ANÁLISE DA VARIAÇÃO ESPACIAL E TEMPORAL DA ACIDEZ TITULÁVEL EM FOLHAS VARIEGADAS DE *Aechmea comata* var. *makoyana*

Jamille da Silva Marques[1]*; Ingrid Lohani Degering Brand[1]; Taina Burgardt[1]; William Santos Cabral[1]; Tainá Caroline Khun[1]; Isabele de Rosa Schadek[1]; Lenita Cabral dos Anjos[1]; Thiago Sanches Ornelas[1]; Paulo Mioto[1]; Rosete Pescador[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Florianópolis, SC, Brasil.
*jamille.biologia@gmail.com

A família Bromeliaceae apresenta ampla diversidade fisiológica, destacando-se pela ocorrência do metabolismo ácido das crassuláceas (CAM), uma importante estratégia adaptativa para ambientes sujeitos à limitação hídrica. O objetivo deste trabalho foi avaliar as variações espaciais e temporais da acidez titulável em folhas variegadas de *Aechmea comata* var. *makoyana*, analisando de forma integrada a influência simultânea da posição anatômica foliar (ápice vs. base), do tipo de tecido (verde vs. branco) e do período cronológico de amostragem (manhã vs. tarde). As folhas adultas, organizadas em roseta com formação de pequeno tanque central, foram segmentadas nos tratamentos ápice verde (AV), ápice branco (AB), base verde (BV) e base branca (BB), coletadas nos turnos matutino e vespertino. A acidez foi determinada por titulação volumétrica de extratos aquosos homogeneizados, utilizando uma solução padronizada de NaOH 0,02 mol $L^{-1}$ como agente titulante, com valores normalizados por massa fresca e expressos em mmol $H^{+}$ $g^{-1}$ MF. Os resultados demonstraram maior acidez nas regiões apicais em comparação às basais em ambos os períodos, registrando as seguintes médias pela manhã e tarde, respectivamente: AV (0,0909 e 0,1074), AB (0,0626 e 0,0680), BV (0,0276 e 0,0236) e BB (0,0302 e 0,0165). O agrupamento por posição evidenciou que o contraste proximal-distal foi o fator mais marcante no experimento, indicando que a maturação celular avançada e a consolidação da capacidade vacuolar ao longo do eixo foliar determinam a dinâmica de acúmulo de solutos. Os tecidos verdes exibiram maior acidez média geral que os brancos, sugerindo maior capacidade metabólica associada aos tecidos fotossinteticamente ativos. Contudo, as áreas brancas mantiveram acidez mensurável, o que indica translocação de fotoassimilados de regiões adjacentes ou atividade metabólica residual. A comparação temporal não revelou desacidificação diurna uniforme, com médias vespertinas superiores ou estáveis no ápice, descaracterizando uma expressão CAM clássica e robusta nas condições avaliadas. Esse comportamento indica uma fraca atividade do ciclo ácido ou uma acentuada plasticidade modulada pela alta disponibilidade hídrica e ausência de estresse na casa de vegetação. Os resultados evidenciam que a posição anatômica constitui o principal fator determinante da distribuição espacial da acidez titulável em *Aechmea comata* var. *makoyana*, enquanto a variegação foliar exerce influência secundária, indicando elevada plasticidade fisiológica do metabolismo CAM sob condições de cultivo sem estresse hídrico.

**Palavras-chave:** Bromeliaceae; Metabolismo CAM; Variegação foliar.

**Agradecimentos:** À UFSC, CCA, PPGRGV, LDGV e NPBV pela estrutura física e acadêmica, e, pelo suporte, concessão de bolsas e fomento à pesquisa, à FAPESC e à CAPES.

# RGV 074 - *RANDOM FOREST* APLICADO A UM PROBLEMA DE CLASSIFICAÇÃO GENOTÍPICA EM GOIABEIRA-SERRANA

Rita Carolina de Melo[1]*; Gustavo Henrique Mozzer Regazolli[1]; Matheus Ribeiro da Silva[1]; Rubia Sara Jankovski[1]; Jussara Érica Vezaro[1]; Isabella Turatto Becker[1]; Everton Soares[1]; Daniel de Oliveira Garcia[1]; Kelen Haygert Lencina[1]; Karine Louise dos Santos[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos. *rita.melo@ufsc.br

A ampla variabilidade genética da goiabeira-serrana (*Feijoa sellowiana*) constitui um importante recurso para programas de conservação e melhoramento genético. Contudo, a classificação de genótipos superiores depende de extensas avaliações fenotípicas, influenciadas pelo ambiente. O emprego de técnicas de aprendizado de máquina pode auxiliar na exploração dessa variabilidade. O objetivo do estudo foi classificar genótipos de goiabeira-serrana quanto ao desempenho produtivo a partir do algoritmo Random Forest. Foram utilizados dados obtidos da fenotipagem em dois anos de pelo menos 70 genótipos de goiabeira-serrana, com aproximadamente 50 frutos por planta, quanto aos caracteres: peso total do fruto (PT), peso da polpa (PP), diâmetro longitudinal do fruto (DL), diâmetro equatorial do fruto (DE) e nota de ataque da mosca das frutas (AM). Os genótipos foram ranqueados pelo peso médio de polpa e classificados como “Superiores” (25% mais produtivos) ou “Não superiores”, constituindo a classe de seleção. O conjunto de dados foi separado em treinamento (dados 2025) e validação (dados 2026) para aplicação do algoritmo *Random Forest*, tendo como preditores PT, DL, DE e AM, e como variável resposta a classe de seleção (Superior e Não superior). O modelo foi ajustado com 1000 árvores e a importância das variáveis foi estimada pela redução média da acurácia e do índice de Gini. O modelo revelou uma acurácia global de 87%, significativamente superior à obtida pelo classificador baseado na classe majoritária (*No Information Rate*; $p$=0,0023), evidenciando a capacidade de discriminar genótipos. A sensibilidade foi 98%, indicando elevada eficiência na identificação dos genótipos superiores. Em contrapartida, a especificidade foi 57%, demonstrando menor reconhecimento de genótipos não superiores (falsos positivos). O índice de Kappa foi 63%, indicando concordância substancial entre as classes observadas e preditas. Entre as características mais informativas do modelo, encontram-se PT e DE, sugerindo que esses caracteres possuem maior poder discriminatório para identificar genótipos superiores. Os resultados indicam que o *Random Forest* apresenta potencial para a seleção precoce de genótipos, reduzindo avaliações fenotípicas extensas e contribuindo para aumentar a eficiência da utilização de recursos genéticos.

**Palavras-chave:** *Acca sellowiana*; aprendizado de máquina; matriz de confusão.

**Agradecimentos:** Programa de Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais (PPGEAN/UFSC/Campus Curitibanos) e FAPESC 21/2024 -TO2024TR002660.

**RGV 075 - POTENCIAL PROPAGATIVO DE PROGÊNIES DE *Feijoa sellowiana* (O. Berg) O. Berg**

Rita Carolina de Melo[1]*; Gustavo Henrique Mozzer Regazolli[1]; Leonardo Ribeiro[1]; Matheus Ribeiro da Silva[1]; Caio Nunes Pereira[1]; Rafael Pereira Fontoura[1]; Gabriela Rodrigues Sonda[1]; Leonardo Araujo[2]; Karine Louise dos Santos[1]; Kelen Haygert Lencina[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos. [2]Epagri, São Joaquim, SC.
*rita.melo@ufsc.br

Considerar o potencial propagativo de genótipos superiores em programas de melhoramento de espécies frutíferas antecipa possíveis problemas relacionados à clonagem dos cultivares desenvolvidos. Este problema tem sido relatado em inúmeros recursos genéticos nativos, como por exemplo, em *Feijoa sellowiana*. A avaliação precoce do enraizamento adventício de miniestacas auxilia na eliminação de genótipos recalcitrantes a essa forma de propagação, garantindo que permaneçam no programa de melhoramento apenas aqueles com maior capacidade propagativa. Esse estudo teve como objetivo investigar o enraizamento adventício em miniestacas de diferentes progênies de *F. sellowiana*. Para tal, foram coletados propágulos vegetativos, na primavera, em minijardim clonal de origem seminal, formado por diferentes progênies de, aproximadamente, 4 anos. A base dos propágulos foi imersa em solução de 4.000 mg $L^{-1}$ de polivinilpirrolidona durante 60 min. Em seguida, foram confeccionadas estacas, que tiveram sua base imersa em solução de 2.000 mg $L^{-1}$ de ácido indolbutírico por 10 seg., e levadas para bandejas com substrato sob delineamento inteiramente casualizado (DIC), com 7 tratamentos (progênies: A1, C1, H1, J1, M1, N1, P1) e repetições desbalanceadas, variando de 24 a 36, com uma estaca por repetição. As bandejas foram mantidas em casa de nebulização programada por 30 dias até o momento da avaliação, no qual avaliou-se a sobrevivência (SO) e o enraizamento (EN). Foi realizada regressão logística para a análise de ambas as variáveis. As progênies diferiram em relação à SO [$X^2(6, 205) = 24,57$; $p = 0,0004$] e ao EN [$X^2(6, 205) = 40,88$; $p < 0,0001$]. Para SO, apenas duas progênies diferiram entre si, P1 (94,44%) e A1 (57,14%) [*Odds ratio* = 10,50; $p = 0,0350$]. Para o EN, P1 (50,00%) diferiu de A1 (10,71%), N1 (8,33%), J1 (5,55%) e M1 (3,57%), com a maior diferença encontrada em comparação com M1 [*Odds ratio* = 18,30; $p = 0,0250$]. Esses resultados evidenciam a importância do componente genético no potencial propagativo de *F. sellowiana*, destacando, sobretudo, a importância de considerar este caráter na seleção precoce de genótipos em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** *Acca sellowiana*; propagação vegetativa; miniestaquia.

**Agradecimentos:** Programa de Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais (PPGEAN/UFSC/Campus Curitibanos), CNPq, FAPESC e Epagri.

# RGV 076 - PREDIÇÃO DO PESO DE POLPA EM FRUTOS DE FEIJOA POR *RANDOM FOREST*

Gustavo Henrique Mozzer Regazolli[1]*; Matheus Ribeiro da Silva[1]; João Antonio Rodrigues Santos[1]; Yanka Gabryella de Souza Pinheiro[1]; Maria Luiza Zamboni da Rocha[1]; Leonardo Araujo[2]; Kelen Haygert Lencina[1]; Karine Louise dos Santos[1]; Rita Carolina de Melo[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos. [2]Epagri, São Joaquim, SC.
*gustavohenriquemozzerregazolli@gmail.com

Em programas de melhoramento vegetal, esforços são alocados para predição de variáveis fenotípicas de difícil obtenção com base em variáveis de fácil obtenção. Para essa finalidade, são utilizados modelos de regressão linear. No entanto, estes possuem limitações em se adequar às estruturas de dados complexos e com alta dimensionalidade, comuns na fenotipagem de recursos genéticos nativos, como *Feijoa sellowiana*. Uma alternativa a essas limitações são os modelos de *machine learning*, como o algoritmo *Random Forest* (RF). Neste sentido, o estudo teve como objetivo predizer o peso de polpa de frutos de *F. sellowiana* por meio de variáveis de fácil obtenção, a partir de modelos de regressão linear múltipla e *Random Forest*. Para tal, foram utilizados bancos de dados de treinamento e validação com dados dos anos de 2025 e 2026, respectivamente, de genótipos de *F. sellowiana*. Foram considerados os caracteres diâmetro longitudinal (DL) e equatorial (DE), peso total (PT) e de polpa (PP) de frutos e nota de ataque de mosca das frutas (AM). A capacidade de generalização foi avaliada na etapa de validação por meio das métricas de coeficiente de determinação ($R^2$) e raiz do erro quadrático médio (RMSE). No modelo de regressão foram testados a normalidade da distribuição dos resíduos (Shapiro-Wilk) e a homoscedasticidade (Breusch-Pagan). Para o modelo RF, foi calculada a variância explicada e a importância das variáveis preditoras por meio do aumento do Erro Quadrático Médio após permutação (%IncMSE). O RF apresentou $R^2$ de 0,77 e RMSE de 2,27, enquanto o modelo de regressão linear múltipla, 0,76 e 2,29. Apesar de valores semelhantes de desempenho, o modelo de regressão linear não atendeu aos pressupostos de normalidade da distribuição dos resíduos [W = 0,6712; $p < 0,0001$] e nem de homoscedasticidade [BP = 70,4210; gl = 4; $p < 0,0001$] indicando a não adequação deste modelo. A variância explicada pelo RF foi de 56,33%, sendo as variáveis de maior importância PT (%IncMSE = 32,71%) e o DE (%IncMSE = 25,38%). A variável com menor importância foi AM (%IncMSE = 4,57%), demonstrando sua baixa capacidade de predição. Os resultados demonstram que a variável AM tem baixo potencial de explicação para o peso de polpa e o algoritmo RF é uma alternativa viável aos desafios encontrados à adequação de modelos de regressão linear em dados de grande dimensionalidade e complexidade.

**Palavras-chave:** *Acca sellowiana*; melhoramento genético; *machine learning*.

**Agradecimentos:** PPGEAN/UFSC, CNPq e FAPESC 21/2024 -TO2024TR002660.

# RGV 077 - DIÂMETRO DE ÁRVORES DE *Zeyheria tuberculosa* (Vell.) Bureau ex Verl. EM UM TESTE DE PROGÊNIES NO SUL DE MINAS GERAIS

Lavínia Barbosa Oliveira[1]*; Laís Lara Jesus Barros Freitas[1]; Adriene de Oliveira Bastos[1]; Paulo Victor Evangelista de Castilho[1]; Emanuelle Torres Leal[1]; Carolina Rafaela Barroco Soares[1]; Iago Velho de Lima[1]; João Marcos Von Pinho Hostalácio[1]; Adelson Lemes da Silva Júnior[1]; Lucas Amaral de Melo[1]

[1]Universidade Federal de Lavras, Departamento de Ciências Florestais, Lavras, Minas Gerais, Brasil. *laviniabarbosaoliveira@gmail.com

*Zeyheria tuberculosa* (Vell.) Bureau ex Verl., conhecida como ipê-felpudo, é uma espécie arbórea nativa com importância ecológica, relevante como recurso genético e com potencial econômico. Contudo, ainda são escassas as informações sobre a variabilidade de seus materiais genéticos em plantios. Portanto, objetivou-se avaliar o DAP de progênies de meios-irmãos de *Z. tuberculosa*, em um plantio no Sul de Minas Gerais, a fim de dar subsídios para a conservação de recursos genéticos e o melhoramento florestal da espécie. As sementes foram coletadas em 64 árvores-matrizes selecionadas fenotipicamente, considerando vigor e sanidade, sendo as mudas produzidas no Viveiro Florestal da Universidade Federal de Lavras. Na sequência, um experimento em campo foi instalado com delineamento em blocos casualizados, com 64 progênies, em 15 repetições e parcelas de planta única. Aos quatro anos após o plantio, o DAP (cm) foi mensurado e os dados foram submetidos à análise de variância (ANAVA) e ao teste de *Scott-Knott* a 5% de probabilidade de erro, no software R. Os resultados da ANAVA indicam que houve diferenças significativas entre as progênies, sendo agrupadas em dois grupos: o grupo “a”, composto por 38 progênies, apresentando média de 8,27 cm, e o grupo “b”, com 26 progênies, apresentando média de 6,94 cm, indicando potencial para seleção de materiais superiores. Conclui-se que a variabilidade fenotípica observada entre as progênies de meios-irmãos de *Z. tuberculosa* evidencia a importância da avaliação de materiais genéticos para a identificação de genótipos superiores e dá a possibilidade de exploração dos parâmetros genéticos, subsidiando estratégias de conservação, uso sustentável e melhoramento genético para *Z. tuberculosa*.

**Palavras-chave:** Adaptação; Diversificação; Melhoramento Florestal.

**Agradecimentos:** UFLA, Capes e FAPEMIG - APQ-05543-24.

# RGV 078 - ÉPOCA DE COLETA EM MINIESTAQUIA DE *Feijoa sellowiana* (O. Berg) O. Berg

Gustavo Henrique Mozzer Regazolli[1]*; Matheus Ribeiro da Silva[1]; Levi Lemuel de Souza Costa[1]; Carolina Prado de Almeida[1]; Sofia Ribeiro da Silva[1]; Arthur Rohden Carvalho Ferreira[1]; Rita Carolina de Melo[1]; Karine Louise dos Santos[1]; Kelen Haygert Lencina[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Campus Curitibanos.
*gustavohenriquemozzerregazolli@gmail.com

Estabelecer protocolos de propagação vegetativa é imprescindível para aumentar a taxa de sucesso de clonagem de genótipos superiores de *Feijoa sellowiana*. Para isso, é necessário estudar os fatores que interferem nesse processo. Dentre os fatores, a época de coleta de material se mostrou influente em genótipos uruguaios. No entanto, é necessário investigar a influência desse fator em genótipos brasileiros. Assim, o estudo teve como objetivo determinar o efeito da época de coleta sobre o enraizamento adventício de miniestacas de genótipos brasileiros de *F. sellowiana*. Foram coletados propágulos vegetativos em minijardim clonal de origem seminal, de aproximadamente 4 anos, nas quatro estações do ano. A base dos propágulos foi imersa em solução de 4.000 mg $L^{-1}$ de polivinilpirrolidona durante 60 min. Em seguida, foram confeccionadas miniestacas, que tiveram sua base imersa em solução de 2.000 mg $L^{-1}$ de ácido indolbutírico durante 10 seg. Em seguida, as miniestacas foram implantadas em substrato para o enraizamento. O delineamento experimental utilizado foi o DIC, com repetições variando de 140 a 220 miniestacas. Os propágulos foram mantidos em casa de nebulização programada por 30 dias até o momento da avaliação. As variáveis avaliadas foram sobrevivência (SO) e enraizamento (EN). Foi realizada regressão logística para a análise de ambas as variáveis. A época de coleta teve efeito sobre a SO [$X^2(3, 788) = 36,98$; $p < 0,0001$] e sobre o EN [$X^2(3, 788) = 50,32$; $p < 0,0001$]. A SO encontrada no inverno (98,18%) foi superior à encontrada no verão (90,00%) [Razão de Chances (*Odds ratio* - *OR*) = 6,00; $p = 0,0100$] e na primavera (85,38%) [$OR = 9,25$; $p < 0,0001$]. A melhor época de coleta para o EN foi a primavera (14,15%) com a menor diferença encontrada em comparação ao outono (4,09%) [$OR = 3,72$; $p = 0,0037$] e a maior diferença em comparação ao inverno (0,00%) [$OR = 73,70$; $p = 0,0143$]. Os resultados demonstraram a importância de considerar o fator época de coleta durante a elaboração de um protocolo de propagação vegetativa para os genótipos brasileiros de *F. sellowiana*. Esse conhecimento pode ser expandido a outros recursos genéticos de interesse econômico. A época de coleta teve efeito sobre a capacidade de propagação vegetativa em genótipos brasileiros de *F. sellowiana*, sendo a primavera e o outono épocas de coleta potenciais para o maior enraizamento.

**Palavras-chave:** *Acca sellowiana*; propagação vegetativa; miniestaquia.

**Agradecimentos:** PPGEAN/UFSC, CNPq, FAPESC e Epagri.

# RGV 079 - AVALIAÇÃO DE MÉTODOS DE PREPARO DE AMOSTRAS PARA EXTRAÇÃO DE DNA EM *Bertholletia excelsa* Bonpl

Lavínia Barbosa Oliveira[1]*; Carolina Rafaela Barroco Soares[1]; Letícia Martins Mizael[1]; Dhandara Antonieta Rodrigues Arcanjo[2]; Laís Lara Jesus Barros Freitas[1]; Adriene de Oliveira Bastos[1]; Gabriel de Resende Baroni[1]; Paulo Victor Evangelista de Castilho[1]; Adelson Lemes da Silva Júnior[1]; Lucas Amaral de Melo[1]

[1]Universidade Federal de Lavras, Departamento de Ciências Florestais, Lavras, Minas Gerais, Brasil. [2]Universidade Federal de Lavras, Departamento de Biologia, Lavras, Minas Gerais, Brasil. *laviniabarbosaoliveira@gmail.com

*Bertholletia excelsa* Bonpl. (castanheira-do-Brasil) é uma espécie florestal nativa que apresenta potencial econômico, principalmente pela produção de castanhas, e com perspectivas de cultivo em regiões além de sua área de ocorrência natural. Nesse contexto, estudos genéticos são importantes para subsidiar estratégias de conservação e melhoramento genético. A obtenção de DNA de qualidade representa uma etapa essencial dessas pesquisas, tornando necessária a padronização de protocolos de extração para a espécie. Assim, o objetivo deste trabalho foi comparar a concentração e a qualidade do DNA obtido por dois procedimentos de preparo de amostras foliares utilizando o protocolo CTAB (brometo de cetiltrimetilamônio). Foram coletadas folhas de árvores de *B. excelsa* estabelecidas em um plantio localizado na Universidade Federal de Lavras, um dos poucos registros de indivíduos em produção cultivados em ambiente extra-amazônico. Foram avaliadas duas amostras de folhas frescas e congeladas, maceradas manualmente em almofariz e pistilo com adição de areia de quartzo lavada e autoclavada, e duas amostras de folhas previamente desidratadas em sílica gel, maceradas em TissueLyser. A concentração e a pureza do DNA foram determinadas em espectrofotômetro NanoDrop. As amostras de folhas frescas apresentaram concentrações de 854,4 e 1292,4 ng $\mu L^{-1}$ (média = 1073,4 ng $\mu L^{-1}$), enquanto as folhas desidratadas apresentaram concentrações de 399,1 e 497,3 ng $\mu L^{-1}$ (média = 448,2 ng $\mu L^{-1}$). As razões médias A260/A280 foram de 1,89 para folhas frescas e 1,91 para folhas desidratadas, indicando adequada pureza quanto à contaminação por proteínas. As razões médias A260/A230 foram de 2,23 e 1,88, respectivamente, indicando menor contaminação por compostos fenólicos, polissacarídeos e resíduos dos reagentes de extração nas amostras de folhas frescas. Ambos os procedimentos permitiram a obtenção de DNA com qualidade compatível para análises moleculares, porém, nas condições avaliadas, o uso de folhas frescas ou congeladas associado à maceração manual resultou em maior rendimento de DNA e melhores índices de pureza, constituindo uma alternativa para estudos de diversidade genética, conservação e melhoramento de *B. excelsa*.

**Palavras-chave:** Castanha; Conservação genética; Protocolo CTAB.

**Agradecimentos:** UFLA, Capes e FAPEMIG.

# RGV 080 - PERFIL QUÍMICO E RENDIMENTO DE ÓLEOS ESSENCIAIS DE PITANGA E ARAÇÁ COM POTENCIAL PARA APLICAÇÕES EM BIOPRODUTOS

Gabriela Peres Benecioto[1]*; Cícero Deschamps[2]; Roger Cipriano[3]; Nelson Feldberg[4]; Juliana Degenhardt[5]; Cristiane Helm[6]

[1]Estudante de graduação em Biotecnologia, Pontifícia Universidade Católica do Paraná. [2]Professor da Universidade Federal do Paraná. [3]Técnico de laboratório da Universidade Federal do Paraná. [4]Analista na Embrapa Clima Temperado. [5]Pesquisadora na Embrapa Florestas. [6]Pesquisadora na Embrapa Florestas. *gabi.peresben@hotmail.com

Óleos essenciais de espécies nativas brasileiras constituem importantes recursos genéticos com potencial para seleção de germoplasma e agregação de valor em cadeias produtivas baseadas em bioprodutos. Este estudo avaliou a variabilidade no rendimento e no perfil químico de óleos essenciais foliares de *Eugenia uniflora* L. (pitanga) e *Psidium cattleyanum* Sabine (araçá). Foram analisadas duas cultivares de pitanga (PT61 e PT161) e sete genótipos de araçá, incluindo Bicudo, seleções 28, 09 e 14, além das cultivares comerciais Yaci e Irapuã. A maior representatividade de genótipos em araçá permitiu maior resolução na avaliação da variabilidade intraespecífica em comparação à pitanga. Após a secagem, as amostras foram submetidas à hidrodestilação em aparelho tipo Clevenger para extração dos óleos essenciais. A composição química foi determinada por cromatografia gasosa, com identificação dos compostos por parâmetros cromatográficos, padrões e/ou dados da literatura. A composição relativa foi expressa como porcentagem da área total dos picos. Os resultados evidenciaram variabilidade no rendimento de óleo essencial, com maiores valores observados em araçá (até 0,19%) em relação à pitanga (0,01-0,04%). Entre os genótipos de araçá, a cultivar Yaci apresentou o maior rendimento de óleo essencial, enquanto Irapuã apresentou valores intermediários, evidenciando ampla variabilidade entre os materiais avaliados. A análise química revelou diferenciação entre genótipos e espécies, com predominância de sesquiterpenos. Em pitanga, predominou germacreno D-4-ol (até 29,21%), seguido por germacrona, thujopsan-2-α-ol, γ-eudesmol e α-cadinol, evidenciando diferenças quantitativas entre as cultivares avaliadas. No araçá predominaram (E)-cariofileno (21,58-40,37%), α-humuleno, óxido de cariofileno e α-muurolol, caracterizando distintos perfis metabólicos e químicos, com potencial para caracterização de quimiotipos. Os resultados demonstram expressiva variabilidade genética associada ao rendimento e à composição dos óleos essenciais, evidenciando genótipos promissores para seleção de germoplasma e uso em programas de melhoramento visando padronização química e desenvolvimento de bioprodutos a partir de espécies nativas brasileiras.

**Palavras-chave:** Cromatografia líquida de alta eficiência (CLAE); Sesquiterpenos; Metabólitos secundários.

**Agradecimentos:** Embrapa.

# RGV 081 - METABOLOMA ASSOCIADO À COMPETÊNCIA EMBRIOGÊNICA DE LINHAGENS DE *Pinus elliottii* CARACTERIZADO POR CROMATOGRAFIA GASOSA ACOPLADA À ESPECTROMETRIA DE MASSAS

Ana Clara da Silva[1]; Alessandra Ribas[2]; Fabricio Hansel[3]; Gabriela Peres Benecioto[4]*; Izabelle Colmanetti[5]; João Carlos Bespalhok Filho[6]; Juliana Degenhardt[7]

[1]Mestre pela Universidade Federal do Paraná. [2]Professora da Universidade Federal do Paraná. [3]Analista na Embrapa Florestas. [4]Estudante de graduação em Biotecnologia, Pontifícia Universidade Católica do Paraná. [5]Mestre pela Universidade Federal do Paraná. [6]Professor da Universidade Federal do Paraná. [7]Pesquisadora na Embrapa Florestas.
*gabi.peresben@hotmail.com

A embriogênese somática é uma ferramenta estratégica para a conservação e propagação clonal de recursos genéticos florestais, porém sua eficiência depende da competência embriogênica das linhagens. Neste estudo, objetivou-se caracterizar o perfil metabolômico de linhagens embriogênicas de *Pinus elliottii* Engelm. e identificar assinaturas metabólicas associadas à proliferação, à maturação e à perda da competência embriogênica. Foram avaliadas quatro linhagens (L12, L15, L23 e LAS2), sendo a LAS2 utilizada como referência de perda de competência devido ao maior tempo de manutenção *in vitro*. O perfil metabólico foi obtido por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (GC-MS), utilizando três repetições biológicas e duas técnicas por amostra. Foram identificados 117 metabólitos, dos quais 33 diferiram significativamente entre as linhagens ($p < 0,001$). Os dois primeiros componentes da análise de componentes principais explicaram 66,8% da variabilidade total e evidenciaram clara separação metabólica entre os materiais avaliados. A linhagem L15, que apresentou maior capacidade de proliferação em meio de cultura, apresentou maiores concentrações de GABA e ácido bórico. Em contraste, a linhagem L23, a única que formou embriões somáticos durante a fase de maturação, apresentou maiores concentrações de glicose, galactose, arabinose, xilose, frutose e manose, sugerindo alterações no metabolismo de carboidratos. A linhagem L12 acumulou sacarose, prolina, mio-inositol e aminoácidos, porém não apresentou formação de embriões nas condições avaliadas, enquanto a LAS2 exibiu perfil metabólico intermediário, compatível com a redução da competência embriogênica observada após longo período de cultivo. Os resultados demonstram que linhagens com diferentes desempenhos durante a embriogênese somática apresentam assinaturas metabolômicas distintas, indicando que metabólitos relacionados ao metabolismo de carboidratos, aminoácidos e compostos de resposta ao estresse constituem potenciais marcadores bioquímicos para seleção precoce de linhagens em programas de propagação e conservação de recursos genéticos florestais.

**Palavras-chave:** Embriogênese somática; GC-MS; Metabolismo primário.

**Agradecimentos:** Fundo Cooperativo para Melhoramento de Pínus (Funpinus).

# RGV 082 - PROLINA EM ACESSOS DE GLIRICIDIA SOB ESTRESSE SALINO: SUBSÍDIOS À CONSERVAÇÃO GENÉTICA

Rafaela da Mota Andrade[1]*; Bruno Trindade Cardoso[2]; Evandro Neves Muniz[2]; Ana Veruska Cruz da Silva[2]; Ana da Silva Ledo[2]

[1]Universidade Federal de Sergipe. [2]Embrapa Tabuleiros Costeiros.
*rafaelamotaagro@gmail.com

A salinidade do solo afeta mais de 1,4 bilhão de hectares globalmente, ameaçando a biodiversidade e a produtividade agrícola, especialmente em regiões semiáridas. Nesse contexto, a conservação de recursos genéticos de espécies adaptadas a condições adversas torna-se estratégica para a segurança alimentar e a sustentabilidade agroecossistêmica. A gliricídia (*Gliricidia sepium*) é uma leguminosa arbórea com ampla variabilidade genética, elevado potencial para fixação biológica de nitrogênio e reconhecida adaptação a solos degradados, constituindo recurso genético de alto valor para sistemas agroflorestais e recuperação de áreas salinizadas. O presente estudo avaliou o acúmulo de prolina (um osmoprotetor diretamente associado à tolerância ao estresse salino) em folhas e caules de microestacas de dois acessos de gliricídia (Dores e Vitrine), cultivados *in vitro* sob diferentes concentrações de NaCl (0, 100, 150, 200 e 250 mM). A quantificação da prolina foi realizada aos 60 dias pelo método de Bates et al. (1973), demonstrando respostas diferenciais entre os acessos: o acesso Dores apresentou maior acúmulo foliar sob estresse moderado (100 mM) e ambos os acessos demonstraram correlação linear positiva entre a concentração salina e o acúmulo de prolina no caule ($R^2$ = 0,87 e 0,79, respectivamente), indicando ativação de mecanismos osmoprotetores. O acesso Vitrine mostrou maior teor de prolina no controle, com redução sob salinidade, sugerindo menor tolerância. Esses resultados evidenciam a variabilidade genética intraespecífica quanto à capacidade de ajuste osmótico, reforçando a importância da caracterização de acessos em bancos de germoplasma para identificar materiais com maior resiliência. A cultura de tecidos é uma ferramenta eficaz para triagem precoce de tolerância à salinidade, contribuindo para a conservação *ex situ* e uso sustentável da diversidade genética de gliricídia, especialmente em cenários de mudanças climáticas que intensificam a salinização dos solos. A prolina é um marcador bioquímico promissor para auxiliar programas de conservação e melhoramento, permitindo a seleção de genótipos com potencial para compor coleções núcleo e serem utilizados em programas de restauração ecológica e agricultura em áreas degradadas.

**Palavras-chave:** *Gliricidia sepium*; variabilidade genética; osmoproteção.

**Agradecimentos:** Universidade Federal de Sergipe, Embrapa e CNPq.

# RGV 083 - CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA DE GLIRICIDIA: RESPOSTAS AO ESTRESSE HÍDRICO

Rafaela da Mota Andrade[1]*; Fabio Cleisto Alda Dossi[3]; Evandro Neves Muniz[2]; Ana da Silva Ledo[2]

[1]Universidade Federal de Sergipe. [2]Embrapa Tabuleiros Costeiros. [3]Universidade Tiradentes.
*rafaelamotaagro@gmail.com

O estresse hídrico, intensificado pelas mudanças climáticas, representa uma das principais ameaças à biodiversidade e à segurança alimentar, especialmente em regiões semiáridas. Nesse cenário, a conservação de recursos genéticos de espécies adaptadas à escassez hídrica torna-se estratégica para o desenvolvimento de sistemas agrícolas resilientes. A *Gliricidia sepium* é uma leguminosa arbórea de ampla distribuição nos trópicos, reconhecida por seu potencial em sistemas agroflorestais, recuperação de áreas degradadas e fixação biológica de nitrogênio, constituindo recurso genético de alto valor socioeconômico e ecológico. O presente estudo avaliou os efeitos do déficit hídrico induzido por diferentes concentrações de PEG 6000 (0, 70, 140 e 210 g/L) sobre sementes e plântulas de *G. sepium* cultivadas *in vitro*, por meio de análises morfológicas, histológicas e ultraestruturais (MEV). Os resultados revelaram que o aumento da concentração de PEG promoveu redução significativa na porcentagem de germinação e no desenvolvimento de plântulas normais, com comportamento linear negativo. Análises anatômicas evidenciaram alterações estruturais nas folhas, como aumento dos espaços intercelulares, colapso celular e lignificação, enquanto as raízes apresentaram redução no diâmetro cortical e desorganização da epiderme. Ultraestruturalmente, observou-se fechamento estomático, redução na densidade de tricomas e acúmulo de íons $K^+$ em estruturas secretoras, indicando mecanismos ativos de osmorregulação e tolerância ao déficit hídrico. Essas respostas morfofisiológicas, características de espécies adaptadas a ambientes áridos, revelam a existência de variabilidade genética intraespecífica quanto à capacidade de ajuste ao estresse hídrico. A caracterização dessas respostas em acessos de bancos de germoplasma é fundamental para a conservação *ex situ* e para a seleção de materiais genéticos com maior resiliência, que podem ser utilizados em programas de melhoramento, restauração ecológica e sistemas produtivos em áreas sujeitas à escassez hídrica. O cultivo *in vitro* é uma ferramenta eficiente para triagem precoce de tolerância, contribuindo para a otimização de recursos e agilidade na avaliação de acessos conservados. Estes dados fornecem subsídios para estratégias de conservação e uso sustentável da diversidade genética de gliricídia, fortalecendo sua inserção em políticas de adaptação às mudanças climáticas.

**Palavras-chave:** *Gliricidia sepium*; déficit hídrico; morfoanatomia.

**Agradecimentos:** Universidade Federal de Sergipe, Embrapa e CNPq.

# RGV 085 - DESEMPENHO E ESTABILIDADE DE PORTA-ENXERTOS PARA LARANJEIRA 'PERA D-6' NO CERRADO AMAPAENSE

Paulo Ricardo dos Santos[1]*; Cleverton França Vaz[2]; Gabriel Bousse Picanço[2]; Gilberto Ken Iti Yokomizo[3]; Leandro Tavares Caldas[1]; Leomar Karine Reis da Cruz[1]; Vitória Letícia Guimarães Ugarte[1]; Fabio de Lima Gurgel[4]; Jose Duarte Reis[1]; Ianê Valente Pires[1]

[1]Instituto Federal do Amapá (IFAP), Campus Porto Grande. [2]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; [3]EMPRAPA Amapá; [4]EMPRAPA Amazônia Oriental.
*paulo.santos@ifap.edu.br

O uso de recursos genéticos vegetais adaptados é fundamental para garantir a sustentabilidade e a resiliência da agricultura familiar frente aos desafios edafoclimáticos. Na citricultura do Amapá, identificar combinações eficientes de enxertia é crucial para viabilizar a produção de valor agregado e o abastecimento da agroindústria regional. Objetivou-se avaliar a produtividade, adaptabilidade e estabilidade de 14 genótipos de porta-enxerto em combinação com a laranjeira 'Pera D-6 CNPMF' no cerrado amapaense. O experimento foi conduzido no Campo Experimental do Cerrado da Embrapa Amapá, no município de Macapá-AP. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados, composto por 14 porta-enxertos, com quatro repetições e cinco plantas por parcela. As avaliações foram realizadas ao longo de três safras, coletando-se dados individuais de produtividade por planta, com foco nas variáveis número de frutos e massa de suco. As análises genético-estatísticas foram realizadas via modelos mistos, empregando o procedimento REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Residual/Melhor Preditor Linear Não Viesado) através do software SELEGEN, o que permitiu estimar os parâmetros de repetibilidade, adaptabilidade e estabilidade temporal. Constatou-se expressiva variabilidade genética na população, evidenciando alto potencial de seleção e conservação desses recursos. A tangerineira 'Sunki Tropical' e o híbrido 'BRS Matta' proporcionaram os maiores ganhos genéticos para número de frutos (21,32%) e massa de suco (33,87%), respectivamente, destacando-se esta última para o processamento agroindustrial. Para fins de seleção com acurácia acima de 70%, estimou-se que cinco (para número de frutos) a sete medições consecutivas são suficientes, otimizando o tempo e os custos das pesquisas de melhoramento. Os porta-enxertos BRS Tabuleiro, Tangerineira 'Sunki Tropical', BRS Bravo, Limoeiro 'Cravo Santa Cruz' e BRS N. Gimenes Fernandes apresentaram, simultaneamente, elevados índices de produtividade, adaptabilidade e estabilidade. Conclui-se que esses cinco recursos genéticos são os mais promissores para recomendação de cultivo, configurando-se como tecnologias estratégicas para a segurança econômica e sustentabilidade da citricultura familiar no cerrado amapaense.

**Palavras-chave:** Citricultura; Genótipos; agroindústria; REML/BLUP.

**Agradecimentos:** Ao IFAP pelo apoio institucional, à Embrapa Amapá e ao CNPq pela concessão de bolsa de iniciação científica.

# RGV 086 - CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE CULTIVARES DE CAFÉ ARÁBICA EM CLIMA AMAZÔNICO

Kalil Ley Vasconcelos de Sousa[1]; Kleyton Farias Barbosa[1]; Michael Matheus Pereira de Souza[1]; Dayane de Assis Cirino[2]; Fernando Henrique Silva Garcia[1]; Breno Régis Santos[2]; Plinio Rodrigues dos Santos Filho[2]; Pedro Alexander Velasquez Vasconez[3]; Antonio Rodrigues da Cunha Neto[2]*; Marina Lima Nogueira[1,2]

[1]UNIFAP. [2]UNIFAL-MG. [3]UDENAR. *antoniorodrigues.biologia@gmail.com

A cafeicultura consolida-se como um dos pilares estratégicos da economia brasileira, sendo o país, o maior produtor e exportador mundial do grão. No estado do Amapá, o potencial de expansão dessa cultura e sua efetiva contribuição para a economia regional dependem da identificação de materiais genéticos que apresentem elevada plasticidade. O presente estudo objetivou caracterizar a variabilidade morfológica e o vigor vegetativo de mudas de diferentes cultivares de *Coffea arabica* L. sob clima amazônico, visando fornecer subsídios técnicos para programas de melhoramento genético e a seleção das melhores cultivares para a região. O experimento foi conduzido sob as condições de solo e clima do Amapá, onde foram plantadas sementes das cultivares Siriema (1), Catucaí Amarelo 785/15 (2), Catucaí Amarelo 2SL (3), Catucaí Amarelo 24/137 (4), Asa Branca (5), Acauã (6) e Paraíso MG2 (7). A Cultivar 1 não apresentou germinação, por isso não participou da análise de desenvolvimento. As demais cultivares foram conduzidas conforme as orientações técnicas para produção de mudas de café por um período de cinco meses. Após esse intervalo, a caracterização morfológica concentrou-se no desempenho inicial das plantas, mensurado pela altura das mudas e pelo número de folhas. Os resultados mostraram variações significativas entre os materiais genéticos sob a influência direta do clima amazônico; as maiores médias de altura foram registradas nos genótipos 2 e 4, enquanto as variedades 5 e 6 apresentaram os menores crescimentos verticais. Em relação ao número de folhas, as cultivares 4 e 7 apresentaram o melhor desempenho, contrastando com a variedade 5, que obteve a menor média foliar para o período avaliado. A identificação dessa variabilidade fenotípica é fundamental para o manejo e conservação de recursos genéticos, permitindo correlacionar o vigor inicial à capacidade de adaptação às condições edafoclimáticas do Amapá. Conclui-se que as linhagens de Catucaí Amarelo e a variedade Paraíso MG2 demonstram características morfológicas superiores na fase de muda sob a avaliação em clima amazônico, destacando-se como materiais promissores para a seleção das melhores cultivares para a região. Os resultados possuem relevância para subsidiar futuros ciclos de melhoramento genético e fundamentar a expansão da cafeicultura regional, garantindo a sustentabilidade técnica da cultura no estado.

**Palavras-chave:** plasticidade; resiliência; mudas.

**Agradecimentos:** FAPEMIG, CAPES e CNPq (nº 447139/2024-0; nº 314880/2025-9).

# RGV 089 - MEMÓRIA BIOCULTURAL E CONSERVAÇÃO *ON FARM* DE RECURSOS FITOGENÉTICOS EM SEARA, SC

Henrique Giombelli Lorenzett[1]*; Grace Kelly Munaretto[1]; Eduardo João Moro[2]; Volmir Kist[2]

[1]Acadêmicos do Curso de Agronomia do Instituto Federal Catarinense, Campus Concórdia.
[2]Docentes do Instituto Federal Catarinense, Campus Concórdia.
*henrikelorenzett@gmail.com.

A agricultura familiar desempenha papel estratégico na conservação *on farm* de recursos fitogenéticos, especialmente pela manutenção de sementes crioulas e conhecimentos tradicionais associados ao cultivo, armazenamento e circulação. Em Seara, SC, agricultores familiares atuam como guardiões de ampla agrobiodiversidade, conservando materiais que representam patrimônio genético, cultural e alimentar. O objetivo foi registrar a trajetória histórica da conservação de sementes crioulas em propriedades familiares e identificar as motivações que levam os agricultores a manterem esses recursos em seus sistemas produtivos. A pesquisa foi conduzida por abordagem qualitativa, pela técnica de história oral e realização de entrevistas semiestruturadas com cinco famílias guardiãs. As entrevistas buscaram resgatar a origem dos materiais conservados, as práticas de manejo, armazenamento, trocas e significados atribuídos à conservação. Os relatos revelaram que parte das sementes está vinculada à ancestralidade familiar, como variedades de milho, feijão e batatas repassadas entre gerações, algumas associadas à imigração italiana e polonesa e mantidas nas famílias há décadas. A diversidade local também é ampliada por redes de troca entre vizinhos, relações comunitárias e participação em feiras regionais de sementes. Entre os materiais citados destacam-se variedades locais de milho, incluindo tunicado, milho roxo e pixurum, além de feijões, tubérculos e outras espécies alimentícias. As motivações para a conservação relacionam-se à soberania alimentar, autoconsumo, qualidade dos alimentos, autonomia produtiva e à preservação da memória familiar. Os agricultores atribuem às sementes crioulas características como rusticidade, adaptação local, sabor diferenciado e menor dependência de sementes e insumos externos. A conservação também foi relatada como forma de resistência à padronização dos sistemas agrícolas. Entretanto, a continuidade dessas práticas enfrenta desafios relacionados ao envelhecimento dos guardiões, ao êxodo rural e à ausência de sucessores em parte das famílias entrevistadas. Conclui-se que a conservação de sementes crioulas em Seara está sustentada por vínculos históricos, culturais, alimentares e produtivos, constituindo estratégia relevante para a manutenção da agrobiodiversidade regional. O fortalecimento de redes comunitárias, feiras de sementes e bancos de germoplasma institucionais pode contribuir para salvaguardar esses recursos e favorecer a transmissão do conhecimento tradicional às novas gerações.

**Palavras-chave**: agrobiodiversidade; sementes crioulas; soberania alimentar; sucessão familiar.

# RGV 091 - CONTRIBUIÇÕES DO MELHORAMENTO GENÉTICO PARA A DIVERSIDADE E PRODUTIVIDADE DA BATATA-DOCE: UM ESTUDO COMPARATIVO DE GENÓTIPOS

Jorge Andres Betancur Gonzalez[1]*; André Dutra Silva Júnior[2]; Joana Nascimento Oliveira Zeist[3]; Juliano Tadeu Vilela de Resende[4]; Tiago Benedito dos Santos[5]; Valdir Marcos Stefenon[1]; André Ricardo Zeist[3]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). [2]Universidade de Viçosa (UFV). [3]Universidade de São Paulo (ESALQ-USP), [4]Universidade Estadual de Londrina (UEL), [5]Universidade do Oeste Paulista (UNIOESTE). *jorgeandres@usp.br

A cultura da batata-doce (*Ipomoea batatas* L.) apresenta grande importância social, cultural e econômica. Devido à característica hexaploide, possui alta variabilidade genética que deve ser adequadamente conhecida, estudada e explorada genética e agronomicamente através de estudos que explorem a sua variabilidade ampliando as bases genéticas para os programas de melhoramento genético. O objetivo foi avaliar 21 genótipos, mas semeados no Brasil e nove genótipos experimentais do programa de melhoramento genético e comparar morfoagronômica e geneticamente. Este estudo avaliou a diversidade genética e a caracterização morfoagronômica de 30 genótipos de batata-doce, incluindo 21 cultivares comerciais amplamente cultivadas no Brasil e nove genótipos experimentais desenvolvidos por meio de um programa de melhoramento genético. Características qualitativas, quantitativas e pós-colheita foram avaliadas, juntamente com 646 marcadores moleculares (AFLP e S-SAP). Análises multivariadas revelaram agrupamentos distintos, com clara separação entre genótipos comerciais e experimentais, demonstrando o impacto da seleção artificial no desenvolvimento de genótipos de desempenho superior. Os genótipos experimentais apresentaram maior produtividade, melhor qualidade radicular e maior diversidade genética, particularmente FW-42, FP-75 e LW-102. Correlações notáveis foram observadas entre produtividade, aparência visual, pragas (1) e teor de antocianinas. A divergência genética dentro e entre os grupos foi confirmada por ANOVA e análise de componentes principais. Os resultados indicam que o programa de melhoramento genético foi eficaz na geração de genótipos distintos, mais produtivos e melhor adaptados, com potencial para ampliar a base dos recursos genéticos da batata-doce cultivada no Brasil e contribuir para aplicações alimentares e agroindustriais, como genótipos biofortificados.

**Palavras-chave:** *Ipomoea batatas* L.; Genetic variability; Polymorphism; AFLP; S-SAP.

**Agradecimentos:** A Capes pela bolsa de pós-graduação concedida ao autor principal.

# RGV 092 - EFEITO DO PRÉ-TRATAMENTO COM *LOADING* E DO TEMPO DE EXPOSIÇÃO AO PVS3 NA CRIOPRESERVAÇÃO DE SEGMENTOS NODAIS DE *Pleroma hirsutissimum*

Luana Alessandra Barros de Souza Corrêa[1]*; Renan Rangel Moraes[1]; Renata de Oliveira Garcia[1]; Georgia Pacheco[1]

[1]Laboratório de Micropropagação e Transformação de Plantas, Núcleo de Biotecnologia Vegetal, Universidade do Estado do Rio de Janeiro. *luana_souzabc@hotmail.com

*Pleroma hirsutissimum* (Cogn.) P.J.F.Guim. & Michelang. (Melastomataceae) é uma espécie endêmica da Mata Atlântica, restrita à Restinga dos municípios de Cabo Frio e Arraial do Cabo (RJ). Devido à sua classificação como Criticamente em Perigo (CR), segundo os critérios da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN), o desenvolvimento de estratégias biotecnológicas para a conservação desta espécie, como a criopreservação, torna-se uma alternativa promissora para a conservação desse recurso genético. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo contribuir para o estabelecimento de um protocolo de criopreservação para *P. hirsutissimum*, por meio da determinação das condições ideais para as etapas iniciais do protocolo de vitrificação em placas de alumínio (V-Crioplaca), como a imersão em solução de *loading* (glicerol 2 M + sacarose 0,4 M) e o tempo de exposição à solução de PVS3 (*Plant Vitrification Solution*). Para isso, segmentos nodais foram excisados de plantas mantidas *in vitro* em MS ½ e pré-condicionados em meio MS ½ suplementado com sacarose a 0,25 M por 24 h e, em seguida, transferidos para meio com sacarose a 0,5 M por mais 24 h. Posteriormente, os explantes foram imersos ou não em solução de *loading* por 10 min, antes da exposição à solução de PVS3 por diferentes períodos (0, 15, 30, 45, 60 ou 90 min). Após esse tratamento, os segmentos nodais foram transferidos para meio MS ½ e mantidos em cultura por 30 dias para avaliação da sobrevivência. O teor hídrico dos explantes foi determinado a partir do peso fresco e seco. Independentemente da imersão em solução de *loading*, os explantes apresentaram redução do teor hídrico durante a exposição ao PVS3, mais acentuada nos primeiros 30 min. No entanto, os explantes imersos em solução de *loading* antes da exposição ao PVS3 apresentaram teores hídricos mais elevados, variando entre 58% e 43%. Esses explantes apresentaram ainda 60% de sobrevivência após exposição ao PVS3 por até 30 min, enquanto, na ausência de *loading*, foram observadas taxas significativamente inferiores de sobrevivência (até 15% após 15 min de exposição ao PVS3). Esses resultados indicam que a exposição prévia à solução de *loading* atenua a desidratação induzida pelo PVS3, exercendo efeito osmoprotetor e modulando a dinâmica de perda hídrica dos segmentos nodais, sendo então recomendado para compor as etapas iniciais do protocolo de V-Crioplaca de *P. hirsutissimum*.

**Palavras-chave:** conservação *ex situ*; espécie ameaçada; banco de germoplasma.

**Agradecimentos:** FAPERJ; CAPES; UERJ.

# RGV 094 - COMPORTAMENTO FOTOSSINTÉTICO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-GUANDU SOB DIFERENTES NÍVEIS DE SOMBREAMENTO

Lucas Gaia Romagnoli[1]; Gabriel Dias Gomes[1]; Maria Luísa Matos da Silva[1]; Thais Millena Marques Couto[1]; Leonardo Barros Dobbss[1]; Wellington Ferreira Campos[1]*

[1]Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Unaí, Minas Gerais, Brasil. *wellington.campos@ufvjm.edu.br

O feijão-guandu (*Cajanus cajan* (L.) Millsp.) é uma leguminosa relevante para sistemas agroflorestais, nos quais a disponibilidade de luz é reduzida. A caracterização fotossintética de seus genótipos sob sombreamento é fundamental para a seleção de recursos genéticos adaptados. O objetivo foi avaliar o comportamento fotossintético de genótipos de feijão-guandu sob diferentes níveis de sombreamento por parâmetros fotoquímicos obtidos com o MultispeQ. O experimento foi conduzido em uma Estação de Fotobiologia em delineamento de blocos casualizados fatorial com três genótipos (Anão, Fava-Larga e Super N) e cinco níveis de sombreamento (0%, 30%, 50%, 65% e 80%). Foram mensuradas 20 variáveis fotoquímicas, incluindo rendimentos quânticos do fotossistema II (Phi2, PhiNPQ, PhiNO), quenching não fotoquímico (NPQt), estado redox de $Q_a$ (qL), eficiência máxima do fotossistema II na luz (Fv'/Fm'), parâmetros da força próton-motriz (ECSt, gH+, vH+), cinética e integridade do fotossistema I (kP700, centros de PS1) e índice SPAD. A análise covariada (ANCOVA) fatorial com blocos, incluindo a raiz quadrada da radiação fotossinteticamente ativa e a temperatura foliar como covariáveis, revelou efeito significativo do sombreamento sobre 11 variáveis, incluindo Phi2, PhiNPQ, PhiNO, NPQt, qL, Fv'/Fm', ECSt, gH+, vH+, centros ativos do PSI e SPAD. O genótipo afetou significativamente seis variáveis, destacando-se PhiNO, qL, Fv'/Fm' e SPAD. A interação genótipo × sombreamento foi significativa apenas para a variável SPAD (p=0,002), indicando resposta genotípica diferenciada no teor de clorofila. A análise de componentes principais explicou 53,9% da variância nos dois primeiros componentes, com PC1 refletindo o eixo PAR-resposta fotossintética. O agrupamento hierárquico identificou três clusters dominados pelo nível de sombreamento: o cluster dos tratamentos mais severos (65% e 80%) caracterizou-se por menor fluxo linear de elétrons, menor temperatura foliar e redução dos centros ativos do PSI. Portanto, o sombreamento reprogramou as respostas fotoquímicas dos genótipos de feijão-guandu de forma mais pronunciada do que as diferenças genéticas, exceto para o conteúdo de clorofila.

**Palavras-chave:** *Cajanus cajan*; Produtividade; Agrofloresta.

**Agradecimentos:** FAPEMIG (Projeto APQ-00426-21).

# RGV 095 - FORMAÇÃO DE MICRÓCITOS E ELIMINAÇÃO DE CROMOSSOMOS EM UM ACESSO DE *Urochloa brizantha*

Pedro Henrique Silvestre Duhatschek[1]*; Maria Fernanda Rodrigues De Tomasi[1]; Bibiana Henkel Estivalet[1]; Bruna Vitalino Cadete Cangussu[1]; Andréa Raposo[2]; Sanzio Carvalho Lima Barrios[2]; Andréa Beatriz Diverio Mendes[1]

[1]Universidade Estadual de Maringá, Maringá - PR. [2]Embrapa Gado de Corte, Campo Grande - MS. *Pg56704@uem.br

O gênero *Urochloa* (sin. *Brachiaria*), de origem africana, compreende aproximadamente 121 espécies distribuídas em regiões tropicais e subtropicais. Essas espécies apresentam elevada variabilidade genética, diferentes níveis de ploidia e distintos modos de reprodução, características que tornam os estudos citogenéticos fundamentais para sua correta identificação, contribuindo para a conservação, o melhoramento genético e o uso sustentável desses recursos forrageiros. O Banco de Germoplasma da Embrapa Gado de Corte (MS) possui aproximadamente 15 espécies de *Urochloa*, incluindo *Urochloa brizantha*, representada por cerca de 234 acessos. No Brasil, essas gramíneas constituem a base dos sistemas de produção pecuária de corte e leite. O avanço dos programas de melhoramento depende da compreensão dos fatores que afetam a fertilidade, especialmente em acessos poliploides e apomíticos, frequentemente associados a desequilíbrios na segregação cromossômica. Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo analisar o comportamento meiótico de um acesso de *U. brizantha* pertencente à Coleção de Germoplasma da Embrapa Gado de Corte, identificando as principais anormalidades cromossômicas e seus efeitos na formação dos gametas. A análise citológica revelou elevada frequência de irregularidades celulares ao longo da meiose. Na metáfase I, 42,86% das células apresentaram comportamento anormal, principalmente pela presença de cromossomos em ascensão precoce, decorrentes de falhas no pareamento cromossômico ou da ocorrência de univalentes. O maior índice de anormalidades foi observado na anáfase I, com 65,00% das células apresentando cromossomos retardatários. Na telófase I, a não incorporação desses cromossomos ao núcleo principal resultou na formação de micronúcleos em 60,00% das células anormais. Também foram observados micrócitos em 40,00% das células alteradas. A segunda divisão meiótica apresentou segregação cromossômica irregular e formação de micronúcleos nas fases finais da divisão celular. Apenas 3,13% das tétrades apresentaram micrócitos. A presença dessas estruturas ainda ao término da meiose reducional sugere eliminação cromossômica precoce, promovendo perda de material genético, formação de gametas aneuploides e redução da viabilidade polínica.

**Palavras-chave**: *Brachiaria*; Recursos genéticos; Citogenética.

**Agradecimentos:** UEM; CAPES; PGM; UNIPASTO; Embrapa Gado de Corte.

# RGV 096 - AVALIAÇÃO FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE VARIEDADES LOCAIS DE ARROZ SEQUEIRO EM FUNÇÃO DA POSIÇÃO NA PANÍCULA

Luiza Moreira de Almeida[1]*; Maria Luiza Andreis[1]; Yasmin Pincegher Siega[1]; Volmir Kist[1]

[1]Instituto Federal Catarinense (IFC) - Campus Concórdia. *luizadealmeida0207@gmail.com

O arroz (*Oryza sativa* L.) sequeiro apresenta grande importância para a agricultura familiar no Oeste de Santa Catarina, especialmente por contribuir para o autoconsumo e a conservação de variedades locais. A obtenção de sementes com elevada qualidade fisiológica é essencial para a multiplicação, conservação e uso. O objetivo deste trabalho foi avaliar a qualidade fisiológica de sementes de variedades locais de arroz sequeiro em função da posição na panícula. O ensaio foi conduzido no Laboratório de Sementes do Instituto Federal Catarinense - campus Concórdia, em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 3 × 3. O primeiro fator foi constituído por três variedades locais de arroz sequeiro, Concórdia, Lindóia e Germânica, e o segundo por três posições das sementes na panícula: basal, intermediária e superior. Foram avaliados o peso de 100 sementes e a germinação. O peso de 100 sementes foi utilizado para a avaliação física das variedades, e os dados de germinação foram submetidos à análise de variância, com agrupamento de médias pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. Houve variação no peso de 100 sementes entre variedades e posições na panícula. A variedade Concórdia apresentou aumento gradual do peso da posição basal para a superior, com 2,83 g, 3,27 g e 3,55 g, respectivamente. A Lindóia apresentou os maiores valores médios, com 3,34 g, 3,62 g e 3,80 g nas posições basal, intermediária e superior. A Germânica apresentou 3,60 g, 3,97 g e 3,55 g, com maior peso na posição intermediária. Para germinação, constatou-se interação significativa entre variedade e posição. Na posição basal, a variedade Lindóia apresentou maior germinação, com 97%, enquanto as variedades Concórdia e Germânica apresentaram 84% e 87%, respectivamente. Na posição intermediária, a Lindóia apresentou menor germinação, com 75%, em comparação às variedades Concórdia (89%) e Germânica (91%). Na posição superior, as três variedades apresentaram germinação semelhante, variando de 89% a 97%. Ao analisar as posições dentro de cada variedade, não houve variação de germinação nas variedades Concórdia e Germânica. Na variedade Lindóia, as sementes das posições basal e superior apresentaram germinação superior àquelas da posição intermediária. Conclui-se que a qualidade fisiológica das sementes de arroz sequeiro varia conforme o genótipo e a posição na panícula. A avaliação dessas diferenças contribui para orientar a seleção e o beneficiamento de sementes, favorecendo a conservação, multiplicação e uso de variedades locais em sistemas da agricultura familiar.

**Palavras-chave:** *Oryza sativa*; variedades locais; agricultura familiar.

# RGV 097 - PROPOSTA DE ESCALA FENOLÓGICA BBCH PARA MARACUJAZEIRO-AZEDO NO SUL DO BRASIL

Fabio Feltrin Fabro[1]; Sergio Francisco Schwarz[1]*; Henrique Belmonte Petry[2]; Alberto Fontanella Brighenti[3]; Edson Bertolini[1]; Nestor Valtir Panzenhagen[4]; Leonardo André Schneider[1]

[1]Universidade Federal do Rio Grande do Sul. [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina. [3]Universidade Federal de Santa Catarina. [4]Instituto Federal Catarinense. *schwarz@ufrgs.br

O maracujazeiro-azedo (Passiflora edulis Sims), espécie nativa do Brasil e ainda em processo de domesticação, apresenta expressivo potencial para estudos de caracterização de recursos genéticos, visando à compreensão da variabilidade quanto à sua fenologia, produtividade, qualidade de frutos e resistência a pragas e doenças. Diversas espécies possuem escalas fenológicas consolidadas conforme o padrão BBCH, escala internacionalmente aceita para padronização da descrição dos estádios fenológicos. Contudo, para a caracterização e conservação de recursos genéticos de P. edulis, as propostas de escalas fenológicas ainda são limitadas, com enfoque predominante na fase reprodutiva. O objetivo deste trabalho foi estabelecer uma proposta de escala fenológica BBCH para o genótipo 'SCS437 Catarina', caracterizando todos os seus estádios fenológicos em diferentes locais da região Sul do Brasil. As plantas do estudo foram conduzidas em sistema de espaldeira em três municípios: Pedras Grandes/SC, Santa Rosa do Sul/SC e Brochier/RS; classificados como clima subtropical úmido (Cfa), segundo Köppen. Coletaram-se semanalmente dados sobre contagem de folhas, gavinhas, botões florais, flores e frutos para determinação dos estádios fenológicos baseados no padrão BBCH. Em cada unidade experimental, a temperatura do ar foi coletada e armazenada por dataloggers e os dados obtidos foram utilizados para estimar o acúmulo de graus-dia (GD) pela fórmula proposta por Arnold (1959), adotando a temperatura basal (Tb) de 10 °C. Os resultados preliminares permitiram propor uma escala fenológica BBCH para o genótipo 'SCS437 Catarina' composta por sete estádios principais: germinação (00), desenvolvimento de folhas (10), alongamento do caule (30), emergência da inflorescência (50), florescimento (60), desenvolvimento do fruto (70) e amadurecimento do fruto (80) e dez estádios secundários, abrangendo todo o ciclo de desenvolvimento, desde a germinação até a maturação dos frutos. A determinação do acúmulo térmico médio associado aos estádios fenológicos principais complementa a escala proposta e fornece subsídios para o monitoramento e a previsão do desenvolvimento da cultura. Portanto, a escala fenológica BBCH proposta para o genótipo 'SCS437 Catarina' de maracujazeiro-azedo (P. edulis Sims) padroniza a caracterização de todo o ciclo de desenvolvimento da espécie, a qual constitui uma ferramenta robusta para subsidiar estudos fenológicos e o manejo do cultivo.

**Palavras-chave:** *Passiflora edulis* Sims; Estádio fenológico; Soma térmica.

**Agradecimentos:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

# RGV 099 - POLIPLOIDIZAÇÃO ARTIFICIAL EM *PHYSALIS ANGULATA* L.

Isabela de Almeida Oliveira[1]*; Gabriela Torres-Silva[2]; Andréa Carla Bastos Andrade[3]; Elyabe Monteiro de Matos[4]; Lyderson Facio Viccini[4]; Alone Lima Brito[1]

[1]Universidade Estadual de Feira de Santana. [2]Instituto Federal da Bahia. [3]Universidade Estadual de Maringá. [4]Universidade Federal de Juiz de Fora. *oliveira.isabela.bio@gmail.com

*Physalis angulata* L. é uma planta da família Solanaceae, caracterizada como uma Planta Alimentícia Não Convencional (PANC) e com grande potencial medicinal proveniente das fisalinas, compostos bioativos presentes na espécie. As características adaptativas da espécie a ambientes xéricos tornam-na alvo de interesse para programas de melhoramento genético. Nesse sentido, a indução artificial da poliploidia destaca-se por promover incrementos no tamanho e quantidade de flores, frutos e estômatos, atributos de alto valor econômico. Tendo em vista a aplicação dessa técnica para a produção de mudas de alta qualidade, a Cultura de Tecidos mostra-se uma alternativa adequada. Desta forma, o objetivo do presente trabalho foi induzir a poliploidia artificial de *P. angulata* e analisar a estabilidade do conteúdo de DNA nuclear durante três ciclos de regeneração *in vitro*. Para a indução artificial da poliploidia, ápices caulinares (5 cm) foram cultivados em meio MS½ suplementados com trifluralina (100 µM) com exposição por 3 (3d) ou 7 (7d) dias contínuos, ou em dois ciclos de 3 (3d+3d) ou 7 (7d+7d) dias, respectivamente, com intervalo de 7 dias em meio sem antimitótico, totalizando quatro tratamentos. Os poliploides gerados foram avaliados quanto ao conteúdo de DNA por citometria de fluxo em 60, 120 e 180 dias de cultivo após exposição ao antimitótico (3 ciclos de regeneração). Os resultados evidenciaram a eficiência na modificação da ploidia de *P. angulata* com uso da trifluralina, e a exposição ao antimitótico por 3d+3d com conversão de 70% das plantas analisadas, apresentando baixa variabilidade durante os subcultivos, indicando eficiência e estabilidade na conversão e manutenção dos poliploides. Os demais tratamentos monstraram-se pouco eficazes na indução de poliploides, alta instabilidade da ploidia e baixa manutenção da sobrevivência dos organismos.

**Palavras-chave:** fisális; cultivo *in vitro*; poliploidia artificial.

**Agradecimentos:** Á CAPES e o CNPQ pelo fomento de bolsas e a Universidade Estadual de Feira de Santana pela oportunidade de ensino e pesquisa.

# RGV 100 - GERMINAÇÃO DE SEMENTES E PROPAGAÇÃO CLONAL *IN VITRO* DE *Dipteryx alata* VOGEL. PARA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS

Valentina Nieto Marín[1]*; Vanessa Maria de Oliveira[1]; Sérgio Tadeu Sibov[1]

[1]Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais, Escola de Agronomia - Setor de Melhoramento de Plantas (UFG), Goiânia-Goiás, Brasil. *valentina.nieto@udea.edu.co

Dipteryx alata Vogel. (baruzeiro) é uma espécie arbórea nativa do Cerrado brasileiro de elevado valor ecológico, nutricional e econômico. Entretanto, a baixa disponibilidade de protocolos de propagação limita estratégias de conservação e uso sustentável de seus recursos genéticos. Objetivou-se desenvolver protocolos de cultura de tecidos para germinação de sementes e propagação clonal de *D. alata*, visando à conservação de seus recursos genéticos. Para a propagação via sementes, estas foram desinfestadas e inoculadas em meio Murashige e Skoog (MS) ou em papel germitest, sob condições de luz ou escuro, com ou sem carvão ativado. Após 60 dias, plântulas assépticas foram transferidas para meio MS suplementado com 6-benzilaminopurina (1 mg. $L^{-1}$) para indução de brotações laterais. Para a propagação clonal, foram avaliados três pré-tratamentos: (i) aplicação de calda bordalesa em campo 48h antes da coleta, ou manutenção de ramos recém-coletados por 48h em casa de vegetação, em vermiculita úmida autoclavada, após pulverização com (ii) etanol 70% ou com (iii) fungicida associado ao cloreto de benzalcônio a 1%. Após lavagem prévia, as gemas foram desinfestadas em solução de fungicida associada ao cloreto de benzalcônio a 1% (20 min), etanol 70% (1 min) e hipoclorito de sódio a 2% (20 min) e inoculadas em meio MS, com ou sem cefotaxima (250 mg. $L^{-1}$). O meio MS aumentou significativamente a germinação em relação ao papel germitest (100% vs 73%), enquanto a condição luminosa e a adição de carvão ativado não influenciaram essa resposta, indicando comportamento fotoblástico neutro da espécie. As plântulas obtidas apresentaram elevada responsividade à indução de brotações laterais (>70%). Em contraste, a propagação clonal de matrizes adultas foi limitada por elevadas taxas de contaminação, variando de 55,2 a 100%, apesar da sobrevivência média de 71,3% dos explantes. Os protocolos de germinação apresentaram elevada eficiência, enquanto a propagação clonal de matrizes adultas permanece limitada pela elevada contaminação dos explantes, indicando a necessidade de aperfeiçoamento das etapas de assepsia.

**Palavras-chave:** cultura de tecidos vegetais; gemas axilares; assepsia.

**Agradecimentos:** FAPEG, CAPES, PPGGMP-UFG.

# RGV 101 - AVALIAÇÃO DO CULTIVO *IN VITRO* DE MERISTEMAS DE DIFERENTES CULTIVARES DE LÚPULO COMO ESTRATÉGIA PARA PROPAGAÇÃO CLONAL DE RECURSOS GENÉTICOS

Eryc Luan Dias[1]*; Marilei Suzin[1]; Marilia Rodrigues de Silva[1]; Francisco Wilson Reichert Júnior[1]

[1]Universidade de Passo Fundo. *erycld13@gmail.com

Técnicas de micropropagação são alternativas para a multiplicação, manutenção de recursos genéticos e para a qualidade fitossanitária de plantas perenes e propagação vegetativa como o lúpulo (Humulus lupulus L.), cultura essencial para a indústria cervejeira. Este trabalho objetivou avaliar o estabelecimento inicial e a regeneração de explantes meristemáticos de quatro cultivares de lúpulo (Cascade, Comet, Nugget e Saaz) em meio de cultura MS (30 $g.L^{-1}$ de sacarose, 6 $g.L^{-1}$ de ágar e pH 5,8) com três combinações dos fitorreguladores ácido indolbutírico (AIB), 6-benzilaminopurina e ácido giberélico (GA3), nas concentrações: M0: sem fitorregulador; M1: 2 $mg.L^{-1}$ de AIB + 2 $mg.L^{-1}$ de BAP + 2 $mg.L^{-1}$ de $GA_3$; M2: 0,2 $mg.L^{-1}$ de BAP + 1 $mg.L^{-1}$ de $GA_3$. Foram utilizados 4 explantes por tratamento. As avaliações de sobrevivência e formação de calos foram feitas descritivamente após 60 dias de cultivo. Os dados da altura dos meristemas foram transformados por logaritmo natural ln (x) e submetidos à análise de variância (ANOVA) tipo 3 com contraste de soma zero e Tukey-Kramer ($p < 0,05$). Os meristemas da maioria dos genótipos avaliados apresentaram necrose e não sobreviveram quando cultivados no meio M0, evidenciando a necessidade de suplementação exógena no isolamento de meristemas de lúpulo. A maior taxa de calogênese foi observada no meio M1 (média de 43,75%), provavelmente favorecida por AIB que pode induzir a desdiferenciação celular. A cultivar Saaz demonstrou forte resposta genótipo-dependente, registrando maior média de calos (41,6%). O meio M2, com menores concentrações de BAP e GA3, mostrou-se o mais promissor, promovendo 85% de sobrevivência dos explantes e foi o único que permitiu a mensuração da altura das plântulas. Quanto à altura, a ANOVA mostrou diferença significativa para os genótipos avaliados ($p = 0,0046$), destacando a cultivar Nugget como superior às demais. Nugget apresentou o maior alongamento médio (9,5 mm), enquanto as demais ficaram abaixo de 3 mm. O crescimento de Nugget foi acompanhado por hiperidricidade, fenômeno que pode ser atribuído ao uso do BAP sob alta umidade relativa, o que corrobora a literatura que aponta este regulador como possível indutor de vitrificação. Conclui-se que o lúpulo demanda fitorreguladores na fase de isolamento, mas respondeu melhor a estímulos de baixa concentração. Sugere-se, para estudos futuros, testar concentrações ainda mais reduzidas de BAP e AIB para mitigar desordens fisiológicas e aumentar o tamanho amostral.

**Palavras-chave:** *Humulus lupulus*; fitorreguladores; micropropagação.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES).

# RGV 102 - SEQUENCIAMENTO E MONTAGEM DE UM GENOMA DE ALTA QUALIDADE PARA *EUGENIA UNIFLORA* L. (MYRTACEAE) POR SEQUENCIAMENTO DE TERCEIRA GERAÇÃO

Liana Bulcão Bittencourt Petrarca[1]*; Valdir Marcos Stefenon[1]; Tiago Montagna[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *liana.petrarca@posgrad.ufsc.com.br

A pitanga (*Eugenia uniflora* L.) é uma espécie frutífera nativa da Mata Atlântica pertencente à família Myrtaceae, uma das mais diversas do Neotrópico, com cerca de 5.800 espécies distribuídas em 132 gêneros. A espécie apresenta ampla plasticidade ecológica, ocorrendo em ecossistemas com condições edafoclimáticas contrastantes, como a Restinga e a Floresta Ripária, o que a torna um modelo relevante para estudos de adaptação e diversificação vegetal. O gênero *Eugenia* é o maior da família, com aproximadamente 1.000 espécies, e representa um grupo de grande importância filogenética para a compreensão da diversificação da família Myrtaceae. Além do uso alimentício, a planta possui uso medicinal e nutracêutico, com atividade antioxidante e anti-inflamatória. A geração de um genoma de referência para a espécie é uma etapa fundamental para compreender as bases genéticas de sua plasticidade e para subsidiar estudos de melhoramento e conservação. Nessa perspectiva, o objetivo deste trabalho foi gerar um genoma de referência de alta qualidade e contiguidade para *E. uniflora* utilizando a plataforma Oxford Nanopore Technologies. O DNA genômico foi sequenciado em flowcell R10.4.1, com basecalling no software Dorado. A montagem do genoma foi realizada com o assembler Flye, seguida de remoção de duplicatas haplotípicas com PurgeDups, scaffolding baseado em homologia utilizando o genoma de *Psidium guajava* (GCA_016432845.1) como referência com RagTag v2.1.0, avaliação de qualidade com BUSCO v5.8.2 (banco eudicots_odb10) e QUAST. A montagem apresentou um total de 422,1 Mb distribuídos em 4.953 scaffolds, com N50 de 28,5 Mb, L50 de 7 scaffolds e L90 de 833 scaffolds. A avaliação de completude pelo BUSCO resultou em 97,9% de BUSCOs completos, 1,0% fragmentados e 1,1% ausentes. Em comparação ao genoma de *E. uniflora* previamente publicado, nossa montagem de novo possui maior contiguidade (7x mais contígua) e completude (5,4% mais completa). As próximas etapas desse estudo compreenderão a melhoria da contiguidade, a anotação dos genes e a caracterização de rotas metabólicas de interesse farmacológico.

**Palavras-chave:** genômica; Myrtaceae; Oxford Nanopore Technology.

**Agradecimentos:** à CAPES pela concessão de bolsa de doutorado.

# RGV 103 - OTIMIZAÇÃO DE ETAPAS DA REGENERAÇÃO *IN VITRO* DE *Anacardium occidentale* L. COMO MODELO EXPERIMENTAL PARA ESPÉCIES DO GÊNERO *Anacardium*

Mariana Guimarães Moreira[1]*; Valentina Nieto Marin[1]; Sérgio Tadeu Sibov[1]

[1]Universidade Federal de Goiás. *mariana_guimaraes@discente.ufg.br

Espécies do gênero *Anacardium* apresentam potencial ecológico, alimentar e econômico, além de relevância para o melhoramento genético, tornando a regeneração *in vitro* estratégica para propagação clonal e conservação de germoplasma. *Anacardium occidentale* L. (cajueiro) constitui modelo experimental para o desenvolvimento de protocolos aplicáveis a outras espécies do gênero. Este trabalho objetivou otimizar etapas iniciais da regeneração *in vitro* de *A. occidentale*, avaliando meios de cultura para o desenvolvimento de plântulas e o efeito do tidiazuron (TDZ) na indução de brotações. Inicialmente, 84 sementes germinadas *in vitro* em papel de germinação e ágar a 4% foram transferidas para Murashige & Skoog (MS), MS com metade da concentração de sais (½MS) e Woody Plant Medium (WPM), com 28 plântulas por tratamento, cada uma em recipiente individual. Após 15 dias, avaliaram-se desenvolvimento e número de folhas, utilizando escore de 0 (ausência de caule e folhas) a 4 (caule atingindo a tampa do recipiente e elevado número de folhas). Em experimento independente, 28 plântulas foram utilizadas como fonte de três tipos de explantes: ápice caulinar, gema lateral e segmento basal caulinar com raízes. Os explantes foram cultivados em MS contendo 0 ou 0,01 mg $L^{-1}$ de TDZ, em delineamento fatorial 2 x 3, com 14 repetições por combinação entre o tipo de explante e concentração de TDZ, totalizando 84 unidades experimentais, por 35 dias. As plantas cultivadas em ½MS e WPM apresentaram maior probabilidade de atingir escores 3 e 4 ($p<0,001$), enquanto mais de 50% das cultivadas em MS permaneceram no escore 0. As médias estimadas do número de folhas foram 3,79 e 3,74 em ½MS e WPM, respectivamente, e 1,61 em MS. Na indução de brotações, não houve efeito significativo do TDZ nem interação entre os fatores, mas o tipo de explante influenciou significativamente a resposta, com maiores médias de brotações em gemas laterais (3,23) e segmentos basais (3,11) que em ápices caulinares (1,09). Conclui-se que ½MS e WPM favorecem o estabelecimento *in vitro* de *A. occidentale*, enquanto gemas laterais e segmentos basais apresentam maior número de brotações, fornecendo subsídios para protocolos de propagação e conservação de espécies de *Anacardium*.

**Palavras-chave:** micropropagação; organogênese; conservação *ex situ*.

**Agradecimentos:** À UFG, CAPES e FAPEG.

# RGV 104 - RESPOSTAS FISIOLÓGICAS DE MUDAS DE *Euterpe edulis* MART. SUBMETIDAS A DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE PROTEÇÃO CONTRA RADIAÇÃO SOLAR

Isabele R. Schadek[1]*; Thiago S. Ornellas[1]; Loisiana Feuser[1]; Gabriela W. Arruda[1]; Michelle B. T. Loss[1]; Fernanda W. Costa[2]; Mariana N. M. Godoy[2]; Roque Junior S. Bellinaso[2]; Alberto F. Brighenti[2]

[1] Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina (RGV-UFSC). [2] Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias (CCA-UFSC). *isabelerei25@gmail.com

A palmeira juçara (*Euterpe edulis* Mart.) é um recurso genético estratégico da Mata Atlântica, essencial para a conservação e restauração florestal. Entretanto, o estabelecimento de mudas em campo pode ser limitado pela elevada radiação solar, que compromete o desenvolvimento inicial. Nesse contexto, indicadores fisiológicos constituem ferramentas importantes para identificar alterações no desempenho fotossintético. Objetivou-se avaliar as respostas fisiológicas de mudas de *E. edulis* submetidas a diferentes estratégias de proteção contra radiação solar. O experimento foi conduzido no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Santa Catarina (CCA/UFSC), em Florianópolis (SC), durante cinco meses de cultivo em campo no verão/outono. Foram utilizadas mudas cultivadas em casa de vegetação, transplantadas para vasos de 8 L. Os tratamentos consistiram em pleno sol (controle), sombrite 70%, NCallium (bioestimulante à base de alho e carvão), Keep Green (protetor fisiológico à base de Mo e Co), Surround WP (caulim 95%), Sombryt Br (carbonato de Ca e óxido de Zn) e caulim puro. Foram avaliados o índice SPAD (teor relativo de clorofila), e a fluorescência da clorofila (Fv/Fm - eficiência fotoquímica máxima do fotossistema II). Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e as médias comparadas pelo teste de Tukey (5%). Houve efeito significativo dos tratamentos para Fv/Fm ($p = 0,00033$) e índice SPAD ($p< 0,0001$). O pleno sol evidenciou estresse por radiação com os menores valores de Fv/Fm (543,3) e SPAD (21,46). Em contrapartida, os protetores Surround WP (657,0), Sombryt Br (688,5) e caulim puro (637,2) não diferiram do sombrite (679,2), sugerindo maior eficiência fotoquímica, enquanto NCallium e Keep Green tiveram resposta intermediária. Para o SPAD, Surround WP (28,46), Sombryt Br (27,11) e caulim puro (28,68) demonstraram o potencial das barreiras físicas em mitigar a degradação de clorofila, com médias que não diferiram do sombrite (38,76) e superioridade numérica ao pleno sol, ao passo que NCallium (24,48) e Keep Green (24,50) assemelharam-se ao controle. A avaliação de parâmetros fisiológicos permite identificar estratégias capazes de reduzir os efeitos da radiação solar sobre as mudas, subsidiando a sua produção para conservação e restauração de *E. edulis*.

**Palavras-chave:** Conservação vegetal; fluorescência da clorofila; SPAD; fotossíntese.

**Agradecimentos:** CAPES.

# RGV 108 - ESTAQUIA COMO ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO DO PAU-ROSA, ESPÉCIE AMEAÇADA DE EXTINÇÃO

Regina C. Quisen[1]*; Camilla M. Botelho[2]; Paulo de T. B. Sampaio[2]

[1]Embrapa Florestas. [2]INPA. *regina.quisen@embrapa.br

O pau-rosa (*Aniba rosaeodora* Ducke), espécie nativa da Amazônia, foi submetido à exploração predatória intensa para atendimento da indústria de perfumaria, encontrando-se atualmente classificado em perigo de extinção. A produção de mudas clonais via semente é comprometida pela baixa disponibilidade e viabilidade das sementes, tornando a estaquia indispensável para a conservação genética e exploração sustentável da espécie. Contudo, materiais de origem adulta apresentam recalcitrância ao enraizamento adventício, demandando técnicas de rejuvenescimento e otimização dos protocolos de rizogênese. O objetivo deste trabalho foi avaliar o enraizamento de estacas de brotações epicórmicas de pau-rosa, testando diferentes substratos, concentrações de auxina exógena e tipos de propágulo, além de caracterizar anatomicamente o processo de formação radicular. Foram conduzidos dois experimentos em Manaus/AM, com propágulos obtidos de cepas submetidas à decepa e manejo sistemático de brotações. No primeiro experimento (E1), avaliou-se o efeito de substratos (areia, vermiculita e mistura 1:1) e doses de ácido indol-3-butírico (AIB: 0 a 6,0 g $kg^{-1}$). No segundo (E2), comparou-se o tipo de estaca (apical, intermediária, basal e rebroto) e quantificou-se o teor de carboidratos nos propágulos. As avaliações foram realizadas entre 120 e 150 dias. Em E1, a vermiculita isolada ou em mistura superou a areia quanto à sobrevivência e ao enraizamento, em razão de sua superior capacidade de retenção hídrica. A concentração de 3000 ppm de AIB em pó mostrou-se a mais eficiente, elevando significativamente a taxa de enraizamento em relação ao controle. Em E2, o tratamento com rebrotos, propágulos coletados diretamente da base rejuvenescida das cepas, apresentou desempenho superior na maioria das variáveis avaliadas, favorecido pelo gradiente de juvenilidade dos tecidos. As análises bioquímicas evidenciaram correlação positiva entre teores de amido e brotação, enquanto os carboidratos solúveis associaram-se à maior sobrevivência dos propágulos. A caracterização anatômica revelou que as raízes adventícias originam-se do parênquima xilemático pela atividade do câmbio vascular; identificou-se, adicionalmente, a presença de anel contínuo de esclerênquima, o qual pode atuar como barreira física à emergência radicular. Conclui-se que o emprego de vermiculita como substrato, a aplicação de 3000 ppm de AIB e a utilização de rebrotos de tecidos rejuvenescidos constituem estratégias eficazes para viabilizar a produção clonal de *Aniba rosaeodora*.

**Palavras-chave:** *Aniba rosaeodora* Ducke**;** Resgate Vegetativo; Rizogênese.

**Agradecimentos:** À Magaldi Agrocomercial e CAPES.

# RGV 112 - DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE *Piper hispidinervum* C.DC. CONTIDOS EM BANCO DE GERMOPLASMA

Jacson Rondinelli da Silva Negreiros[1]*

[1]Embrapa Acre. *jacson.negreiros@embrapa.br

*Piper hispidinervum* C. DC., também conhecida como pimenta longa, destaca-se como espécie rica em safrol, com teores variando de 89% a 98% e rendimento entre 3,0% a 4,8%. É uma planta economicamente correta por sua capacidade de rebrota. O safrol é um fenilpropanoide que gera outros compostos de grande interesse, como a heliotropina e o butóxido de piperonila. A primeira é matéria-prima para a indústria de cosméticos e o segundo agente sinergístico para inseticidas naturais. Caracterizar acessos de piper contidas em banco de germoplasma é de suma importância para futura disponibilização ao programa de melhoramento. Portanto, o objetivo do trabalho foi verificar a existência de variabilidade genética entre acessos de *Piper hispidinervum* C.DC. existentes no Banco Ativo de Germoplasma - BAG por meio de caracteres fitoquímicos. Foram avaliados 100 acessos do BAG de *Piper hispidinervum*, localizados na Embrapa Acre, Rio Branco, Ac. Neste estudo, para cada indivíduo, foram coletadas amostras de folhas e ramos finos que, posteriormente foram secados em secador solar por um período de 4 a 6 dias. Foram avaliadas as seguintes características: teor de umidade na biomassa (%), rendimento de extração de óleo essencial em base livre de umidade (%) e quantificação do teor de safrol (%). O teor de umidade da biomassa foi determinado para realizar os cálculos de rendimento em base livre de umidade (BLU). Para tanto, foram utilizados 5 g de biomassa seca picotada. O rendimento do óleo essencial foi calculado com base na matéria seca em BLU. O óleo essencial foi extraído pelo método de coobação ou recirculação de água condensada. Após a extração, as amostras foram analisadas para a quantificação do safrol em cromatógrafo gasoso equipado com detector de ionização de chama e coluna capilar. Para o estudo da divergência genética empregaram-se análises multivariadas. Foram calculadas as distâncias euclidianas médias entre cada par de genótipo. Essa distância foi escolhida pelo fato de os dados terem sido coletados em experimento que não envolve delineamento experimental. Para a formação dos grupos empregou-se o método de otimização de Tocher e a dispersão gráfica pelo método dos componentes principais. Após as análises, verificou-se que, pelo método de agrupamento de Tocher houve a formação de seis grupos distintos, com maior concentração de acessos no primeiro grupo. Na dispersão gráfica, por meio da avaliação visual, pelo método dos componentes principais, verifica-se que os acessos são divergentes, indicando ampla variabilidade e possíveis ganhos por seleção, além de possuírem potencial para o programa de melhoramento genético da espécie. Com isso, conclui-se que há variabilidade genética entre os acessos de *Piper hispidinervum* estudados.

**Palavras-chave:** pimenta longa; Banco Ativo de Germoplasma; safrol.

**Agradecimentos:** à Embrapa Acre.

# RGV 113 - ESTUDO DE POPULAÇÕES DE *Piper aduncum* L. ORIUNDAS DO BANCO DE GERMOPLASMA PARA ESTIMATIVA DA VARIABILIDADE GENÉTICA

Jacson Rondinelli da Silva Negreiros[1]*

[1]Embrapa Acre. *jacson.negreiros@embrapa.br

A partir da década de 1990 a Embrapa Acre iniciou a formação do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de *Piper* por meio de bioprospecções realizadas nos Estados do Acre e Amazonas. A partir da formação deste BAG foi possível realizar estudos, mesmo que incipientes, de caracterização morfológica e fitoquímica dos acessos que são fundamentais para iniciar um programa de melhoramento da espécie. A partir de pesquisas realizadas para o desenvolvimento de novos produtos e processos oriundos de fontes biológicas que sejam economicamente viáveis, a *Piper aduncum* L. ou "pimenta de macaco", com seu óleo essencial rico em dilapiol, se tornou uma cultura estratégica para pesquisas na Unidade. Deste modo, para estabelecer as bases do programa de melhoramento genético de *Piper aduncum* L. e viabilizar a produção em larga escala deste ativo voltado para a produção de bioinsumos é fundamenta a caracterização de acessos oriundos do Banco ativo de germoplasma. Portanto, o objetivo do estudo foi verificar a variabilidade genética de onze populações de *Piper aduncum* oriundas do Banco Ativo de Germoplasma, por meio de caracteres morfológicos. Foram avaliadas 11 populações, com 10 acessos diferentes cada, de pimenta de macaco, oriundas do BAG localizado na Embrapa Acre. O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente casualizado, com 11 tratamentos (populações) com 10 repetições (para cada população foram avaliados 10 acessos diferentes). Avaliou-se as seguintes características morfológicas: comprimento do limbo, largura do limbo, comprimento do pecíolo, diâmetro do pecíolo-maior dimensão, diâmetro do pecíolo-menor dimensão, pilosidade da nervura central, pilosidade do pecíolo e número de entrenós. Posteriormente, os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e a divergência genética foi estudada por meio do agrupamento de Tocher e Variáveis Canônicas. Após a análises dos dados, verificou-se diferença significativa entre todos os caracteres, exceto comprimento do limbo. Estes resultados indicam existência de variabilidade genética e possibilidade de identificação de acessos superiores que podem ser utilizados em programas de melhoramento genético da espécie. No agrupamento de Tocher houve a formação de dois grupos, o primeiro com 9 populações (5, 4, 7, 6, 9, 10, 1, 11, e 8) e o segundo com duas populações (3 e 2). Em relação às variáveis canônicas, as três explicaram 86,85 % da variação total, mostrando boa dispersão entre as populações. Novas caracterizações devem ser realizadas em mais acessos do BAG. Portanto, verificou-se variabilidade genética entre as populações avaliadas de pimenta de macaco.

**Palavras-chave:** pimenta de macaco; caracterização morfológica; diversidade.

**Agradecimentos:** Embrapa Acre.

# RGV 114 - O PROJETO MÃOS GUARDIÃS E O FORTALECIMENTO DA CONSERVAÇÃO COMUNITÁRIA DE SEMENTES CRIOULAS EM TERRITÓRIOS QUILOMBOLAS NO LITORAL MÉDIO DO RS

Juliana Castelo Branco Villela[1]*; Gilberto Antonio Peripolli Bevilaqua[2]; Patrícia Martins da Silva[2]; Irajá Ferreira Antunes[2]; Rosa Lía Barbieri[2]

[1]Bolsista Pós-Doutorado Fundação Arthur Bernardes (FUNARBE). [2]Pesquisador(a) da Embrapa Clima Temperado. *jcbrancov@gmail.com

A conservação dos recursos genéticos em comunidades tradicionais constitui um elemento significativo para a manutenção da segurança e da soberania alimentar, além da preservação dos conhecimentos transmitidos entre gerações. Estudos realizados com comunidades Quilombolas demonstram que essas comunidades mantêm uma expressiva diversidade de espécies alimentares, medicinais e com usos culturais e simbólicos. Esse trabalho tem como objetivo apresentar o resultado do diálogo sobre o Projeto "*Mãos Guardiãs: Conservação e Uso de Variedades Crioulas em Territórios de Povos e Comunidades Tradicionais*" junto às comunidades Quilombolas participantes do Fórum Quilombola do Litoral Médio do RS, destacando o apoio à criação de casas de sementes como estratégia de conservação comunitária das sementes crioulas e ampliação na produção de sementes agroecológicas. A metodologia consistiu na realização de atividades participativas durante reunião ordinária do Fórum realizado no Quilombo de Casca, no município de Mostardas. O evento foi realizado em 23 de maio de 2026 e reuniu 56 pessoasrepresentantes de 9 comunidades Quilombolas: Costa da Lagoa, Limoeiro, Casca, Beco dos Colodianos, Teixeiras, Olhos d'Água, Caporocas, Vila Nova e Morro Alto. As ações desenvolvidas incluíram a apresentação do projeto, rodas de conversa e momentos de escuta das lideranças e demais participantes, abordando temas relacionados à conservação dos recursos genéticos e à preservação de variedades tradicionais. As discussões realizadas no fórum evidenciaram a relevância das práticas tradicionais de cultivo e conservação de plantas para a manutenção da segurança alimentar, da autonomia produtiva e da identidade cultural das comunidades Quilombolas. Nesse sentido, a proposta de criação de casas de sementes no Quilombo dos Teixeiras, município de Mostardas (RS) e no Quilombo do Algodão, município de Pelotas (RS) foram reconhecidas como iniciativas capazes de fortalecer a conservação dos recursos genéticos de variedades crioulas, ampliara circulação de sementes entre as famílias e contribuir para a continuidade dos saberes e práticas agrícolas tradicionais, reforçando a soberania alimentar e fortalecimento da identidade cultural das comunidades Quilombolas no Rio Grande do Sul.

**Palavras-chave:** Conservação in situ/*on-farm*; Recursos Genéticos; Soberania Alimentar.

**Agradecimentos:** Ministério de Desenvolvimento Agrário (MDA), Emater e Fórum Quilombola de Mostardas.

# RGV 116 - AVALIAÇÃO DO COMPORTAMENTO MEIÓTICO DE UM ACESSO DE *Urochloa brizantha* (Hochst. ex A. Rich.) R. D. Webster [syn. *Brachiaria brizantha* (A. Rich.) Stapf]

Bibiana Henkel Estivalet[1]*; Bruna Vitalino Cadete Cangussu[1], Pedro Henrique S. Duhatschek[1]; Maria Fernanda Rodrigues de Tomasi[1]; Cacilda Borges do Valle[2]; Sanzio Carvalho Lima Barrios[2]; Andréa Raposo[2]; Andréa Beatriz Diverio Mendes[1]

[1]Universidade Estadual de Maringá, PR. [2]Embrapa Gado de Corte, MS.
*estivaletbibiana@gmail.com

O gênero *Urochloa* P. Beauv. constitui a base das pastagens cultivadas no Brasil, sendo essencial para a sustentabilidade da pecuária nacional. Entretanto, desafios como degradação de pastagens e mudanças climáticas exigem o desenvolvimento contínuo de cultivares mais produtivas, resistentes e adaptadas. Nesse contexto, a conservação dos recursos genéticos desempenha papel essencial, por garantir a variabilidade genética existente entre espécies e acessos de *Urochloa*, constituindo uma importante fonte de genes de interesse agronômico e permitindo a obtenção de plantas com características superiores. No gênero *Urochloa*, a poliploidia está frequentemente associada à ocorrência de anormalidades meióticas e à apomixia. Assim sendo, a citogenética representa uma ferramenta útil para compreender a organização cromossômica e os mecanismos genéticos envolvidos na reprodução e evolução das espécies. Levando isso em consideração, o presente trabalho teve como objetivo analisar o comportamento meiótico de um acesso de *U. brizantha* pertencente ao Banco de Germoplasma da Embrapa Gado de Corte (MS). As lâminas foram preparadas por técnica de esmagamento e coradas com carmim propiônico a 1%. Observou-se elevada frequência de anormalidades ao longo da meiose, destacando-se cromossomos em ascensão precoce na metáfase I e cromossomos retardatários na anáfase I e telófase I, associados à formação de micrócitos e micronúcleos. Na meiose II, verificaram-se irregularidades expressivas, com destaque para prófase II e anáfase II, além da persistência de micronúcleos e micrócitos. Na fase de tétrades, foram observadas tríades, pêntades e micronúcleos em diferentes configurações. Foram ainda registradas assincronias de fases meióticas principalmente entre anáfase II e telófase II, e aderências cromossômicas. Essas anormalidades meióticas podem comprometer a formação de gametas viáveis, reduzindo a fertilidade das plantas e influenciando diretamente sua conservação genética, reprodução e estabelecimento de populações estáveis em condições naturais e de cultivo.

**Palavras-chave:** Cromossomos; Pastagem; Poliploidia.

**Agradecimentos:** à Universidade Estadual de Maringá, à Fundação Araucária, à Embrapa Gado de Corte e à UNIPASTO (Associação para o Fomento e à Pesquisa de Forrageiras).

**RGV 117 - VARIABILIDADE NO COMPORTAMENTO GERMINATIVO DE POPULAÇÕES NATURAIS DE *Conyza* spp. EM RESPOSTA À TEMPERATURA**

Marina Jordem Almança Possatti[1]*; Thainara Curty Vimercati[1]; Maria Clara Cezário Ribeiro[1]; Vitória Garcia Barbosa[1]; Ludimilla Laís Motta Nascimento[1]; Paula da Silva Mendel Soares[1]; Fernanda Vargas Valadares[1]; Leandro Pin Dalvi[1]; Taís Cristina Bastos Soares[1]

[1]Universidade Federal do Espírito Santo. *marina.possatti@edu.ufes.br

As espécies do gênero *Conyza* estão entre as principais plantas daninhas que infestam sistemas agrícolas brasileiros. A germinação representa uma etapa fundamental para o estabelecimento dessas espécies e é influenciada por fatores como disponibilidade de água, luminosidade e temperatura. A avaliação do comportamento germinativo sob diferentes condições térmicas contribui para a caracterização de populações vegetais dessa espécie e para ampliação do conhecimento sobre a variabilidade observada entre elas. Assim, objetivou-se avaliar a variabilidade no comportamento germinativo de populações de *Conyza* spp. submetidas a diferentes temperaturas. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 6 × 3, utilizando sementes provenientes de seis populações coletadas em diferentes municípios do Espírito Santo e submetidas às temperaturas constantes de 15, 22 e 30 °C em câmara de germinação tipo B.O.D., com quatro repetições de 50 sementes cada. A germinação foi avaliada diariamente durante dez dias após a semeadura, sendo os dados submetidos à análise de variância e, quando significativo, as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p \leq 0,05$). Houve efeito significativo da temperatura, das populações e da interação entre esses fatores sobre a germinação. As populações responderam de forma distinta ao aumento da temperatura. Domingos Martins apresentou elevada germinação já a 22 °C, mantendo desempenho semelhante a 30 °C. Mimoso do Sul e Vargem Alta apresentaram maior incremento na germinação a 30 °C. Em contraste, Irupi apresentou baixos percentuais de germinação em todas as temperaturas avaliadas, enquanto Afonso Cláudio e Ibitirama apresentaram comportamento intermediário. Os resultados evidenciam diferenças no comportamento germinativo entre populações naturais de *Conyza* spp., contribuindo para ampliar o conhecimento sobre a variabilidade observada entre essas populações e além de fornecer informações que poderão subsidiar estudos de caracterização e utilização de recursos genéticos vegetais, além de estratégias de manejo dessa espécie.

**Palavras-chave:** plantas daninhas; recursos genéticos vegetais; variabilidade populacional.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de doutorado e à Universidade Federal do Espírito Santo (UFES) pelo apoio ao desenvolvimento da pesquisa.

# RGV 118 - PREDIÇÃO DO RENDIMENTO DE GRÃOS EM POPULAÇÕES DE FEIJÃO COM APRENDIZADO DE MÁQUINA

Mauro Bitencourt de Souza[1]*; Luan Tiago dos Santos Carbonari[1]; Carlos Zacarias Joaquim Junior[1]; Carina Lopes djadjo[1]; Jefferson Luís Meirelles Coimbra[1]

[1]Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM). Universidade do Estado de Santa Catarina (CAV/UDESC), Lages, SC, Brasil. *maurobitencourtdesouza@gmail.com

A fenotipagem do rendimento de grãos é crucial para o melhoramento de plantas, permitindo a identificação de indivíduos promissores onde a seleção irá atuar. Como a fenotipagem do caráter é realizada ao fim do ciclo, o emprego de técnicas de auxílio à seleção surge para acelerar esse processo. Deste modo, o trabalho tem o objetivo de verificar a capacidade preditiva de algoritmos de aprendizado de máquina na previsão do rendimento de grãos em populações de feijão (*Phaseolus vulgaris* L). Um ensaio foi conduzido na área experimental do Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM), em Lages, SC. O ensaio, composto por 52 populações de feijão, incluiu genitores e populações segregantes ($F_4$ e $F_7$). Foram mensurados os caracteres fenotípicos estatura de planta (EP), diâmetro do caule (DC), inserção do primeiro legume (IPL), número de legumes (NL) e massa de grãos por planta (MGP). Os dados foram divididos em 80% para treino e 20% para teste, sendo o ajuste dos algoritmos realizado via Randomized Search Cross Validation. Foram considerados dois cenários, definidos pela ausência ou presença da variável NL. No primeiro cenário, utilizando EP, IPL e DC como preditoras, obtiveram-se coeficientes de determinação ($R^2$) de 0,50, 0,52 e 0,54 com os algoritmos Random Forest, Gradient Boosting e Redes Neurais, respectivamente. Já no segundo cenário, o acréscimo da variável NL elevou o $R^2$ para 0,87 nos três algoritmos. A diferença entre as estimativas indica que a escolha da técnica não constitui o fator determinante para o sucesso da abordagem. Visando à seleção, o primeiro cenário mostra-se pouco promissor. Embora os algoritmos expliquem aproximadamente 50% da variação total da variável MGP, pesquisas com outros caracteres devem ser realizadas. Por outro lado, o segundo cenário oferece maior confiabilidade devido à menor estimativa do erro, ainda que a obtenção de dados ocorra ao final do ciclo. A composição do conjunto de variáveis preditoras é determinante para o sucesso da abordagem. A inclusão da variável NL ao final do ciclo aumenta a acurácia e a confiabilidade das predições fenotípicas. Enquanto os caracteres EP, IPL e DC podem viabilizar a seleção antecipadamente, mas com menor capacidade preditiva

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; Machine learning; Fenotipagem.

**Agradecimentos:** Agradecemos à Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) pela concessão de bolsas e auxílio financeiro para a realização de projetos de pesquisa.

# RGV 119 - AVALIAÇÃO FENOTÍPICA DE GENÓTIPOS DE SOJA QUANTO À REAÇÃO AO OÍDIO E COMPONENTES PRODUTIVOS

Gabriel Dal Puppo Pelisser[1]*; Diego Gabriel Kleemann[1]; Luan Gustavo Popp[1]; Bruno Stoll Chiarello[1]; Volmir Kist[1]

[1]IFC - Campus Concórdia. *gabrieldalpuppopelisser@gmail.com

A soja (*Glycine max* L.) é uma das principais culturas agrícolas do Brasil, com elevada importância econômica e produtiva. Entretanto, seu desempenho é limitado por doenças foliares, entre as quais se destaca o oídio, causado por *Erysiphe diffusa*, que pode reduzir a área fotossintética, comprometer componentes de rendimento e elevar os custos de produção. A identificação de genótipos adaptados e com menor progresso da doença constitui estratégia relevante para o uso de recursos genéticos em programas de melhoramento e para sistemas de produção mais sustentáveis. O objetivo deste trabalho foi avaliar genótipos de soja quanto ao desempenho agronômico e à reação ao oídio, sob condições naturais de cultivo no Oeste Catarinense. O experimento foi conduzido em Concórdia, SC, em delineamento de blocos casualizados. Foram avaliados dez genótipos de soja recomendados para cultivo regional. As variáveis avaliadas foram número de vagens por planta, número de grãos por vagem, severidade do oídio estimada pela área abaixo da curva de progresso da doença, peso de mil sementes e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância e, quando constatado efeito significativo, as médias foram agrupadas pelo teste Scott-Knott a 5% de probabilidade. Foram observadas diferenças entre os genótipos para número de vagens por planta, número de grãos por vagem e progresso do oídio, evidenciando variabilidade fenotípica para caracteres produtivos e reação à doença. Para número de grãos por vagem, os genótipos 2, 4 e 9 apresentaram maiores médias, com valores de 2,43, 2,46 e 2,47, respectivamente. Para número de vagens por planta, destacaram-se os genótipos 4, 6 e 9, com 63, 65 e 72 vagens por planta, respectivamente. Quanto à área abaixo da curva de progresso da doença, os genótipos foram separados em dois grupos, com valores inferiores ou superiores a 100. Os genótipos 6, 9 e 10 apresentaram maior progresso do oídio, indicando maior suscetibilidade. O genótipo 9 associou maior número de vagens por planta e grãos por vagem à maior severidade da doença, sugerindo tolerância ao oídio. Não houve diferenças significativas para peso de mil sementes e produtividade, possivelmente em função da baixa pressão da doença durante o ciclo. Conclui-se que há variabilidade entre genótipos de soja quanto à reação ao oídio e aos componentes produtivos. O genótipo 9 apresentou desempenho agronômico superior mesmo sob maior progresso da doença, constituindo material de interesse para estudos complementares de tolerância e adaptação regional.

**Palavras-chave:** *Glycine max*; *Erysiphe diffusa*; resistência genética.

**Agradecimentos:** Ao IFC - campus Concórdia pela concessão de bolsa ao primeiro autor.

# RGV 120 - ADERÊNCIA CROMOSSÔMICA E SEGREGAÇÃO IRREGULAR DOS CROMOSSOMOS EM *Urochloa mosambicensis* (Hank) Dandy

Maria Fernanda Rodrigues De Tomasi[1]*; Pedro Henrique S. Duhatschek[1]; Bruna Vitalino Cadete Cangussu[1]; Bibiana Henkel Estivalet[1]; Andréa Raposo[2]; Sanzio Carvalho Lima Barrios[2]; Andréa Beatriz Diverio Mendes[1]

[1]Universidade Estadual de Maringá, Maringá - PR. [2]Embrapa Gado de Corte, Campo Grande - MS. *pg406867@uem.br

A conservação de recursos genéticos vegetais é essencial para a manutenção da variabilidade genética e para o fornecimento de material de interesse para programas de melhoramento. Espécies forrageiras do gênero *Urochloa* apresentam elevada importância para os sistemas de produção animal em regiões tropicais, destacando-se pela ampla adaptação e potencial agronômico. Os capins do gênero *Urochloa* de alto valor agronômico geralmente são apomíticos e poliploides. A poliploidia está diretamente relacionada com a alta frequência de anormalidades meióticas. Uma das espécies que tem se destacado na pecuária do nordeste brasileiro é a *Urochloa mosambicensis* (Hank) Dandy. Entretanto, pouco se sabe a respeito do nível de ploidia e da microsporogênese dessa espécie. Estudos citogenéticos têm mostrado a importância dessa ferramenta para a caracterização e conservação de recursos genéticos em Bancos de Germoplasma. Sendo assim, o estudo teve como objetivo auxiliar o programa de melhoramento genético de *Urochloa* realizado pela Embrapa Gado de Corte - MS, através da avaliação da microsporogênese de um acesso de *U. mosambicensis* pertencente ao Banco de Germoplasma desse gênero. Para as análises citológicas, foi utilizada a técnica de esmagamento com carmim propiônico 1%. A análise da microsporogênese revelou uma alta frequência de aderência cromossômica, fazendo com que os cromossomos permanecessem fisicamente unidos. Essas aderências comprometem a segregação regular dos cromossomos levando à produção de núcleos picnóticos. Além da presença de aderência cromossômica, durante a meiose I e II também foram observadas anormalidades segregacionais comumente encontradas nessas espécies. As anormalidades meióticas observadas durante a microsporogênese podem afetar a viabilidade do pólen, interferindo dessa forma na fertilidade da planta e consequentemente na produção de sementes. Esses resultados ressaltam a importância da avaliação citogenética na caracterização de recursos genéticos pertencentes a Bancos de Germoplasma.

**Palavras-chave:** Poliploidia; Meiose; Microsporogênese.

**Agradecimentos:** CAPES; Pós-Graduação em Genética e Melhoramento; Universidade Estadual de Maringá; Embrapa Gado de Corte; UNIPASTO.

# RGV 121 - CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E MULTIPLICAÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS DE BATATA-DOCE

Fabiane Aparecida Greselle[1]*; Serinei César Grigolo [1]; Joel Donazzolo[1]; Flávia Eduarda Martins[1]; Emilly Adrielly de Campos[1]; Samuel Felipe Dias Hermann[1]; Alexandre Engster Diesel[1]; Gustavo Hossel[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, UTFPR - Campus Dois Vizinhos.
*fabianegreselle@alunos.utfpr.edu.br

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) destaca-se pela elevada variabilidade genética e importância para a segurança alimentar, agricultura familiar e conservação dos recursos genéticos vegetais. O Laboratório Territorial de Formação, Pesquisa e Extensão em Agrobiodiversidade e Alimento desenvolve ações voltadas ao resgate, conservação, multiplicação, caracterização e valorização de espécies alimentícias de interesse regional. O trabalho teve como objetivo realizar a multiplicação e a caracterização morfológica de 48 variedades de batata-doce pertencentes ao banco de germoplasma mantido pelo laboratório na UTFPR - Campus Dois Vizinhos. A multiplicação foi realizada por meio de ramas, folhas deixando cerca de 1cm do caule onde fica a gema, garantindo ampliação destas variedades da coleção, enquanto a caracterização foi conduzida utilizando descritores morfológicos visuais padronizados, incluindo cor da casca, cor da raiz tuberosa, cor da polpa, cor dos ramos, cor e formato das folhas e ocorrência de floração. Dentre as 48 variedades avaliadas incluíram acessos crioulos, como L11B, Lindana, Matizada, Pé de Galinha, Vermelha Seca, Beterraba 1, 2 e 3, Cenoura, Eucalipto, Horta Rosa 1 e 2, Horta Branca, Zanca, Milagrosa, Transbel Roxa, Mandirituba, Estrela, Estrela 2, Bertalha, Rama Roxa, Rama Mole, Rama Mole Colina, Rosa 2, Crespa, Nativa, Peluda, Marmeleira, SM 36 Semente, SM 39 Semente, Batata Moranga, Palída, Ornamental, Frans Del, Hibrída 1, Lindana S, SM 22, 23 e 26, além de cultivares melhoradas como BRS Rubissol, BRS Nuti, BRS Cuia, BRS Cotinga, BRS Anembé, BRS Gaita, BRS Amélia, IAPAR 69. As avaliações evidenciaram elevada variabilidade fenotípica entre as variedades, principalmente para os descritores formato das folhas, coloração do caule, formato das raízes tuberosas, demonstrando a ampla diversidade genética existente na coleção. Conclui-se que a caracterização morfológica constitui ferramenta eficiente para diferenciar os genótipos e subsidiar programas de conservação e melhoramento genético, reforçando a importância do Laboratório Territorial de Formação, Pesquisa e Extensão em Agrobiodiversidade e Alimento da UTFPR como referência na conservação, uso sustentável e difusão de recursos genéticos de batata-doce no sudoeste do Paraná.

**Palavras-chave:** Batata-Doce; Caracterização Morfológica; Recursos Genéticos.

**Agradecimentos:** Agradecemos à Fundação Araucária pelo financiamento do NAPI Alimento e Território e ao programa de bolsas de extensão da UTFPR.

# RGV 123 - DIÂMETRO DO CAULE REVELA RESPOSTAS CONTRASTANTES EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-GUANDU SOB SOMBREAMENTO

Maria Luísa Matos da Silva[1]; Thais Millena Marques Couto[1]; Lucas Gaia Romagnoli[1]; Gabriel Dias Gomes[1]; Wellington Ferreira Campos[1]*

[1]Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal dos Vales do Jequitinhonha e Mucuri, Unaí, Minas Gerais, Brasil. *wellington.campos@ufvjm.edu.br

O feijão-guandu (*Cajanus cajan*) é uma leguminosa de valor agronômico e ambiental, amplamente empregada na adubação verde, na recuperação de áreas degradadas e em sistemas agroflorestais e consorciados, nos quais a disponibilidade de luz é frequentemente reduzida pela presença de espécies arbóreas. Nesse contexto, caracterizar a resposta morfológica de seus genótipos ao sombreamento é fundamental para a identificação e o uso de recursos genéticos adaptados a ambientes de baixa luminosidade. O objetivo foi avaliar a resposta morfológica de três genótipos de feijão-guandu a um gradiente de sombreamento ao longo do desenvolvimento inicial. O experimento foi conduzido em uma Estação de Fotobiologia, em delineamento de blocos casualizados, com três genótipos (Anão, Fava-Larga e Super N) e cinco níveis de sombreamento (0%, 20%, 45%, 65% e 80%). A altura, o diâmetro do caule, o número de folhas e a relação altura/diâmetro (RAD) foram avaliados em cinco coletas, ao longo de aproximadamente 31 dias. As observações foram agregadas por parcela e analisadas por modelos lineares mistos, com bloco como efeito aleatório e o sombreamento e o tempo tratados como preditores contínuos. O sombreamento promoveu alongamento das plantas, com aumento da altura e da RAD, efeito que se intensificou significativamente ao longo do crescimento. A resposta ao sombreamento foi majoritariamente conservada entre os genótipos para altura, RAD e número de folhas, indicando predomínio do controle ambiental sobre o genotípico nesses marcadores morfológicos. A diferenciação genotípica ocorreu especialmente no diâmetro do caule, para o qual a interação entre genótipo e sombreamento foi significativa: o genótipo “Super N” manteve o diâmetro praticamente estável ao longo do gradiente de sombreamento, enquanto o genótipo “Fava-Larga” o reduziu progressivamente, configurando estratégias contrastantes de resposta à baixa luminosidade; enquanto o genótipo “Anão” apresentou comportamento intermediário, sem diferir significativamente dos demais. Essa diferenciação manteve-se constante ao longo do crescimento. Portanto, os genótipos de feijão-guandu compartilham uma resposta morfológica conservada ao sombreamento, diferenciando-se quanto à estabilidade do diâmetro do caule, marcador morfológico promissor para a seleção de materiais adaptados a ambientes sombreados e para programas de caracterização e uso de recursos genéticos.

**Palavras-chave:** *Cajanus cajan*; plasticidade fenotípica; caracterização morfológica.

**Agradecimentos:** FAPEMIG (Projeto APQ-00426-21).

# RGV 124 - VIABILIDADE DO PÓLEN E INTERAÇÕES PÓLEN-PISTILO EM *BROMUS AULETICUS*: CONTRIBUIÇÕES PARA SUA CONSERVAÇÃO E USO

Mariana Vilaró[1]*; Rafael Reyno[2]; Federico Condón[2]; Javier Do Canto[2]; Cristina Trujillo[3]; Pablo González Barrios[3]; Mercedes Rivas[1,3]

[1]Centro Universitario Regional del Este, Universidad de la República, Uruguay. [2]Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria, Uruguay. [3]Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Uruguay. *mvilaro@fagro.edu.uy

*Bromus auleticus* é uma gramínea forrageira nativa do Bioma Pampa da América do Sul, com distribuição natural no sul do Brasil, no Uruguai e no centro da Argentina. É considerado um recurso fitogenético de grande potencial devido à sua elevada produção de forragem, qualidade nutricional e persistência. No Uruguai, sua domesticação teve início a partir de coletas realizadas em diferentes regiões ecogeográficas desde a década de 1960. No entanto, a conservação e o melhoramento da espécie têm sido limitados pelo reduzido conhecimento sobre seu sistema reprodutivo. Diversos autores concluíram que a espécie apresenta um sistema reprodutivo alógamo e possivelmente mecanismos de incompatibilidade genética. Com o objetivo de ampliar o conhecimento sobre sua biologia reprodutiva e gerar informações para o melhoramento genético, foram estabelecidos dois objetivos principais: a) comparar a formação e a germinação de sementes obtidas por meio de cruzamentos controlados entre e dentro de acessos de *B. auleticus*; e b) analisar as interações pólen-pistilo sob diferentes condições de polinização e avaliar a viabilidade do pólen proveniente dos acessos parentais e das progênies obtidas. Nas primaveras de 2020 e 2021, pistilos dos diferentes tratamentos foram fixados e corados com azul de anilina para observação em microscópio de fluorescência. Os resultados de compatibilidade foram registrados por meio de uma escala visual. A viabilidade do pólen foi avaliada por coloração com cloreto de 2,3,5-trifeniltetrazólio. Os maiores níveis de compatibilidade pólen-pistilo foram observados sob condições de polinização livre em todos os acessos avaliados. Também foi observada correspondência entre a compatibilidade e a formação de sementes. Nas autofecundações, predominaram interações parcialmente compatíveis e incompatíveis, e a formação de sementes foi significativamente menor do que na polinização livre. Pode-se concluir que os acessos apresentaram incompatibilidade genética, embora o mecanismo possa não estar estritamente definido. Os níveis de compatibilidade observados nos cruzamentos entre acessos foram superiores aos obtidos dentro dos acessos, em concordância com os resultados de formação de sementes. Os valores de viabilidade do pólen obtidos não indicam que o pólen seja um fator limitante na produção de sementes. As informações geradas poderão contribuir para a seleção de cruzamentos compatíveis, o aumento da produção de sementes e o desenvolvimento de populações com características de interesse.

**Palavras-chave:** sistema reprodutivo; gramínea nativa; recursos genéticos forrageiros.

**Agradecimentos:** Comisión Sectorial de Investigación Científica, Centro Universitario Regional del Este, INIA Uruguay.

# RGV 126 - CARACTERIZAÇÃO AMBIENTAL DOS SÍTIOS DE OCORRÊNCIA NATURAL DE POPULAÇÕES DE *Lippia thymoides* Mart. & Schauer

Maria Clara de Almeida Lima Rocha[1]; Lenaldo Muniz de Oliveira[1]*

[1]Universidade Estadual de Feira de Santana - UEFS. *lenaldo.uefs@gmail.com

A Caatinga abriga uma rica diversidade de espécies com potencial medicinal, adaptada às condições ambientais da região. *Lippia thymoides* Mart. & Schauer, popularmente conhecida como alecrim-do-mato, é um arbusto endêmico da Caatinga. Apesar das propriedades antimicrobianas, inseticidas e vasorrelaxantes já comprovadas, a escassez de dados sobre a caracterização de suas populações tem limitado seu uso em programas de melhoramento e na proteção da variabilidade genética existente. Diante disso, estudos das características ambientais dos sítios de ocorrência natural da espécie tornam-se cruciais para identificar as condições específicas às quais a espécie se adapta, orientando ações nas áreas de cultivo e conservação *ex situ*. O objetivo deste trabalho foi caracterizar ambientalmente os locais de ocorrência natural da espécie *Lippia thymoides* no Estado da Bahia, visando estabelecer uma base de dados para o direcionamento de ações de conservação e cultivo. Os dados de altitude, temperatura média, umidade relativa e precipitação total de 17 localidades foram obtidos a partir de bases climáticas em plataformas especializadas considerando as coordenadas geográficas dos locais de ocorrência. Os resultados revelaram uma elevada heterogeneidade ambiental. A altitude média foi de 619,21 m, variando desde zonas baixas, como Itapicuru (213 m), até regiões elevadas, como Piatã (1318 m). A temperatura média foi de 24,06 °C, com a menor em Piatã (21,2 °C) e a maior em Santa Brígida (26,04 °C). A umidade relativa média foi de 70,82%, variando de 63,34% (Bedengó) a 79,69% (Lajedo do Tabocal). A precipitação total anual média foi de 574,82 mm, com mínima de 326 mm em Bedengó e máxima de 832 mm em Jussiape. Observou-se que populações localizadas em áreas de maior altitude estão associadas a menores temperaturas médias e maior disponibilidade hídrica, enquanto populações em áreas mais baixas ocorrem sob condições mais quentes e relativamente mais secas. Esses resultados evidenciam que *Lippia thymoides* apresenta ampla plasticidade ecológica, ocupando condições ambientais distintas dentro do semiárido baiano. Conclui-se que a espécie está distribuída em um amplo gradiente ambiental, o que sugere potencial adaptativo e reforça a importância da conservação de múltiplas populações, visando à manutenção da diversidade genética e conservação do germoplasma existente.

**Palavras-chave:** Plantas medicinais; Conservação; Ecogeografia.

**Agradecimentos:** O trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

# RGV 127 - CARACTERIZAÇÃO MORFOAGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE *Medusantha martiussi* (Ex Benth) Harley & J.F.B. Pastore

Edvan Assis de Oliveira[1]; Lenaldo Muniz de Oliveira[1]*; Laura de Paula Rodrigues da Silva[1]

[1]Universidade Estadual de Feira de Santana. *lenaldo.uefs@gmail.com

*Medusantha martiussi* (ex Benth) Harley & J.F.B. Pastore é um arbusto aromático típico do Bioma Caatinga conhecido popularmente como alfazema de caboclo, cujo óleo essencial apresenta atividade antimicrobiana, citotóxica e contra insetos de relevância agrícola. Como a espécie ainda não é domesticada e explorada de forma extrativista, pesquisas sobre a variação morfológica de suas populações tornam-se fundamentais para estratégias de conservação, melhoramento e uso sustentável desse recurso genético. O objetivo do estudo foi caracterizar morfoagronomicamente 13 populações de *M. martiussi* coletadas em diferentes municípios do estado da Bahia. Os genótipos foram cultivados em blocos casualizados com quatro repetições e quatro plantas por unidade experimental. Foram avaliados 19 descritores, sendo seis qualitativos e 13 quantitativos, incluindo comprimento e largura foliar, área foliar, comprimento de pecíolo, altura da planta, diâmetros de copa e caule, número de perfilhos, massa fresca e seca de folhas e caules e a relação comprimento x largura das folhas. Os dados foram submetidos à análise multivariada utilizando a distância de Mahalanobis e o método de agrupamento (UPGMA), além da análise de componentes principais. Os resultados apontaram heterogeneidade nas características qualitativas das folhas, com predominância de folhas elípticas (70%) e de ápice cuneado (77%). A coloração verde escura das folhas foi dominante (54%) sobre as folhas de tons mais claros. A análise de variância mostrou diferenças significativas ($p<0,05$) em 10 dos 13 descritores quantitativos analisados. A área foliar e o comprimento da folha, segundo modelo de Sting foram os descritores quantitativos de maior contribuição relativa para a divergência fenotípica (30% e 25%, respectivamente). O agrupamento hierárquico revelou quatro grupos diferentes com as maiores distâncias genéticas entre os genótipos coletados nos municípios de Maracás e Abaíra, sendo recomendados para cruzamentos com o objetivo de maximizar a heterose. Os genótipos coletados em Jeremoabo, Jaguarari, Seabra, Cansanção e Abaíra exibiram características agronômicas superiores, demonstrando alto potencial para serem utilizados em programas de melhoramento genético visando rendimento de óleo essencial. A variabilidade morfológica significativa observada entre as populações analisadas pode ser usada para orientar estratégias de conservação de germoplasma da espécie.

**Palavras-chave:** Caatinga; Conservação; Planta medicinal.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem o apoio financeiro da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado da Bahia (FAPESB) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

# RGV 130 - OBSERVATÓRIO DA QUALIDADE DAS SEMENTES CRIOULAS: FERRAMENTA DE APOIO À CONSERVAÇÃO *ON FARM* NO ESTADO DE SÃO PAULO

Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti[1]*; Cristina Fachini[1]; Maria Paula Domene[2]; Victor Augusto Forti[3]

[1]Instituto Agronômico de Campinas. [2]Coordenadoria de Assistência Técnica Integral. [3]Universidade Federal de São Carlos. *thamara_fmc@yahoo.com.br

A conservação *on farm* constitui estratégia fundamental para a manutenção da diversidade genética das plantas cultivadas, permitindo que variedades locais continuem evoluindo sob manejo de agricultores familiares e comunidades tradicionais. Apesar de sua importância, ainda são escassas iniciativas que integrem informações sobre a qualidade física, fisiológica e genética das sementes crioulas a sistemas públicos de monitoramento capazes de subsidiar ações de conservação e políticas públicas. Nesse contexto, o projeto Territórios da Agrobiodiversidade, financiado pela Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP - Processo nº 2024/15369-4), está desenvolvendo um inventário territorial da agrobiodiversidade conservada *on farm* no estado de São Paulo, articulando levantamentos participativos, análise da qualidade de sementes e fortalecimento de iniciativas comunitárias de conservação. Entre seus produtos destaca-se o Observatório da Qualidade das Sementes Crioulas, plataforma digital destinada ao armazenamento, organização e divulgação de informações provenientes das análises realizadas em sementes coletadas junto a agricultores guardiões e em feiras de troca de sementes, mediante autorização dos participantes. O Observatório reúne resultados sobre a qualidade física, fisiológica e genética das sementes e acompanha a ocorrência de contaminação por organismos geneticamente modificados, especialmente em variedades tradicionais de milho, contribuindo para o monitoramento da integridade genética desses recursos. Os agricultores participantes têm acesso individual aos resultados das análises de suas sementes por meio de um código de identificação, preservando a confidencialidade das informações, enquanto a sociedade dispõe de dados agregados e anonimizados. Atualizada continuamente ao longo da execução do projeto, a plataforma constitui um serviço de apoio aos agricultores, pesquisadores, instituições públicas e formuladores de políticas voltadas à conservação dos recursos genéticos para alimentação e agricultura. Espera-se que a iniciativa fortaleça estratégias de conservação *on farm*, amplie o acesso às informações sobre a qualidade das sementes crioulas e estabeleça uma infraestrutura permanente para o monitoramento da agrobiodiversidade no estado de São Paulo.

**Palavras-chave:** agrobiodiversidade; guardiões; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo.

# RGV 131 - O LEGADO DO PARENTE SULINO DO AMENDOIM: GERANDO UM ATLAS TRANSCRIPTÔMICO DE *Arachis villosa*

Ignacio Naya[1]*; Susana Rodríguez Decuadro[1]; Pablo Smircich[2]; Magdalena Vaio[1]

[1]Facultad de Agronomía, Universidad de la República (Uruguai). [2]Instituto de Ciencias Biológicas Clemente Estable (Montevideo, Uruguai). *inaya@fagro.edu.uy

O amendoim cultivado, *Arachis hypogaea*, é uma espécie alotetraploide de grande importância econômica. Apresenta baixa variabilidade genética, relacionada à sua origem, em características de interesse, como a resistência a patógenos. Isso tem motivado a caracterização de seus parentes silvestres para utilização em programas de melhoramento genético. Nesse contexto, uma espécie promissora é *Arachis villosa*, que compartilha um dos genomas com o amendoim cultivado e na qual já foi relatada tolerância a diferentes tipos de estresse biótico. Com o objetivo de ampliar a compreensão do padrão de expressão gênica em diferentes tecidos, neste trabalho a espécie foi caracterizada em nível transcriptômico. Assim, foram estudadas três réplicas de oito amostras (tecidos e órgãos: folha, ginóforo, flor, raiz, nódulo, semente imatura, semente madura e semente germinada). Os transcritos foram mapeados com o programa Salmon ao transcriptoma de *Arachis duranensis* (aradu.V14167.gnm2.J7QH, genoma previamente publicado), sendo possível mapear 47294 dos 57821 transcritos (81.5%) presentes no arquivo de anotação de *A. duranensis*. Após a filtragem dos genes com contagem estimada de leituras inferior a 10, foram realizadas análises de expressão diferencial e de enriquecimento de termos GO (Gene Ontology), classificados em Componente Celular (CC), Processo Biológico (BP) e Função Molecular (MF). Dessa maneira, se obtiveram 28834 dos 39848 genes (72,4%) do genoma de A. duranensis. Ademais, foram identificados genes com expressão diferencial específica nas oito amostras, sendo a flor o órgão com maior número de genes específicos (34) e a semente germinada o que apresentou o menor número (1). Na comparação entre os órgãos em pares, a maior diferença na expressão foi observada entre a flor e a semente madura (15074 genes), enquanto a menor diferença ocorreu entre a semente germinada e o ginóforo (6051 genes). Quanto à análise de enriquecimento, observou-se enriquecimento de termos, em ordem decrescente: Semente Madura (BP:28;CC:21;MF:14), Folha (BP:17;CC:13;MF:17), Flor (BP:16;CC:6;MF:12), Ginóforo (BP:8; CC:5;MF:6), Raiz (BP:5;CC:1;MF:9), Semente Germinada (BP:4;CC:0;MF:5), Semente Imatura (BP:2;CC:0;MF:3) e Nódulo (BP:0;CC:0;MF:3). Esses resultados permitirão, além de valorizar um recurso genético do amendoim, identificar genes e mecanismos de defesa relacionados à resistência aos diferentes tipos de estresse apresentados por *A. villosa*.

**Palavras-chave:** termos de ontologia; expressão diferencial; parentes silvestres.

**Agradecimentos:** Programa de Desarrollo de las Ciencias Básicas (PEDECIBA) e Comisión Sectorial de Investigación Científica (Programas CAP e I+D).

# RGV 133 - SELEÇÃO RECORRENTE EM VARIEDADE LOCAL DE MILHO COMO ESTRATÉGIA DE USO DE RECURSOS GENÉTICOS

Caroline Rovani[1]*; Bruno Henrique Stoll Chiarello[1]; Volmir Kist[1]

[1]Instituto Federal Catarinense, Campus Concórdia. *rovanicarol@gmail.com

As variedades locais de milho (Zea mays L.) constituem recursos genéticos estratégicos para a agricultura familiar, pois favorecem a autonomia na produção de sementes, reduzem a dependência de híbridos comerciais e contribuem para a conservação da agrobiodiversidade. Entretanto, essas populações podem apresentar limitações produtivas, especialmente para caracteres quantitativos, como produtividade de grãos, que é fortemente influenciada pelo ambiente. A seleção recorrente em progênies (sugiro padronizar para progênies) de meio-irmãos é uma estratégia de melhoramento populacional que permite aumentar gradualmente a frequência de alelos favoráveis, mantendo variabilidade genética na população. O objetivo deste trabalho foi estimar o progresso genético esperado no segundo ciclo de seleção recorrente com progênies de meio-irmãos em uma variedade local de milho. O estudo foi conduzido a partir da variedade local AGB2101, em três etapas: obtenção das progênies, avaliação agronômica em campo e recombinação das famílias superiores. Foram avaliadas 144 progênies em delineamento látice quadrado 12 × 12, com três repetições e parcelas constituídas por uma linha de 5 m. Foram mensurados altura de planta, altura de inserção da espiga e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância e à estimativa de parâmetros genéticos. Considerando a seleção das 25% melhores em progênies, estimou-se o ganho de seleção esperado para produtividade de grãos. Houve variabilidade significativa entre famílias apenas para produtividade de grãos, indicando a presença de diferenças genéticas para esse caráter. Para altura de planta e altura de inserção da espiga, os componentes de variância genética foram reduzidos e associados a maior influência do resíduo experimental, resultando em estimativas de herdabilidade de 0,20 e 0,19, respectivamente. A produtividade de grãos apresentou maior proporção de variação genética entre progênies, com herdabilidade de 0,29. Com intensidade de seleção de 25%, o ganho genético esperado para produtividade foi de 7,25%, equivalente a 333,56 kg $ha^{-1}$. Os resultados indicam que a variedade local AGB2101 apresenta variabilidade genética útil para aumento da produtividade de grãos, mesmo após ciclos prévios de seleção. Conclui-se que a seleção recorrente com em progênies de meio-irmãos é uma estratégia eficiente para o melhoramento e uso de recursos genéticos locais de milho. A recombinação das em progênies superiores poderá contribuir para o desenvolvimento de uma população mais produtiva, mantendo a base genética ampla e favorecendo sua utilização em sistemas da agricultura familiar.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; agrobiodiversidade; melhoramento de populações.

**Agradecimentos:** Ao IFC - campus Concórdia pela concessão de bolsa aos dois primeiros autores.

# RGV 134 - VARIEDADES DE POLINIZAÇÃO ABERTA DE MILHO: DESEMPENHO AGRONÔMICO, RESILIÊNCIA CLIMÁTICA E CONSERVAÇÃO PELO USO

Fabiane Aparecida Greselle[1]*; Gustavo Hossel[1]; Serinei César Grigolo[1]; Joel Donazzolo[1]; Flávia Eduarda Martins[1]; Emilly Adrielly de Campos[1]; Samuel Felipe Dias Hermann[1]; Alexandre Engster Diesel[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, UTFPR - Campus Dois Vizinhos.
*fabianegreselle@alunos.utfpr.edu.br

As variedades de polinização aberta (VPA) de milho representam recursos genéticos estratégicos para sistemas agrícolas de baixa dependência de insumos e para a conservação pelo uso. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho agronômico das variedades de polinização aberta de milho Catarina, Colorado e Fortuna, cultivadas em sistema de plantio. O estudo apresenta os resultados de produção obtidos no âmbito do projeto NAPI Alimento e Território (UTFPR - Dois Vizinhos), o trabalho voltado à manutenção da pureza genética e seleção massal de sementes para trabalhos de melhoramento genético participativo com agricultores. Foram avaliados peso de mil grãos e produção por hectare nas duas safras consecutivas (2023/2024 e 2024/2025). Foram demarcadas quatro parcelas na área cultivada e colhidas quatro repetições de 10 espigas de forma aleatória. As análises físicas e de rendimento foram realizadas em laboratório, as espigas foram debulhadas manualmente para a determinação do peso de mil grãos (PMG), sendo também contabilizados o número de fileiras por espiga e o número de grãos, a partir desses dados, foi estimada a produtividade de grãos por hectare e determinado o percentual de rendimento de cada variedade avaliada expressa em sacas de 60 kg (sc/ha). Na primeira safra (2023/2024), resultou em produtividades que variaram de 52 a 85 sacos por hectare (sc/ha), apesar das condições adversas provocadas pelo estresse hídrico, a variedade Catarina demonstrou uma maior tolerância à seca na primeira safra, alcançando produtividade de 84,52 sc/ha e peso de mil grãos (PMG) de 321,01 g. Por outro lado, a segunda safra (2024/2025) foi amplamente favorecida pelas condições climáticas adequadas, o que proporcionou produtividades bem mais elevadas, variando entre 103 e 113 sc/ha, além de sementes caracterizadas por alto vigor físico e fisiológico, com destaque especial para o desempenho da variedade Fortuna. As médias de rendimento e PMG registradas para cada variedade e ano foram: na safra 2023/2024, Catarina atingiu 84,52 sc/ha (PMG de 321,01 g), Colorado registrou 62,97 sc/ha (PMG de 272,90 g) e Fortuna obteve 51,10 sc/ha (PMG de 231,08 g). Os resultados demonstram o potencial produtivo e a adaptação das VPAs às diferentes condições ambientais. A conservação e seleção dessas variedades, com participação dos agricultores, contribuem para a manutenção da agrobiodiversidade e o fortalecimento do melhoramento genético participativo e da agricultura sustentável.

**Palavras-chave:** Variedades de polinização aberta; Conservação pelo uso; Resiliência climática.

**Agradecimentos:** Agradecemos à Fundação Araucária pelo financiamento do NAPI Alimento e Território e ao programa de bolsas de extensão da UTFPR

# RGV 135 - CARACTERIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE BANANEIRA DA EMBRAPA EM UNIDADE DE VALIDAÇÃO NO AMAPÁ

Vitória Letícia Guimarães Ugarte[1]*; Paulo Ricardo dos Santos[1]; Ianê Valente Pires[1]; Natalino da Silva Reis[1]; Luiz Ramon Gama Carneiro[1]; Leomar Karine Reis da Cruz[1]; Leandro Tavares Caldas[1]; Mateus Marques da Silva[1]; José Duarte Reis[1]; Cleverton França Vaz[2]

[1]Instituto Federal do Amapá (IFAP), Campus Agrícola Porto Grande. [2]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *ugarttevitoria@gmail.com

A caracterização morfoagronômica de acessos em coleções regionalizadas é essencial para o uso estratégico dos recursos genéticos vegetais. Na região Norte do Brasil, a identificação de cultivares de bananeira (Musa spp.) adaptadas e produtivas contribui para o fortalecimento da agricultura regional. Este trabalho objetivou avaliar descritores morfológicos e componentes de rendimento de sete cultivares de bananeira desenvolvidas pela Embrapa, cultivadas em Porto Grande, Amapá, utilizando o modelo multivariado GT Biplot com foco na análise Which-Won-Where. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental do IFAP - *Campus* Porto Grande, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Foram avaliados 12 descritores agronômicos e de produção, cujos dados foram padronizados e submetidos à decomposição em valores singulares (SVD). Os dois primeiros componentes principais explicaram 75,59% da variância total. A análise revelou que as cultivares BRS Conquista e BRS Terra Anã foram as que apresentaram melhores resultados. A BRS Conquista destacou-se pelos maiores valores relacionados ao rendimento do cacho, especialmente número de folhas viáveis, massa do cacho e massa de pencas, indicando elevado potencial para consumo *in natura*. Já a BRS Terra Anã apresentou os maiores valores de comprimento e diâmetro dos frutos da segunda penca, evidenciando aptidão para uso gastronômico e processamento industrial. Em contraste, a BRS FHIA 18 apresentou as menores médias de produção com diferença significativa quando comparada com as cultivares mencionadas anteriormente. O modelo GT Biplot Which-Won-Where mostrou-se eficiente na discriminação do desempenho das cultivares, indicando a BRS Conquista e a BRS Terra Anã como os materiais mais promissores para diferentes finalidades de cultivo e uso no estado do Amapá. BRS Conquista para consumo *in natura* e BRS Terra Anã para a agroindústria.

**Palavras-chave:** GT Biplot; banana; germoplasma; qualidade de fruto.

**Agradecimentos:** Ao IFAP - *Campus* Agrícola Porto Grande pelo apoio institucional e à EMBRAPA Amapá pelo suporte a pesquisa.

# RGV 137 - VALIDAÇÃO E SELEÇÃO DE CULTIVARES DE BANANA PARA A AGROINDÚSTRIA NO AMAPÁ VIA ANÁLISE GT BIPLOT

Luiz Ramon Gama Carneiro[1]*; Paulo Ricardo dos Santos[1]; Ianê Valente Pires[1]; Leomar Karine Reis da Cruz[1]; Leandro Tavares Caldas[1]; Vitória Letícia Guimarães Ugarte[1]; João Vitor de Andrade Soares[1]; Maxwel Rodrigues Nascimento[1]; José Duarte Reis[1]; Cleverton França Vaz[2]

[1]Instituto Federal do Amapá (IFAP), *Campus* Agrícola Porto Grande. [2]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *luizramongcarneiro@gmail.com.

A caracterização morfoagronômica e físico-química de acessos em bancos de germoplasma e unidades de validação tecnológica é essencial para o uso eficiente dos recursos genéticos vegetais. Na região Norte do Brasil, a identificação de genótipos de bananeira adaptados e com qualidade de fruto é fundamental para fortalecer a fruticultura. O objetivo deste trabalho foi avaliar a qualidade física e química de sete cultivares de bananeira desenvolvidas pela Embrapa, cultivadas em Porto Grande, Amapá, por meio da análise multivariada Genotype by Trait (GT Biplot). O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental do Instituto Federal do Amapá (IFAP) - Campus Agrícola de Porto Grande, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições e parcelas compostas por 13 plantas (espaçamento 3 × 3 m). Os tratamentos consistiram em sete cultivares: BRS Pacovan Ken (G1), BRS Pacoua (G2), FHIA 18 (G3), BRS Princesa (G4), BRS Terra Anã (G5), BRS Conquista (G6) e BRS Japira (G7). Foram avaliados comprimento (CMPB), diâmetro (DIAB), massa da casca (MCB), massa da polpa (MPB), massa seca (MSB), relação polpa/casca (RPC), pH, acidez total titulável (ACT) e sólidos solúveis (SS). Os dados foram padronizados (Z-score) e submetidos à decomposição em valores singulares (SVD) com escalonamento simétrico. Os dois primeiros componentes principais absorveram 89,44% da variância total (PC1: 71,64%; PC2: 17,80%), demonstrando alta confiabilidade da representação gráfica. MPB, MSB, MCB, CMPB e DIAB apresentaram forte correlação positiva entre si e com SS e ACT. O pH e a ACT apresentaram comportamento inverso. A cultivar G5 destacou-se pelos maiores valores de massa da polpa (134,19g), comprimento (23,5cm) e diâmetro (41,17mm). G4 e G6 correlacionaram-se com a maior relação polpa/casca (RPC = 3,66) e elevados teores de SS (27,06% em G4), indicando aptidão para consumo *in natura* e processamento de doces. A cultivar FHIA 18 (G3) associou-se a frutos menores, menor ACT e maior pH. O GT Biplot discriminou eficientemente as cultivares. A BRS Terra Anã valida-se como cultivar promissora para o Amapá, com elevado potencial para aproveitamento gastronômico e processamento industrial, enquanto a BRS Princesa destacou-se pela qualidade química voltada ao consumo fresco.

**Palavras-chave:** Análise multivariada; *Musa* Spp.; germoplasma, qualidade de fruto.

**Agradecimentos:** Ao IFAP - *Campus* Agrícola Porto Grande pelo apoio institucional e à EMBRAPA Amapá pelo suporte à pesquisa.

# RGV 138 - IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA FAMÍLIA DE GENES SNAKIN/GASA NO GENOMA DE *ARACHIS VILLOSA*

Susana Rodríguez Decuadro[1]*; Ignacio Naya[1]; Pablo Smircich[2]; Magdalena Vaio[1]*

[1]Facultad de Agronomía, Universidad de la República (Uruguay). [2]Instituto de Ciencias Biológicas Clemente Estable (IIBCE), Montevideo, Uruguay. *sur9@fagro.edu.uy; mvaio@fagro.edu.uy

A família de genes GASA (gibberellic acid stimulated in *Arabidopsis*) desempenha um papel importante no crescimento, no desenvolvimento e na resposta aos estresses biótico e abiótico em plantas. Essa família gênica tem sido estudada em diversas espécies vegetais, incluindo *Arachis hypogaea* (amendoim cultivado), porém sua ocorrência ainda não foi investigada em espécies silvestres, como *Arachis villosa*. O objetivo deste trabalho foi caracterizar os genes Snakin/GASA e seus produtos proteicos nessa espécie silvestre de *Arachis*, como ferramenta para o estudo da variabilidade genômica e do potencial de resistência a doenças. Foi realizada uma análise baseada em homologia e na busca por domínios conservados nos genomas públicos de *Arachis hypogaea* e na montagem de novo do genoma de *Arachis villosa*. Foram identificados 24 genes Snakin/GASA no genoma de *A. villosa*, distribuídos em 11 scaffolds e conservados no genoma A do amendoim. Cinco desses genes estão duplicados no scaffold 9, correspondente ao cromossomo 9A do amendoim. Em relação à estrutura gênica, 13 genes apresentam dois íntrons, oito possuem três íntrons e apenas três contêm um único íntron. Em todos os peptídeos preditos foram identificados os três domínios característicos dessas proteínas: um peptídeo sinal putativo, uma região variável e uma região C-terminal contendo o domínio GASA, com aproximadamente 60 aminoácidos e 12 resíduos de cisteína em posições conservadas. A análise filogenética agrupou os genes Snakin/GASA em três subfamílias, de acordo com a classificação previamente proposta. Os resultados deste estudo ampliam o conhecimento sobre os genes Snakin/GASA em espécies do gênero *Arachis* e fornecem informações que poderão subsidiar futuros estudos sobre suas funções biológicas.

**Palavras-chave:** AMPs; amendoim; parentes silvestres.

**Agradecimentos:** Comisión Sectorial de Investigación Científica UdelaR, Uruguay (Proyecto I+D).

# RGV 140 - ESTABELECIMENTO *IN VITRO* DE *Campomanesia adamantium* (CAMBESS.) O. BERG (MYRTACEAE): AVALIAÇÃO DE MEIOS DE CULTURA E INDUÇÃO DE BROTAÇÕES LATERAIS

Roger Vieira Brandão[1]*; Valentina Nieto Marin[1]; Sérgio Tadeu Sibov[1]

[1]Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais, Universidade Federal de Goiás, Goiânia-Goiás, Brasil. *roger_brandao@discente.ufg.br

*Campomanesia adamantium* O. Berg, popularmente conhecida como gabiroba, é uma espécie nativa do Cerrado com alto valor alimentício e medicinal. A exploração da gabiroba é predominantemente extrativista, o que compromete a integridade das populações nativas. Nesse cenário, as estratégias de conservação *ex situ* desempenham um importante papel para resguardar as populações em declínio. Para a gabiroba, devido à recalcitrância das sementes, a micropropagação *in vitro* torna-se uma alternativa viável, mas o estabelecimento *in vitro* ainda enfrenta barreiras fisiológicas comuns à família Myrtaceae, como a sensibilidade a altas concentrações salinas, o que requer ajustes da força iônica do meio de cultura. O objetivo deste trabalho foi avaliar o desenvolvimento de plântulas germinadas *in vitro* em meios de cultura com diferentes forças iônicas e testar o efeito do regulador de crescimento 6-Benzilaminopurina (BAP) na indução de brotamentos laterais. Para isso, sementes foram coletadas de diferentes plantas-matrizes de uma coleção *ex situ* da Universidade Federal de Jataí (UFJ). No primeiro ensaio, plântulas germinadas *in vitro* em meio Murashige & Skoog (MS) foram transferidas para diferentes meios de cultura: MS, MS com metade da concentração de sais (½MS) e Woody Plant Medium (WPM). Os comprimentos do caule e da raiz foram submetidos à Análise de Variância (ANOVA). No teste de brotação, segmentos nodais contendo gemas axilares e desprovidos de raízes, obtidos de diferentes plantas-matrizes, foram inoculados em meio de cultura com BAP (0; 0,5; 1,5; 2,5 mg $L^{-1}$). O número de novos brotos foi analisado por regressão binomial negativa, seguido por teste de comparações múltiplas de médias. Para o desenvolvimento de plântulas, não houve diferença significativa no comprimento do caule, mas o meio WPM proporcionou comprimento radicular significativamente superior ao MS ($p$<0,05), enquanto o ½MS não diferiu dos demais. No teste de brotação, o número inicial de gemas exerceu forte influência na resposta. As concentrações de 1,5 e 2,5 mg $L^{-1}$de BAP promoveram desenvolvimento de brotos significativamente superior ao controle ($p$<0,05), sem diferenças estatísticas entre si, enquanto a dose de 0,5 mg $L^{-1}$ não diferiu da ausência de regulador. Conclui-se que o meio WPM constitui a condição mais promissora para o estabelecimento *in vitro* de *C. adamantium* e que concentrações a partir de 1,5 mg $L^{-1}$ de BAP estimulam eficientemente a brotação lateral, independentemente da variação inicial do número de gemas.

**Palavras-chave:** micropropagação, espécies nativas, citocinina, conservação *ex situ*.

**Agradecimentos:** FAPEG, CAPES, PPGGMP-UFG.

# RGV 141 - ANÁLISE MULTIVARIADA DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE CONSTITUINTES NUTRICIONAIS EM FEIJÃO-COMUM

Carina Lopes Djadjo[1]; Katherine Duarte Salvan[2]; Carlos Zacarias Joaquim Júnior[1]; Luan Tiago dos Santos Carbonari[1]; Mauro Bitencourt de Souza[1]; Mari Lúcia Campos[2]; Jefferson Luís Meirelles Coimbra[1]

[1]Departamento de Agronomia, Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM), Universidade Estadual de Santa Catarina (CAV/UDESC), Lages, SC, Brasil. [2]Departamento de Agronomia, Laboratório de Levantamento e Análise Ambiental (LLAA), (CAV/UDESC), Lages, SC, Brasil. *carinadjadjo97@gmail.com

A variabilidade genética desempenha papel fundamental no desenvolvimento de programas de melhoramento vegetal, por fornecer a base genética necessária à seleção de genótipos superiores. Entretanto, a seleção torna-se mais complexa quando envolve múltiplos caracteres correlacionados. Nesse contexto, as técnicas de análise multivariada constituem ferramentas importantes para a avaliação simultânea de diferentes caracteres, permitindo explorar as relações entre as variáveis e discriminar os genótipos de acordo com o conjunto de características avaliadas. Assim, o presente trabalho teve como objetivo estimar a divergência genética entre acessos de feijão-comum com base em caracteres nutricionais, por meio de técnicas de análise multivariada, visando subsidiar estratégias de seleção e recombinação genética. O experimento foi conduzido no Laboratório de Levantamento e Análise Ambiental da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), em delineamento inteiramente casualizado, com oito genótipos e três repetições. Os teores de nutrientes foram determinados por espectroscopia de emissão óptica com plasma indutivamente acoplado (ICP-OES), após digestão ácida. Os dados foram submetidos à análise multivariada de variância (MANOVA), com base na distância generalizada de Mahalanobis, considerando sete caracteres nutricionais (Fe, Zn, Mg, K, Mn, Cu e Ca). Adicionalmente, realizou-se a análise de variáveis canônicas (CVA) e o agrupamento pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean). A MANOVA revelou efeito altamente significativo ($p < 0,0001$) entre os genótipos para o conjunto de variáveis analisadas, evidenciando diferenças multivariadas entre os acessos. As duas primeiras variáveis canônicas foram eficientes na representação da divergência entre os genótipos, explicando conjuntamente 86% da variação total observada. A dispersão gráfica nas duas primeiras dimensões canônicas e o agrupamento UPGMA evidenciaram a formação de grupos distintos, com os acessos BAF 91 Amarelo e BAF 47 Pretas apresentando maior divergência em relação aos demais. As distâncias de Mahalanobis indicaram diferenças significativas entre os pares de genótipos ($p < 0,0001$), evidenciando divergência entre os acessos e potencial para seleção de genitores em programas de melhoramento visando ao enriquecimento nutricional do feijão-comum.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético; Composição mineral; Micronutrientes.

**Agradecimentos:** Universidade do Estadual de Santa Catarina (CAV/UDESC).

# RGV 142 - VARIABILIDADE GENÉTICA PARA O TEOR DE FERRO EM GENÓTIPOS DE FEIJÃO-COMUM VISANDO À BIOFORTIFICAÇÃO

Carina Lopes Djadjo[1]*; Katherine Duarte Salvan[2]; Carlos Zacarias Joaquim Júnior[1]; Luan Tiago dos Santos Carbonari[1]; Mauro Bitencourt de Souza[1]; Mari Lúcia Campos[2]; Jefferson Luís Meirelles Coimbra[1]

[1]Departamento de Agronomia, Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM), Universidade do Estadual de Santa Catarina (CAV/UDESC), Lages, SC, Brasil. [2]Departamento de Agronomia, Laboratório de Levantamento e Análise Ambiental (LLAA), (CAV/UDESC), Lages, SC, Brasil. *carinadjadjo97@gmail.com

O feijão comum *(Phaseolus-vulgaris* L.*)* desempenha papel fundamental na alimentação humana, por constituir importante fontes de proteínas, ferro (Fe) e outros minerais. No entanto, a baixa ingestão de micronutrientes decorrente de uma alimentação pouco variada tem contribuído para a prevalência da fome oculta, caracterizada pela deficiência de elementos vitais como Fe. Nesse cenário, a biofortificação via melhoramento de plantas constitui uma estratégia para aumentar o valor nutricional dos alimentos. O sucesso dessa estratégia depende da existência de variabilidade genética, possibilitando a seleção de genótipos superiores. Neste contexto, o presente estudo teve como objetivo caracterizar genótipos de feijão quanto ao teor de ferro e selecionar aqueles com potencial para programas de biofortificação. O experimento foi conduzido no laboratório de levantamento e análise ambiental da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), em delineamento inteiramente casualizado com oito genótipos e três repetições. Os teores de Fe foram determinados por Espectroscopia de Emissão Óptica (ICP-OES), após digestão ácida. Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) utilizando SAS®, com realização de contrastes ortogonais a priori considerando os grupos de coloração de tegumento (preta, amarela, vermelha e bege) e as diferenças dentro de cada grupo. A ANOVA revelou diferenças altamente significativas entre os genótipos avaliados ($p < 0,0001$). O maior teor de Fe foi observado no genótipo 188 (53,91 mg $kg^{-1}$) e o menor no genótipo 47 (25,32 mg $kg^{-1}$). Os contrastes ortogonais indicaram diferenças significativas tanto entre os grupos de coloração quanto entre os genótipos dentro de cada grupo, com maior concentração de Fe no grupo de tegumento preto em relação aos demais. Os resultados demonstraram a existência de variabilidade genética para o teor de Fe entre os genótipos avaliados. Embora os genótipos de tegumento preto tenham apresentado, em média, maior concentração de Fe, a variação observada dentro de um mesmo grupo de coloração demonstra que a cor do tegumento não deve ser utilizada como único critério de seleção, uma vez que existe variabilidade genética dentro dos próprios grupos de coloração.

**Palavras-chave:** Melhoramento genético; Composição mineral; Micronutrientes.

**Agradecimentos:** Universidade do Estadual de Santa Catarina (CAV/UDESC).

# RGV 143 - CITOGENÉTICA COMO FERRAMENTA NA CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE *Urochloa* P. Beauv.

Bruna Vitalino Cadete Cangussu[1]*; Bibiana Henkel Estivalet[1]; Maria Fernanda Rodrigues De Tomasi[1]; Pedro Henrique Silvestre Duhatschek[1]; Cacilda Borges do Valle[2]; Andréa Beatriz Diverio Mendes[1]

[1]Universidade Estadual de Maringá, Maringá-PR. [2]Embrapa Gado de Corte, Campo Grande - MS. *ra139021@uem.br

O gênero Urochloa P. Beauv. (sin. Brachiaria) desempenha papel fundamental no desenvolvimento econômico do setor agropecuário. Apesar disso, ainda existe pouca diversidade de cultivares amplamente utilizadas nas pastagens. Os recursos genéticos possuem papel fundamental no melhoramento do gênero. A diversidade genética presente nos bancos de germoplasma amplia as possibilidades de seleção de características desejáveis, contribuindo para a criação de novas cultivares mais eficientes. Entretanto, para que os materiais genéticos presentes no banco de germoplasma deste gênero possam ser utilizados eficientemente no melhoramento é necessário que estes apresentem o mesmo nível de ploidia e comportamento meiótico estável. Assim sendo, o presente estudo teve como objetivo caracterizar o comportamento meiótico de um híbrido interespecífico poliploide de Urochloa pertencente ao Banco de Germoplasma da Embrapa Gado de Corte - MS. As inflorescências foram coletadas envoltas pela folha bandeira e as lâminas foram preparadas pela técnica de esmagamento com carmim propiônico 1%. Verificou-se uma alta incidência de anormalidades ao longo do processo meiótico, com predominância de cromossomos em ascensão precoce nas Metáfases I (23,63%) e cromossomos retardatários e ponte de termalização de quiasma nas Anáfases I (76,92%). Nas Telófases I foram observados cromossomos migrando de forma retardatária ou micronúcleos já formados (8,70%). Na segunda fase da meiose, a segregação irregular dos cromossomos persistiu (31,73%). Esse comportamento levou à formação tétrades de micrósporos com micronúcleos (68,20%). Essas anormalidades comprometem a viabilidade do pólen pois o complemento cromossômico resultante nos núcleos dos micrósporos é aneuploide. Portanto, a caracterização do comportamento meiótico contribui para a caracterização e conservação dos recursos genéticos presentes em bancos de germoplasma, uma vez que, o conhecimento da estabilidade cromossômica e da fertilidade dos materiais genéticos permite identificar materiais geneticamente estáveis e com maior potencial de uso em pesquisas futuras.

**Palavras-chave:** Meiose; Recursos Genéticos; Segregação Cromossômica.

**Agradecimentos:** à Universidade Estadual de Maringá, à Embrapa Gado de Corte e a UNIPASTO (Associação para o Fomento e à Pesquisa de Forrageiras).

# RGV 144 - DESEMPENHO MORFOAGRONÔMICO DE SEIS ACESSOS DE PIMENTEIRA-DO-REINO EM RESPOSTA À ADUBAÇÃO FOSFATADA SOB DOIS SISTEMASTIPOS DE TUTORAMENTO

Oriel Filgueira de Lemos[1]*; Simone de Miranda Rodrigues[1]; João Paulo Castanheira Both[1]; Marli Costa Poltronieri[1]

[1]Embrapa Amazônia Oriental. *oriel.lemos@embrapa.br

A pimenteira-do-reino (*Piper nigrum* L.), por ser uma planta trepadeira, precisa de tutoramento para crescimento e produção. Na Amazônia, o sistema de produção se expandiu com o uso de estacões de madeira de espécies nativas. Entretanto, questões ambientais e legais, aliadas aos custos de aquisição desses tutores têm direcionado à busca por alternativas mais viáveis. A Embrapa tem alcançado resultados relevantes com o uso de tutor vivo de gliricídia (*Gliricidia sepium*), no cultivo da pimenteira-do-reino. A caracterização dos acessos de pimenteira-do-reino quanto ao desenvolvimento morfológico e agronômico, indicará o uso desses acessos no sistema de produção com esse tipo de tutor. Este trabalho teve como objetivo caracterizar o desenvolvimento morfoagronômico de acessos de pimenteira-do-reino submetidos a dois sistemas de tutoramento e à aplicação de fósforo no solo. O experimento foi estabelecido em delineamento em blocos ao acaso, em esquema fatorial 2 x 6 x 2, com dois tipos de tutores (estacão e gliricídia), seis acessos (Bragantina, Equador, Clonada, Guajarina, Iaçará e Uthirankotta), duas doses de fósforo ($P_2O_5$), correspondentes a 10 g e 60 g planta$^{-1}$ no primeiro ano e a 0 g e 120 g planta$^{-1}$ no segundo ano. Foram utilizadas três repetições de quatro plantas por parcela. Os dados de oito caracteres morfoagronômicos (tamanho do pecíolo, espessura, largura e comprimento da folha; tamanho do pedúnculo e inflorescência, peso fresco e peso seco da folha). As variáveis relacionadas à discriminação dos acessos, foram submetidas à análise de variância (ANOVA) e teste Tukey de comparação de média, a 0,05 de significância. As médias para espessura, largura e comprimento da folha; tamanho do pedúnculo e inflorescência, peso fresco e peso seco da folha foram de 1,45 cm, 0,33 mm, 6,64 cm, 12,08cm, 1,00 cm, 10,97 cm, 1,48 g e 0,60 g, respectivamente. O tipo de tutor e a concentração de fósforo apresentaram efeitos semelhantes na maioria dos caracteres avaliados, indicando o potencial de utilização desses acessos de pimenteira-do-reino no sistema de produção em tutor vivo de gliricídia. Portanto, pelas vantagens adicionais de sustentabilidade, sugere-se os acessos a utilização desses acessos, considerando que apresentaram desempenhos semelhantes quando em cultivo tradicional com estacão de madeira.

**Palavras-chave:** *Piper nigrum* L.; sustentabilidade; Gliricídia.

**Agradecimentos:** Embrapa, Tropoc e Promudas.

# RGV 145 - TRANSMISSÃO DO BLACK PEPPER VIRUS F (BPVF) A PARTIR DE SEMENTES DE ACESSOS DE PIMENTEIRA-DO-REINO

Julyana Beatriz Cirino do Nascimento[1]; Wanessa Kleyciani Magalhães Alves[1]; Alessandra de Jesus Boari[2]; Oriel Filgueira Lemos[2]*

[1]Universidade Federal Rural da Amazônia; [2]Embrapa Amazônia Oriental.
*oriel.lemos@embrapa.br

A pimenteira-do-reino (*Piper nigrum* L.) apresenta elevada relevância econômica para o Brasil, com cerca de R$ 3,67 bilhões em 2024, com destaques para o estado do Pará que tem a segunda maior produção nacional, depois do Espírito Santo. As viroses vêm comprometendo o desenvolvimento das plantas e a produtividade da cultura. Dentre os principais vírus que acometem essa produção, destaca-se o 'Black pepper virus' F (BPVF), recentemente identificado na cultura, cuja disseminação ocorre, principalmente, por material propagativo. O presente trabalho teve como objetivo gerar plantas livres do vírus BPVF por meio de sementes dos acessos Apra, Alencar, Cleo e Clonada-17 de pimenta-do-reino e fazer a clonagem por cultivo *in vitro* para disponibilizar ao sistema de produção os acessos do Banco de Germoplasma da Embrapa Amazônia Oriental. O estudo foi conduzido no Laboratório de Biotecnologia Vegetal da Embrapa Amazônia Oriental, Belém, Pará, a partir da germinação *in vitro* de sementes provenientes de plantas matrizes infectadas do Banco Ativo de Germoplasma (BAG). Nas plântulas vigorosas obtidas foram realizadas a indexação e não foram detectadas bandas do vírus BPVF, indicando que não houve transmissão do vírus nessas plantas via sementes. Dessas plantas foram retiradas ápices caulinares e segmentos nodais e cultivados em meio de cultura MS com 0,5mg.L$^{-1}$ de BAP e 0,2 mg.L$^{-1}$ de AIA para clonagem e multiplicação de plantas que apresentaram bom desenvolvimento durante o cultivo *in vitro*. Deste modo, as plantas vigorosas a partir de sementes dos acessos Apra, Alencar, Cleo e Clonada-17 de pimenta-do-reino infectados com o BPVF não é transmitido e o cultivo *in vitro* é uma estratégia eficiente para a clonagem de plantas de pimenteira-do-reino livres de vírus, contribuindo para a produção sustentável da cultura e uso dos acessos do BAG.

**Palavras-chave:** micropropagação; PCR; indexação.

**Agradecimentos:** Ao CNPq e ao viveiro Promudas.

# RGV 146 - INVENTÁRIO DA FLORA MEDICINAL DO CERRADO UTILIZADA PELA COMUNIDADE INY-KARAJÁ NO RIO ARAGUAIA, ARUANÃ, GOIÁS

Estevão Martins Maciel[1]*; Júlia Pádua Gouveia[3]; Renan Wassori[2]; Josson Torobari[2]; Kuhanama Karajá[2]; Darcilha Wassori[2]; Andreia Juliana Rodrigues Caldeira[3]; Poliene Soares dos Santos Bicalho[3]; Josana de Castro Peixoto[3]

[1]Universidade Estadual de Goiás. [2]Especialista indígena, povo Iny-Karajá. [3]Universidade Estadual de Goiás. *estevao.mmaciel@gmail.com

O Cerrado abriga uma grande diversidade de recursos genéticos vegetais, incluindo espécies medicinais utilizadas por povos indígenas e comunidades tradicionais. Os Iny-Karajá, às margens do Rio Araguaia, em Aruanã, Goiás, na aldeia Buridina, preservam conhecimentos sobre o manejo e ao uso terapêutico da flora nativa, contribuindo para a conservação *in situ* desse patrimônio biológico e cultural. Este estudo inventariou espécies medicinais do Cerrado utilizadas pela comunidade Iny-Karajá, documentando conhecimentos tradicionais contribuindo para a conservação, valorização e promoção dos recursos genéticos vegetais. A pesquisa de caráter qualitativo e colaborativo, fundamentada na etnobotânica, foi realizada mediante Consentimento Livre, Prévio e Esclarecido (CLPI). Envolveu entrevistas semiestruturadas com especialistas, observação participante das práticas de coleta, preparo e uso das plantas, além de expedições para coleta de material botânico. Os espécimes foram herborizados, identificados taxonomicamente e incorporados a um acervo botânico de referência, fortalecendo a conservação *ex situ* e suporte para futuras pesquisas científicas. Foram registradas 25 espécies medicinais do Cerrado, entre elas baru (*Dipteryx alata*), barbatimão (*Stryphnodendron adstringens*), jatobá (*Hymenaea stigonocarpa*), sucupira (*Pterodon emarginatus*), mangaba (*Hancornia speciosa*) e arnica-do-cerrado (*Lychnophora ericoides*), utilizadas no tratamento de processos inflamatórios, afecções gastrointestinais, infecções, cicatrização de feridas e outras condições de saúde pelos Iny-Karajá. O inventário evidencia potencial desses recursos genéticos vegetais para estudos fitoquímicos, farmacológicos, além do desenvolvimento de fitoterápicos, reforçando sua importância para estratégias de conservação da biodiversidade. Como ação de retorno social, está sendo elaborado material educativo destinado à comunidade indígena e às escolas locais, visando à divulgação científica, à valorização dos conhecimentos tradicionais e à promoção dos recursos genéticos vegetais do Cerrado. Conclui-se que a integração entre etnofarmacologia, conservação botânica e educação científica fortalece a proteção da agrobiodiversidade e sociobiodiversidade do Cerrado, ampliando o reconhecimento do papel dos povos indígenas na conservação subsidiando políticas públicas para o uso sustentável da flora medicinal brasileira.

**Palavras-chave:** Etnofarmacologia; Indígena; Flora Medicinal.

**Agradecimentos:** Ao projeto Araguaia Vivo, à FAPEG, à CAPES.

# RGV 147 - BIOPROSPECÇÃO DE COPRODUTOS DA CASTANHA-DO-BRASIL PARA AGREGAR VALOR EM RECURSOS GENÉTICOS

Mariana Nata Berbert[1]*; Paulo de Moraes Ferreira[1]; Thais Bergamin Lima[2]; Luis Alberto Martins Palhares de Melo[1]; Thales Lima Rocha[1]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [2]Íccaros Instituto de Ciências Aplicadas.
*mariananberbert@gmail.com

*A Bertholletia excelsa* Bonpl., conhecida como castanha-do-Brasil e pertencente à família Lecythidaceae, constitui importante recurso genético do bioma Amazônico em função da sua relevância econômica, nutricional e ambiental. Além das amêndoas destinadas à alimentação humana, o processamento dos frutos gera coprodutos, como a casca do ouriço e o ouriço interno, os quais representam fontes potenciais de compostos bioativos passíveis de aplicação biotecnológica e agrícola. Ainda, possui potencial para controle de fitopatógenos por meio a bioprospecção de coprodutos (eg., casca do ouriço e o ouriço interno). Neste contexto, o presente trabalho objetivou avaliar a nematotoxicidade dos extratos aquosos a partir desses coprodutos, visando à agregação de valor aos recursos genéticos e ao desenvolvimento de bioinsumos sustentáveis. Os materiais utilizados foram obtidos de frutos provenientes de uma propriedade localizada no município de Juína, Mato Grosso, região de ocorrência natural da espécie. Realizaram bioensaios *in vitro para* determinação da atividade nematicida frente ao nematoide das galhas *Meloidogyne incognita* e ensaios de curva de concentração para os extratos mais promissores. Adicionalmente, avaliações de fitotoxicidade em soja, citotoxicidade em células de ovário de *Spodoptera frugiperda* e em organismos não alvo, bem como a caracterização química dos extratos visando à identificação de classes de metabólitos bioativos, encontram-se em andamento. Na concentração de 1000 µg $mL^{-1}$, todos os extratos apresentaram atividade nematicida, sendo observadas mortalidades de 98% e 91% para os extratos do ouriço interno e da casca do ouriço, respectivamente. Nos ensaios de concentração, os extratos do ouriço interno mantiveram elevada eficiência nematicida, promovendo mortalidade superior a 90% nas concentrações de 500 e 750 µg $mL^{-1}$. Os resultados obtidos até o momento evidenciam o potencial dos coprodutos de *B. excelsa* como fonte de compostos bioativos com atividade nematotóxica, contribuindo para a valorização econômica da espécie, o aproveitamento integral de seus derivados e a promoção do uso sustentável dos recursos genéticos vegetais, assim, agregando valor ao Germoplasma vegetal.

**Palavras-chave:** recursos genéticos; coprodutos; extratos.

**Agradecimentos:** Blue Agro Inovação Tecnológica (Blue Agro); Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Laboratório de Prospecção de Compostos Bioativos, Íccaros Instituto de Ciências Aplicadas.

**RGV 149 - AVALIAÇÃO DAS CONDIÇÕES DE CRIOPROTEÇÃO E RECUPERAÇÃO VISANDO À CONSERVAÇÃO EM LONGO PRAZO DE *Tarenaya atropurpurea* (CLEOMACEAE)**

Thaís Rocha Cruz[1]; Deisellane da Silva Dias[1]; Gustavo Dias da Silva Lima[1]; Jamine Pettinelli[1]; Claudia Simões-Gurgel[1]; Norma Albarello[1]; Lívia da Silva Cordeiro[1]

[1]Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan), Instituto de Biologia Roberto Alcantara Gomes (Ibrag), Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ). labplan_uerj@yahoo.com.br

A espécie *Tarenaya atropurpurea* (Schott) Soares Neto & Roalson é endêmica do bioma Mata Atlântica, com registros nos Estados do Rio de Janeiro e do Espírito Santo. Esse bioma tem sido impactado por ações antrópicas que comprometem sua biodiversidade. Protocolos de micropropagação, calogênese, cultura de raízes e células em suspensão produtoras de metabólitos de interesse já foram desenvolvidos para a espécie. Nesse contexto, torna-se importante o desenvolvimento de estratégias de conservação em longo prazo que complementem os esforços de conservação *ex situ* já estabelecidos. O estudo teve por objetivo estabelecer um protocolo de criopreservação de ápices caulinares de *T. atropurpurea* utilizando a técnica de vitrificação em crioplacas de alumínio (V-crioplaca). A partir de plantas propagadas *in vitro* foram preparadas microestacas (1 cm), que foram cultivadas por duas semanas. Das microestacas, foram excisados ápices caulinares (2–2,5 mm), que foram submetidos ao pré-cultivo em meio contendo 0,3 M de sacarose por 24h. Os ápices foram aderidos a crioplacas de alumínio utilizando solução de alginato de cálcio e, em seguida, as crioplacas foram imersas em solução de carga (20 min) e em PVS2 por diferentes tempos (0, 15, 30, 60, 90 e 120 minutos a 0 °C), antes do resfriamento em nitrogênio líquido (NL). O reaquecimento foi realizado com solução de lavagem (20 min). A recuperação ocorreu em meio de cultura MS suplementado com 1 mg/L de BAP, sendo os ápices expostos à luz de forma gradativa durante um mês. Nos controles (NL−), os ápices passaram por todas as etapas do protocolo, exceto a imersão em NL. A eficiência da criopreservação foi avaliada a partir da sobrevivência (% de ápices verdes após 2 meses) e recuperação (% de plantas regeneradas após 4 meses). A exposição à PVS2 por 60 min, antes da imersão em NL, resultou nas melhores taxas de sobrevivência (26%) e recuperação (16%). Em NL−, os ápices caulinares apresentaram boa tolerância às etapas de crioproteção, com taxas de sobrevivência e recuperação superiores a 56% e 37%, respectivamente. Embora o protocolo de criopreservação ainda possa ser aprimorado, as plantas regeneradas a partir de ápices criopreservados apresentaram desenvolvimento adequado e aspecto fenotípico normal, o que indica a viabilidade da técnica de V-crioplaca para a conservação em longo prazo da espécie *T. atropurpurea* e sua exploração racional.

**Palavras-chave:** Ápices caulinares; Criopreservação; V-crioplaca.

**Agradecimentos:** Cetreina/Uerj; Faperj; Qualitec/Uerj.

# RGV 150 - CRIOPRESERVAÇÃO DA ESPÉCIE *Tarenaya atropurpurea* (CLEOMACEAE) PELA TÉCNICA DE D-CRIOPLACA

Deisellane da Silva Dias[1]; Thaís Rocha Cruz; Gustavo Dias Lima[1]; Jamine Pettinelli[1]; Norma Albarello[1]; Claudia Simões-Gurgel[1]; Lívia da Silva Cordeiro[1]

[1]Laboratório de Biotecnologia de Plantas (Labplan), Instituto de Biologia Roberto Alcantara Gomes (Ibrag), Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ). labplan_uerj@yahoo.com.br

*Tarenaya atropurpurea* (Schott) Soares Neto & Roalson é uma espécie ocorrente nos estados do Rio de Janeiro e do Espírito Santo, endêmica da Mata Atlântica, bioma que sofre intensa pressão antrópica, colocando as populações naturais em risco. Nesse sentido, a conservação *in vitro* constitui uma importante estratégia para a proteção de recursos genéticos vegetais. Estudos realizados no Labplan/UERJ possibilitaram a obtenção de plantas, raízes e suspensões celulares de T. atropurpurea. Visando à conservação em longo prazo da espécie, este trabalho investigou a criopreservação de ápices caulinares utilizando a técnica de desidratação em crioplacas de alumínio (D-crioplaca), avaliando diferentes tempos de desidratação em sílica gel e seus efeitos sobre o conteúdo residual dos explantes. Ápices caulinares (2,0-2,5 mm) foram isolados de microestacas e submetidos ao pré-cultivo em meio contendo 0,3 M de sacarose por 24h. Em seguida, foram aderidos às crioplacas com alginato de cálcio (15 min), tratados com solução de carga (20 min) e desidratados em sílica gel (0; 30; 60; 90; 120; 150; 180 min). O conteúdo residual foi determinado antes da imersão em nitrogênio líquido (NL+). Após o reaquecimento em solução de lavagem (20 min), os ápices foram cultivados em meio MS contendo 1,0 mg/L de BAP. Nos controles (NL−) todas as etapas foram realizadas, exceto NL+. Foram avaliadas a sobrevivência (% de ápices verdes após 2 meses) e a recuperação (% de plantas regeneradas após 4 meses). O aumento do tempo de exposição à sílica gel promoveu redução gradual do conteúdo de água dos ápices, de 83% para 49%, após 120 min de desidratação. Nessa condição, foram obtidas as maiores taxas de sobrevivência (66%) e recuperação (36%), após a criopreservação. Tempos superiores de desidratação resultaram em conteúdos de água inferiores a 49% e redução acentuada da sobrevivência dos explantes. Em NL−, as taxas de sobrevivência e de recuperação foram superiores a 90% e 80%, respectivamente. As plantas regeneradas a partir dos ápices criopreservados apresentaram aspecto fenotípico semelhante ao das plantas matrizes. Os resultados indicam a viabilidade da técnica de D-crioplaca para a criopreservação de T. atropurpurea, demonstrando que a desidratação até cerca de 50% de conteúdo de água é fundamental para o sucesso do protocolo. A metodologia representa uma ferramenta promissora para a conservação em longo prazo da espécie e sua exploração racional, como fonte de substâncias bioativas.

**Palavras-chave:** Ápices caulinares; Conservação; Desidratação.

**Agradecimentos:** Cetreina/Uerj; Faperj; Qualitec/Uerj.

# RGV 151 - VARIAÇÃO NOS NÍVEIS DE PLOIDIA E DIVERSIDADE DO GENOMA PLASTIDIAL EM *Psidium cattleyanum*: RELAÇÕES EVOLUTIVAS ENTRE POPULAÇÕES DO SUL DO BRASIL E DO URUGUAI

Magdalena Vaio[1]*; Mercedes Souza Pérez[1]; Raquel Moura Machado[2]; Clara Pritsch[1]; Mauricio Bonifacino[1]; Gabriela Speroni[1]*

[1]Departamento de Biología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad de la República, Montevideo, Uruguay; [2]Centro de Ciências de Grajaú, Universidade Federal do Maranhão, Grajaú, Maranhão, Brasil. *mvaio@fagro.edu.uy, speroni@fagro.edu.uy

*Psidium cattleyanum* Sabine (araçá) distribui-se do nordeste do Brasil ao leste do Uruguai e é considerada uma das frutíferas nativas promissoras da região. A espécie apresenta apomixia diplospórica com pseudogamia, mantendo reprodução sexual facultativa, além de poliploidia (x = 11) e ampla variação nos níveis de ploidia. São reconhecidas duas formas infraespecíficas diferenciadas principalmente pela cor dos frutos: *P. cattleyanum* f. *cattleyanum* (frutos vermelhos) e *P. cattleyanum* f. *lucidum* (frutos amarelos). Com o objetivo de investigar as relações evolutivas entre populações do Uruguai e do sul do Brasil e avaliar a divergência entre essas formas, foram realizadas análises de ploidia por citometria de fluxo e reconstruídas as relações filogenômicas com base em 45 genomas plastidiais completos. As populações uruguaias apresentaram quatro citótipos (5x-8x) e um único citótipo por população, enquanto as brasileiras exibiram elevada diversidade citotípica, com dez citótipos (4x-12x, 14x) e populações contendo até quatro níveis de ploidia. Esse padrão é consistente com os níveis previamente estimados de reprodução sexual e apomítica, indicando que a maior contribuição da reprodução sexual nas populações brasileiras favorece a manutenção da diversidade genética. As análises filogenômicas revelaram alta diversidade haplotípica e baixa diversidade nucleotídica. Os haplótipos uruguaios derivam de linhagens presentes no sul do Brasil, sugerindo uma história biogeográfica compartilhada e a chegada ou permanência no limite sul da distribuição, de um número reduzido de linhagens maternas. Todos os materiais cultivados de frutos vermelhos do Uruguai constituíram um único haplótipo altamente divergente, separado por cerca de 260 passos mutacionais do restante dos materiais silvestres. A magnitude dessa divergência plastidial questiona a atual delimitação infraespecífica de *P. cattleyanum* e sugere que esses materiais possam representar um táxon evolutivamente distinto. Os resultados obtidos neste estudo apresentam importantes implicações para a conservação e o manejo dos recursos genéticos da espécie.

**Palavras-chave:** araçá; filogenômica; citometria de fluxo.

**Agradecimentos:** Comisión Sectorial de Investigación Científica, Projecto CSIC I+D 2023, Universidad de la República, Uruguai.

# RGV 152 - ESTUDO DE ANTIXENOSE DE *Tetranychus urticae* Koch EM CULTIVARES DE MORANGUEIRO

Natália Sabrina dos Santos[1]*; Fernando Teruhiko Hata[1]; Juliano Tadeu Vilela de Resende[2]; Luana de Souza Marinke[2]

[1]Universidade Estadual de Maringá; [2]Universidade Estadual de Londrina. *pg406844@uem.br

Entre as principais pragas do morangueiro destaca-se o ácaro-rajado *(Tetranychus urticae* Koch), responsável por grandes perdas na produção dessa cultura. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi estudar o comportamento de deslocamento do artrópode, bem como avaliar a resistência de cultivares de morangueiro por meio de testes sem chance de escolha e sua relação com a presença de tricomas nos folíolos. As plantas foram cultivadas em ambiente protegido, localizado no campus da Universidade Estadual de Londrina (UEL). As mudas de morangueiro foram obtidas do banco de germoplasma da UEL e da Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO), sendo posteriormente transplantadas para vasos contendo solo. Foram conduzidos dois bioensaios para avaliar a resistência dos materiais ao ácaro-rajado: teste sem chance de escolha e teste de caminhamento dos ácaros sob condições controladas (25 ± 2 ºC). Os ácaros utilizados nos experimentos foram adquiridos de uma empresa especializada na comercialização de ácaros e insetos. Para o teste sem chance de escolha, utilizou-se uma placa de Petri com 50 mm de diâmetro contendo papel-filtro umedecido, com a finalidade de evitar a fuga dos ácaros e manter os folíolos de morangueiro túrgidos durante o período experimental. Os dados foram submetidos aos testes de normalidade e homogeneidade dos resíduos pelos métodos de Shapiro-Wilk e Hartley, respectivamente. Quando o teste F apresentou significância, as médias foram comparadas pelos testes de Tukey e Scott-Knott, ambos ao nível de 5% de probabilidade. No teste de caminhamento dos ácaros, verificou-se que os genótipos influenciaram a resposta dos indivíduos quanto à distância percorrida ($p < 0,05$). Aos 20 minutos, observou-se a formação de três grupos, sendo que os ácaros percorreram menores distâncias nas cultivares Albion e Monterey. Aos 40 minutos, observou-se a formação de dois grupos, com menores distâncias percorridas nas cultivares Albion, Burkley, Camarosa, CaxiMinas, Estiva, Fronteras, Isabel, Monterey, Nativo, Oso Bola e 77. Aos 60 minutos, verificou-se novamente a formação de três grupos, com menores distâncias percorridas nas cultivares Albion, Burkley, Monterey e Oso Bola. Os coeficientes de variação experimental variaram de 20% (20 minutos) a 17% (60 minutos). As cultivares Albion e Monterey proporcionaram menor atividade locomotora dos ácaros-rajados, considerando seu comportamento motor. Dessa forma, essas cultivares são consideradas potencialmente menos suscetíveis ao ataque desse artrópode-praga.

**Palavras-chave:** Melhoramento de plantas; *Fragaria x Ananassa* Duch; Ácaro-rajado.

# RGV 153 - CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E CULINÁRIA DE VARIEDADES LOCAIS DE MANDIOCA DE MESA

Luan Gustavo Popp[1]*; Gabriel Dal Puppo Pelisser[1]; Maria Vitória Kleinschmitt[1]; Larissa Oliveira Mendes[1]; Bruno Henrique Stoll Chiarello[1]; Érick Fernando Sartoretto[1]; Volmir Kist[1]

[1]Instituto Federal Catarinense - Campus Concórdia. *luanpopp14@gmail.com

A mandioca de mesa (Manihot esculenta Crantz) possui grande importância para a agricultura familiar no Oeste de Santa Catarina, onde variedades locais representam importantes recursos genéticos. Este trabalho objetivou caracterizar o desempenho agronômico e culinário de variedades locais de mandioca de mesa cultivadas em Concórdia, SC. O experimento foi conduzido no Instituto Federal Catarinense - Campus Concórdia, em delineamento de blocos casualizados, com três cultivares (Casca Roxa, Amarela e Branca Argentina), três repetições, espaçamento de 1,20 × 1,20 m e população de 6.944 plantas $ha^{-1}$. O plantio foi realizado em outubro de 2024, com avaliações mensais entre maio de 2025 e fevereiro de 2026. Avaliaram-se número total e comercial de raízes, peso de raízes com e sem casca e tempo de cocção. Os dados foram submetidos à análise de variância, teste de Scott-Knott (5%) e análise de regressão. A análise de variância revelou efeito significativo ($p \leq 0,05$) para todas as variáveis avaliadas, indicando diferenças entre as cultivares e justificando a comparação de médias pelo teste de Scott-Knott e análise de regressão. A cultivar Casca Roxa apresentou as maiores médias para número total e comercial de raízes, destacando-se em setembro de 2025 e fevereiro de 2026. Em outubro, as cultivares Amarela e Branca Argentina apresentaram melhor desempenho, enquanto, em novembro, a Amarela apresentou maior número de raízes comerciais. Nas demais avaliações, não houve diferenças estatísticas. Para peso de raízes com casca, Casca Roxa e Amarela apresentaram as maiores médias, com 3,95 e 4,27 kg $planta^{-1}$, correspondendo a 27,43 e 29,65 t $ha^{-1}$, respectivamente. Após o descascamento, a cultivar Amarela apresentou o maior rendimento 3,0 kg $planta^{-1}$, seguida por Casca Roxa 2,6 kg $planta^{-1}$ e Branca Argentina 2,2 kg $planta^{-1}$, além do menor tempo médio de cocção. A regressão indicou aumento gradual da produção de raízes ao longo das avaliações e aumento do tempo de cocção após a rebrota primaveral, evidenciando influência da sazonalidade sobre a qualidade culinária. Conclui-se que as cultivares Casca Roxa e Amarela apresentam potencial agronômico e culinário nas condições avaliadas. A sua caracterização subsidia o uso dessas variedades pela agricultura familiar, sua conservação como recurso genético vegetal e seu aproveitamento em programas de melhoramento, contribuindo para a manutenção da agrobiodiversidade regional utilizada na alimentação humana.

**Palavras-chave:** *Manihot esculenta*; alimentação humana; adaptação; produtividade.

**Agradecimentos:** Instituto Federal Catarinense - campus Concórdia.

# RGV 154 - SELEÇÃO RECORRENTE EM VARIEDADE LOCAL DE MILHO: TERCEIRO CICLO DE FAMÍLIAS DE MEIOS-IRMÃOS

Bruno Henrique Stoll Chiarello[1]*; Caroline Pilatti Rovani[1]; Gabriel Dal Puppo Pelisser[1]; Luan Gustavo Popp[1]; Volmir Kist[1]

[1]IFC - Campus Concórdia. *bruno.h.chiarello@gmail.com

As variedades locais de milho *(Zea mays)* representam importante recurso genético para a agricultura familiar por conservarem elevada variabilidade genética, ampla adaptação às condições edafoclimáticas e características de interesse agronômico acumuladas ao longo de sucessivas gerações de seleção pelos agricultores. Além de contribuírem para a conservação da agrobiodiversidade, essas populações constituem fontes estratégicas de alelos favoráveis para programas de melhoramento genético. Nesse contexto, a seleção recorrente entre famílias de meios-irmãos possibilita a exploração da variabilidade existente, promovendo ganhos genéticos sem comprometer a base genética da população. O presente trabalho teve como objetivo conduzir um ciclo de seleção recorrente em uma variedade local de milho visando à obtenção de ganhos genéticos para produtividade de grãos. Foram avaliadas 144 famílias de meios-irmãos oriundas da recombinação de 36 famílias superiores selecionadas no ciclo anterior. O experimento foi conduzido na área experimental do Curso de Agronomia do Instituto Federal Catarinense - Campus Concórdia, em delineamento látice quadrado 12 × 12, com três repetições. Avaliaram-se os caracteres produtividade de grãos (PRO, kg $ha^{-1}$), altura de planta (APL, cm), altura de inserção da primeira espiga (AES, cm) e diâmetro de colmo (DCO, mm). As análises de variância e as estimativas dos parâmetros genéticos foram obtidas por meio da metodologia REML/BLUP no software R. Observou-se efeito significativo entre as famílias para todos os caracteres, evidenciando ampla variabilidade genética disponível para seleção. A herdabilidade estimada para produtividade foi de 0,586, indicando elevada eficiência da seleção fenotípica. As correlações entre produtividade e os caracteres morfoagronômicos foram positivas e de baixa magnitude (r = 0,272 para APL; r = 0,290 para AES; r = 0,279 para DCO), indicando que ganhos em produtividade tendem a provocar pequenas alterações na arquitetura das plantas. Com intensidade de seleção de 25%, correspondente às 36 melhores famílias, estimou-se ganho genético de 650 kg $ha^{-1}$, equivalente a 10% em relação à média da população. Os ganhos indiretos foram de 0,50% para APL, 1,26% para AES e 0,53% para DCO. Os resultados demonstram que a variedade local apresenta elevado potencial para o melhoramento genético, reforçando a importância da conservação e do uso sustentável dos recursos genéticos locais como estratégia para obtenção de cultivares mais produtivas e adaptadas às condições de cultivo da agricultura familiar.

**Palavras-chave:** *Zea mays*; ganho de seleção; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** Ao IFC - campus Concórdia pela concessão de bolsa aos dois primeiros autores.

# RGV 156 - METABOLÔMICA APLICADA À IDENTIFICAÇÃO E VALIDAÇÃO DE BIOMARCADORES ASSOCIADOS À COMPETÊNCIA RIZOGÊNICA EM *Ilex paraguariensis*

Izabelle Colmanetti[1]; Bruna Caprini[1]*; Fabrício Hansel[2]; Ivar Wendling[1;2]; Alessandra Ribas[1]; Felipe Keine[3]; Felipe Perin[3]; Bruno Q. de P. Xavier[3]; Juliana Degenhardt[2]

[1]UFPR. [2]Embrapa Florestas. [3]PUCPR. *brunacaprini89@gmail.com

A propagação clonal de erva-mate (Ilex paraguariensis A.St.-Hil.) é limitada pela elevada variabilidade na competência rizogênica entre genótipos, o que restringe a multiplicação de materiais superiores em programas de melhoramento genético. Neste estudo, foi aplicada uma abordagem integrada de metabolômica para a identificação e validação de biomarcadores associados à formação de raízes adventícias. Na etapa de identificação, o perfil metabolômico da base de miniestacas de um clone com alto potencial de enraizamento foi caracterizado por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (GC-MS). Foram comparadas amostras coletadas no momento da estaquia e após 48 horas, provenientes de miniestacas que posteriormente enraizaram ou não. A análise evidenciou reprogramação precoce do metabolismo primário associada ao sucesso da rizogênese, com destaque para carboidratos e aminoácidos. Miniestacas com elevada competência rizogênica apresentaram maiores teores de sacarose e mio-inositol em folhas, além do consumo desses na base da estaca entre os tempos analisados. O teor de mio-inositol foi significativamente maior nas folhas e menor na base das estacas. Contudo, aquelas sem competência apresentaram maior acúmulo de mio-inositol, galactinol e 3-fosfoglicerato na base da estaca, indicando menor mobilização metabólica na indução radicular. Na etapa de validação, três clones (49, 25 e 43) foram submetidos a diferentes condições de luminosidade e à suplementação de sacarose (50µmol) em experimento de enraizamento em casa-de-vegetação. As variáveis de enraizamento foram analisadas por modelos lineares generalizados (GLM binomial) e teste de Tukey ($p < 0,05$). Observou-se interação significativa clone × sacarose sobre a frequência de enraizamento ($p = 0,0002$). O clone 49 apresentou aumento significativo do enraizamento com sacarose ($p = 0,0011$), além do maior comprimento de raízes sob baixa luminosidade. O clone 25 não apresentou resposta significativa aos tratamentos ($p > 0,05$). O clone 43 demonstrou alta plasticidade fisiológica, com melhor desempenho sob luz e sacarose combinadas. Em conjunto, os resultados indicam que a reprogramação do metabolismo primário é determinante da competência rizogênica em erva-mate e que a resposta ao enraizamento depende fortemente da interação genótipo e ambiente, especialmente da disponibilidade de sacarose. Esses achados reforçam o potencial da metabolômica para seleção precoce de genótipos superiores, otimização de protocolos de propagação clonal em Ilex paraguariensis, além de contribuir para a compreensão mecanística da rizogênese em espécies florestais nativas.

**Palavras-chave:** GLM binomial; interação genótipo × ambiente; sacarose.

**Agradecimentos:** CNPq; CAPES.

# RGV 157 - VALIDAÇÃO DE MEIO DE CULTURA OTIMIZADO PARA MICROPROPAGAÇÃO DE ERVA-MATE

Bruna Caprini[1]*; Jesus Hernando Gómez-Llano[2]; Ivar Wendling[1;2]; Felipe Perin[3]; Bruno Quadros de Paula Xavier[3]; Felipe Keine[3]; Gabriela Benecioto[3]; Juliana Degenhardt[2]

[1]UFPR. [2]Embrapa Florestas. [3]PUCPR. *brunacaprini89@gmail.com

A micropropagação de *Ilex paraguariensis* é altamente dependente do balanço de nitrogênio no meio de cultura. Este estudo validou um meio previamente otimizado por Pereira et al. (2025), baseado no meio MS (Murashige e Skoog, 1962), com modificação das fontes nitrogenadas e aumento de micronutrientes (1,5x). Foram avaliados três tratamentos: T1 (0,5 $NH_4NO_3$+ 0,1 $KNO_3$), T2 (0,5 $NH_4NO_3$ sem $KNO_3$) e T3 (0,2 $NH_4NO_3$+ 0,1 $KNO_3$), todos suplementados com BAP (0,022%), ANA (0,0005%) e Coryna (0,075%), com 300 explantes por tratamento. As respostas foram analisadas aos 30 e 60 dias por Modelos Lineares Generalizados (GLM binomial), com análise de desvio ($p \leq 0,05$) e comparações por Médias Marginais Estimadas (EMMs)/Tukey. Para as análises, foram removidos os explantes contaminados e oxidados. Aos 30 dias, a brotação foi significativamente influenciada pelos tratamentos ($\chi^2 = 22,97$; $p < 0,001$). T2 apresentou a maior taxa de brotação (39,8%), seguido de T3 (24,0%) e T1 (15,2%). Além disso, T2 exibiu maior uniformidade entre explantes e menor ocorrência de calos, indicando maior eficiência na indução organogênica inicial. Aos 60 dias, observou-se forte variação entre tratamentos quanto à capacidade de multiplicação. O número médio de brotações por explante foi de T1 - 76,3%, T2 - 67,85% e T3 - 60,86%. Entretanto, a multiplicação efetiva (explantes com ≥2 brotações) foi nula em T1 (0%), enquanto T2 e T3 apresentaram 11,11% e 10,7%, respectivamente. A calogênese foi mais intensa em T1, intermediária em T3 e reduzida em T2. O tratamento T2 apresentou o melhor equilíbrio entre indução, estabilidade e capacidade de multiplicação, enquanto T1 favoreceu proliferação desorganizada associada à calogênese. Em conjunto, os dados demonstram que a resposta *in vitro* de *I. paraguariensis* é altamente dependente do balanço entre fontes nitrogenadas reduzidas e nítricas, com forte impacto sobre a rota morfogênica. A ausência de $KNO_3$ (T2) favorece a organogênese e reduz respostas desorganizadas, enquanto maiores quantidades de nitrato (T1 e T3) estão associadas à maior desorganização tecidual. Assim, a espécie apresenta elevada sensibilidade à forma do nitrogênio disponível, sendo a eficiência morfogênica determinada mais pelo equilíbrio $NH_4^+/NO_3^-$ do que pela concentração total de nitrogênio, reforçando o papel central do metabolismo nitrogenado na competência organogênica *in vitro*.

**Palavras-chave:** *Ilex paraguariensis*; meio MS modificado; brotações.

**Agradecimentos:** CNPq, CAPES.

# RGV 159 - AVALIAÇÃO PRELIMINAR DE RESISTÊNCIA AO TRIPES EM GENÓTIPOS DE *CITRULLUS* spp.

Rita de Cássia Souza Dias[1]*; Karina Branco de Almeida[2]; Luciano Brandão da Cruz[3]; Eduardo Feliphe Ninos de Souza [4]

[1]Embrapa Semiárido. [2] Embrapa Semiárido/CNPq. [3]Universidade de Pernambuco, Campus de Petrolina-PE. [4]UNIBRAS. *rita.dias@embrapa.br

O Banco Ativo de Germoplasma de Melancia do Semiárido (BGCIA), conservado pela Embrapa Semiárido, apresenta ampla variabilidade genética e é base dos programas de melhoramento da melancia. No entanto, as principais cultivares de melancia de mesa e forrageira são suscetíveis a doenças e insetos-praga. Entre os insetos vetores, algumas espécies de tripes (Thysanoptera: Thripidae) são consideradas de maior importância no território brasileiro, com relatos em campos de cultivos de melancia. Entre as principais espécies transmissoras de viroses, destaca-se a *Frankliniella schultzei* (Trybom, 1910), que é encontrado em todas as partes do Brasil. Essa espécie é considerada praga em várias culturas, como soja, tomate, fumo e melão. Na cultura da melancia pode causar danos nos tecidos dos vegetais e nas partes florais, além de ser vetor de vírus, como o *Groundnut ringspot virus* (GRSV) e *Zucchini lethal chlorosis virus* (ZLICV), com sintomatologia variada, como folhas necróticas, pontuações cloróticas, bolhosidade, nanismo, entre outros. O objetivo deste trabalho foi avaliar preliminarmente a resistência ao tripes em flores de genótipos de *Citrullus* spp. O experimento foi conduzido no Campo Experimental de Bebedouro da Embrapa Semiárido, em Petrolina-PE. Utilizaram-se sete genótipos de *Citrullus* spp.: ES 25.31913.001 (BGCIA 962, *C. lanatus* var. *citroides*), ES 25.31912.003, (*C. colocynthis*, PI 195927, introduzido da Etiópia e submetido a quatro ciclos de autofecundação) e cinco genótipos oriundos do cruzamento entre dois genitores. Adotou-se o delineamento experimental de blocos ao acaso, com quatro repetições, parcelas com 10 plantas, espaçamento de 4,0 m x 0,60 m. Os genótipos foram avaliados quanto à incidência de tripes nas flores femininas e masculinas. Pela manhã, retirou-se três flores/planta, em 10 plantas/parcela, que foram colocadas em sacos plásticos transparentes, imediatamente fechados e acondicionados em recipientes de isopor. A contagem dos adultos e ninfas, após aplicação de álcool a 90%, foi realizada com auxílio de microscópio, no Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal da Embrapa Semiárido. Verificou-se diferenças estatísticas estre os genótipos, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade, destacando-se ES 25.31912.003, com menor infestação de tripes, enquanto ES 25.31913.001 apresentou elevada suscetibilidade. Em futuros trabalhos, deve-se avaliar a correlação entre a infestação de tripes e a incidência de viroses. As informações obtidas neste trabalho ressaltam a variabilidade genética existente no BAG de Melancia, que promove uma valiosa contribuição aos programas de melhoramento genético de *Citrullus* spp., visando ao desenvolvimento de genótipos resistentes/tolerantes a importantes estresses bióticos.

**Palavras-chave:** Melancia forrageira; variabilidade genética; resistência.

**Agradecimentos:** CNPq.

# RGV 162 - IDENTIFICAÇÃO DE ACESSOS DE *Cenchrus ciliaris* L. COM POTENCIAL DE TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO

Ananda dos Santos Rabelo[1]; Rafaela Priscila Antonio [2]; Natoniel Franklin de Melo[2]

[1]Universidade Estadual de Feira de Santana - UEFS. [2]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA. *ananda_rabelo@hotmail.com

A escassez de água constitui um dos principais fatores limitantes para a produção de forrageiras em regiões semiáridas, tornando essencial a avaliação de recursos genéticos com potencial de adaptação ao déficit hídrico. Nesse contexto, *Cenchrus ciliaris* L. (capim-buffel) destaca-se pela elevada importância para a pecuária nessas regiões e pela ampla variabilidade genética conservada em bancos de germoplasma. O presente trabalho teve como objetivo avaliar as respostas morfofisiológicas de acessos de capim-buffel submetidos a diferentes níveis de estresse hídrico. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, em delineamento experimental inteiramente casualizado, em esquema fatorial, composto por oito acessos e quatro níveis de capacidade de campo (75-100%, 50-75%, 25-50% e ≤25%), com três repetições. Após 30 dias de aplicação dos tratamentos, foram avaliadas as características morfométricas, biomassa e atividade das enzimas antioxidantes ascorbato peroxidase (APX) e catalase (CAT). Os dados foram submetidos à análise de variância, comparação de médias, análise de regressão e componentes principais (PCA). O déficit hídrico severo (≤25% da capacidade de campo) reduziu o número de perfilhos (NPERF), número de folhas (NF), a massa fresca da parte aérea (MFPA) e massa seca de raízes (MSR) em aproximadamente 41%, 50%, 56% e 9%, respectivamente. A resposta variou entre os acessos, destacando-se o CPATSA 90608 pela maior estabilidade das características de crescimento, com manutenção de NF, NPERF e MFPA e incremento na MSR. Em contraste, os acessos CPATSA 1403, CPATSA 78102 e CPATSA 79134 apresentaram maior sensibilidade ao estresse, enquanto o CPATSA 7754, CPATSA 79120, CPATSA 79123 e CPATSA 79132 apresentaram respostas intermediárias. As atividades da APX e CAT também variaram entre os acessos e níveis de disponibilidade hídrica, destacando-se o aumento da CAT no CPATSA 90608 sob estresse moderado e ativação conjunta de APX e CAT no CPATSA 79132. A interação entre acessos e disponibilidade hídrica para características de crescimento evidenciou variabilidade genética, permitindo identificar o acesso CPATSA 90608 como promissor quanto à tolerância ao déficit hídrico e o acesso CPATSA 1403 como o mais sensível. Os resultados contribuem para a identificação de recursos genéticos de *C. ciliaris* com potencial para estudos sobre mecanismos de tolerância ao déficit hídrico.

**Palavras-chave:** capim-buffel; semiárido; variabilidade genética.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de doutorado, à Fapesp pela bolsa TTN, e à Embrapa Semiárido pelo apoio na execução da pesquisa.

# RGV 163 - PREDIÇÃO DO TEOR DE FERRO EM ACESSOS DE FEIJÃO POR APRENDIZADO DE MÁQUINA

Mauro Bitencourt de Souza[1]*; Carina Lopes Djadjo[1]; Katherine Duarte Salvan[2]; Luan Tiago dos Santos Carbonari[1]; Carlos Zacarias Joaquim Junior[1]; Jefferson Luís Meirelles Coimbra[1]

[1]Instituto de Melhoramento e Genética Molecular (IMEGEM). Universidade do Estado de Santa Catarina (CAV/UDESC), Lages, SC.[2]Laboratório de Levantamento e Análise Ambiental. CAV/UDESC, Lages, SC. *maurobitencourtdesouza@gmail.com

A biofortificação, por meio do melhoramento de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), é uma estratégia sustentável para combater a deficiência de ferro (Fe), especialmente em países em desenvolvimento. Diante da necessidade de acelerar a triagem de acessos e reduzir os custos de fenotipagem, o emprego de modelos computacionais torna-se fundamental. Assim, o presente trabalho teve como objetivo prever o teor de Fe em acessos do Banco Ativo de Feijão (BAF) da Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC), empregando algoritmos de aprendizado de máquina. O estudo foi realizado no Instituto de Melhoramento e Genética Molecular na UDESC. Foram utilizados oito acessos do BAF, submetidos à digestão por via úmida para posterior quantificação dos teores de Fe, zinco (Zn), potássio (K), cálcio (Ca), cobre (Cu), magnésio (Mg) e manganês (Mn) via Espectroscopia de Emissão Óptica (ICP-OES), totalizando 72 observações por mineral. Para a predição do teor de Fe com base nos demais nutrientes, foram empregados os algoritmos Random Forest (RF) e Multi-Layer Perceptron (MLP), implementados na linguagem Python (biblioteca Scikit-learn) e avaliados pela técnica Leave-One-Out Cross Validation. O teor de Fe apresentou coeficiente de variação de 23,95% e amplitude de 44,82 mg $kg^{-1}$, variando de 24,18 a 69,0 mg $kg^{-1}$, o que evidencia a presença de acessos com maior teor de ferro. O algoritmo RF apresentou desempenho superior ao MLP, obtendo maior coeficiente de determinação ($R^2$ = 0,88 e 0,78, respectivamente) e menores estimativas de erro, expressas pelo erro médio absoluto (MAE = 1,97 e 3,32) e pela raiz do erro quadrático médio (RMSE = 3,06 e 4,22), respectivamente. Este desempenho reforça a capacidade de algoritmos mais estáveis, como o RF, em conjunto de dados reduzidos quando comparados a métodos com maior nível de complexidade, podendo explicar até 88% da variação do teor de ferro entre os acessos. Esta capacidade preditiva é de grande potencial de aplicação, principalmente em situações em que há pouca disponibilidade de sementes dos acessos para a realização da triagem. O processo de triagem com base em métodos computacionais é possível, podendo reduzir a quantidade de amostras para análises destrutivas, consequentemente, os custos com a fenotipagem.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; Biofortificação; Machine learning.

**Agradecimentos:** Agradecemos à Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC) pela concessão de bolsas e auxílio financeiro para a realização de projetos de pesquisa.

# RGV 164 - RESPOSTA TRANSCRIPTÔMICA DE ACESSOS CONTRASTANTES DE *Cenchrus ciliaris* AO DÉFICIT HÍDRICO EVIDENCIA MECANISMOS MOLECULARES ASSOCIADOS À TOLERÂNCIA À SECA

Ananda dos Santos Rabelo[1]*; Alícia Lie de Melo[2]; Rafaela Priscila Antonio[3]; Natoniel Franklin de Melo[3]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), Feira de Santana, BA, Brasil. [2]Instituto de Química, Universidade de São Paulo (IQ-USP), São Paulo, SP, Brasil. [3]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Embrapa Semiárido, Petrolina, PE, Brasil. *ananda_rabelo@hotmail.com

O capim-buffel (*Cenchrus ciliaris* L.) é uma importante forrageira para regiões semiáridas devido à sua elevada adaptação às condições de déficit hídrico. Entretanto, os mecanismos moleculares envolvidos na tolerância à seca ainda são pouco compreendidos. O presente estudo teve como objetivo identificar alterações transcricionais associadas à resposta ao estresse hídrico em acessos contrastantes de *C. ciliaris*, visando subsidiar estratégias de conservação e melhoramento genético da espécie. Foram avaliados os acessos 608 (tolerante) e 3 (suscetível) submetidos às condições de controle e déficit hídrico, com três repetições biológicas por tratamento. As bibliotecas de RNA foram sequenciadas em plataforma de alto desempenho, e as leituras foram alinhadas ao genoma de referência de *Setaria italica*. A análise de componentes principais revelou que o estresse hídrico constituiu a principal fonte de variação transcricional, explicando 76% da variabilidade observada entre as amostras. Foram identificados 2.259 genes diferencialmente expressos (DEGs) no acesso suscetível e apenas 767 no acesso tolerante, evidenciando uma resposta transcricional mais intensa no genótipo 3. Adicionalmente, foram identificados 82 genes associados à interação entre genótipo e condição de estresse, indicando mecanismos específicos de adaptação à seca. As análises de enriquecimento funcional demonstraram modulação significativa de processos relacionados à fotossíntese, metabolismo energético e resposta ao estresse oxidativo. Embora ambos os acessos apresentassem repressão coordenada de genes ligados à fotossíntese, o acesso 608 exibiu um padrão distinto de regulação desses processos, sugerindo maior eficiência na reprogramação metabólica diante da limitação hídrica. Os resultados indicam que a tolerância à seca em *C. ciliaris* está associada a uma resposta transcricional mais restrita e coordenada, destacando genes e vias metabólicas com potencial aplicação na seleção de genótipos adaptados às condições semiáridas e no uso sustentável dos recursos genéticos da espécie.

**Palavras-chave:** capim buffel; estresse abiótico; expressão gênica.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de doutorado, à Fapesp pela bolsa TTN, e à Embrapa Semiárido pelo apoio na execução da pesquisa.

# RGV 165 - DIVERSIDADE GENÉTICA E FENOTÍPICA DE ACESSOS DE *Hancornia speciosa* DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MANGABA DA EMBRAPA TABULEIROS COSTEIROS

Juliana Lopes Souza[1]*; Priscilla Santana Santos[2]; Ana da Silva Ledo[3]; Ana Veruska Cruz da Silva[3]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [2]Secretaria Municipal de Meio Ambiente de São Cristóvão, Sergipe. [3]Embrapa Tabuleiros Costeiros. *juliana.souza@embrapa.br

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma espécie frutífera nativa do Brasil com grande importância socioeconômica, sendo considerada um recurso genético relevante para programas de conservação da biodiversidade e melhoramento genético. A caracterização da variabilidade genética e fenotípica de acessos mantidos em bancos de germoplasma é fundamental para subsidiar ações de conservação e uso sustentável da espécie. Assim, o objetivo desse estudo foi avaliar a diversidade genética e fenotípica de acessos de *H. speciosa* do Banco Ativo de Germoplasma de Mangaba da Embrapa Tabuleiros Costeiros. Foram avaliados 35 genótipos, que compõem 6 acessos, procedentes dos estados de Sergipe e Bahia. A caracterização genética foi realizada por meio de 1.292 marcadores SNP obtidos pela tecnologia DArTSeq, estimando-se parâmetros de diversidade genética, estrutura populacional e análise de variância molecular (AMOVA). A caracterização fenotípica analisou 18 descritores relacionados à morfologia de frutos e plantas, além de componentes químicos da polpa dos frutos. Os índices de diversidade genética indicaram variabilidade moderada entre os acessos, com heterozigosidade observada média de 0,206, heterozigosidade esperada média de 0,229 e índice de Shannon médio de 0,315. A análise de variância molecular indicou que a maior proporção da variação genética se observa dentro dos indivíduos (71%), seguida pela variação entre indivíduos (23%) e entre acessos (5%). As análises de agrupamento UPGMA e estrutura populacional (Structure) agruparam os indivíduos em dois grupos genéticos principais. O teste de Mantel revelou correlação positiva e significativa entre a distância genética euclidiana e a distância geográfica da procedência dos acessos ($r$ = 0,5102; $p$ = 0,0001), indicando influência da origem geográfica sobre a estrutura genética conservada no banco de germoplasma. Observou-se ampla variação para características agronômicas de interesse, principalmente para a massa fresca dos frutos, número de sementes, teor de vitamina C e diâmetro do caule. Portanto, o Banco Ativo de Germoplasma de Mangaba apresenta variabilidade genética e fenotípica entre os acessos avaliados, indicando genótipos promissores para a conservação, uso sustentável e melhoramento genético de *Hancornia speciosa*.

**Palavras-chave:** mangabeira; recursos genéticos; marcadores SNP.

**Agradecimentos:** À Embrapa Tabuleiros Costeiros, ao CNPq (Processo nº 176622/2023-3 PDJ; processo n° 310328/2025-0 Bolsa de Produtividade).

# RGV 171 - INFLUÊNCIA DO TIPO DE RECIPIENTE NA ACLIMATIZAÇÃO DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE *Dendrocalamus latiflorus Munro*

Danyele Silva Durães Pacheco[1]*; André Luiz Xavier de Souza[2]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[2]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
*danyelespacheco@gmail.com

Os bambus apresentam importância ambiental e potencial socioeconômico, com aplicações em diferentes setores, o que reforça a necessidade de métodos eficientes para sua propagação. Nesse contexto, a aclimatização representa uma etapa crítica da micropropagação, pois envolve a transferência das mudas do cultivo *in vitro* para o ambiente *ex vitro*, condição que aumenta sua suscetibilidade à perda de água e à mortalidade durante o estabelecimento inicial. Dessa forma, as características do recipiente utilizado podem influenciar o estabelecimento e a sobrevivência das mudas durante essa fase. O objetivo deste trabalho foi avaliar a influência de diferentes recipientes na sobrevivência de mudas micropropagadas de *Dendrocalamus latiflorus* durante a fase de aclimatização. Após o enraizamento *in vitro*, as mudas foram retiradas do meio de cultura e tiveram as raízes lavadas em água corrente. Em seguida, foram transplantadas para tubetes de polipropileno (128 $cm^3$) ou sacos plásticos de polietileno (800 $cm^3$), ambos contendo substrato comercial Maxplant®. As mudas permaneceram em ambiente protegido com cobertura plástica para manutenção da umidade relativa por 30 dias. A sobrevivência das mudas foi avaliada ao final de 30 dias de aclimatização, considerando-se 96 mudas em cada tipo de recipiente. As proporções de sobrevivência entre os recipientes foram comparadas pelo teste de comparação de proporções. Verificou-se que a sobrevivência geral foi de 93% evidenciando eficiência do protocolo de aclimatização. Contudo, o tipo de recipiente influenciou significativamente ($P<$ 0,01) a sobrevivência das mudas, com sobrevivência de 98,96% (95/96) em tubetes e 88,54% (85/96) em sacos plásticos. Esses resultados evidenciam que o tipo de recipiente influencia o estabelecimento inicial das mudas, sendo os tubetes mais eficientes para essa etapa do processo. A elevada sobrevivência obtida em ambos os recipientes confirma a viabilidade do protocolo de aclimatização desenvolvido para *D. latiflorus*, enquanto o desempenho superior dos tubetes evidencia seu potencial para otimizar a produção de mudas micropropagadas. A adoção de recipientes mais eficientes pode contribuir para o aperfeiçoamento de protocolos de propagação clonal, reduzindo perdas durante a aclimatização e fortalecendo iniciativas de conservação e uso sustentável dos recursos genéticos de bambus.

**Palavras-chave:** Bambu; propagação clonal; sobrevivência; cultivo *ex vitro*; conservação de germoplasma.

**Agradecimentos:** À Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAPDF), à Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia pelo suporte técnico e pela infraestrutura e à Universidade de Brasília (UnB) pelo apoio institucional.

# RGV 179 - SELEÇÃO UNIVARIADA E ÍNDICE MGIDI NA IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE LINHAÇA

Marina Mattiello Crestani[1]*; Vanessa Gabriela Borges[1]; Emille Begnini Zingler[1]; Tiago Olivoto[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *marimcrestani@gmail.com

A linhaça (*Linum usitatissimum* L.) é uma oleaginosa de interesse agronômico e econômico, cultivada para produção de sementes e fibras (linho). A caracterização e seleção de genótipos superiores são estratégias importantes para programas de melhoramento. Entretanto, a seleção univariada voltada apenas à produtividade pode reduzir ganhos em caracteres relacionados à qualidade do grão. Por sua vez, a seleção simultânea de características favorece a identificação de genótipos com potencial agronômico e nutricional. O estudo teve como objetivo comparar a eficiência da seleção univariada e multivariada por meio do índice multicaracterística MGIDI na identificação de genótipos superiores de linhaça. Em um painel de 40 genótipos de linhaça, incluindo variedades douradas e marrons, foram avaliados caracteres agronômicos (altura de planta, comprimento de cápsula, massa de cápsula, massa de grãos, número de ramificações, número de cápsulas, número de grãos, massa de mil grãos, índice de colheita de cápsula) e nutracêuticos (fenólicos totais, flavonoides, potencial antioxidante). Para a seleção univariada, foram selecionados os oito genótipos com o maior rendimento de grãos por planta, já a seleção multivariada, o índice MGIDI foi utilizado para ranquear os oito genótipos com base na sua distância para um ideótipo. A seleção univariada apresentou maior diferencial de seleção para massa de grão (69,46%), indicando maior ganho direto para produtividade. Por outro lado, observaram-se reduções em compostos bioativos importantes para a qualidade funcional. Já o índice MGIDI apresentou ganho mais equilibrado entre os caracteres avaliados, com incremento para rendimento (49%) e destaque para flavonoides (25,63%), quatro genótipos foram selecionados em ambas as estratégias (G13M, G69D, G215M e G74M). Os resultados evidenciam que o índice MGIDI favorece a seleção de genótipos com desempenho superior para um conjunto de caracteres, enquanto a seleção univariada favorece apenas um critério de seleção. Embora a seleção univariada tenha proporcionado maior ganho para rendimento de grãos, o MGIDI favoreceu uma resposta mais equilibrada entre os caracteres avaliados, favorecendo a seleção de genótipos superiores. Assim, a seleção baseada em um único caráter pode limitar atributos de interesse, enquanto índices multicaracterísticos permitem integrar múltiplas características desejáveis. O índice MGIDI mostrou potencial como ferramenta estatística para programas de melhoramento de linhaça por permitir seleção simultânea para produtividade e qualidade funcional.

**Palavras-chave:** Caracteres; Estratégia; Qualidade.

# RGV 180 - CRESCIMENTO E PRODUÇÃO DE BIOMASSA DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE BAMBU SOB DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE FERTILIZAÇÃO

Danyele Silva Durães Pacheco[1]*; André Luis Xavier de Souza[2]; Anderson Marcos de Souza[1]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[2]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
*danyelespacheco@gmail.com

A micropropagação constitui uma estratégia promissora para a produção de mudas de bambu em larga escala, favorecendo a multiplicação clonal e a conservação de germoplasma de espécies de interesse econômico. Entretanto, a aclimatização representa uma das etapas mais críticas desse processo. Nessa fase, o manejo nutricional adequado é fundamental para o crescimento, estabelecimento e qualidade das plantas em ambiente *ex vitro*. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de diferentes estratégias de fertilização mineral sobre o crescimento e a produção de biomassa de mudas micropropagadas de bambu (*Dendrocalamus latiflorus* Munro) durante a aclimatização. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial composto por dois recipientes (tubetes e sacos plásticos) e quatro condições de fertilização (NPK 12-11-18, Osmocote®, Arbolina® e controle sem adubação), totalizando oito tratamentos e 192 mudas. Após 60 dias de cultivo em casa de vegetação, foram avaliados os parâmetros: altura, diâmetro da base do colmo, número de colmos, número de folhas, bem como as massas fresca e seca da parte aérea e do sistema radicular. Os dados foram submetidos à análise de variância e médias comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). Verificou-se que os tratamentos influenciaram significativamente a altura das plantas, o diâmetro da base do colmo, o número de folhas e a produção de biomassa. As maiores médias de altura (58,8 cm) e diâmetro da base do colmo (3,0 mm) foram obtidas no tratamento com saco plástico e adubação mineral NPK (T5), diferindo estatisticamente dos demais tratamentos. O tratamento com Osmocote® (T6) apresentou o maior número de folhas (50,8). Além disso, os tratamentos saco plástico + NPK (T5) e saco plástico + Osmocote® (T6) proporcionaram os maiores valores de massa fresca e seca da parte aérea e do sistema radicular. Para o parâmetro número de colmos, não foram observadas diferenças significativas entre os tratamentos. Os resultados demonstram que a fertilização influencia o crescimento inicial e a produção de biomassa de mudas micropropagadas de *D. latiflorus* durante a aclimatização, destacando-se as adubações com NPK 12-11-18 e com Osmocote® como estratégias mais eficientes para promover o desenvolvimento vegetal. Essas estratégias apresentam potencial para otimizar a qualidade das mudas e contribuir para o aprimoramento de protocolos de produção clonal e multiplicação de germoplasma de *D. latiflorus*.

**Palavras-chave:** Propagação clonal; nutrição vegetal; biomassa; cultivo *ex vitro*.

**Agradecimentos:** FAPDF, CENARGEN, UNB.

# RGV 183 - PATRIMÔNIO BIOCULTURAL E CONSERVAÇÃO DE *Butia catarinensis* NO SUL DO BRASIL

Carlos Fellipe Meurer de Lima[1]*; Ênio Egon Sosinski Júnior[2]; Rosa Lía Barbieri[2]

[1]Universidade Federal de Pelotas. [2]Embrapa Clima Temperado.
*meurer.cf@gmail.com

O gênero *Butia* (Becc.) Becc. destaca-se por suas linhagens ancestrais que moldaram as paisagens da América do Sul, dando origem a ecossistemas biodiversos conhecidos como butiazais. Essas palmeiras mantêm profundos vínculos culturais com a sociedade, pois seus recursos são utilizados há milênios por comunidades locais. Ao longo da restinga da Mata Atlântica no Sul do Brasil ocorre a espécie *Butia catarinensis* Noblick & Lorenzi, cujos frutos são ricos em vitamina C e compostos bioativos. Essa espécie costeira enfrenta intensa pressão decorrente da expansão imobiliária e industrial, em um contexto de desafios à governança ambiental. O objetivo deste estudo foi sistematizar os conhecimentos tradicionais associados a *B. catarinensis* e compreender como as comunidades percebem as políticas públicas que afetam sua conservação. Foi realizado um estudo etnobotânico com 13 participantes (7 mulheres e 6 homens, com idades de 25 a 78 anos) de três municípios: Imbituba e Laguna, em Santa Catarina, e Torres, no Rio Grande do Sul. Os participantes relataram ampla diversidade de usos, com destaque aos frutos, consumidos *in natura* e processados em diversos produtos, e às folhas, utilizadas na confecção de artesanato. O maior número de citações de uso foi registrado em Imbituba, com 56 registros de uso, associados a iniciativas locais voltadas à valorização de produtos do patrimônio biocultural e à disseminação de conhecimentos tradicionais. Os vínculos culturais com a espécie são antigos e permanecem na memória das comunidades, com relatos sobre práticas intergeracionais de escambo de cachaça com butiá entre pescadores e extrativistas, e a comercialização dos frutos nos trens de passageiros pela ferrovia até cerca de seis décadas atrás. Em relação às políticas públicas, as percepções variam: em Laguna, embora *B. catarinensis* seja símbolo municipal, os participantes relatam sua marginalização e questionam licenças ambientais; em Imbituba, extensas áreas remanescentes permanecem vulneráveis a conflitos políticos e econômicos; e em Torres, apesar do reconhecimento do artesanato tradicional com as folhas na produção de chapéus como patrimônio cultural imaterial do Rio Grande do Sul, essas práticas vêm se enfraquecendo ao longo das gerações. Embora os usos de *B. catarinensis* tenham se modificado ao longo das gerações, a espécie permanece como elemento central do patrimônio biocultural regional. Os resultados evidenciam que a conservação de seus recursos genéticos depende não apenas da proteção dos remanescentes naturais, mas também da valorização dos conhecimentos tradicionais e do fortalecimento da governança local.

**Palavras-chave:** Recursos genéticos vegetais; etnobotânica; Mata Atlântica.

**Agradecimentos:** Capes, CNPq, FINEP e MCTI.

# RGV 184 - CONSERVAÇÃO *IN SITU*/*ON-FARM* DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS PARA ALIMENTAÇÃO E AGRICULTURA NO SUL DO BRASIL

Carlos Fellipe Meurer de Lima[1]*; Daiane Rodeghiero Vahl[1]; Rosa Lía Barbieri[2]

[1]Universidade Federal de Pelotas. [2]Embrapa Clima Temperado. *meurer.cf@gmail.com

A conservação *in situ*/*on-farm* de recursos genéticos permite a continuidade de processos evolutivos das espécies cultivadas, preserva conhecimentos tradicionais e fortalece a autonomia de agricultores familiares e comunidades tradicionais. No Sul do Brasil existem importantes iniciativas de cultivo, seleção e intercâmbio de variedades tradicionais e frutas nativas, contribuindo com a conservação da diversidade genética e cultural da agricultura local. Entretanto, a expansão de monocultivos e a limitada valorização de agricultores guardiões de sementes crioulas dificultam a conservação *in situ*/*on-farm*. O objetivo deste trabalho foi identificar iniciativas envolvidas com a conservação *in situ*/*on-farm* na região Sul do Brasil e mapear eventos de troca de sementes crioulas realizados entre 2016 e 2025. Foi realizada uma busca sistemática em fontes digitais, utilizando palavras-chave relacionadas à conservação *in situ*/*on-farm*. A identificação das iniciativas foi complementada pela análise de páginas eletrônicas e redes sociais, bem como notícias publicadas em jornais, permitindo a sistematização dos eventos de troca de sementes. Foram encontradas 23 iniciativas que realizam ações em prol da conservação das variedades tradicionais e de frutas nativas, organizadas pelos próprios agricultores, muitas vezes com auxílio de extensionistas, organizações não-governamentais e da comunidade acadêmica. Também coordenam e participam de eventos de trocas de sementes crioulas, que anualmente movimentam milhares de pessoas e promovem o intercâmbio e conservação de variedades tradicionais. Foram mapeados 198 eventos de trocas de sementes no período de 2016 a 2025, com destaque ao Paraná, onde ocorreram aproximadamente 50% dos eventos. A pandemia de Covid-19 afetou o intercâmbio destes recursos genéticos, pois os eventos foram suspensos e muitos não restabeleceram as atividades desde então. Os eventos ocorrem de forma concentrada em regiões específicas, sendo relevante a formulação de políticas públicas que fortaleçam redes já estabelecidas e fomentem o intercâmbio para áreas menos articuladas, ampliando a distribuição e conservação desses recursos genéticos. Além disso, duas iniciativas contam com casas de sementes, onde armazenam dezenas a centenas de variedades de sementes crioulas. Observa-se que as redes de troca e organizações de apoio constituem pilares estratégicos para a conservação dinâmica dos recursos genéticos, embora persistam desafios relacionados ao envelhecimento dos guardiões de sementes, ao êxodo rural, à contaminação por transgenes e à necessidade de políticas públicas específicas.

**Palavras-chave:** Sementes crioulas; variedades tradicionais; guardiões de sementes.

**Agradecimentos:** Capes e CNPq.

# RGV 185 - INDUÇÃO DE BROTAÇÕES *IN VITRO* EM SEGMENTOS NODAIS DE *Bagassa guianensis* Aubl. COM USO DE DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE BAP

Hairon Antonio Friedrich Rodrigues[1]; Israeli Ingrid Costa de Brito[1]; Thamires Ferreira da Silva[2]; Cibele Lima da Silva[2]; Luciano Coutinho Silva[3]; Laísa Maria de Resende Castro[4]; Alisson Rodrigo Souza Reis[2]; Ely Simone Cajueiro Gurgel[5]; Raírys Cravo Herrera[1]*

[1]Universidade Federal do Pará - UFPA; Pós-graduação em Biodiversidade e Conservação - PPGBC. [2]Universidade Federal do Pará- UFPA. [3]Universidade Federal da Paraíba - UFPB, Centro de Biotecnologia, Departamento de Biologia Celular e Molecular. [4]Instituto Federal do Pará - IFPA. [5]Museu Paraense Emílio Goeldi. *rairys@gmail.com

*Bagassa guianensis* (Aubl.) é uma árvore de grande porte da família botânica Moraceae e de ocorrência na floresta amazônica. A espécie é popularmente conhecida como tatajuba, e apresenta um bom crescimento em áreas abertas, com alta incidência de luz solar. Desta forma, a tatajuba pode ser utilizada para programas de recuperação de floresta e uso em sistemas agroflorestais. Isto posto, o objetivo do trabalho foi determinar a melhor concentração de 6-Benzilaminopurina (BAP) para induzir novas brotações a partir de plantas estabelecidas *in vitro*. Segmentos nodais de *B. guianensis* com cerca de 3 cm e com duas gemas axilares, foram excisados de plantas estabelecidas *in vitro* e inoculados em meio MS com 30 g $L^{-1}$ de sacarose e solidificado com 7 g $L^{-1}$ ágar, e diferentes concentrações de BAP (0; 0,5; 1; 2 e 4 mg L-1). O pH do meio foi ajustado em 5,7 ± 2, antes da autoclavagem. Após a inoculação a incubação ocorreu em sala de crescimento com temperatura de 25 ºC ±2 no escuro, e após 20 dias, transferidas para luz de Led azul e vermelha com 33 µmol $m^{-2}$ $s^{-1}$ de irradiância e fotoperíodo de 16 horas. Após 90 dias avaliou-se o número e comprimento dos brotos. Os dados foram submetidos à análise de Kruskal-Wallis ($p \leq 0,05$) para determinar se houve diferença entre as concentrações e teste a posteriori de Dunn ($p \leq 0,05$) para descobrir qual a melhor concentração de BAP. Foi identificada diferença estatística nas diferentes concentrações ($p < 0,05$) de BAP, onde o maior número de brotos por explante (4,3 brotos) foi induzido com a concentração de 4 mg $L^{-1}$ do regulador. Já os maiores brotos (0,9 cm) foram encontrados em 1 mg $L^{-1}$ de BAP. Também foi constatado que na ausência do regulador 16,1% dos explantes induziram raízes espontaneamente. Houve também uma alta formação de calos na presença do regulador de crescimento em todos os explantes, independentemente da concentração de BAP utilizada. O uso de 4 mg $L^{-1}$ BAP proporciona a obtenção de novas estruturas de parte aérea que podem seguir para o enraizamento e só o seu uso induz calos que podem ser utilizados em novos estudos sobre organogênese e embriogênese somática indireta, visando novas vias de propagação e conservação da espécie e contribuindo para estudos biotecnológicos na Amazônia.

**Palavras-chave:** espécie arbórea nativa; cultivo *in vitro*; organogênese.

**Agradecimentos:** A coordenação de aperfeiçoamento de pessoal de nível superior - Brasil (CAPES). Ao Programa de pós-graduação em Biodiversidade e Conservação da Universidade Federal do Pará (UFPA-Altamira). Fundação Amazônica de Amparo a Estudos e Pesquisa (FAPESPA). Ao projeto PROCAD-AM Edital 21- 2018/CAPES e ao Projeto de Fortalecimento de Grupos de Pesquisa Liderados por Mulheres do Estado do Pará FAPESPA edital 003/2024.

**RGV 186 - ACLIMATIZAÇÃO DE *Bagassa guianensis* Aubl**

Hairon Antonio Friedrich Rodrigues[1]; Israeli Ingrid Costa de Brito[1]; Cibele Lima da Silva[2]; Thamires Ferreira da Silva[2]; Luciano Coutinho Silva[3]; Natália Hilgert de Souza Carnevali[4], Raírys Cravo Herrera[1]*

[1]Universidade Federal do Pará - UFPA; Pós-graduação em Biodiversidade e Conservação - PPGBC; [2]Universidade Federal do Pará - UFPA. [3]Universidade Federal da Paraíba - UFPB, Centro de Biotecnologia, Departamento de Biologia Celular e Molecular. [4]Universidade Federal do Sul e Sudeste do Pará - UNIFESSPA. *rairys@ufpa.br

Estabelecer protocolos de micropropagação para plantas lenhosas, como a *Bagassa guianensis*, é importante devido à relevância ecológica e econômica que a espécie possui. Entretanto, a técnica da cultura de tecidos possui duas fases críticas sendo uma delas a aclimatização, que é a fase final. Para mitigar as perdas que ocorrem nessa fase, estratégias de pré-aclimatização e de cultivo fotoautotrófico podem ser realizadas. O objetivo do trabalho foi produzir um protocolo que aumente a sobrevivência de plantas na fase de aclimatização após cultivo *in vitro*. Plantas de *B. guianensis* produzidas *in vitro* com cerca de 5 cm de altura e 10 cm de comprimento de raízes foram retiradas do meio de cultura MS e raízes lavadas com água corrente para remoção de resíduos. Em seguida foram transferidas para potes plásticos com dois tratamentos de substrato: o primeiro composto por terra preta orgânica e o segundo sendo areia com 10 g L-1 de fertilizante Basacote®. Após a transferência das plantas os potes foram vedados com tampa própria e acondicionados em sala de incubação com temperatura de 25 ºC ± 2 e iluminação de luz de LED azul e vermelha com 60 µmol $m^{-2}$ $s^{-1}$ de irradiância e fotoperíodo de 16 horas, após sete dias, as tampas foram trocadas por plástico filme PVC com cinco furos onde ao final de sete dias houve remoção total do plástico filme PVC deixando os potes totalmente abertos, ao final de 30 dias na sala de incubação as plantas foram transferidas para casa de vegetação, ao completarem 30 dias na casa de vegetação avaliou-se a porcentagem de sobrevivência. Após 30 dias na sala de incubação todas as plantas cultivadas em areia com Basacote® morreram, principalmente por contaminação fúngica, já as cultivadas em terra preta houve 100% de sobrevivência com altura média de 7,1 cm, apresentando um crescimento médio de 0,95 cm em relação ao tamanho original do cultivo *in vitro*, e com média de nove folhas. Já após o período em casa de vegetação houve uma porcentagem de sobrevivência de 73,3% e uma altura média de 9,5 cm, com crescimento médio de 2,4 cm, e com média de nove folhas, 3,3 cm. A pré-aclimatização fotoautotrófica se mostrou eficiente para a maior sobrevivência de plantas de *B. guianensis* quando associada ao uso de substrato de terra preta orgânica comercial.

**Palavras-chave:** espécie arbórea nativa; cultivo *in vitro*; luz natural.

**Agradecimentos:** A coordenação de aperfeiçoamento de pessoal de nível superior - Brasil (CAPES). Ao Programa de pós- graduação em Biodiversidade e conservação da Universidade Federal do Pará (UFPA- Altamira). Fundação Amazônica de Amparo a Estudos e Pesquisa (FAPESPA). Ao projeto PROCAD-AM Edital no. 21-2018/CAPES e ao Projeto de Fortalecimento de Grupos de Pesquisa Liderados por Mulheres do Estado do Pará FAPESPA edital 003/2024.

**RGV 188 - CURVA DE CRESCIMENTO DE CALOS DE *Vouacapoua americana* AUBL.**

Israeli Ingrid Costa de Brito[1]*; Hairon Antonio Friedrich Rodrigues[1]; Tainá Teixeira Rocha[2]; Gabriel Alves de Souza da Silva[3]; Brenda Tayná Sousa da Silva[4]; Magali Gonçalves Garcia[5]; Raírys Cravo Herrera[5]

[1]Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação (UFPA). [2]Secretaria de Estado de Educação (SEDUC). [3]Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal (UENF). [4]Docente na Universidade Estadual do Pará (UEPA). [5]Docente na Faculdade de Ciências Biológicas UFPA). *israeli.brito@altamira.ufpa.br

*Vouacapoua americana* Aubl. (Fabaceae), popularmente conhecida como acapu, é uma espécie arbórea clímax da Amazônia ameaçada de extinção devido à exploração madeireira histórica. Por apresentar sementes com comportamento recalcitrante e de curta viabilidade, a conservação biotecnológica *in vitro* por meio da cultura de tecidos vegetais surge como uma alternativa para a propagação da espécie. O objetivo deste estudo foi estabelecer a curva de crescimento de calos de acapu e investigar a dinâmica de proteínas e aminoácidos, visando identificar o momento adequado para a repicagem dos calos. O experimento foi conduzido no Laboratório de Biotecnologia (BIOTEC-ATM) da Universidade Federal do Pará - *Campus* de Altamira. Foi utilizado folíolos de mudas jovens inoculados em meio de cultura básico WPM (Woody Plant Medium) suplementado com 30g $L^{-1}$ de sacarose, 0,8 g $L^{-1}$ de Polivinilpirrolidona, 2 mL $L^{-1}$ de Plant Preservative Mixture (PPM) com a combinação dos reguladores de crescimento Picloram e 2,4-D na ausência de luz. A matéria fresca foi quantificada a cada sete dias e a determinação de Proteínas Solúveis Totais (PST) foi realizada utilizando o método espectrofotométrico de Bradford, e a quantificação de aminoácidos pelo método da Ninhidrina. A cinética da curva de crescimento apresentou um padrão sigmoidal clássico dividido em cinco fases: lag, exponencial, linear, estacionária e de declínio, apresentando o pico de massa fresca aos 56 dias de desenvolvimento. A análise do metabolismo nitrogenado revelou uma redução contínua do conteúdo endógeno de aminoácidos após 42 dias de cultivo. Essa diminuição sugere a utilização de aminoácidos livres para a síntese proteica necessária ao crescimento estrutural do tecido. Consequentemente, observou-se um aumento nos níveis de proteínas totais alcançando o ápice aos 56 dias, o que sinaliza uma alta demanda metabólica para sustentar a divisão e expansão celular características do fim da fase linear. Após o 63º dia, notou-se uma diminuição nos teores de proteínas, demarcando bioquimicamente o início do processo de senescência e oxidação dos calos. Conclui-se que a dinâmica temporal dessas macromoléculas atua como um indicador fisiológico, comprovando que a transferência dos calos viáveis de *Vouacapoua americana* para um novo meio nutritivo deve ocorrer entre 42 e 56 dias.

**Palavras-chave:** acapu; bioquímica vegetal; calogênese.

**Agradecimentos:** CAPES.

# RGV 189 - USO DE TÉCNICAS *IN VITRO* PARA A CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA DE *Theobroma speciosum*: UMA ESPÉCIE SILVESTRE AMAZÔNICA

Hairon Antonio Friedrich Rodrigues[1]; Israeli Ingrid Costa de Brito[1]*; Hellen Cristina Silva da Cruz[2]; Elisa Ferreira Moura[3]; Raírys Cravo Herrera[4]

[1]Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação (UFPA). [2]Faculdade de Ciências Biológicas (UFPA). [3]EMBRAPA Amazônia Oriental; [4]Docente Faculdade de Ciências Biológicas e Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação (UFPA).
*israeli.brito@altamira.ufpa.br

*Theobroma speciosum* Willd. ex Spreng., conhecida como cacauí, é uma árvore da família Malvaceae, pertencente ao mesmo gênero do cacau e do cupuaçu. Trata-se de um recurso genético silvestre com potencial econômico para o melhoramento genético de cacau, já que pode ser uma fonte de genes de resistência a doenças e adaptação ao clima. Entretanto devido aos avanços do desflorestamento as populações naturais ficam em perigo, com isso o objetivo foi produzir um protocolo para micropropagação de T. speciosum para multiplicação de plantas. Plantas de T. speciosum germinadas *in vitro* e com 170 dias foram subcultivadas e os segmentos apicais inoculados em meio MS com 30 g L-1 de sacarose, 7 g L-1 de ágar, em duas concentrações de ácido indolbutírico - AIB (0, 0,5 e 1 mg L-1) com doze repetições, senda cada uma um tubo de ensaio com um explantes. Os segmentos nodais, por sua vez, foram cultivados em duas concentrações de BAP - benzilaminopurina (0, 1 e 2 mg L-1), com dezoito repetições, senda cada uma um tubo de ensaio com um explantes, pH ajustado para 5,7 ± 2 antes da autoclavagem. Após a inoculação, os frascos com os explantes foram incubados em sala de crescimento com iluminação de LED azul e vermelha com 33 µmol m-2 s-1 de irradiância e temperatura de 25 ºC ± 2. Após 35 dias foi contabilizado o número de brotações e de raízes por tratamento. Os dados passaram par análise estatística utilizando o teste de Kruskal-Wallis ($p \leq 0,05$), no software Jamovi® para verificar se houve diferença nas concentrações testadas. Não houve diferença estatística para o enraizamento ($p = 0,09$) dos segmentos apicais, explante que apresenta raiz, com número médio de raízes por tratamento sendo de 0; 0,16 e o,33 respectivamente, houve contaminação, principalmente por bactérias, por tratamento com 33,3%; 25% e 33,3% respectivamente. Também não houve diferença entre as concentrações de BAP para indução de brotações em segmentos nodais ($p = 0,08$), com número médio de brotos de 1,72 brotos, 2 brotações e 1,38 brotações por explante, e contaminação por bactérias de 33,3%; 50% e 44,4%, respectivamente. Conclui-se que as concentrações de reguladores testadas não foram estatisticamente eficientes contudo o BAP induziu a formação de brotações em *T. speciosum*.

**Palavras-chave:** Organogênese; cultura de tecidos; cacauí; micropropagação.

**Agradecimentos:** CAPES. Ao Programa de pós- graduação em Biodiversidade e conservação da Universidade Federal do Pará (UFPA- Altamira). FAPESPA e ao Projeto de Fortalecimento de Grupos de Pesquisa Liderados por Mulheres do Estado do Pará FAPESPA edital 003/2024.

# RGV 190 - LACUNAS DE CONSERVAÇÃO AMEAÇAM PARENTES SILVESTRES DE PLANTAS CULTIVADAS ENDÊMICOS DO PAMPA

Daiane Rodeghiero Vahl[1]*; Jack Plummer[2]; Eimear Nic Lughadha[2]; Gustavo Heiden[3]; João Iganci[1]

[1]Programa de Pós-graduação em Fisiologia Vegetal - Universidade Federal de Pelotas. [2]Royal Botanic Gardens, Kew. [3]Embrapa Clima Temperado. *daianevahl.r@gmail.com

Os parentes silvestres de plantas cultivadas (*Crop Wild Relatives* - CWR) compartilham ancestralidade próxima com os cultivos agrícolas e detêm a variabilidade genética necessária para a resiliência agrícola e a segurança alimentar, no entanto seguem negligenciados em pesquisas, ações de conservação e programas de melhoramento genético. O Pampa é uma região subtropical do sul da América do Sul, caracterizado por uma alta diversidade de plantas e heterogeneidade ecológica. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi identificar os CWR endêmicos do Pampa, avaliar o risco de extinção dessas espécies e verificar o estado de conservação in situ e *ex situ* das espécies. Literatura de referência foi utilizada para definir os endemismos e reunir dados sobre a conservação. Os critérios e categorias da IUCN foram aplicados para avaliar o risco de extinção na natureza das espécies. Foram identificados 10 CWR endêmicos do Pampa, sendo oito destes sem avaliação global do risco de extinção. As duas espécies previamente avaliadas estão categorizadas como Quase Ameaçada (NT), enquanto oito espécies foram avaliadas globalmente pela primeira vez. As espécies foram avaliadas nas seguintes categorias: uma espécie como Dados Insuficientes (DD), uma como Criticamente Ameaçada (CR), duas como Em Perigo (EN), duas como Vulnerável (VU), e duas como NT. Além disso, dentre as 10 espécies, apenas duas estão conservadas *ex situ* em bancos de germoplasma e, dentre os 228 pontos de ocorrência das 10 espécies no Pampa, apenas 11 estão dentro de áreas de conservação ambiental. Ao demonstrar que pelo menos 50% das espécies de CWR endêmicas do Pampa estão ameaçadas e o nível de conservação in situ e *ex situ* é baixo, nossas descobertas ressaltam a necessidade urgente de medidas de conservação direcionadas aos remanescentes naturais do Pampa. Esses resultados destacam os táxons prioritários de CWR com base no risco de extinção e reforçam a importância de integrar as CWR às prioridades globais de conservação, salvaguardando, assim, recursos genéticos essenciais para a conservação da biodiversidade e a sustentabilidade agrícola.

**Palavras-chave:** Lista Vermelha da IUCN; prioridades para conservação global; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** CAPES (001, bolsa de doutorado). CNPq (312897/2025-1; 311847/2021-8, 407271/2022-8, 300204/2025-6). FAO (BSF-5 FAO ITPGRFA/PR-154-Brasil).

# RGV 191 - VULNERABILIDADE CLIMÁTICA E POTENCIAL DE TOLERÂNCIA A SECA E CALOR EM PARENTES SILVESTRES DE LEGUMINOSAS NATIVAS DO PAMPA

Daiane Rodeghiero Vahl[1]*; Gustavo Heiden[2]; João Iganci[1]

[1]Programa de Pós-graduação em Fisiologia Vegetal - Universidade Federal de Pelotas.
[2]Embrapa Clima Temperado. *daianevahl.r@gmail.com

Os parentes silvestres de plantas cultivadas (*Crop Wild Relatives* - CWR) são reservatórios de diversidade genética para a resiliência dos cultivos e a segurança alimentar. A família das leguminosas se destaca entre os grupos vegetais de maior importância para a agricultura mundial. No Pampa, foram registrados 33 CWR de leguminosas associadas a 12 espécies cultivadas. No entanto, esses táxons permanecem pouco estudados, com informações limitadas sobre conservação, usos potenciais e relação taxonômica com os cultivos. Este estudo teve como objetivos (i) categorizar os CWR quanto ao conceito de Grupo Taxonômico; (ii) identificar a vulnerabilidade dos táxons em relação ao clima; e (iii) identificar táxons com potencial tolerância aos estresses hídrico e térmico. Literatura de referência foi utilizada para inferir o conceito de Grupo Taxonômico. Variáveis bioclimáticas foram utilizadas para inferir vulnerabilidade e potencial de tolerância aos estresses hídrico e térmico. Dentre as 33 espécies avaliadas, somente quatro apresentavam informações de pool gênico. Para os 29 CWR restantes o conceito de Grupo Taxonômico foi aplicado e todos foram classificados como Grupo Taxonômico 4 em relação aos cultivos relacionados. As projeções climáticas indicam aumento da temperatura do trimestre mais quente (BIO10) nas áreas de ocorrência de *Arachis*, *Lathyrus*, *Vicia* e *Vigna* no Pampa, com redução progressiva da representatividade de populações associadas às faixas térmicas atuais em relação ao cenário pessimista SSP585 de 2081-2100. Por outro lado, os valores de precipitação do trimestre mais quente (BIO18) não apresentaram variação considerável. Para o potencial de tolerância hídrica e térmica, *Arachis villosa* apresentou o maior potencial de tolerância, enquanto *A. burkartii* apresentou o menor potencial. *Lathyrus sericeus* foi identificado como a espécie mais tolerante e *L. subulatus* como a menos tolerante. Para *Vicia*, *V. platensis* demonstrou o maior potencial de tolerância, enquanto *V. macrograminea* apresentou o menor. *Vigna luteola* apresentou o maior potencial de tolerância, enquanto *V. longifolia* apresentou o menor. Ao abordar lacunas importantes no conhecimento sobre CWR dos Pampas, este estudo fornece uma base para priorizar espécies para conservação e para uso estratégico em programas de melhoramento, contribuindo para a segurança alimentar global a longo prazo.

**Palavras-chave:** conservação; Fabaceae; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** CAPES (001, bolsa de doutorado). CNPq (312897/2025-1; 311847/2021-8, 407271/2022-8, 300204/2025-6). FAO (BSF-5 FAO ITPGRFA/PR-154-Brasil).

# RGV 192 - CIÊNCIA EXPERIMENTAL NA EDUCAÇÃO BÁSICA: DESPERTANDO O INTERESSE PELA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DO SEMIÁRIDO

Rosane Maia Pereira[1]*; Alone Lima Brito[1]; Alide Mitsue Watanabe Cova[1]; Jussicleide Rabelo Teles[1]; Denysson Wandysson dos Santos da Silva[1]; Francisco Gregório do Nascimento Neto[2]; Bruna Oliveira Ribeiro da Silva[3]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais (UEFS). [2]Curso de Agronomia (UEFS). [3]Curso de Ciências Biológicas (UEFS). *rosanesxmaia@gmail.com

A socialização dos conhecimentos produzidos nas Universidades com a Escola Básica é um importante instrumento de extensão universitária. Neste sentido, este relato de experiência refere-se à participação do Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais (LCTV) da UEFS na Feira de Ciências da Escola Municipal João Thiago de Queiroz, em São Gonçalo dos Campos, Bahia. O objetivo da atividade foi conscientizar a comunidade escolar sobre a importância da Biotecnologia para a conservação de recursos genéticos vegetais, promovendo assim a valorização da flora do Semiárido. Pesquisadores do LCTV realizaram uma exposição da coleção de plantas ornamentais *in vitro* das famílias Eriocaulaceae, Bromeliaceae, Orchidaceae, Velloziaceae e Cactaceae, como modelo da conservação *ex situ* de plantas da Caatinga. Como atividade de interação denominada 'Pesquisadores por um Dia', utilizou-se uma réplica da câmara de inoculação, possibilitando aos estudantes a vivência simulada de etapas da micropropagação vegetal (clonagem), desde a desinfestação do explante até a aclimatização. Em contrapartida, os 630 alunos participantes organizaram estandes com temas como sustentabilidade e alimentação saudável, incluindo uma maquete da Casa de Farinha local, valorizando conhecimentos tradicionais. Ao engajar estudantes em etapas práticas de conservação da Caatinga, o LCTV fomenta a curiosidade científica e o reconhecimento da biodiversidade vegetal como ativo essencial para o desenvolvimento sustentável das comunidades rurais, fortalecendo o diálogo universidade-sociedade. Conclui-se que ações desta natureza democratizam o acesso à biotecnologia e aproximam o saber acadêmico do cotidiano escolar.

**Palavras-chave:** divulgação científica; conservação vegetal; cultura de tecidos vegetais.

**Agradecimentos:** À CAPES, ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais (UEFS) e à Escola Municipal João Thiago de Queiroz pelo apoio.

# RGV 193 - RESPOSTAS BIOQUÍMICAS E ESPECTROSCÓPICAS DE *Comanthera mucugensis* AO ESTRESSE SALINO *IN VITRO*

Rosane Maia Pereira[1]*; Alone Lima Brito[1]; Francisco Gregório do Nascimento Neto[3]; Bruna Oliveira Ribeiro da Silva[3]; Clayton Queiroz Alves[1]; Vitor Oliveira dos Santos[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais (UEFS). [2]Curso de Agronomia (UEFS). [3]Curso de Ciências Biológicas (UEFS). *rosanesxmaia@gmail.com

*Comanthera mucugensis* Giul. subsp. *mucugensis* (sempre-viva de Mucugê) é uma espécie endêmica dos campos rupestres da Chapada Diamantina, atualmente ameaçada de extinção. Essa condição reflete a exploração intensiva resultante do declínio do extrativismo mineral e adoção do comércio de "sempre-vivas" como principal renda local. Este status de conservação, aliado ao clima quente e seco e à recorrência de queimadas, passou a exigir esforços de conservação da espécie, como o Projeto Sempre-Viva. Por ser um recurso genético vegetal de significativa importância para o semiárido, compreender suas respostas ao estresse abiótico é essencial para embasar estratégias de conservação. Este trabalho teve como objetivo caracterizar as alterações bioquímicas e espectroscópicas de plantas cultivadas *in vitro* sob estresse salino. Sementes foram cultivadas em meio MS ½ suplementado com 0, 25, 50, 75 e 100 mM de NaCl e, após 90 dias, determinaram-se o teor de prolina e as alterações moleculares avaliadas por espectroscopia no infravermelho com transformada de Fourier (ATR-FTIR). Diferentemente do observado em diversas espécies vegetais, os teores de prolina reduziram nas maiores concentrações salinas, sugerindo que esse aminoácido não constitui o principal mecanismo osmoprotetor de *C. mucugensis*, não sendo, portanto, considerado um marcador de estresse para esta espécie. A análise por ATR-FTIR revelou alterações estruturais em lipídios, proteínas e carboidratos, mais pronunciadas nas concentrações de 25 e 50 mM de NaCl, o que sugere uma resposta inicial de aclimatação ao estresse salino, seguida do comprometimento espectral das biomoléculas nas condições mais severas. Os resultados ampliam o conhecimento sobre as respostas bioquímicas, fisiológicas e moleculares da espécie ao estresse salino e evidenciam o potencial da ATR-FTIR como ferramenta para a caracterização de recursos genéticos vegetais, oferecendo subsídios para estratégias de conservação e manejo de espécies nativas ameaçadas.

**Palavras-chave:** sempre-viva de Mucugê; ATR-FTIR; estresse salino.

**Agradecimentos:** À CAPES e ao Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais da UEFS pelo apoio ao desenvolvimento desta pesquisa.

# RGV 199 - VARIABILIDADE NO TEOR E NA COMPOSIÇÃO DE ÓLEOS ESSENCIAIS EM *Eugenia uniflora* L.

Julie Gabrielly Camargo Vieira[1]; Luiza Bussadori Guidolin[1]; Roger Raupp Cipriano[1]*; Dener Júnior Ribeiro[1]; Gabriel Rodrigues Klem[1]; Cícero Deschamps[1]

[1]Departamento de Fitotecnia e Fitossanidade, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná. *rogerraupp@gmail.com

A *Eugenia uniflora* (pitangueira) é uma espécie neotropical da família Myrtaceae de grande importância para as indústrias cosmética e farmacêutica, devido à produção de óleo essencial com reconhecidas atividades antioxidante, antibacteriana e antifúngica. A pitangueira apresenta elevada variabilidade genética, decorrente principalmente de seu sistema reprodutivo predominantemente alógamo, o que pode influenciar tanto o teor quanto a composição química dos óleos essenciais. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a variabilidade no teor e na composição química dos óleos essenciais de 48 genótipos de pitangueira. Os genótipos avaliados, oriundos de propagação seminal, pertencem à coleção de plantas aromáticas e medicinais da Fazenda Experimental da Universidade Federal do Paraná (UFPR), localizada no município de Pinhais, Paraná. As amostras de óleos essenciais foram obtidas por hidrodestilação de folhas previamente secas à sombra por dois dias. A composição química dos óleos essenciais foi determinada por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (CG-EM). O teor de óleo essencial foi determinado em relação à massa seca do material vegetal utilizado nas extrações, sendo expresso em porcentagem (%). As extrações foram realizadas em triplicata. Os dados de teor de óleo essencial foram submetidos à análise de comparação das médias pelo teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade ($p \leq 0,05$). A similaridade da composição química dos óleos essenciais entre os acessos foi avaliada por meio da análise de agrupamento hierárquico utilizando o método de Ward e da análise de componentes principais (PCA). Todas as análises estatísticas foram realizadas no software R. O teor de óleo essencial diferiu significativamente entre os genótipos avaliados, apresentando variação de 0,31% a 1,31%, com média de 0,69%. Foram identificados 77 compostos nas amostras de óleo essencial, correspondendo, em média, a 94,75% da composição química total. A maioria dos constituintes identificados pertenceu à classe dos sesquiterpenos oxigenados. A análise de agrupamento dos óleos essenciais dos 48 genótipos permitiu a identificação de quatro grupos distintos, caracterizados por diferentes perfis de composição química. A avaliação dos 48 genótipos de *Eugenia uniflora* evidenciou ampla variabilidade no teor e na composição química dos óleos essenciais, refletindo a elevada diversidade genética da espécie. Esses resultados fornecem subsídios para a conservação e caracterização de germoplasma, bem como para programas de seleção e melhoramento genético visando à obtenção de genótipos com maior rendimento e composição química de interesse para as indústrias farmacêutica, cosmética e alimentícia.

**Palavras-chave:** Hidrodestilação; Sesquiterpenos oxigenados; Genótipos.

**Agradecimentos:** Programa de Pós-graduação em Agronomia - Produção Vegetal, UFPR.

**RGV 200 - CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE ACESSOS DE ABÓBORA SUBMETIDOS À INOCULAÇÃO COM *Meloidogyne incognita***

Ingrid Justino Gomes[1]; Antonio Gideilson Correia da Silva[1]; Edicleide Macedo da Silva[1]; João Everthon da Silva Ribeiro[1]; Aurélio Paes Barros Júnior[1]; Pablo Henrique de Almeida Oliveira[1]; Ester dos Santos Coêlho[1]; Alessandra Nunes da Silva[1]; Lindomar Maria da Silveira[1]*

[1]Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *lindomarmaria@ufersa.edu.br

A abóbora (*Cucurbita* spp.) é uma das cucurbitáceas mais produzidas no Brasil com fácil adaptação a diversos sistemas de cultivo e elevado potencial econômico. Todavia, muitas cultivares disponíveis têm sua produção reduzida pela ocorrência de *Meloidogyne incognita*. A infecção por esse nematoide provoca alterações fisiológicas em plantas, proporcionando estresse oxidativo com a produção de espécies reativas de oxigênio, redução da fotossíntese e da absorção de água e nutrientes pelas raízes. O objetivo do estudo foi avaliar descritores fisiológicos em acessos de *C. moschata* inoculados com *M. incognita*. O experimento foi conduzido de setembro a dezembro de 2025 na Horta Experimental da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró/RN, Brasil. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com 14 tratamentos e três repetições. Os tratamentos consistiram dos acessos de *C. moschata* e da cultivar comercial Sergipana. Cada repetição foi representada por dois vasos, cada um contendo uma planta (uma inoculada e outra sem inoculação). Como padrões de resistência e suscetibilidade utilizou-se a espécie *Crotalária spectabilis* e a cultivar *Cantaloupe Caribbean Gold* (*Cucumis melo* L.). Antes da colheita foi avaliado o conteúdo relativo de água (CRA) e extravasamento de eletrólitos (EE). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade, utilizando-se o Programa estatístico R®. Observaram-se respostas variadas entre os acessos. Para CRA destacaram-se o acesso 2 (71%) e o acesso 14 (70,23%) , com maior capacidade de retenção de água nos tecidos quando comparados ao acesso 3 (56,89%) e o acesso 1 (58,49%). Para EE, os acessos 10 (41,05%) e 11 (39,91%) apresentaram maior perda de eletrólitos com maior suscetibilidade a danos nas células vegetais, indicando menor integridade de membranas e maior intensidade de danos fisiológicos. Essas diferenças nas respostas dos acessos permitem constatar que alguns deles conseguiram preservar o status hídrico foliar, mesmo com o sistema radicular comprometido pela formação de galhas, o que induz um quadro de estresse hídrico nas plantas. Assim, pode-se inferir que descritores fisiológicos apresentam elevado potencial como ferramentas complementares na identificação e seleção de materiais genéticos voltados ao melhoramento para resistência a estresses bióticos.

**Palavras-chave:** *Cucurbita moschata*; Fisiologia; Germoplasma.

**Agradecimentos:** CNPq e CAPES.

# RGV 201 - AVALIAÇÃO DE DESEMPENHO VEGETATIVO DE ACESSOS DE ABÓBORA INOCULADOS COM *MELOIDOGYNE INCOGNITA*

Ingrid Justino Gomes[1]; Edicleide Macedo da Silva[1]; Antonio Gideilson Correia da Silva[1]; João Everthon da Silva Ribeiro[1]; Aurélio Paes Barros Júnior[1]; Pablo Henrique de Almeida Oliveira[1]; Ester dos Santos Coêlho[1]; Alessandra Nunes da Silva[1]; Lindomar Maria da Silveira[1]*

[1]Universidade Federal Rural do Semi-Árido. *lindomarmaria@ufersa.edu.br

O Brasil é um grande produtor de cucurbitáceas com destaque para abóbora (*Cucurbita moschata* Duchesne ex Poir.), podendo ser encontrada alta variabilidade na espécie, seja em germoplasma conservado em bancos ou áreas de cultivo. Entretanto, a ocorrência de fitonematoides, especialmente o *Meloidogyne incognita*, compromete o crescimento e a produtividade das plantas. Todavia, fontes promissoras para resistência a *M. incognita* vêm sendo identificadas e selecionadas em programas de melhoramento. Assim, este estudo teve como objetivo avaliar o desempenho vegetativo de acessos de abóbora inoculados com *M. incognita*. Foi conduzido experimento de setembro a dezembro de 2025 na Horta Experimental do Departamento de Ciências Agronômicas e Florestais (DCAF), Centro de Ciências Agrárias (CCA) da Universidade Federal Rural do Semi-Árido (UFERSA), Mossoró/RN, Brasil. O delineamento utilizado foi em blocos casualizados com 14 tratamentos e três repetições. Cada repetição constou de dois vasos, com uma planta por vaso (uma inoculada e outra sem inoculação). Os tratamentos consistiram de 13 acessos de *C. moschata* e a cultivar comercial Sergipana. Como padrões de resistência e suscetibilidade utilizou-se a espécie *Crotalaria spectabilis* Roth e a cultivar *Cantaloupe Caribbean Gold* (*Cucumis melo* L.). Na colheita, foram realizadas medições do comprimento do ramo principal (CRP), número de ramos (NR) e diâmetro do colo de cada planta (DC). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade, utilizando-se o Programa estatístico R®. Foi observada variação para resposta dos acessos à inoculação. Para o descritor CRP, o destaque foi o acesso 2 que obteve o maior valor em planta inoculada (3,98 m) quando comparado a não inoculada (1,87 m), mantendo o desenvolvimento vegetativo mesmo sob infecção pelo *M. incognita*. O acesso 2 ainda foi destaque para NR demonstrando maior valor quando inoculada (6,33) se comparada a planta não inoculada (4,33), sugerindo elevado potencial de emissão de brotações laterais. Para o descritor DC observou-se diferença significativa quanto à resposta à inoculação, destacando-se o acesso 14 com o maior valor (18,78 mm). Diante disso, conclui-se que o parasitismo do *M. incognita* associado à variabilidade de acessos de *C. moschata*, promove respostas distintas no crescimento das plantas, evidenciando assim, que não se deve extrapolar resultados obtidos em uma amostra específica.

**Palavras-chave:** Caracterização; *Cucurbita moschata*; Germoplasma.

**Agradecimentos:** CNPQ e CAPES.

# RGV 204 - PERFORMANCE *IN VITRO* DE CULTIVARES DE BATATEIRA EM MEIOS DE CULTURA ALTERNATIVOS

Francisco Wilson Reichert Junior[1]*; Wagner Patrick de Cabrera[1]; Marília Silva[1]; Eryc Luan Dias[1]; Daniela Dal Castel Krein[1]; Marilei Suzin[1]

[1]Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS. *franciscow@upf.br

A batata (*Solanum tuberosum* L.) é um recurso genético cujo centro de origem e diversidade é a região andina, alimento básico mundial. A micropropagação é amplamente utilizada para a produção de mudas livres de patógenos, mas é onerosa devido ao custo do meio de cultura, o que justifica a avaliação de meios alternativos de menor custo. O objetivo deste trabalho foi avaliar se cultivares de batateira implantadas *in vitro* em meios alternativos apresentam diferenças quanto à morfologia fitométrica dos explantes. O experimento foi conduzido no Laboratório de Biotecnologia da Escola de Agronomia (ESAN), Universidade de Passo Fundo (UPF), em delineamento inteiramente casualizado, esquema fatorial 2x4, com cinco repetições, com microestacas como explantes. Os fatores avaliados foram duas cultivares (Markies e Ágata) e quatro meios de cultura sólidos (pH 5,9; 50 mL/recipiente): 1) MS comercial pronto (sais de Murashige e Skoog, 1962); 2) meio à base de microalgas; 3) meio à base de adubo foliar diluído; e 4) MS preparado em laboratório (mesma formulação salina). Os explantes foram mantidos em ambiente controlado, fotoperíodo de 16 horas de luz e temperatura de 25±2 °C. Aos 25 dias após a implantação, avaliou-se o comprimento da parte aérea (cm), o comprimento radicular (cm) e o número de segmentos nodais. O meio à base de microalgas não permitiu crescimento e foi excluído das análises. Houve efeito significativo das cultivares sobre as três variáveis, com a cultivar Markies superior à Ágata em altura média da parte aérea (8,20 cm e 4,86 cm) e em comprimento radicular (12,56 cm e 10,40 cm), enquanto Ágata destacou-se no número de segmentos nodais (8,63 e 7,73). Embora Markies tenha menor número de segmentos nodais, sua maior altura reflete entrenós mais longos (cerca de 1,06 cm/segmento, contra 0,56 cm em Ágata), o que indica elongação internodal, e não maior número de nós. Entre os meios de cultura, houve efeito significativo apenas sobre o comprimento radicular, superior nos meios MS comercial e MS preparado, que não diferiram entre si, em relação ao meio com adubação foliar. Isso sugere maior influência do potencial genético do que do meio sobre a morfologia dos explantes. Conclui-se que a cultivar Markies apresentou melhor desempenho morfológico e que o meio MS, comercial ou preparado em laboratório, propiciou o melhor desenvolvimento *in vitro*, recomendando-se novos estudos com meios alternativos de menor custo.

**Palavras-chave:** *Solanum tuberosum* L.; Micropropagação; Meios de Cultura.

**Agradecimentos:** À Universidade de Passo Fundo (UPF) pelo apoio institucional e pela estrutura para o desenvolvimento desta pesquisa.

# RGV 205 - DADOS FITOMÉTRICOS DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE CULTIVARES DE BATATEIRA CONFORME A ORIENTAÇÃO DE EXPLANTES

Francisco Wilson Reichert Junior[1]*; Antônio Edelson da Silva Oliveira[1]; Marília Silva[1]; Eryc Luan Dias[1]; Daniela Dal Castel Krein[1]; Marilei Suzin[1]

[1]Universidade de Passo Fundo, Passo Fundo, RS. *franciscow@upf.br

A batateira (*Solanum tuberosum* L.) é uma das principais culturas alimentares do mundo, com grande relevância para a segurança alimentar global. A micropropagação destaca-se como técnica eficiente para a multiplicação clonal de genótipos superiores, permitindo produzir mudas geneticamente uniformes e livres de patógenos, porém a desuniformidade morfológica das mudas pode comprometer a eficiência do cultivo, sendo a orientação dos explantes no meio de cultura apontada como possível fator determinante dessa variabilidade. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da orientação de explantes (vertical e horizontal) sobre a morfologia fitométrica de mudas micropropagadas de cinco cultivares de batateira (Ágata, Asterix, Atlantic, Cupido e Markies). O experimento foi conduzido no Laboratório de Biotecnologia Vegetal da Escola de Agronomia (ESAN) da Universidade de Passo Fundo (UPF), em delineamento inteiramente casualizado, esquema bifatorial 5x2, com três repetições, totalizando trinta unidades experimentais. Os explantes foram inoculados em meio de cultura Murashige & Skoog (MS) semissólido e mantidos em câmara de crescimento a 25±2 °C e fotoperíodo de doze horas. Após vinte e seis dias, avaliaram-se altura da parte aérea, número de segmentos nodais e comprimento das raízes, submetidos à análise de variância e ao teste de Tukey a 5% de probabilidade. Apenas o fator cultivar apresentou efeito significativo, não havendo influência da orientação dos explantes nem de sua interação com o genótipo. As cultivares Cupido e Markies destacaram-se pela maior altura da parte aérea (7,68 cm e 6,98 cm); Ágata apresentou o maior número de segmentos nodais (9,20); e Markies e Asterix obtiveram o maior comprimento radicular (13,56 cm e 13,31 cm). Esses resultados corroboram estudos anteriores que associam a resposta morfológica de mudas micropropagadas principalmente ao genótipo utilizado, reforçando a importância da seleção criteriosa da cultivar nos protocolos de micropropagação. Conclui-se que a orientação dos explantes exerce influência limitada sobre a uniformidade morfológica das mudas, sendo o potencial genético de cada cultivar o principal fator determinante das características fitométricas avaliadas, contribuindo para a otimização dos protocolos de produção de mudas de batateira.

**Palavras-chave:** Cultivo *in vitro*; Cultura de tecidos; *Solanum tuberosum* L.

**Agradecimentos:** À Universidade de Passo Fundo (UPF) pelo apoio institucional e pela estrutura disponibilizada para o desenvolvimento desta pesquisa.

# RGV 210 - REMOÇÃO DO OPÉRCULO COMO TRATAMENTO PRÉ-GERMINATIVO EM ESPÉCIES DE *Butia* DO RIO GRANDE DO SUL

Victoria Freitas de Oliveira[1]*; Rosa Lía Barbieri[1]; Gustavo Heiden[1]

[1]Embrapa Clima Temperado. *vicdeol@gmail.com

Os butiazeiros (*Butia* spp.) apresentam ampla adaptação a diferentes biomas, possuem elevada importância ecológica, e relevante valor socioeconômico para produtores rurais. Atualmente, são reconhecidas 25 espécies do gênero, das quais 8 ocorrem no Rio Grande do Sul (RS) e estão ameaçadas de extinção. As atividades antrópicas, baixa capacidade de propagação natural, limitações à dispersão de sementes, fatores físicos, morfológicos, químicos, fisiológicos e mecanismos de dormência ainda desconhecidos contribuem para a redução de indivíduos. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da retirada do opérculo, isoladamente ou associado a outros tratamentos, sobre a germinação das espécies de *Butia* ocorrentes no RS. Para isso, foi realizada uma sistematização de dados da literatura envolvendo estudos que compararam tratamentos com e sem retirada do opérculo em diferentes espécies de *Butia*. Foram registrados o tratamento empregado, o número de pirênios ou sementes germinadas e o total semeado, totalizando 56 observações. Entre as espécies do RS, estudos envolvendo a retirada do opérculo foram encontrados apenas para *B. eriospatha* e *B. odorata*. Embora *B. catarinensis* e *B. yatay* possuam estudos sobre germinação, estes utilizaram outras técnicas, enquanto que para *B. exilata*, *B. lallemantii*, *B. paraguayensis* e *B. witeckii* não foram encontrados estudos publicados sobre germinação. Após a padronização dos dados, foi calculada a porcentagem de germinação para cada tratamento. As análises estatísticas foram realizadas por meio do teste de Kruskal-Wallis, seguido do teste de Dunn com correção de Bonferroni para comparação entre os tratamentos. Os resultados demonstraram que o tratamento controle apresentou baixa germinação, enquanto os tratamentos com retirada do opérculo proporcionaram maiores porcentagens de germinação. Entretanto, não foram observadas diferenças estatisticamente significativas entre a retirada isolada do opérculo e sua associação com tratamentos de imersão em água ou solução de NaCl nos estudos publicados. Os resultados indicam que a remoção do opérculo favorece a germinação dos butiazeiros, sem a necessidade de imersão em água e NaCl. Embora essa evidência esteja atualmente restrita a apenas duas espécies ocorrentes no RS, os achados fornecem uma base para a realização de estudos em outras espécies do gênero, contribuindo para confirmar o papel do opérculo como fator limitante da germinação e ampliar o conhecimento sobre a propagação e a conservação dos butiazeiros.

**Palavras-chave:** butiazeiros; germinação; opérculo; Arecaceae.

**Agradecimentos:** Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa).

# RGV 213 - EXPRESSÃO GÊNICA DE MANDIOQUINHA-SALSA EM RESPOSTA AO CALOR

Emanueli Pereira da Silva[2]; Dielly Mayara Comelli Alves[1]*; Laura Abatti[1]; Luis Willian Pacheco Arge[2]; Taciane Finatto[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, Paraná. [2]University of Minnesota, Saint Paul, USA. *diellymc@gmail.com

A mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza*) é uma hortaliça importante na agricultura familiar brasileira, porém, em temperaturas elevadas a sua produção é prejudicada. O sequenciamento de RNA (RNA-Seq) permite investigar os mecanismos moleculares de resposta ao calor por meio da identificação de genes diferencialmente expressos, inclusive em espécies sem genoma de referência. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi montar e caracterizar o transcriptoma de mandioquinha-salsa e identificar genes associados ao estresse térmico. As mudas da cv. Pavão foram produzidas a partir de coroas e cultivadas por 90 dias em vasos. O experimento foi conduzido em fitotron, com cultivo sob condições controle (20-22 °C) e estresse térmico (30-32 °C) durante 96 h, com três repetições. Posteriormente, as folhas foram coletadas, congeladas em nitrogênio líquido e utilizadas para extração de RNA e RNA-Seq. A montagem *de novo* do transcriptoma foi conduzida no Trinity e a análise de expressão diferencial no R (DESeq2). Os genes diferencialmente expressos foram funcionalmente caracterizados com base em termos Gene Ontology (GO) e vias KEGG. A análise de componentes principais mostrou separação parcial entre as condições controle e tratamento. Foram identificados 12 genes diferencialmente expressos, induzidos pelo calor. O dendrograma superior evidenciou clara separação entre as amostras controle e tratadas, revelando dois subconjuntos principais de genes com maior expressão nas plantas expostas à alta temperatura. O primeiro subconjunto, mais fortemente induzido, incluiu proteínas de choque térmico da família HSP20, chaperonas HSP100/ClpB, proteínas BAG e proteínas com domínios QLQ, WRC e BSP. O segundo subconjunto apresentou indução mais moderada e variável, sendo composto por lipases GDSL, proteínas contendo domínios DUF42833/RVT e sequências sem anotação funcional. A caracterização funcional dos genes diferencialmente expressos mostrou predominância de categorias GO associadas à resposta ao calor, à resposta a estímulos de temperatura, ao estresse oxidativo e ao dobramento de proteínas. Os resultados transcriptômicos evidenciam a ativação de um conjunto específico de genes envolvidos em mecanismos celulares de proteção térmica em mandioquinha-salsa. Esses genes constituem potenciais alvos para programas de melhoramento genético e biotecnologia, visando o desenvolvimento de cultivares mais resilientes às mudanças climáticas.

**Palavras-chave:** RNA-Seq; Termotolerância; Expressão gênica diferencial.

**Agradecimentos:** À UTFPR, CAPES (Código de Financiamento 001) e ao CNPq (Processo nº 421821/2021-3) pelo apoio.

# RGV 214 - VARIABILIDADE DA COLORAÇÃO DOS GRÃOS EM LINHAGENS DE FEIJÃO CARIOCA

Dielly Mayara Comelli Alves[1]*; Renan Felipe Barili Giarreta[1]; Laura Abatti[1]; Taciane Finatto[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, Paraná. *diellymc@gmail.com

O feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) constitui importante recurso genético para a segurança alimentar e a agricultura brasileira, e o melhoramento genético desempenha papel fundamental no desenvolvimento de cultivares com elevada qualidade comercial. No grupo comercial carioca, grãos com coloração escurecida são associados pelos consumidores ao envelhecimento e a um maior tempo de cocção, reduzindo seu valor comercial. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade da coloração dos grãos de 19 linhagens de feijão-carioca, advindas do cruzamento entre as cultivares ANfc9 e IAC Milênio, e compará-los às testemunhas IPR Águia e IPR Sabiá. O experimento foi conduzido na safrinha de 2026, na área experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) Campus Pato Branco, em delineamento de blocos ao acaso com três repetições. Após a colheita, a coloração dos grãos foi avaliada com colorímetro Minolta CR-400, obtendo-se os parâmetros L* (luminosidade), em que maiores valores indicam grãos mais claros, e a*, em que menores valores indicam menor intensidade de coloração avermelhada. Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de Scott-Knott ($\alpha \leq 0,05$), com o pacote ExpDes no RStudio. Os genótipos 3, 13, 1, 14, 11 e 19 compuseram o grupo de maiores médias para L*, variando de 57,38 a 61,77, enquanto o genótipo 8 apresentou a menor média (50,05). Para a variável a*, os genótipos 1, 3, 6 e 13 compuseram o grupo de menores médias (4,60 a 7,01), apresentando, portanto, menor intensidade de coloração avermelhada. O genótipo 12 registrou a maior média (10,26). Entre as cultivares testemunhas, a IPR Sabiá confirmou seu padrão de tegumento mais escuro, integrando o grupo de menor luminosidade e maior intensidade de coloração avermelhada. Em contraste, a IPR Águia confirmou seu padrão de tegumento mais claro, apresentando desempenho superior para ambos os parâmetros avaliados. Considerando conjuntamente os parâmetros L* e a*, os genótipos 3, 13 e 1 destacaram-se por associarem elevada luminosidade e baixa intensidade de coloração avermelhada, apresentando potencial para utilização em programas de melhoramento voltados à obtenção de cultivares do grupo carioca com melhor padrão comercial de grãos. Os resultados demonstram a existência de variabilidade genética para caracteres relacionados à coloração dos grãos, reforçando o potencial desses materiais para seleção em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** Escurecimento do tegumento; Qualidade pós-colheita; Colorimetria.

**Agradecimentos:** À UTFPR e à CAPES (Código de Financiamento 001).

# RGV 218 - DESCOBERTA DE POTENCIAIS VITIVIRUS POR MEIO DE VIRÔMICA EM GERMOPLASMA DE ABACAXI

Cintia Paula Feitosa Souza Araújo[1]; Fernanda Vidigal Duarte Souza[1]*; Saulo Alves Santos de Oliveira[1]; Rosana Blawid[2]; Paolo Margaria[3]

[1]Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, Bahia, Brasil. [2]Departamento de agronomia, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, Pernambuco, Brasil. [3]Plant Virus Department, Leibniz Institute DSMZ, Braunschweig, Germany.
*fernanda.souza@embrapa.br

O Brasil é reconhecido como o principal centro de diversidade do gênero *Ananas*. Parte significativa dessa diversidade genética é preservada no Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de abacaxi mantido pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, em Cruz das Almas, Bahia. O BAG conta atualmente com aproximadamente 570 acessos mantidos em campo, complementados por outras estratégias de conservação, como manutenção em casa de vegetação (*ex situ*) e propagação *in vitro* por meio de cultura de tecidos. Embora o gênero inclua acessos reconhecidos pela robustez e resiliência a diferentes estresses bióticos, o germoplasma conservado está sujeito a riscos fitossanitários, particularmente aqueles associados à Murcha do Abacaxizeiro Associada à Cochonilha (Mealybug Wilt of Pineapple - MWP), considerada a doença viral mais importante e complexa que afeta a cultura, associada aos Pineapple mealybug wilt-associated viruses (PMWaVs; família *Closteroviridae*). Até o momento, não havia sido realizada uma investigação abrangente do viroma desses acessos por meio de sequenciamento de alto rendimento (HTS). Neste estudo, utilizamos HTS para triar os acessos do BAG de abacaxi da Embrapa, com o objetivo de caracterizar seu viroma e investigar a ocorrência de vírus ainda não descritos. Bibliotecas de cDNA foram preparadas a partir do RNA total utilizando o kit NEBNext UltraExpress® RNA Library Prep e sequenciadas no Leibniz Institute DSMZ, na plataforma Illumina NextSeq2000. As análises de bioinformática foram conduzidas no Geneious Prime, seguindo o pipeline VirSeq, desenvolvido pelo DSMZ. O sequenciamento revelou sequências correspondentes a vírus já conhecidos, evidenciando alta diversidade viral, bem como vírus novos que permaneceriam indetectáveis por meio de ensaios moleculares convencionais, incluindo possíveis novos membros do gênero *Vitivirus*. Além de contribuir com informações inéditas para a compreensão da composição e diversidade do viroma em *Ananas*, nossos resultados subsidiarão o desenvolvimento de protocolos diagnósticos de rotina, eficazes e voltados ao suporte de estratégias de manejo fitossanitário.

**Palavras-chave:** Viroma; *Ananas*; HTS.

**Agradecimentos:** Este trabalho foi conduzido no âmbito do Projeto de Intercâmbio Acadêmico DAAD nº 57705342 e do Projeto CAPES-PROBRAL (Edital 09/2023) nº 88881.895122/2023-01. Os autores agradecem o apoio financeiro dessas instituições.

# RGV 219 - RELAÇÃO ENTRE A INTENSIDADE DE ATAQUE DA TRAÇA-DA-CASTANHA E A FENOLOGIA ENTRE ACESSOS DE CAJUEIRO

Domingos Savio Leitão Machado da Silva Filho[1,2]; Letícia Kida Pereira[1,2]; Francisco Erick Santos Ferreira[1,2]; Willian de Miranda Trindade Carneiro[1,2] ; Beatriz Cruz Marques[1,2]; Lucas Nogueira Silva[1,2]; Eduardo Andrade Franco Severo[2]; Ana Cecília Ribeiro de Castro[1,2]*

[1]Universidade Federal do Ceará. [2]Embrapa - Agroindústria Tropical.
*cecilia.castro@embrapa.br

A traça-da-castanha (*Anacampsis sp.*) é considerada uma das principais pragas da cultura do cajueiro, apesar disso, a relação entre seu ciclo fenológico e o da planta continua pouco entendida. O objetivo deste trabalho foi relacionar a intensidade do ataque da praga ao ciclo fenológico dos acessos do Banco Ativo de Germoplasma do Cajueiro (BAG Caju). Foram avaliados 259 acessos mantidos *in situ* no Campo Experimental da Embrapa Agroindústria Tropical, em Pacajus, Ceará. Considerando-se apenas aqueles que produziram mais de 100 castanhas/árvore durante a safra. A partir da proporção de castanhas furadas em relação ao total produzido, foi estimada a intensidade do ataque por acesso, a qual foi relacionada ao início e a duração da fase de maturação do fruto (maturi). Para as análises estatísticas foi utilizado o software R para elaboração de modelo linear generalizado (GLM) com distribuição betabinomial, e os pressupostos foram verificados através da simulação e análise de resíduos com o pacote *DHARMa*. O modelo indicou associação significativa $p < 0,01$ entre o início da fase do maturi e a proporção de castanhas furadas pela traça com odds ratio de 1,39. Observou-se maior número absoluto de acessos atacados nos meses de início mais frequente do maturi, devido ao maior volume de acessos nesse período, contudo, a intensidade do ataque por acesso foi maior nos meses de início mais tardio. Acessos que apresentaram o maturi no mês de setembro tenderam a expressar maior proporção de castanhas furadas, 18,7% de 11 acessos, em comparação aos demais acessos avaliados, como no mês de julho, com 10,8% de 192 acessos. O pseudo-$R^2$ de McFadden calculado para o modelo foi baixo (0,44%), isto indica que outros fatores não contemplados nesta análise, têm papel relevante na determinação da taxa de infestação. Estes resultados sugerem que a intensidade do ataque pode estar relacionada tanto ao aumento da população da praga quanto ao menor número de acessos com maturi nos períodos observados. Por fim, estudos futuros, incorporando variáveis climáticas e variedades genotípicas, são necessários para elucidar melhor esta relação, com vistas à identificação de acessos com maior potencial de resistência para uso em programas de melhoramento genético do cajueiro.

**Palavras-chave:** Maturi; GLM; BAG Caju.

**Agradecimentos:** CNPq, Embrapa.

# RGV 220 - ANÁLISE DA INFLUÊNCIA DA PROCEDÊNCIA SOBRE CARACTERÍSTICAS FÍSICO-QUÍMICAS DE ACESSOS DE *ANACARDIUM OCCIDENTALE* L.

Letícia Kida Pereira[1,2]; Francisco Erick Santos Ferreira[1,2]; Willian de Miranda Trindade Carneiro[1,2]; Domingos Savio Leitão Machado da Silva Filho[1,2]; Beatriz Cruz Marques[1,2]; Lucas Nogueira Silva[1,2]; Eduardo Andrade Franco Severo[2]; Ana Cecília Ribeiro de Castro[1,2]*

[1]Embrapa - Agroindústria Tropical. [2]Universidade Federal do Ceará- UFC.
*cecilia.castro@embrapa.br

Bancos de germoplasma conservam ampla variabilidade genética, na qual a caracterização é fundamental para identificar genótipos de qualidade e subsidiar programas de melhoramento com foco na qualidade do produto. Este trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da procedência, em nível de município, sobre as características físico-químicas dos acessos de *Anacardium occidentale* L. dentro de um banco de germoplasma. Foram utilizados dados de passaporte da base Alelo Vegetal (Embrapa) referentes aos acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Caju (BAG CAJU). Após o processamento da base de dados e a aplicação de critérios de seleção, para garantir a consistência dos dados, a amostra final foi composta de 122 acessos, provenientes de sete municípios do Ceará e do Piauí. As variáveis físico-químicas avaliadas foram comprimento e diâmetro apical do pedúnculo, massa da castanha e, por fim, o índice de doçura, calculado pela razão entre sólidos solúveis e acidez titulável total. As análises descritivas foram realizadas sobre cada município e o efeito da procedência foi testado sobre cada variável por análises de variância univariadas (ANOVA), com comparação de médias. O efeito do conjunto das variáveis foi avaliado por análise de variância multivariada (MANOVA) e análise discriminante canônica (CDA) no software R. A MANOVA evidenciou efeito significativo da procedência sobre o conjunto das variáveis, assim como as ANOVAs para todas as características avaliadas. Por fim, a CDA explicou 88,12% da variância total, com massa da castanha (Can1= 1,18) e doçura (Can2= -0,94) como as variáveis que tiveram maior contribuição para a separação das procedências. Observou-se que os acessos de Pacajus apresentaram castanhas de menor massa, enquanto os acessos de Jijoca apresentaram pseudofrutos de menor índice de doçura. Os resultados sugerem que a procedência influencia a expressão das características físico-químicas dos acessos, isto mostra a manutenção de variabilidade fenotípica entre materiais conservados *ex situ*. A massa da castanha e o índice de doçura foram os caracteres mais elucidativos para diferenciar acessos de diferentes origens geográficas. Conclui-se que a procedência permitiu identificar materiais de interesse, que podem ser importantes para a conservação e o uso do germoplasma.

**Palavras-chave:** Cajueiro; Recursos genéticos; Variabilidade Fenotípica.

**Agradecimentos:** CNPq, Embrapa.

# RGV 221 - BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA CONSERVA VARIABILIDADE MORFOAGRONÔMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO

Yasmin Pincegher Siega[1,2]*; Josane Biavatti[1]; Volmir Kist[1]

[1]Instituto Federal Catarinense - Campus Concórdia. [2]Universidade do Estado de Santa Catarina - Centro de Ciências Agroveterinárias. *yasmin.siega@ifc.edu.br

As variedades crioulas de feijão constituem importantes recursos genéticos, conservados ao longo de gerações por agricultores familiares. A conservação desses materiais em Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) complementa a conservação *on-farm*, reduzindo os riscos de erosão genética e ampliando as possibilidades de caracterização e uso da diversidade. Desde 2019, o Grupo de Estudos AGROBIO mantém o BAG de Feijão do Instituto Federal Catarinense (IFC) - Campus Concórdia, composto por variedades coletadas na Região Sul do Brasil. O objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade morfoagronômica de acessos de feijão crioulo conservados no BAG. O estudo foi conduzido na safra 2024/2025, em Concórdia, SC, utilizando 12 acessos de feijão, sendo avaliados a origem da coleta, a cor dos grãos, o hábito de crescimento e a produtividade de grãos. A caracterização evidenciou ampla variação fenotípica entre os acessos para os caracteres avaliados. Foram identificados materiais dos grupos comerciais preto, carioca e marrom, com predominância do grupo preto (sete acessos), seguido do carioca (quatro) e marrom (um). Quanto ao hábito de crescimento, observou-se ampla diversidade fenotípica, com representantes dos tipos I (três acessos), II (oito acessos) e III (um acesso), evidenciando predominância de acessos com crescimento indeterminado arbustivo. Os acessos foram provenientes de diferentes origens geográficas, refletindo a abrangência regional das coletas em municípios como Marcelino Ramos, Novo Horizonte, Áurea, Anchieta, Chapecó, Concórdia e Pato Branco. A produtividade de grãos variou de 241,89 a 1.201,36 kg $ha^{-1}$, com menor valor observado no acesso AGB17 - Inchado (241,89 kg $ha^{-1}$). As maiores produtividades foram observadas nos acessos AGB05 - Iguaçu (1.201,36 kg $ha^{-1}$), AGB33 - Chumbinho (1.155,13 kg $ha^{-1}$), AGB15 - IFC12 (1.099,73 kg $ha^{-1}$) e AGB18 - Preto Pequeno (1.088,38 kg $ha^{-1}$). O contraste entre os acessos evidencia o potencial da coleção como fonte de variabilidade para estudos e programas de melhoramento genético, pesquisas e uso em sistemas de produção. A caracterização morfoagronômica demonstra que o BAG de Feijão do IFC - Campus Concórdia conserva ampla diversidade fenotípica e agronômica, reforçando sua importância na conservação da agrobiodiversidade, na documentação de recursos genéticos e na identificação de acessos com características de interesse para utilização agrícola e melhoramento.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; Agricultura familiar; Biodiversidade.

**Agradecimentos:** À CAPES pela concessão da bolsa e ao IFC - campus Concórdia pelo apoio ao desenvolvimento da pesquisa.

# RGV 223 - PODE: UM BANCO DE DADOS FUNCIONAL PÓS-GENÔMICO PARA EXPRESSÃO DIFERENCIAL E MELHORAMENTO DE PRECISÃO EM *Portulaca oleracea* SOB ESTRESSE ABIÓTICO

Manoel Teixeira Souza Júnior[1]; Wellington Rangel dos Santos[1]; Roberto Coiti Togawa[2]; Thalliton Luiz Carvalho da Silva[3]

[1]Embrapa Agroenergia, CNPAE, Brasília, DF 70770-901; [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CENARGEN, Brasília, DF 70770-901; [3]Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal, Universidade Federal de Lavras - UFLA, Lavras, MG 37200-000.

A salinização do solo ameaça gravemente a produtividade agrícola global, exigindo uma mudança de paradigma na gestão de Recursos Genéticos Vegetais (RGV) da conservação estática de germoplasma para a caracterização funcional orientada por dados. Na era pós-genômica, os bancos de dados de genômica funcional servem como plataformas vitais para decifrar mecanismos extremófilos e acelerar o melhoramento de culturas resilientes ao clima por meio da engenharia genética de precisão. Aqui, apresentamos o banco de dados "*Portulaca oleracea* Differential Expression" (*Po*DE), um recurso integrado de genômica funcional desenvolvido para caracterizar a resposta molecular ao estresse de *P. oleracea* — um modelo vegetal halófito de excelência dotado de excepcional tolerância à salinidade. O *Po*DE foi construído integrando a anotação genômica baseada em deep learning (58.817 locos codificadores de proteínas previstos; 96,5% de completude BUSCO) com conjuntos de dados transcriptômicos multiestágio e multitecido. O banco de dados compila perfis de expressão de RNA-Seq sob estresse salino agudo em folhas jovens (1 e 4 dias pós-tratamento), juntamente com estresse salino crônico (12 dias, CE = 43,48 dS $m^{-1}$) em folhas adultas e raízes. Dos 58.817 locos previstos, 53.314 estão funcionalmente anotados nos bancos de dados KEGG, SwissProt, NCBI NR, Pfam, InterPro e Phytozome. O *Po*DE cataloga 39.065 genes transcricionalmente ativos, classificando a dinâmica de expressão diferencial (FDR ≤ 0,05) para permitir consultas rápidas, filtragem e visualização comparativa entre diferentes condições de locos candidatos responsivos ao estresse. Ao conectar a pesquisa transcriptômica básica com a biotecnologia vegetal aplicada, o *Po*DE fornece uma plataforma de alta resolução para isolar genes-chave, vias metabólicas e alvos promotores responsivos à salinidade para modificação/edição genética de precisão. Como um exemplo marcante de ferramentas pós-genômicas para RGV, o *Po*DE destaca como bancos de dados de expressão curados capacitam pesquisadores a desbloquear a resiliência halofítica natural e traduzir adaptações evolutivas para culturas glicófitas sensíveis, visando uma agricultura sustentável.

**Palavras-chave:** RNA-Seq; Transcritômica; Salinidade.

**Agradecimentos:** FAP-DF, CAPES, CNPq.

# RGV 224 - ARQUITETURA MOLECULAR DA RESILIÊNCIA À SALINIDADE EM *Portulaca oleracea*: UMA ANÁLISE DE BIOLOGIA INTEGRATIVA DE AQPS, HSPS E PROTEÍNAS LEA

Manoel Teixeira Souza Júnior[1]; Wellington Rangel dos Santos[1]; Roberto Coiti Togawa[2]; Natália Florêncio Martins[3]; Carlos Antonio Ferreira de Sousa[4]; Thalliton Luiz Carvalho da Silva[5]; Ítalo de Oliveira Braga[5]; Letícia Fonseca Barbosa[6]

[1]Embrapa Agroenergia; [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; [3]Embrapa Agroindústria Tropical; [4]Embrapa Meio-Norte; [5]Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal, Universidade Federal de Lavras; [6]Universidade de Brasília.

A salinização do solo representa uma ameaça crítica para a agricultura global, com projeções indicando que mais de 50% da terra arável pode estar salinizada até 2050. Compreender os mecanismos adaptativos das halófitas é essencial para a engenharia de culturas resilientes ao clima. *Portulaca oleracea* (beldroega) é uma halófita C4/CAM excepcionalmente resiliente, capaz de suportar condições hiperosmóticas severas. Utilizando um genoma de referência de alta resolução (96,5% de completude BUSCO; 58.817 genes), integramos RNA-Seq multitecido, filogenômica de 154 espécies, modelagem de Redes de Regulação Gênica (GRN), análise estrutural 3D e validação por qRT-PCR. O estudo caracteriza o comportamento sinérgico de aquaporinas (AQPs), proteínas de choque térmico (HSPs) e proteínas abundantes na embriogênese tardia (LEA). Esta análise de Biologia Integrativa revelou uma relação de compensação (*trade-off*) crescimento-defesa coordenada e tecido-específica. As folhas priorizam a proteção contra a dessecação reprimindo aquaporinas (PIP/TIP) enquanto elevam a expressão de proteínas abundantes na embriogênese tardia (LEA) em até 670 vezes, ao passo que as raízes induzem seletivamente uma aquaporina PIP1 para manter a condutividade hidráulica. A proteostase radicular é mantida por meio de pequenas HSPs e um eixo HSP40-HSP70, ancorado por um aumento de 104.530 vezes de uma chaperona HSP70/BiP direcionada ao retículo endoplasmático. Sistemicamente, 22 reguladores-mestre exclusivos de estresse (incluindo as famílias bHLH, WRKY e ERF) governam as redes de defesa, com fatores Trihelix facilitando a transição de C4 para CAM. Filogenomicamente, a halotolerância apoia-se no recrutamento regulatório e na expansão de arcabouços genéticos ancestrais, em vez da criação de novas proteínas. Em geral, a resiliência da beldroega é impulsionada pela defesa proteostática localizada nos tecidos e pelo recrutamento modular de redes. Esses achados fornecem um roteiro em nível de rede — utilizando promotores tecido-específicos e reguladores exclusivos de estresse — para projetar a tolerância à salinidade em culturas glicófitas.

**Palavras-chave:** Beldroega; Evolução de Halófitas; Estresse Abiótico.

**Agradecimentos:** FAP-DF, CAPES, CNPq.

# RGV 226 - COMPARAÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE POPULAÇÕES DE POLINIZAÇÃO ABERTA, HÍBRIDOS E CULTIVARES COMERCIAIS DE CEBOLA EM FLORIANÓPOLIS-SC

Patrik Francisco de Almeida Marques[1,2]*; Jorge Andres Betancur Gonzalez[1,2]; Juliano Galina[1]; Edson Perez Guerra[2]; Ana Paula Schwede Doberstein[3]; Lara Laís Schünemann[3]; André Ricardo Zeist[3]

[1]Departamento de Ciências Agrárias, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ-USP), Universidade de São Paulo. [2]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). [3]Departamento de Agronomia, Universidade Estadual do Centro-Oeste (UNICENTRO). *patrikfmarques@usp.br

A cebola (*Allium cepa* L.) destaca-se como uma das hortaliças de maior relevância econômica e social no Brasil. Embora Santa Catarina seja o principal estado produtor, suas produtividades médias ainda são inferiores às observadas em outras regiões, evidenciando a necessidade de identificar genótipos melhor adaptados às condições subtropicais. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo avaliar a produtividade de seis genótipos de cebola em um ciclo de cultivo conduzido na Fazenda Experimental da Ressacada, em Florianópolis-SC, ao longo de 2023. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições, incluindo dois híbridos (HO-04 e HO-07), duas populações de polinização aberta (PO-36 e PO-39) e duas cultivares comerciais (SCS373 Vallessul e Bola de Ouro). Foram avaliadas a produtividade total, a distribuição dos bulbos por classes comerciais, a porcentagem de bulbos comercializáveis e a incidência de *Botrytis* sp. Observou-se variabilidade significativa entre os genótipos, com destaque para a população PO-39, que apresentou elevada qualidade comercial (83,7% de bulbos dentro do padrão) e produtividade média de 27,4 t $ha^{-1}$, superando as cultivares comerciais quanto à produtividade e à porcentagem de bulbos comercializáveis, e para o híbrido HO-04, que se destacou pelo maior rendimento nas principais classes comerciais de bulbos. Os resultados indicam desempenho promissor dos genótipos experimentais, tanto de populações de polinização aberta quanto de híbridos, especialmente PO-39 e HO-04, nas condições de cultivo avaliadas, destacando seu potencial para contribuir com a obtenção de materiais com maior produtividade, qualidade comercial e mais adaptados às condições subtropicais de cultivo.

**Palavras-chave:** *Allium cepa*; desempenho agronômico; variabilidade genética.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ-USP) e à Fundação de Estudos Agrários Luiz de Queiroz (FEALQ) pelo apoio e fomento à pesquisa.

# RGV 234 - EFEITOS DO USO DE ÓLEO ESSENCIAL DE LOURO (*Laurus nobilis* L.) NA ATIVIDADE ALIMENTAR DA LAGARTA *Dione juno juno* (Cramer) (LEPIDOPTERA: NYMPHALIDAE)

Bianca de Lara Fernandes[1]*; Rafaela Nunes dos Santos Santiago[1]; Luís Gustavo Dobginski[1]; Flaviano Williams Fernandes[1]; Silvana dos Santos Moreira[1]; José Felinto Barbosa[1]

[1]Instituto Federal do Paraná. *bianca.fernandes.ifpr@gmail.com

A cultura do maracujá amarelo (*Passiflora edulis Sims*), um importante recurso genético nativo, se encontra em franca expansão no Brasil. As lagartas *Dione juno juno* atacam frequentemente os maracujazeiros dessa espécie, e o uso de produtos químicos continua sendo o principal método de controle adotado pelos produtores. O louro, *Laurus nobilis*, é uma planta com efeitos já comprovados de repelência e inseticida sobre outras espécies. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi verificar se a utilização de óleo essencial de louro, em solução aquosa de 1%, interfere na alimentação de lagartas da espécie *Dione juno juno*. Os trabalhos foram desenvolvidos de março a junho de 2026 no campus do Instituto Federal do Paraná, em Irati. O óleo essencial de louro foi extraído a partir de folhas da espécie com a técnica de destilação por arraste a vapor. As lagartas foram obtidas de folhas de maracujazeiro com ovos e mantidas em câmara de germinação a 26°C, UR de 68%, fotoperíodo de 12h e recebendo folhas frescas. Foi realizado o teste com possibilidade de escolha utilizando discos foliares de maracujazeiro com cerca de 8,5 cm2 de área. Foram utilizados dois discos foliares aspergidos com a solução de óleo essencial de louro 1% e dois com água destilada (controle) dispostos em uma placa de Petri forrada com papel filtro levemente umedecido. No centro de cada placa foram liberadas dez lagartas de seis dias de idade para verificar seu consumo alimentar durante o período de 24 horas. Foram 24 repetições. A área foliar consumida foi obtida com auxílio do programa ImageJ e os dados foram analisados com o teste estatístico não paramétrico U de Mann-Whitney utilizando o programa JASP. Os resultados mostraram que o tratamento com água destilada teve uma mediana significativamente maior (Mdn = 0,710) do que o tratamento com óleo essencial de louro (Mdn = 0,230). A área consumida foi de aproximadamente 4,43% nos discos tratados com água destilada e 1,43% nos discos foliares tratados com óleo essencial de louro. Portanto, a solução aquosa de 1% de óleo essencial de louro apresentou efeito moderado sobre a alimentação das lagartas de *Dione juno juno*, reduzindo significativamente o consumo foliar em comparação com o controle (p = 0,05). Esse resultado indica que o óleo essencial de louro tem potencial para ser usado no manejo de pragas do maracujazeiro amarelo, sendo indicada a realização de outros tratamentos com diferentes concentrações.

**Palavras-chave:** Bioinseticida; Manejo integrado de pragas; Agricultura sustentável.

**Agradecimentos:** Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPQ.

# RGV 245 - FENOLOGIA DO CAFEEIRO (*Coffea arabica* L.) NAS CONDIÇÕES EDAFOCLIMÁTICAS DE NOVA TRENTO, SANTA CATARINA

Maria Luiza Dalsenter Souza[1]*; Michelle B. T. Loss[1]; Loisiana F. dos Santos[1]; Gabriela W. de Arruda[1]; Isabele R. Schadek[1]; Mariana N. M. Godoy[2]; Fernanda W. Costa[2]; Roque J. S. Bellinaso[2]; Aparecido L. da Silva[2]; Alberto F. Brighenti[2]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina.[2]Universidade Federal de Santa Catarina. *mrluiza_dalsenter@hotmail.com

A expansão da cafeicultura para novas regiões produtoras tem impulsionado estudos sobre a adaptação de materiais genéticos às condições edafoclimáticas locais. Em Santa Catarina, ainda são escassas as informações sobre o comportamento fenológico da cultura nas diferentes regiões do estado. O acompanhamento das fases fenológicas permite compreender o desenvolvimento das plantas, identificar os principais estádios reprodutivos e gerar informações para o manejo e caracterização agronômica de recursos genéticos em novos ambientes de cultivo. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar a fenologia do cafeeiro (*Coffea arabica* L.), cultivar Arara, nas condições edafoclimáticas de Nova Trento, Santa Catarina. O estudo foi conduzido durante o ciclo produtivo 2025/2026 em um cafezal localizado no município de Nova Trento, SC. O acompanhamento foi realizado por avaliações periódicas utilizando a escala proposta por Pezzopane *et al.* (2003). Foram registradas as datas de ocorrência dos estádios abotoado, florada, pós-florada, chumbinho, expansão dos frutos, grão verde, verde-cana, cereja, passa e seco. O estádio abotoado foi registrado em 09/10/2025, seguido pela florada em 30/10. O pós-florada ocorreu em 27/11 e o estádio de chumbinho em 05/12. A expansão dos frutos foi observada em 26/12, seguida pelo estádio de grão verde em 20/01/2026. O início da maturação ocorreu em 06/04, com frutos no estádio verde-cana, enquanto a maturação plena (estádio cereja) foi registrada em 20/06/2026, aproximadamente 223 dias após a florada. Os estádios passa e seco não foram observados, pois a colheita foi realizada quando predominavam frutos no estádio cereja. O acompanhamento evidenciou desuniformidade na evolução dos estádios reprodutivos entre as plantas avaliadas, com sobreposição de fases fenológicas ao longo do ciclo. Esse comportamento pode estar associado à ocorrência de floradas sucessivas, influenciadas pelas condições ambientais locais. O intervalo entre a florada e a maturação evidencia um ciclo compatível com o descrito para cultivares de maturação tardia em condições subtropicais, indicando adequado desenvolvimento reprodutivo nas condições ambientais de Nova Trento. Essas informações contribuem para futuras pesquisas sobre adaptação de cultivares e para o fortalecimento da cafeicultura catarinense.

**Palavras-chave:** cafeicultura catarinense; estádios reprodutivos; maturação.

**Agradecimentos:** UFSC, PPGRGV e CAPES.

# RGV 247 - EFEITOS DO EXTRATO AQUOSO DE PESSEGUEIRO-BRAVO (*Prunus myrtifolia* (L.) Urb.) NA ALIMENTAÇÃO DA LAGARTA-PRETA-DO-MARACUJÁ (*Dione juno juno* (Cramer) LEPIDOPTERA: NYMPHALIDAE)

Luís Gustavo Dobginski[1]*; Flaviano Williams Fernandes[1]; Silvana dos Santos Moreira[1]; José Felinto Barbosa[1]

[1]Instituto Federal do Paraná. *luis.dobginski.ifpr@gmail.com

O controle de pragas nos sistemas de produção agrícola é relevante e um grande desafio para obtenção de produtos de forma sustentável. A lagarta-preta-do-maracujá (*Dione juno juno*) afeta diretamente a produção do maracujá-azedo (*Passiflora edulis f. flavicarpa*) e seu controle é predominantemente por meio de inseticidas químicos. A espécie *Prunus myrtifolia*, popularmente conhecida como pessegueiro-bravo tem ampla distribuição no Brasil e seu óleo essencial e extratos das folhas apresentaram propriedades antioxidantes e antimicrobianas em outros estudos. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar o efeito do extrato aquoso de pessegueiro-bravo sobre a alimentação da lagarta-preta-do-maracujá. O trabalho foi realizado no Instituto Federal do Paraná - Campus Irati, no período de março a junho de 2026. O extrato aquoso do pessegueiro-bravo foi obtido pelo método de infusão, utilizando 10 g de folhas frescas e 90 mL de água destilada. As lagartas, obtidas de folhas de maracujazeiro com ovos, foram mantidas em câmara de germinação a 26°C e UR de 68% recebendo folhas frescas até a realização dos testes. Foram realizados os testes com e sem possibilidade de escolha usando discos foliares de maracujazeiro com cerca de 3,2 $cm^2$. Nos testes com chance de escolha, dois discos foliares tratados com o extrato aquoso de pessegueiro e dois com água destilada (controle) foram dispostos em uma placa de Petri forrada com papel filtro umedecido. Nos testes sem chance de escolha, os discos foliares apresentavam somente extrato de pessegueiro ou água destilada (controle). No centro de cada placa, foram liberadas 20 lagartas de cinco dias para verificar sua alimentação por um período de 24 horas. Foram 24 repetições para os testes com chance de escolha e 22 para os testes sem chance de escolha. A área foliar consumida foi mensurada utilizando o programa ImageJ e os dados foram analisados com o teste não paramétrico U de Mann-Whitney utilizando o programa JASP. Os resultados do teste com chance de escolha indicaram que a mediana do tratamento com água destilada (Mdn = 2,58) não diferiu significativamente do tratamento com pessegueiro (Mdn = 1,73) ($p = 0,05$). No teste sem chance de escolha, a mediana do tratamento com água destilada (Mdn = 3,69) também não diferiu significativamente do tratamento com pessegueiro (Mdn = 2,64) ($p = 0,05$). Portanto, o extrato de pessegueiro-bravo a 10% obtido por infusão não apresentou efeito significativo na alimentação da lagarta *Dione juno juno*.

**Palavras-chave:** Controle natural; Manejo integrado de pragas; Sustentabilidade.

**Agradecimentos:** Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPQ.

# RGV 248 - MODELAGEM NÃO DESTRUTIVA DA ÁREA FOLIAR DE CULTIVARES DE FEIJOA SUBMETIDAS A DIFERENTES MÉTODOS DE PROPAGAÇÃO

Emanuel Scalfi Santos[1]*; Gabriel Menegusso Girardello[1]; Sol Anahí Quesnel Kiefl[1]; Liane Bahr Thurow[2]; Maíra Maciel Tomazzoli Specht[2]; Tiago Olivoto[1]; Alberto Brighenti[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Epagri Estação Experimental de São Joaquim.
*emanuelscalfi999@gmail.com

A área foliar constitui uma importante característica para a caracterização do crescimento vegetal, por estar relacionada à interceptação da radiação solar e às trocas gasosas, sendo útil ao monitoramento do desenvolvimento vegetal. Entretanto, métodos convencionais podem demandar equipamentos específicos ou a remoção das folhas, limitando avaliações sucessivas. Nesse contexto, modelos alométricos baseados em medidas lineares constituem uma alternativa rápida e não destrutiva para estimativa da área foliar, contribuindo para a fenotipagem de recursos genéticos vegetais. Assim, este trabalho objetivou desenvolver e avaliar modelos matemáticos não destrutivos para estimativa da área foliar de cultivares de feijoa submetidas a diferentes métodos de propagação. Foram avaliadas plantas das cultivares SCS 411 Alcântara e SCS 412 Helena, propagadas por sementes e estaquia, na Estação Experimental da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI), em São Joaquim, SC. Foram amostradas 50 folhas completamente expandidas de cada método de propagação, das quais foram obtidas, no ambiente R por meio de análise digital de imagens, a área foliar (AF), o comprimento (L), a largura (W) e o índice DGCI (Dark Green Colour Index). Foram ajustados modelos linear, potencial, polinomial, linear sem intercepto e de regressão múltipla, utilizando L, W e o produto L × W como variáveis preditoras. Os modelos foram comparados pelo coeficiente de determinação ($R^2$), $R^2$ ajustado, raiz do erro quadrático médio (RMSE) e Critério de Informação de Akaike (AIC). Entre os modelos avaliados, destacou-se o potencial baseado em L × W, representado por AF = 0,7504(L × W)^0,9845 para estaquia ($R^2$ = 0,9907; $R^2$ ajustado = 0,9906; RMSE = 0,3366; AIC = −411,47) e AF = 0,7935(L × W)^0,9663 para sementes ($R^2$ = 0,9892; $R^2$ ajustado = 0,9889; RMSE = 0,4259; AIC = −418,42). Embora o modelo linear sem intercepto tenha apresentado $R^2$ superior (0,9989 e 0,9991 para estaquia e sementes, respectivamente), seus valores de AIC foram superiores (75,88 e 122,90), indicando que o maior $R^2$ isoladamente não representou o melhor equilíbrio entre ajuste e parcimônia. O DGCI apresentou menor variação entre os métodos de propagação em comparação às características morfológicas, indicando menor influência do método de propagação sobre a coloração foliar. A elevada capacidade preditiva dos modelos baseados em L × W demonstra que a combinação das dimensões foliares representa adequadamente a geometria das folhas, permitindo estimativas rápidas e não destrutivas da área foliar. Conclui-se que os modelos potenciais são ferramentas promissoras para avaliações sucessivas do crescimento e para a caracterização fenotípica de cultivares de feijoa, enquanto o DGCI pode complementar a avaliação morfológica das folhas.

**Palavras-chave:** *Acca sellowiana;* Propagação vegetativa; Modelagem alométrica; Modelo potencial; Índice DGCI.

# RGV 250 - ESPECTROSCOPIA NO INFRAVERMELHO PRÓXIMO PARA PREDIÇÃO DO ENRAIZAMENTO DE MINIESTACAS DE ERVA-MATE

Felipe Perin Santos[1]*; Fabricio Augusto Hansel[2]; Bruna Caprini[3]; Ivar Wendling[2]; Sandra Cabel[1]; Juliana Degenhardt[2]

[1]PUCPR. [2]Embrapa Florestas. [3]UFPR. *fperin1499@gmail.com

A propagação clonal de erva-mate (*Ilex paraguariensis*) é uma ferramenta estratégica para a conservação, multiplicação e utilização de genótipos superiores em programas de melhoramento e manejo de recursos genéticos. Entretanto, a produção de mudas por miniestaquia ainda é limitada por baixas taxas de enraizamento. Nesse contexto, a predição precoce do potencial de enraizamento pode aumentar a eficiência da propagação clonal e otimizar o uso de materiais genéticos de interesse. Este estudo teve como objetivo desenvolver um modelo preditivo capaz de classificar o enraizamento de miniestacas de erva-mate a partir de espectros de infravermelho próximo (NIR). Foram utilizadas 297 miniestacas de três clones (EC25, EC43 e EC49) plantadas em vermiculita expandida e avaliadas quanto ao enraizamento após 120 dias, apresentando 19,9% das miniestacas enraizadas. Os espectros NIR foram adquiridos na superfície abaxial de uma folha por miniestaca antes do plantio, na faixa de 1.350 a 2.500 nm. O pré-processamento espectral consistiu na transformação Standard Normal Variate (SNV), seguida de suavização por média móvel e segunda derivada de Savitzky-Golay. A seleção de variáveis espectrais foi conduzida pela união entre Genetic Algorithm (GA) e Decision Tree (DT). Foram avaliados os algoritmos de classificação Partial Least Squares-Discriminant Analysis (PLS-DA), DT, Random Forest (RF) e Extreme Gradient Boosting (XGBoost) para a construção do modelo, com hiperparâmetros otimizados por busca bayesiana. O algoritmo XGBoost apresentou o melhor desempenho entre os modelos avaliados, alcançando 89,0% de acerto geral na predição do enraizamento e 96,4% de acerto na identificação de miniestacas sem potencial de enraizamento, demonstrando elevado potencial para aplicação na seleção precoce de propágulos. No entanto, a identificação de miniestacas com potencial de enraizamento ainda pode ser aprimorada, possivelmente em decorrência do reduzido número de amostras enraizadas utilizadas durante o treinamento do modelo. A validação desse modelo preditivo ainda será realizada externamente, com dados de enraizamento de outros clones de erva-mate. Espera-se que, com o aprimoramento contínuo do modelo, seja possível aumentar a eficiência da propagação clonal de erva-mate por meio da seleção antecipada de propágulos com maior potencial de enraizamento, reduzindo custos de produção e contribuindo para a utilização mais eficiente dos recursos genéticos de erva-mate em programas de melhoramento e produção de mudas clonais.

**Palavras-chave:** *Ilex paraguariensis*; espectroscopia no infravermelho próximo; modelo preditivo.

**Agradecimentos:** CNPq.

# RGV 251 - PLANTAS DE COBERTURA AUMENTAM A PRODUÇÃO DE BIOMASSA, A PRODUTIVIDADE E REDUZEM A PODRIDÃO DE CACHOS DA VIDEIRA VAR. VIOGNIER EM CAMPO LARGO, PR

Michelle Barbosa Teixeira-Loss[1]*; Bruna da Rosa Dutra[1]; Fernanda Wilkens Costa[1]; Gabriela Woiczack de Arruda[1]; Adriano Eidi Tokushima[1]; Paulo Henrique da Silva Câmara[1]; Flora Wenderosck S. de Oliveira[1]; Jose Luiz Marcon Filho[2]; Arcângelo Loss[1]; Alberto F. Brighenti[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Semmear Agrofloresta. *michellbte2@gmail.com

A variabilidade climática em regiões de altitude influencia a produção de biomassa, a arquitetura do dossel e dos cachos e, consequentemente, a incidência de doenças. Objetivou-se avaliar a produção de massa seca (MS) e suas relações com a produtividade, a arquitetura de cachos e a ocorrência de podridão em *Vitis vinifera* L. var. Viognier, Campo Largo, PR, ao longo das safras 2023/24, 2024/25 e 2025/26. O experimento foi conduzido em blocos ao acaso, com cinco tratamentos: T1 (plantas espontâneas - trevo branco/inverno e cynodon/verão - com herbicida na linha), T2 (plantas espontâneas sem herbicida), T3 (aveia-preta/inverno e trevo+capim angola/verão), T4 (ervilhaca/inverno e capim Mombaça/verão) e T5 (mix de inverno: aveia-preta + centeio + ervilhaca + nabo forrageiro; mix de verão: cynodon + trigo mourisco + capim mombaça). Foram avaliadas a MS total, produtividade, atributos físicos dos cachos e a incidência e severidade de podridão do cacho (safras 2024/25 e 2025/26). Os tratamentos T4 e T5 promoveram maior acúmulo de MS em todas as safras, indicando maior aporte de carbono e maior capacidade de modulação do ambiente edáfico e do vigor da videira. Esse aumento de MS esteve associado a alterações na arquitetura produtiva, com incremento no peso de cachos, número de bagas e produtividade, especialmente em 2024/25 e 2025/26. O maior aporte de MS contribuiu para a regulação do vigor e da relação fonte-dreno, resultando em cachos estruturalmente mais equilibrados. Os tratamentos com coberturas apresentaram, em geral, menor índice de compactação (IC). As condições climáticas modularam as respostas: em 2023/24, o excesso hídrico favoreceu o acúmulo de MS, porém sem avaliação de doença; em 2024/25, a combinação de déficit hídrico no veraison e excesso de chuvas na maturação intensificou a pressão de podridão; já em 2025/26, a melhor distribuição das chuvas e maior amplitude térmica favoreceram maior produtividade e menor severidade da doença. Os tratamentos com maior MS e menor IC apresentaram menor incidência e severidade de podridão, enquanto o manejo com herbicida (T1) esteve associado a maior suscetibilidade. De forma integrada, os resultados evidenciam um mecanismo funcional em que o uso de plantas de cobertura aumenta o aporte de MS, regula o vigor e modifica a arquitetura dos cachos, reduzindo a compactação e melhorando o microclima interno, o que limita o desenvolvimento de patógenos como *Botrytis ssp*. Assim, sistemas consorciados (T3 e T5) configuram-se como estratégia eficiente para aumentar a resiliência produtiva e fitossanitária da viticultura de altitude frente à variabilidade climática.

**Palavras-chave:** viticultura de altitude, diversidade funcional, variabilidade climática.

**Agradecimentos:** Fundação Agrisus (PA3524/24) e FAPESC (processo nº 733/2024).

# RGV 253 - DIVERSIDADE GENÉTICA DE FEIJÃO-FAVA COMO FONTE DE TOLERÂNCIA AO ESTRESSE TÉRMICO NO MEIO NORTE NORDESTINO

Marcos Vinícius Carvalho de Castro[1]; Caio Petrick Monteiro da Cruz[1]; Deivison Borge da Silva Almeida[1]; Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos[1]; Karolayne Ribeiro Caetano[1]; João Alves Carvalho[1]; Regina Lucia Ferreira Gomes[1]*; Ângela Celis de Almeida Lopes[1]; Rafael de Souza Miranda[1]; Verônica Brito da Silva[1]

[1]Universidade Federal do Piauí. *rlfgomes@ufpi.edu.br

No Nordeste do Brasil, a produção de feijão-fava enfrenta severas limitações térmicas, ficando restrita a períodos de temperaturas amenas e maior pluviosidade. O estresse térmico compromete a produtividade da cultura ao interromper a translocação de fotoassimilados, o que reforça a importância de se explorar a variabilidade genética disponível em bancos de germoplasma. Neste contexto, objetivou-se identificar o padrão de tolerância térmica entre genótipos de feijão-fava, compreendendo linhagens e variedades tradicionais de comportamento contrastante, avaliados sob dois regimes térmicos da região semiárida: ambiente 1 (45 °C) e ambiente 2 (51 °C). Foram avaliados cinco genótipos utilizando oito repetições, sendo uma planta por vaso, quanto ao desenvolvimento vegetativo, com aferição do acúmulo de biomassa e área foliar, trocas gasosas, com avaliação da taxa de assimilação líquida de CO2, transpiração e condutância estomática, teor de pigmentos, estresse oxidativo, com a avaliação da atividade das enzimas antioxidantes e produção de H2O2, proteínas totais e viabilidade polínica. Os dados foram submetidos à análise de variância, teste de Tukey ($p < 0,05$) e análise de variáveis canônicas. Os resultados evidenciaram impacto negativo do ambiente 2 sobre o desenvolvimento vegetativo dos genótipos, associado à redução da assimilação de carbono decorrente da menor eficiência fisiológica do aparato fotossintético sob calor extremo. Já no ambiente 1, as plantas mantiveram a integridade do aparato fotossintético e apresentaram maior produção de estruturas vegetativas, indicando que, em temperaturas médias de 45 °C, os genótipos avaliados expressam um sistema robusto de tolerância. Não houve floração no ambiente de estresse severo, restringindo a avaliação da viabilidade ao ambiente 1, onde apresentaram viabilidade superior a 90%. Esses resultados sugerem que um dos obstáculos à produção de feijão-fava em períodos quentes não reside necessariamente na sensibilidade do gametófito, mas em falhas nos sistemas de alocação de fotoassimilados. Tal constatação ratifica a relevância da caracterização da diversidade genética de feijão-fava para a prospecção de mecanismos fisiológicos de tolerância térmica frente às mudanças climáticas.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; Variedades tradicionais; Estresse térmico.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Pesquisa do Piauí - FAPEPI.

# RGV 254 - DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA QUANTO À TOLERÂNCIA TÉRMICA

Marcos Vinícius Carvalho de Castro[1]; Caio Petrick Monteiro da Cruz [1]; Paulo Egdio Araujo Ferreira[1]; Lyssandra Mhara Silva De Oliveira[1]; Izanna Araujo De Macedo[1]; Regina Lucia Ferreira Gomes[1]*; Ângela Celis de Almeida Lopes[1]; Carlos Humberto Aires Matos Filho; Rafael de Souza Miranda[1]; Verônica Brito da Silva[1]

[1]Universidade Federal do Piauí. *rlfgomes@ufpi.edu.br

O aumento das temperaturas associado às mudanças climáticas representa um dos principais fatores limitantes à produção de feijão-fava, particularmente em regiões quentes e semiáridas. Diante disso, objetivou-se avaliar 16 genótipos de feijão-fava em condições de temperatura superiores à faixa considerada ideal para a cultura, a fim de explorar e identificar genótipos de *Phaseolus* termotolerantes. Para isso, foram avaliados parâmetros de crescimento vegetativo, trocas gasosas, eficiência quântica do fotossistema II, pigmentos fotossintéticos, características agronômicas e rendimento de grãos, incluindo linhagens e variedades tradicionais. Diferenças significativas foram detectadas entre os genótipos para as características avaliadas, indicando variabilidade genética substancial. Os dados foram submetidos à análise de variância, teste de Scott-Knott e análise multivariada de componentes principais. As linhagens H25-64 e H94-31 exibiram desempenho superior em condições estressantes, evidenciado pela elevada eficiência fotossintética e produtividade. Ademais, a linhagem H81-32 apresentou o menor crescimento vegetativo e manutenção de uma baixa taxa de assimilação de carbono, mas destacou-se como a linhagem de maior produtividade e peso de cem grãos, sugerindo alocação eficiente de fotoassimilados para os drenos reprodutivos. Por outro lado, as linhagens H25-56 e H25-67 apresentaram alta taxa de assimilação de CO2, mas essa vantagem fisiológica não esteve associada a elevado rendimento de grãos; todavia, essas linhagens apresentaram valores elevados de transpiração e condutância estomática. As variedades tradicionais expressaram características associadas à rusticidade e à adaptação morfológica, como dimensões maiores das vagens, confirmando sua relevância como fontes de alelos favoráveis. A análise multivariada indicou que a produtividade sob temperaturas elevadas está negativamente correlacionada com a eficiência fisiológica e também evidenciou o isolamento comportamental das variedades tradicionais das linhagens, em condição de estresse térmico. A caracterização do comportamento dos genótipos permitiu identificar parentais promissores para o programa de melhoramento genético de feijão-fava, contribuindo para a sustentabilidade dos sistemas de produção sob mudanças climáticas.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; estresse térmico; eficiência fotossintética.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Pesquisa do Piauí (FAPEPI).

# RGV 255 - DO TEOSINTO AO MILHO: DOMESTICAÇÃO ESTRATIFICADA, DISPERSÕES HUMANAS E O PAPEL DA AMAZÔNIA E DE TRADIÇÕES CULTURAIS DO PASSADO REMOTO NA EVOLUÇÃO DO MILHO

Fábio de Oliveira Freitas[1]*; Logan Kistler[2]; Robin Allaby[3]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [2]Smithsonian Institute. [3]University of Warwick.
*fabio.freitas@embrapa.br

O milho cultivado (*Zea mays* ssp. *mays*) originou-se do teosinto (*Z. mays* ssp. *parviglumis*) no atual México, há aproximadamente 9.000 anos. Sua expansão alcançou a América Central por volta de 7.500 anos AP e a América do Sul entre 6.500 e 6.300 anos AP. Com o objetivo de mapear as rotas dessa difusão e as variações genéticas ocorridas nas diferentes variedades ao longo do espaço e tempo, desde 1993 e, mais profundamente, entre 2016 até os dias atuais, utilizamos amostras arqueológicas e modernas das três Américas, onde resgatamos DNA ainda preservado, remontamos os genomas e os comparamos. Estatísticas f4 e D demonstraram padrões assimétricos de ancestralidade do teosinto, além de genomas modernos e antigos profundamente estruturados, com evidências de múltiplas ondas de dispersão. As linhagens sul-americanas apresentam maior carga mutacional. Os resultados indicam que o milho chegou à América do Sul ainda em estado de domesticação parcial, contendo combinações de variantes genéticas selvagens e domesticadas. Assim, sua história não corresponde simplesmente a uma domesticação concluída no México seguida de dispersão, mas a um processo estratificado, no qual diferentes linhagens se separaram antes da completa fixação das características de domesticação no México e continuaram evoluindo sob seleção humana, após o isolamento de linhagens sul-americanas. O sudoeste da Amazônia é proposto como importante centro secundário de diversificação do milho e linhagens andinas se mostraram o grupo mais isolado do estudo. Entre as amostras arqueológicas do estudo, as do Vale do Peruaçu, no Brasil, datadas entre aproximadamente 1.010 e 570 anos AP, possui algumas que apresentam características morfológicas primitivas (menos de 8 fileiras de grãos na espiga). Estas são os registros mais distantes do centro de origem do milho nos quais tais características primitivas foram mantidas por longo período. Evidências genéticas, arqueológicas e linguísticas indicam ainda movimentos posteriores, entre aproximadamente 1.200 e 1.000 anos AP, de linhagens associadas aos Andes em direção à Amazônia e ao Brasil central e oriental. Em conjunto, dados genômicos, arqueológicos, morfológicos e linguísticos revelam uma longa e complexa história de diversificação do milho na América do Sul, marcada por múltiplas dispersões humanas, isolamento de populações parcialmente domesticadas e continuidade da seleção e adaptação em diferentes ambientes, indicando a América do Sul como um cenário ativo de evolução do milho.

**Palavras-chave:** milho; domesticação; dispersão.

# RGV 256 - EXCELÊNCIA NA GESTÃO DE RECURSOS GENÉTICOS: A EXPERIÊNCIA DA EMBRAPA COM A CERTIFICAÇÃO DA QUALIDADE EM PD&I

Clarissa Silva Pires de Castro[1]*; Denilson Gouvea Anthonisen[2]; Letícia Andreia Nichele[3]; Daniel Finazzi Postigo[1]; Angela Aparecida Lemos Furtado[4]

[1]Embrapa Sede. [2]Embrapa Clima Temperado. [3]Embrapa Florestas. [4]Embrapa Agroindústria de Alimentos. *clarissa.castro@embrapa.br

O Sistema de Curadoria de Recursos Genéticos da Embrapa conta com cerca de 185 coleções, bancos e núcleos de conservação localizados em 31 unidades, formando uma grande rede de conservação. Visando aprimorar a gestão desta rede, a implementação da Norma "Requisitos de Gestão para Qualidade em Laboratórios e Áreas Experimentais da Embrapa" (nº 037.008.004.003) tem sido a estratégia utilizada pela Embrapa desde 2021 para sistematizar e padronizar as atividades de pesquisa envolvendo os recursos genéticos. Seis conjuntos de requisitos de qualidade (responsabilidades; documentação; recursos; realização de estudos e ensaios; garantia da validade dos resultados; e avaliação da conformidade) compõem esta Norma e foram implementados por 13 Coleções,13 Bancos e 8 Núcleos de Conservação no período de 2021 a 2025. Quatro ciclos de monitoramentos foram realizados pela Rede de Auditores Internos da Qualidade da Embrapa (PORTARIA Nº 1056, de 05.08.24) para verificar a implementação e manutenção destes requisitos. Para reconhecer o esforço destes 34 escopos de recursos genéticos e premiar as ações no cumprimento da Norma nº 037.008.004.003, seis categorias de selos de qualidade (Planejamento, Preparatório, Básico, Intermediário, Avançado e Excelência) foram criadas e expressam os diferentes níveis de maturidade em gestão da qualidade que podem ser alcançados. Em 2025, a Diretoria de Pesquisa e Desenvolvimento concedeu aos recursos genéticos participantes do Projeto Qualiregen os seguintes certificados de selos de qualidade em PD&I: 13 no nível de excelência (dois para a vertente vegetal, cinco para a vertente animal e seis para a vertente microbiana); nove no nível de intermediário (dois para a vertente vegetal, cinco para a vertente animal e dois para a vertente microbiana); nove no nível de preparatório (sete para a vertente vegetal e dois para a vertente microbiana) e três no nível de planejamento (dois para a vertente vegetal e um para a vertente animal). Os resultados alcançados mostram a construção do Padrão Embrapa de Qualidade para os recursos genéticos, a partir de Normas Internacionais, garantindo a qualidade dos materiais preservados e a rastreabilidade e confiabilidade dos produtos, das tecnologias e dos serviços gerados pelas coleções, bancos e núcleos de conservação.

**Palavras-chave:** recursos genéticos; excelência na gestão; certificação da qualidade.

**Agradecimentos:** EMBRAPA (Sede, Unidades, Rede de Auditores Internos da Qualidade).

# RGV 257 - EFEITO DO TEMPO DE PRÉ-TRATAMENTO OSMÓTICO NA REGENERAÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE *Theobroma cacao* L. SUBMETIDOS À CRIOPRESERVAÇÃO

Elias da Cruz Ribeiro[1]*; Marco Antônio Lourenço Clementino de Oliveira[2]; Ana Vitória Coelho De Castro E Souza[2]; André Luís Xavier de Souza[2]; Stefhania Alzate Lozano; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[3]

[1]Universidade Federal do Amazonas. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [3]Universidade de Brasília. *elias.cruz9628@gmail.com

*Theobroma cacao* L. apresenta sementes recalcitrantes, que não toleram a dessecação e o armazenamento em baixas temperaturas, dificultando sua conservação pelos métodos convencionais empregados em bancos de sementes. Nesse contexto, a criopreservação constitui uma importante estratégia para a conservação de germoplasma da espécie em longo prazo. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito de diferentes tempos de pré-tratamento osmótico sobre a regeneração de embriões somáticos (ESs) de cacau submetidos à criopreservação por vitrificação em gota. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, avaliando-se três períodos de pré-tratamento osmótico: 24, 72 e 120 horas, em meio de Murashige e Skoog (MS) suplementado com 0,5 mol L-1 de sacarose, com três repetições de dez ESs por tratamento. Após os respectivos períodos de pré-tratamento, os ESs foram submetidos à criopreservação por vitrificação em gota e, posteriormente, cultivados para avaliação da regeneração. Os dados de natureza binária foram analisados por modelos lineares generalizados com distribuição binomial, utilizando-se a correção de viés de Firth e comparações múltiplas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Os resultados demonstraram que o tempo de pré-tratamento exerceu efeito significativo sobre a regeneração, com probabilidades médias estimadas de 1,6%, 8,1% e 37,1% para 24, 72 e 120 horas, respectivamente. O pré-tratamento por 120 h resultou em regeneração significativamente superior à observada nos demais períodos avaliados, indicando que o maior período de pré-tratamento osmótico favoreceu a regeneração dos ESs após a criopreservação. Conclui-se que, nas condições avaliadas, o pré-tratamento de 120 horas foi o mais eficiente para promover a regeneração de ESs de T. cacao após a criopreservação por vitrificação em gota.

**Palavras-chave:** Cacau; Vitrificação; Criogenia.

**Agradecimentos:** À CAPES, ao PPGBiotec/UFAM, ao MAPA e ao CNPq.

# RGV 259 - ESTABELECIMENTO DE PROTOCOLO PARA GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE PÓLEN DE *Theobroma cacao* L.

Marco Antônio Lourenço Clementino de Oliveira[1]*; Ana Vitória Coelho de Castro e Souza[1]; Inaê Mariê de Araujo Silva Cardoso[1]; Elias da Cruz Ribeiro[1]; André Luis Xavier de Souza[1]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[1]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Brasília-DF, Brasil. *marcoan903@gmail.com

A germinação *in vitro* do pólen é uma ferramenta importante para estudos de biologia reprodutiva, conservação de recursos genéticos e melhoramento do cacaueiro. Este estudo teve como objetivo estabelecer um protocolo para a germinação *in vitro* de pólen fresco de *Theobroma cacao* (acesso 755), comparando a eficiência de três meios de cultura: BM, baseado na formulação para Bromeliaceae; Brewbaker e Kwack (BK); e Soares (SM), que combina a composição mineral do BK com concentração intermediária de sacarose. Foram utilizadas flores recém-abertas, coletadas no dia da antese. As flores foram coletadas em cinco datas distintas, e o pólen distribuído sobre os meios e incubado por 48 h a 24 ± 2 °C. Para reduzir possíveis vieses de amostragem, três regiões de interesse foram selecionadas aleatoriamente antes das contagens dos grãos de pólen germinados e não germinados. As imagens foram analisadas no software Fiji/ImageJ. Foram analisadas 36 anteras contendo pelo menos 20 grãos classificáveis. Os dados foram analisados no ambiente R por meio de estatísticas descritivas e reamostragem bootstrap não paramétrica com 10.000 iterações. Verificou-se que as médias simples de germinação por antera foram de 18,9%, 23,4% e 36,0% para BM, BK e SM, respectivamente. Quando a germinação foi ponderada pelo número total de grãos avaliados, as estimativas corresponderam a 18,3%, 17,9% e 24,1%. As médias obtidas por bootstrap foram de 18,5% para BM, 18,2% para BK e 25,4% para SM. Embora os intervalos de confiança de 95% tenham apresentado ampla sobreposição, SM apresentou maior estimativa de germinação que BM e BK em 80,9% e 78,9% das reamostragens, respectivamente. Como análise complementar, avaliou-se a única data em que os três meios foram avaliados simultaneamente (17/06/2026), com o objetivo de reduzir a influência temporal entre coletas. Nessa coleta, a germinação foi de 18,3% para BM, 26,1% para BK e 51,7% para SM. Essa análise foi considerada descritiva, sendo o conjunto completo de anteras e bootstrap utilizados como referência para a interpretação geral dos resultados. Em conjunto, os resultados indicam uma tendência consistente de maior eficiência do meio SM para a germinação *in vitro* do pólen de *T. cacao*, constituindo uma alternativa promissora para o estabelecimento de protocolos aplicáveis a estudos de biologia reprodutiva, conservação de recursos genéticos e criopreservação da espécie.

**Palavras-chave:** cacaueiro; germinação polínica; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** Ministério da Agricultura e Pecuária; CNPq.

# RGV 260 - EFEITO DE DIFERENTES CONCENTRAÇÕES E FREQUÊNCIAS DE APLICAÇÃO DE BIOFERTILIZANTE NO DESENVOLVIMENTO DE MUDAS DE ERVA-MATE

Gabriela Woiczack de Arruda[1]*; Roque Junior Sartori Bellinaso[1]; Isabele Schadek[1]; Fernanda Wilkens[1]; Loisiana Feuser[1]; Michelle Loss[1]; Vitória Paz Brasil[1]; Alberto Fontanella Brighenti[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *gabi.arruda2002@hotmail.com

A erva-mate (*Ilex paraguariensis*) é uma espécie nativa da América do Sul de importância econômica, cultural e ambiental, cuja conservação e utilização sustentável dependem da produção de mudas de qualidade. Nesse contexto, o uso de biofertilizantes pode contribuir para o desenvolvimento inicial das plantas e para a obtenção de mudas mais vigorosas. Objetivou-se avaliar o efeito de diferentes concentrações e frequências de aplicação do biofertilizante Coin Max sobre o desenvolvimento inicial de mudas de erva-mate. O experimento foi conduzido no Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Santa Catarina, em delineamento inteiramente casualizado, com quatro tratamentos: testemunha (sem aplicação); Coin Max a 5 mL $L^{-1}$, aplicado semanalmente; 8 mL $L^{-1}$, a cada 15 dias; e 12 mL $L^{-1}$, a cada 45 dias. Foram avaliadas características de crescimento e qualidade das mudas, incluindo altura, área foliar individual, massa seca total e Índice de Qualidade de Dickson (IQD). Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e as médias comparadas pelo teste de Tukey (5%). A aplicação de Coin Max promoveu respostas positivas em características de crescimento e qualidade das mudas. A altura foi superior no tratamento 5 mL $L^{-1}$/7 dias (38,64 cm) em relação à testemunha (27,11 cm). A área foliar individual foi maior nos tratamentos 5 mL $L^{-1}$/7 dias (27,15 $cm^2$) e 12 mL $L^{-1}$/45 dias (26,26 $cm^2$), em relação à testemunha (19,63 $cm^2$). O tratamento 8 mL $L^{-1}$/15 dias destacou-se pelo maior acúmulo de biomassa, apresentando massa seca total de 10,92 g, frente a 6,27 g na testemunha, e pelo maior IQD (0,5947), comparado a 0,3289 na testemunha. Os resultados indicam que o uso de Coin Max pode favorecer o vigor e a qualidade de mudas de erva-mate, com destaque para a aplicação de 8 mL $L^{-1}$ a cada 15 dias para o acúmulo de biomassa e qualidade das mudas. O estudo contribui para o aprimoramento de estratégias de propagação de uma espécie nativa de relevância para os recursos genéticos vegetais.

**Palavras-chave:** *Ilex paraguariensis*; biofertilizante; propagação vegetal.

# RGV 261 - DINÂMICA DE MULTIPLICAÇÃO *IN VITRO* DE *Dendrocalamus latiflorus* Munro AO LONGO DE SUBCULTIVOS SUCESSIVOS

Anna Clara A. de Oliveira[1]; Vanessa Aragão Shany[1]; Danyele Silva Durães Pacheco[2]; André Luís Xavier de Souza[3]; Jonny E. Scherwinski-Pereira[3]

[1]Centro Universitário de Brasília - UDF. [2]Universidade de Brasília - UnB. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *annaclaraalves1905@gmail.com

O *Dendrocalamus latiflorus* Munro é uma espécie de bambu com relevância econômica e diferentes usos, incluindo a produção de brotos comestíveis. A multiplicação de materiais selecionados é importante para o aproveitamento de recursos genéticos de interesse e a produção de mudas para cultivos comerciais. Embora a espécie possa ser propagada por métodos convencionais, como estaquia e divisão de touceiras, essas técnicas apresentam limitações para a produção em larga escala, como a elevada demanda de mão de obra e espaço físico e baixa capacidade de multiplicação e sobrevivência. Nesse contexto, a cultura de tecidos constitui uma alternativa para a multiplicação rápida e em larga escala de materiais selecionados. O objetivo foi avaliar a dinâmica de multiplicação *in vitro* de *D. latiflorus* ao longo de subcultivos sucessivos. O experimento foi iniciado com 10 frascos, considerados unidades experimentais, cada um contendo, em média, três clusters, constituídos por pelo menos uma gema ativa e estruturas caulinares viáveis. Os explantes foram cultivados em meio de MS líquido suplementado com 1,5 mg $L^{-1}$ de metatopolina (mT), para estimular a formação e o desenvolvimento de novas brotações. Foram realizados seis subcultivos sucessivos, em intervalos de 45 dias, pela divisão dos *clusters*, mantendo-se em cada unidade de cultivo, em média, três *clusters*, cada um com pelo menos uma gema ativa e estruturas caulinares viáveis. Após a divisão, os *clusters* foram inoculados em frascos contendo 70 mL de meio de cultura, sendo cada novo frasco contabilizado como uma unidade de cultivo produzida. Ao final de cada ciclo, foi registrado o número de unidades produzidas. Os dados foram submetidos à análise de regressão não linear para caracterizar a multiplicação. Verificou-se aumento progressivo no número de unidades de cultivo, passando de 10 iniciais para 31, 77, 204, 326, 445 e 656 unidades aos 45, 90, 135, 180, 225 e 270 dias de cultivo, respectivamente. Ao final, foram obtidos, em média, 65,6 unidades de cultivo por frasco inicial, com produção final variando de 29 a 144 unidades. Os resultados demonstram a multiplicação progressiva de *D. latiflorus* ao longo de subcultivos sucessivos, com aumento expressivo no número de unidades de cultivo a partir de uma quantidade reduzida de material inicial, evidenciando a aplicabilidade do sistema à produção clonal de mudas de interesse para cultivos comerciais.

**Palavras-chave:** bambu; propagação clonal; micropropagação.

**Agradecimentos:** FAPDF; Centro Universitário de Brasília - UDF; Universidade de Brasília - UnB; Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

# RGV 262 - QUALIDADE TECNOLÓGICA DE MERLOT KHORUS® E MERLOT EM VITICULTURA DE ALTITUDE

Gabriela Woiczack de Arruda[1]*; Roque Junior Sartori Bellinaso[1]; Loisiana Feuser[1]; Keila Aloy[1]; Michelle Loss[1]; Mariana Godoy[1]; Alberto Fontanella Brighenti[1]

[1] Universidade Federal de Santa Catarina. *gabi.arruda2002@hotmail.com

A crescente demanda por sistemas vitícolas mais sustentáveis tem impulsionado o interesse por cultivares PIWI (*Pilzwiderstandsfähige*), desenvolvidas para combinar resistência a doenças fúngicas com características agronômicas e tecnológicas adequadas à elaboração de vinhos. Entretanto, seu desempenho deve ser avaliado nas condições edafoclimáticas de cada região produtora. O presente trabalho teve como objetivo comparar a qualidade tecnológica e características produtivas das cultivares Merlot Khorus® e Merlot cultivadas em condições de viticultura de altitude no município de Rancho Queimado (SC) (27°42'41.48"S, 49°01'07.20"O, altitude de 900 m), durante a safra 2025/2026. O vinhedo foi implantado em 2023, conduzido em espaldeira e submetido ao mesmo manejo para ambas as cultivares. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com cinco repetições de oito plantas por cultivar. Foram avaliados sólidos solúveis (°Brix), pH, acidez titulável (mEq $L^{-1}$), peso médio dos cachos (g) e número de bagas por cacho. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas a 5% de significância. A Merlot Khorus® apresentou maior valor médio de sólidos solúveis (20,6 °Brix) em relação à Merlot (19,0 °Brix), sem diferença estatística significativa. O pH foi significativamente inferior na Merlot Khorus® (3,15) em comparação à Merlot (3,27), enquanto a acidez titulável não diferiu entre as cultivares (124,5 e 129,0 mEq $L^{-1}$, respectivamente). O peso médio dos cachos foi significativamente maior na Merlot (139,1 g) em relação à Merlot Khorus® (74,5 g), enquanto o número de bagas por cacho não diferiu entre as cultivares, com médias de 77,0 e 73,2 bagas, respectivamente. Os resultados indicam que a Merlot Khorus® apresenta características tecnológicas favoráveis à produção de uvas destinadas à elaboração de vinhos em condições de viticultura de altitude, destacando-se pelo menor pH e pelo maior valor médio de sólidos solúveis, embora sem diferença estatística significativa para esta variável. A cultivar apresenta potencial para diversificação dos vinhedos da Serra Catarinense e ressalta a importância da avaliação regional de materiais PIWI como alternativa para sistemas vitícolas mais sustentáveis.

**Palavras-chave:** *Vitis vinifera* L.; variedades PIWI; maturação tecnológica.

# RGV 263 - ESTIMATIVA DO POTENCIAL DE PRODUÇÃO CLONAL DE *Piper aduncum* L. VIA EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA

Natália Barros de Souza[1]*; Rennan Oliveira Meira[2]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[3]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *nataliadrive980@gmail.com

A embriogênese somática representa uma importante ferramenta para a propagação clonal de espécies vegetais, permitindo a produção de elevado número de plantas a partir de pequena quantidade de material vegetal e reduzido espaço físico. Entretanto, a quantificação do potencial regenerativo dessa técnica é fundamental para subsidiar programas de multiplicação e conservação de recursos genéticos. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi estimar o potencial de regeneração de plantas de *Piper aduncum* via embriogênese somática, considerando a eficiência observada nas diferentes etapas do processo. Foram utilizados dados obtidos a partir da embriogênese somática de *P. aduncum*, considerando-se 50 explantes foliares iniciais, distribuídos em 10 repetições de cinco explantes cada. Para estimar o potencial de produção de plantas, foram consideradas sequencialmente as porcentagens de formação de calos embriogênicos e de calos produtores de embriões somáticos (ESs), o número médio de ESs por calo e a porcentagem de conversão dos ESs em plantas completas. A partir dos 50 explantes iniciais, aproximadamente 70% originaram calos embriogênicos, correspondendo a cerca de 35 calos. Destes, 28,6% produziram ESs, correspondendo a aproximadamente 10 calos responsivos. Considerando a produção média de 17 ± 2,7 ESs por calo, estimou-se a produção de aproximadamente 170 ESs, dos quais 60% converteram-se em plantas completas, resultando em uma quantidade estimada de 102 plantas regeneradas ao final de um ciclo. Os resultados evidenciam o potencial regenerativo de *P. aduncum* via embriogênese somática e permitem dimensionar a produção de plantas a partir da eficiência observada nas diferentes etapas do processo. A estimativa obtida demonstra que, mesmo diante das perdas ao longo do processo, um número reduzido de explantes iniciais pode resultar em expressiva produção de plantas, destacando a aplicabilidade da técnica para a multiplicação clonal e conservação de germoplasma da espécie. Além disso, a análise sequencial das etapas permite identificar pontos de maior redução da eficiência e direcionar futuros ajustes no protocolo de regeneração.

**Palavras-chave**: Piperaceae; propagação clonal; conservação de germoplasma.

**Agradecimentos**: Ministério do Desenvolvimento Agrário e Agricultura Familiar - MDA; CNPq.

# RGV 264 - EFEITO COMPARATIVO DA CONCENTRAÇÃO DE SAIS DO MEIO E DO TEMPO DE CULTIVO NA MULTIPLICAÇÃO CLONAL DE *Piper aduncum* L.

Natália Barros de Souza[1]*; Isabella Mel de Oliveira Lima[2]; Rennan Oliveira Meira[3]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[3*]

[1]Universidade de Brasília. [2]Instituto Federal de Brasília. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *nataliadrive980@gmail.com

A micropropagação é uma ferramenta estratégica para a conservação e o uso sustentável de recursos genéticos vegetais, permitindo a produção rápida de mudas uniformes e de alta qualidade. Nesse contexto, a otimização da concentração de sais do meio de cultura pode aumentar a eficiência da multiplicação *in vitro*, reduzir custos de produção, além de evitar problemas fisiológicos durante o processo. Este trabalho objetivou avaliar o efeito de diferentes concentrações dos sais do meio Murashige e Skoog (MS) sobre o desenvolvimento *in vitro* de microestacas de *Piper aduncum* L., visando identificar a condição mais eficiente para a multiplicação da espécie. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 4 x 4, com quatro concentrações de sais do meio MS (100, 75, 50 e 25%) e quatro épocas de avaliação (15, 30, 45 e 60 dias após a inoculação), utilizando cinco repetições por tratamento, com dez microestacas em cada repetição. Foram avaliados o número de gemas laterais, o número de brotos por explante e a altura das plantas. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p \leq 0,05$). O número de brotos por explante apresentou baixa variação entre os tratamentos, permanecendo entre 1,00 e 1,17 durante todo o período experimental. A redução da concentração de sais do meio MS favoreceu o desenvolvimento das microestacas de *P. aduncum* ao longo do período de cultivo. Aos 15 dias, as concentrações avaliadas apresentaram comportamento semelhante para número de gemas laterais e a altura das plantas. A partir dos 30 dias, observou-se incremento progressivo dessas variáveis nos tratamentos com redução da concentração de sais, em comparação ao meio MS integral. Aos 60 dias, o meio contendo 75% dos sais do MS proporcionou o maior número médio de gemas laterais (5,7 ± 1,3) e a maior altura das plantas (7,7 ± 2,9 cm), seguido pelos tratamentos com 50% (5,1 ± 1,7 gemas e 6,5 ± 2,5 cm) e 25% dos sais (4,5 ± 0,8 gemas e 5,8 ± 2,2 cm). O meio MS integral apresentou os menores valores para ambas as variáveis aos 60 dias, atingindo apenas 4,2 ± 2,7 gemas e 4,7 ± 3,4 cm aos 60 dias. Além disso, a sobrevivência e o enraizamento foram superiores nos meios com redução da concentração de sais, alcançando valores próximos de 100%. O incremento observado entre 45 e 60 dias, especialmente na formação de gemas laterais e no crescimento em altura, demonstra que o desenvolvimento das microestacas permaneceu ativo até o final das avaliações, sem evidências de estabilização do crescimento. Entre as concentrações avaliadas, o meio contendo 75% dos sais do MS apresentou o melhor desempenho geral, proporcionando maior formação de gemas laterais e crescimento das plantas aos 60 dias. Esses resultados indicam que a redução da concentração de sais do meio MS pode favorecer o desenvolvimento *in vitro* de *P. aduncum*, contribuindo para o aprimoramento do protocolo de micropropagação da espécie.

**Palavras-chave**: Piperaceae; micropropagação; recursos genéticos vegetais.

**Agradecimentos**: Ministério do Desenvolvimento Agrário e Agricultura Familiar - MDA; CNPq.

# RGV 265 - ESTABELECIMENTO *IN VITRO* DE *Parablechnum cordatum* (BLECHNACEAE): DESINFESTAÇÃO E CONTROLE DE CONTAMINAÇÃO

Iasmin Tassi Grott[1]*; Catiuscia Marcon[1]; Juliana Silva[1]; Fernanda Gorges[1]; André Luís de Gasper[1]; Ricardo Bittencourt[1]

[1]Universidade Regional de Blumenau. *igrott@furb.br

O cultivo *in vitro* de espécies nativas da Mata Atlântica, como *Parablechnum cordatum* (Desv.) Gasper & Salino, é uma importante estratégia para a conservação *ex situ* de recursos genéticos. O seu sucesso depende da eficiência no controle de contaminação, sem prejuízos ao desenvolvimento da planta. O objetivo foi avaliar estratégias de desinfestação dos esporos e controle de contaminantes no estabelecimento *in vitro* de *P. cordatum*. Esporos coletados em Ibirama/SC foram submetidos a seis tratamentos, acrescidos de Tween® 20: T0 (água, sem antimicrobiano); T1 e T2 (hipoclorito de sódio [NaClO] 2%, por 15 e 20 min, respectivamente, + nistatina 50.000 U $L^{-1}$ no meio); T3 e T4 (NaClO 2%, por 15 e 20 min, respectivamente, + *Plant Preservative Mixture* [PPM] 0,1% no meio); e T5 (água + PPM 0,1% no meio). Os esporos foram inoculados (10 mg/frasco) em 30 ml de meio Meyer líquido (pH 5,7) e cultivados a 25 °C e fotoperíodo de 12 h de luz, totalizando 30 frascos. A viabilidade de 500 esporos por tratamento foi avaliada (inviável: rompido ou translúcido). O desenvolvimento ontogenético inicial foi avaliado aos 60 dias de cultivo, mediante a classificação de 500 indivíduos por tratamento, nos estádios não germinado, com clorócito e rizoide, filamentar, laminar e cordiforme. A germinação foi expressa como a porcentagem de indivíduos que se encontravam em estádio gametofítico. Os dados foram submetidos à ANOVA ($p<0,05$), após testes de Shapiro-Wilk e Levene, e, quando necessário, à regressão Quasi-Poisson, com comparação de médias por Duncan ou Tukey. A viabilidade foi de 93% em T0 e T5, 77% em T1/T3 e 74% em T2/T4. Aos 60 dias, T1 apresentou a maior germinação (41%), diferindo dos demais tratamentos ($p<0,001$); T0 e T2 apresentaram 24% e 23%, respectivamente, enquanto T3-T5 permaneceram abaixo de 9%. T1 apresentou a maior proporção de gametófitos laminares (28%), significativamente superior aos demais, seguido por T2 (14%), T0 (11%) e T5 (2,8%), enquanto T3 e T4 permaneceram abaixo de 1%. O estádio cordiforme ocorreu em T1 (6%), T2 (5%) e T0 (<1%), com T1 e T2 superiores ($p<0,001$). Contaminações por algas e fungos ocorreram em T0 e T5, enquanto T1, T3 e T4 permaneceram assépticos; em T2, apenas um frasco apresentou contaminação. Os tratamentos com PPM apresentaram baixo desenvolvimento ontogenético, indicando efeito inibitório. Conclui-se que T1 (NaClO 15 min + nistatina) gerou o melhor equilíbrio entre controle da contaminação, germinação e desenvolvimento, sendo promissor para o estabelecimento *in vitro* de *P. cordatum*.

**Palavras-chave:** Biocida; conservação *ex situ*; samambaias.

**Agradecimentos:** CNPq (Edital Nº 69/2022); FAPESC (Edital CP n° 25/2025; Edital Nº 21/2024; Edital CP Nº 65/2024).

# RGV 267 - CAPACITAÇÃO TÉCNICA A PARTIR DO USO DA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA DE PLANTAS AROMÁTICAS

Eliane Gomes Fabri[1]*; Lilian Cristina Anefalos[1]; Margarida Fumiko Ito[1]; Nilson Borlina Maia[2]; Carmen Lucia Queiroga[3]

[1]Instituto Agronômico - IAC, Campinas-SP; [2]Grupo Santa Clara; [3]CPQBA-Unicamp.
*eliane.fabri@sp.gov.br

A cadeia produtiva de óleos essenciais no Brasil tem crescido de forma contínua e se consolidado como alternativa para a diversificação agrícola, a agregação de valor e o desenvolvimento sustentável. Esse crescimento está relacionado ao aumento da demanda por produtos naturais destinados ao consumo humano, presentes em alimentos, cosméticos, nutracêuticos, medicamentos e bebidas, bem como à produção de bioinsumos para os setores agrícola, pecuário, pesqueiro e de pequenos animais. Desde 1930, o Instituto Agronômico (IAC) mantém uma coleção de germoplasma de plantas aromáticas e desempenha papel estratégico no desenvolvimento da cadeia produtiva dessas plantas, na produção de óleos essenciais e de insumos naturais no Brasil. Sua atuação envolve o desenvolvimento de tecnologias de destilação, o melhoramento genético de espécies aromáticas e a prospecção de compostos bioativos de interesse agrícola e industrial. Entre os resultados de destaque, a cultivar de menta IAC-701 contribuiu para posicionar o Brasil entre os principais produtores mundiais de mentol natural na década de 1970. Atualmente, sua coleção de germoplasma reúne mais de 150 espécies catalogadas. A transferência de conhecimento ocorre principalmente por meio de cursos de capacitação técnica, iniciados em 2018, e de parcerias público-privadas no desenvolvimento de projetos. Este trabalho tem como objetivo apresentar a abrangência da transferência de ciência e tecnologia no território nacional, com base no uso da coleção de germoplasma de plantas aromáticas nos cursos de capacitação técnica. No período avaliado, foram realizadas 15 edições, com um total de 2.541 participantes distribuídos pelas cinco regiões brasileiras: Sudeste (81,7%), Sul (8,03%), Centro-Oeste (2,16%), Nordeste (6,69%) e Norte (1,42%). A partir dessas capacitações o IAC desenvolveu a transferência tecnológica de espécies aromáticas com perfil químico identificado, para mais de 20 projetos de pesquisa de avaliação da adaptabilidade de espécies aromáticas em diferentes condições edafoclimáticas, sistemas de produção e destilação de óleos essenciais no território nacional, por meio de parcerias público-privadas. Os participantes pertencem a diferentes segmentos, incluindo produtores, aromaterapeutas, fitoterapeutas, médicos, farmacêuticos, químicos, pesquisadores, técnicos de Secretarias de Agricultura e Abastecimento, profissionais de empresas privadas e estudantes de cursos técnicos, de graduação e de pós-graduação em diversas áreas do conhecimento. Através dos resultados obtidos concluímos que o IAC vem cumprindo sua missão institucional de gerar e transferir ciência, tecnologia e produtos. Promovendo por meio da pesquisa, a formação de recursos humanos.

**Palavras-chave:** Cadeia produtiva, óleos essenciais, plantas aromáticas.

**Agradecimentos:** À FUNDAG.

# RGV 269 - ECOFISIOLOGIA DO CAFEEIRO (*Coffea arabica* L.) NAS CONDIÇÕES EDAFOCLIMÁTICAS DE SANTA CATARINA

Maria Luiza Dalsenter Souza[1]*; Michelle B. T. Loss[1]; Loisiana F. dos Santos[1]; Gabriela W. de Arruda[1]; Isabele R. Schadek[1]; Mariana N. M. Godoy[2]; Pierre M. B. Boisson[2]; Roque J. S. Bellinaso[2]; Aparecido L. da Silva[2]; Alberto F. Brighenti[2]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina.[2]Universidade Federal de Santa Catarina. *mrluiza_dalsenter@hotmail.com

As condições edafoclimáticas influenciam o crescimento e o desempenho fisiológico do cafeeiro, podendo determinar diferentes respostas da cultura ao ambiente de cultivo. A caracterização conjunta de atributos vegetativos e fisiológicos permite compreender o desenvolvimento das plantas e suas respostas às condições locais, contribuindo para o acompanhamento do desempenho da cultura. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar o crescimento vegetativo e as respostas ecofisiológicas de cafeeiros (*Coffea arabica* L.) da cultivar Arara. As avaliações foram realizadas em um cafezal localizado no município de Nova Trento, Santa Catarina. Com relação ao crescimento vegetativo, foram avaliadas a altura da planta, o diâmetro e a área de projeção da copa, o diâmetro do caule e o número de ramos. Para a caracterização ecofisiológica, foram avaliadas a taxa fotossintética líquida, a condutância estomática, a taxa de transpiração e a concentração interna de $CO_2$. Também foi determinado o índice SPAD, como indicador indireto do teor de clorofila. As plantas apresentaram altura média de 1,35 m, diâmetro médio da copa de 1,35 m e área média de projeção de 1,43 $m^2$. O diâmetro médio do caule foi de 3,51 cm, com média de 19 ramos plagiotrópicos primários, 2 secundários e 33 ramos totais. Quanto às características ecofisiológicas, a taxa fotossintética líquida média foi de 10,27 µmol $CO_2$ $m^{-2}$ $s^{-1}$, a condutância estomática de 0,226 mol $H_2O$ $m^{-2}$ $s^{-1}$, a taxa de transpiração de 2,80 mmol $H_2O$ $m^{-2}$ $s^{-1}$ e a concentração interna de $CO_2$ de 297,8 µmol $mol^{-1}$. O índice SPAD apresentou média de 49,28. O conjunto das características avaliadas evidencia o desenvolvimento vegetativo das plantas, enquanto os valores de trocas gasosas indicam atividade fotossintética e funcionamento estomático compatíveis com cafeeiros cultivados em condições de campo. O índice SPAD apresentou valores compatíveis com a atividade fotossintética observada, indicando adequada atividade fisiológica das folhas avaliadas. Dessa forma, os resultados caracterizam o crescimento e o comportamento ecofisiológico da cultivar Arara sob as condições edafoclimáticas de Nova Trento, constituindo uma base para o acompanhamento do desenvolvimento e desempenho das plantas ao longo do ciclo de cultivo e para futuras avaliações de sua resposta às condições ambientais locais.

**Palavras-chave:** trocas gasosas; crescimento vegetativo; índice SPAD.

**Agradecimentos:** UFSC, PPGRGV e CAPES.

# RGV 271 - ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MILHO COM GRÃOS DO TIPO PIPOCA ORIGINÁRIOS DA REGIÃO SUL DO BRASIL

Flavia França Teixeira[1]*; Elena Charlotte Landau[1]; Fernanda Gabriela Silva Guimarães[2]

[1]Embrapa Milho e Sorgo. [2]Universidade Federal de São João del Rey.
*flavia.teixeira@embrapa.br

O Banco Ativo de Germoplasma de Milho (BAG Milho) preservado na Embrapa Milho e Sorgo, abrange cerca de 4.000 acessos, os quais podem ser agrupados quanto ao tipo de grão. Atualmente, esses acessos vêm sendo pouco utilizados em programas de melhoramento, logo, a agregação de valor a essa coleção pode ampliar seu uso. O cultivo do milho pipoca vem crescendo no Brasil, apresentando uma expectativa de retorno sobre o investimento superior à do milho comum. O objetivo deste trabalho foi apresentar e avaliar os acessos de milho pipoca do BAG Milho originários da região Sul do Brasil. Os acessos foram selecionados por meio da análise dos dados de passaporte disponíveis na Plataforma Alelo e de dados de caracterização obtidos em lotes de multiplicação. Com base nas variáveis de caracterização, foram obtidas médias, distribuições de frequência e dendrograma, visando avaliar a variabilidade presente nesse grupo de acessos. Foram identificados 242 acessos com grãos do tipo pipoca no BAG Milho, dos quais 33 são originários da região Sul. Ao comparar as médias desse subgrupo com as médias gerais de todos os acessos de milho pipoca da coleção, observou-se que, em geral, os acessos do Sul apresentaram maiores alturas de planta e de espiga e maior diâmetro do colmo, além de menores comprimento de espiga, diâmetro do sabugo, peso de grãos por espiga e peso de mil grãos. Os gráficos de distribuição de frequência mostraram que os dados desse subgrupo se dispersaram em um intervalo menor em comparação à totalidade dos acessos de milho pipoca, indicando baixa variabilidade entre seus representantes. No dendrograma, verificou-se a formação de quatro grupos, denominados de G1 a G4. O grupo G1, foi constituído por muitos acessos, que em sua maioria apresentam grãos com coloração variada e presença frequente de grãos brancos como cor secundária. O G2 foi formado por acessos que têm em comum menores pesos de mil grãos. O G3, constituído por um único acesso, apresentou arranjo de grãos na espiga do tipo entrelaçado e elevados pesos de espiga e de grãos por espiga. Já o grupo G4 caracterizou-se por apresentar, em geral, maior número de grãos por fileira em relação aos demais. Concluiu-se que o grupo de acessos com grãos do tipo pipoca do BAG Milho coletados na região Sul do Brasil, apesar de seu valor intrínseco, apresenta baixa variabilidade entre si, o que sugere a necessidade de ações que visem à ampliação da variabilidade genética desse grupo, tais como novas expedições de coleta e intercâmbio de germoplasma com outras instituições.

**Palavras-chave:** milhos especiais; diversidade genética.

**Agradecimentos:** Embrapa Milho e Sorgo, Global Crop Diversity Trust.

# RGV 272 - ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE MILHO ORIGINÁRIOS DA CAATINGA MINEIRA

Flavia França Teixeira[1]*, Elena Charlotte Landau[1], Yuri Barbosa Ireno[2]

[1]Embrapa Milho e Sorgo. [2]Universidade Federal de São João del Rey
*flavia.teixeira@embrapa.br

O Banco Ativo de Germoplasma de Milho (BAG Milho), preservado na Embrapa Milho e Sorgo, abrange mais de 4.000 acessos. Os dados de passaporte desses acessos, disponíveis na Plataforma Alelo, incluem informações sobre os locais de coleta. O estado de Minas Gerais (MG) apresenta grande diversidade ambiental, uma vez que em seu território estão presentes três biomas: Cerrado, Mata Atlântica e Caatinga. Além da variabilidade climática, MG apresenta grande diversidade cultural e agrícola; o milho é cultivado em todo o estado e apresenta diversas formas de uso, exercendo grande importância econômica e social para todas as regiões mineiras. O objetivo deste trabalho foi apresentar e avaliar os acessos do BAG Milho originários de municípios de MG onde o bioma predominante é a Caatinga. Os acessos foram selecionados por meio da análise dos dados de passaporte. Os dados de caracterização foram obtidos em lotes de multiplicação. Com base nesses dados de caracterização, foram obtidas médias, distribuições de frequência e um dendrograma. Os resultados mostraram que existem 208 acessos no BAG Milho originários de MG, dos quais apenas 16 foram coletados em municípios onde predomina a Caatinga. A comparação das médias dos dados de caracterização dos acessos em estudo com as dos demais coletados em MG indicou que, em geral, os acessos da Caatinga apresentaram menores números de dias para florescimentos masculino e feminino e alturas de plantas e de espigas, além de maiores pesos médios de espigas e de grãos por espigas. Observou-se uma desuniformidade na distribuição dos acessos coletados no estado, especialmente nas regiões onde predomina a Caatinga. Em comparação com os demais acessos coletados em MG, o baixo número de amostras provenientes da Caatinga resultou em faixas estreitas de dispersão dos valores para os dados de caracterização. No dendrograma, foram formados três grupos, denominados de G1 a G3. O G1 foi formado por acessos coletados em Itacarambi ou Januária com grãos predominantemente amarelos e dentados, sendo que alguns componentes apresentaram baixos pesos médios de espigas e de grãos por espiga. O G2 reuniu acessos de Januária com grãos predominantemente laranjas dos tipos semiduro ou semidentado e elevado peso de mil grãos. O G3 apresentou o maior número de componentes, caracterizados por grãos predominantemente do tipo duro ou pipoca e amarelos, elevada altura de plantas e espigas longas. Concluiu-se que os acessos originários da Caatinga mineira, apesar de em menor número, apresentaram atributos favoráveis, o que sugere potencial uso como genitores em programas regionais de pré-melhoramento. Portanto, são necessárias ações de coleta que visem ampliar a representatividade da Caatinga mineira no BAG Milho.

**Palavras-chave:** *Zea mays*; Semiárido mineiro; Diversidade genética.

**Agradecimentos:** Embrapa Milho e Sorgo, Global Crop Diversity Trust.

# RGV 274 - PARÂMETROS GENÉTICOS PARA RENDIMENTO DE PALMITO EM PROGÊNIES DE PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA [*Archontophoenix alexandrae* (F.Muell.) H.Wendl. & Drude]

Keny Henrique Mariguele[1]*

[1]Epagri/Estação Experimental de Itajaí. *kenymariguele@epagri.sc.gov.br

A palmeira-real-australiana, em Santa Catarina, é uma alternativa à palmeira juçara (*Euterpe edulis Mart.*) para a produção de palmito. No entanto, o sucesso de programas de melhoramento genético para a espécie depende do conhecimento da variabilidade genética e da herdabilidade dos caracteres de interesse. Objetivou-se estimar os componentes de variância e os parâmetros genéticos para características morfológicas e de rendimento de palmito em 81 progênies de meios-irmãos de palmeira-real-australiana, visando subsidiar estratégias de seleção. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos completos casualizados, com 6 repetições e cinco planta por parcela. Foram avaliadas as variáveis: altura da planta (ALT), diâmetro da planta (DP) e os rendimentos de palmito Basal, Apical e Total (Basal + Apical). As análises foram realizadas considerando modelo misto, com progênie como efeito aleatório, e os componentes de variância estimados pelo método REML. A ANOVA revelou diferenças altamente significativas ($p<0,001$) entre progênies para todas as características, indicando ampla variabilidade genética. Os componentes de variância mostraram que a variância genética foi substancial para todas as variáveis, apesar da variância residual ter sido predominante. As herdabilidades da média de progênies foram elevadas, variando de 0,53 (Basal) a 0,63 (ALT), indicando bom controle genético e possibilidade de ganhos com a seleção entre progênies. As acurácias seletivas ($A_s$) foram superiores a 0,72 para todos os caracteres, sugerindo alta confiabilidade na predição de valores genéticos. Os coeficientes de variação genética foram moderados (3,84% a 11,50%), enquanto os residuais foram mais expressivos (18,20% a 49,85%), resultando em razões CVg/CVe baixas (0,20 a 0,24), o que aponta maior influência ambiental sobre a expressão fenotípica. Conclui-se que há variabilidade genética favorável para todas as características avaliadas, com destaque para a altura da planta e rendimento total de palmito, que apresentaram os maiores valores de herdabilidade e acurácia. Esses parâmetros indicam que a seleção entre progênies pode ser eficiente para o melhoramento da palmeira-real-australiana.

**Palavras-chave:** Componentes de variância; Herdabilidade; Acurácia seletiva.

**Agradecimentos:** Apoio FAPESC Chamada Pública 44/2025.

# RGV 275 - ASSOCIAÇÃO DOS COMPONENTES DE PRODUÇÃO COMO DETERMINANTES DO RENDIMENTO TOTAL DE PALMITO EM PALMEIRA-REAL-AUSTRALIANA [*Archontophoenix alexandrae* (F.Muell.) H.Wendl. & Drude]

Keny Henrique Mariguele[1]*

[1]Epagri/Estação Experimental de Itajaí. *kenymariguele@epagri.sc.gov.br

A complexidade agronômica do rendimento do palmito, determinada por múltiplos atributos morfológicos inter-relacionados, exige o uso estratégico dos Recursos Genéticos Vegetais como fonte essencial de variabilidade para programas de melhoramento e seleção. Este estudo objetivou desvendar as relações causais entre quatro variáveis preditoras - altura da planta (Alt), diâmetro da planta (DP), rendimento basal (Basal) e rendimento apical (Apical) - e a variável dependente rendimento total (Total), utilizando a matriz de correlação de Pearson e a análise de trilha. Os resultados revelaram coeficientes positivos e altamente significativos ($p < 0,001$) entre todas as variáveis, com destaque para Basal e Total ($r = 0,9411$) e Apical e Total ($r = 0,9490$). As elevadas correlações entre as preditoras, como Alt e Basal ($r = 0,9412$) e DP e Basal ($r = 0,8818$), evidenciaram multicolinearidade, justificando a análise de trilha para decompor efeitos diretos e indiretos. O modelo apresentou excelente ajuste, com $R^2 = 0,9048$ e $R^2$ ajustado = 0,8998, explicando cerca de 90% da variação no rendimento total. O efeito residual de 0,3083 indica baixa influência de fatores externos não considerados. A decomposição dos efeitos revelou que Apical teve o maior efeito direto (0,4008), seguido por Basal (0,3570), Alt (0,3201) e DP (0,2392). Quanto aos efeitos indiretos totais, DP destacou-se com o maior valor (0,6427), mediado principalmente pelas vias Basal (0,2183) e Apical (0,2234). Alt apresentou efeito indireto total de 0,5826, enquanto Basal e Apical exibiram 0,5841 e 0,5482, respectivamente. A via cruzada entre Basal e Apical (0,2330 e 0,2210) indica interdependência morfofisiológica entre esses componentes. Os efeitos totais reproduziram as correlações originais (0,9027 para Alt, 0,8819 para DP, 0,9411 para Basal e 0,9490 para Apical), confirmando a adequação do modelo. Conclui-se que, embora Alt e DP sejam preditores indiretos relevantes, são os rendimentos basal e apical que exercem os efeitos diretos mais expressivos sobre a produtividade total. Assim, estratégias de melhoramento e manejo devem focar no incremento equilibrado de ambos os componentes, considerando o papel mediador do diâmetro da planta.

**Palavras-chave:** Valores genotípicos; Correlação de Pearson; Análise de Trilha.

**Agradecimentos:** Apoio FAPESC Chamada Pública 44/2025.

# RGV 276 - RESPOSTA DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE *in vitro* AO USO DE DIFERENTES ESPECTROS LUMINOSOS PARA FINS DE CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA

Eduardo Aragão Telmo de Carvalho[1]*; Milena dos Santos Lerin[1]; Milene Machado[1]; Roger Raupp Cipriano[1]; Alessandra Ferreira Ribas[1]

[1]Universidade Federal do Paraná. *eduardo.aragao@ufpr.br

A batata-doce (*Ipomoea batatas* [L.] Lam.) é uma cultura de importância global, especialmente na agricultura familiar, devido ao seu valor nutricional e rusticidade. Com a perda de biodiversidade ocasionada pelas mudanças climáticas, é necessária a conservação dos recursos genéticos. Atualmente, a Fazenda Experimental Canguiri, da Universidade Federal do Paraná, abriga um crescente banco de germoplasma de variedades crioulas de batata-doce. Propõe-se que o crescimento das plantas *in vitro* de genótipos da coleção seja avaliado sobre diferentes espectros luminosos, para futura criação de banco de germoplasma *in vitro*. Conduziu-se um experimento em esquema fatorial em DIC com três acessos da coleção previamente introduzidos *in vitro* via cultura de meristemas: nº4, 7 e 199, submetidos a três tratamentos de luz: azul; azul + vermelha; e branca. Plantas mantidas em meio MS padrão sob luz branca de cada variedade foram repicadas, tendo segmentos da região mediana do caule de 1 cm contendo uma gema isolados e introduzidos em tubos de ensaio contendo meio MS com 20 g/L de sacarose. Os frascos foram aleatorizados e colocados em prateleiras isoladas com lâmpadas LED das respectivas cores mencionadas, com 90,6 µmol $m^{-2}$ $s^{-1}$. Após cinco meses, as plantas foram retiradas do meio de cultura e avaliadas quanto à massa fresca e seca da parte aérea e radicular, contabilização de folhas e área foliar (verdes e senescentes), altura da planta, comprimento e volume das raízes, e fração das raízes com diâmetro de 0 a 0,5 cm; 0,5 a 1 cm; e 1 a 1,5 cm. Foram realizadas análises bioquímicas de clorofila e carotenoides, proteínas, e açúcares totais e redutores. A análise estatística foi realizada via script em Python, com testes de Levene e Shapiro ($p \leq 0,05$); ANOVA fatorial e teste de Tukey a 5%. Para a maioria dos parâmetros, o tratamento de luz e a interação variedade × luz não foram significativos ($p > 0,05$). Os únicos parâmetros em que houve diferença entre os tratamentos luminosos foram clorofila a e carotenoides, nos quais a luz vermelha + azul reduziu os teores em relação à branca e azul. A variedade 7 teve maior vigor vegetativo (maior massa fresca e seca, comprimento e volume radicular). Os resultados indicam que o espectro luminoso isoladamente tem pouco efeito sobre o crescimento vegetativo, necessitando de mais investigações. Controlar o crescimento das variedades da coleção é fundamental para facilitar seu manejo *in vitro*, e auxiliar na preservação da diversidade genética que a coleção abriga.

**Palavras-chave:** *Ipomoea batatas*; luz vermelha; luz azul.

# RGV 278 - EDIÇÃO GENÉTICA EM CULTIVARES ELITE DE CAFÉ ARÁBICA PARA SILENCIAMENTO DO GENE DXMT

Eduardo Aragão Telmo de Carvalho[1]*; Mirian Perez Maluf[2]; Alessandra Ferreira Ribas[1]

[1]Universidade Federal do Paraná. [2]Embrapa Café. *eduardo.aragao@ufpr.br

O café arábica (*Coffea arabica* L.) representa mais de 65% do consumo mundial de café. Os métodos convencionais de descafeinação utilizam solventes, elevando o custo do produto final e comprometendo compostos organolépticos da bebida. Variedades naturalmente descafeinadas já foram descritas, porém têm baixa produtividade. A edição gênica por CRISPR/Cas tem sido uma ferramenta fundamental no melhoramento e conservação de recursos genéticos, permitindo o silenciamento de porções do genoma, como mutações deletérias ou genes sem interesse comercial. Vetores contendo esse sistema podem ser introduzidos em células vegetais por meio da infecção com *Agrobacterium tumefaciens*, método mais comum na edição genética do cafeeiro. Este trabalho visa ao silenciamento do gene DXMT, responsável pela codificação da enzima 3,7-dimetilxantina-metiltransferase, crucial na biossíntese da cafeína, nas cultivares Catuaí Amarelo e Bourbon Amarelo. Para isso, folhas jovens totalmente expandidas foram desinfestadas em álcool 70% por 1 minuto e hipoclorito de sódio a 1% com Tween 20 a 0,1% por 20 minutos, seguidas de seis lavagens com água deionizada esterilizada. Discos foliares de 1 cm foram recortados em solução estéril de ácido cítrico a 500 mg $L^{-1}$ e inoculados em meio de indução de calos primários (MIC, com 2,4-D; AIB e 2iP a 2,26; 4,92 e 9,84 µM). Após 30 dias, explantes com calos foram transferidos para o meio de indução de calos embriogênicos (MEC com 2,4-D e BAP a 4,52 e 17,76 µM), onde permaneceram por 6 a 9 meses com subcultivos bimestrais. Cepas desarmadas de *A. tumefaciens* contendo vetores com os genes CRISPR/Cas e de resistência a seletivos foram mantidas em YMB sólido com canamicina a 100 mg $L^{-1}$ a -20 ºC e, posteriormente à transformação, cultivadas em YMB sob agitação a 100 rpm até atingirem absorbância a 600 nm entre 0,7 e 1,0. Calos embriogênicos foram co-cultivados com *A. tumefaciens* por 5 dias e transferidos para MEC contendo glufosinato de amônio como agente seletivo, além de carbenicilina para eliminação bacteriana. Como resultado preliminar, foram obtidos 60 calos inoculados com *A. tumefaciens* e sobreviventes em meio seletivo, ainda não regenerados em plantas, o que pode indicar sucesso da técnica. A CRISPR/Cas é uma ferramenta de grande potencial para a modificação precisa do genoma do cafeeiro, com aplicações diretas tanto no melhoramento genético quanto na conservação de recursos genéticos da espécie.

**Palavras-chave:** *Coffea arabica* L.; *Agrobacterium tumefaciens*; CRISPR.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com financiamento da Fundação de Apoio à Pesquisa (FUNAPE) e do Consórcio Pesquisa Café.

# RGV 282 - AVALIAÇÃO MORFOMÉTRICA E FÍSICO-QUIMICA DE FRUTOS DE UMBU-CAJÁ PROCEDENTES DE PLANTAS SOB CONSERVAÇÃO *ON-FARM*

Semíramis Rabelo Ramalho Ramos[1]*; João Gomes da Costa[1]; Alan Douglas Fernandes de Lima[2]; Isabela Maria da Silva Santos[3]; Gabriel Santos de Souza[3]; Ricardo Elesbão Alves[1]

[1]Embrapa Alimentos e Territórios. [2]Universidade Federal de Alagoas. [3]Instituto Federal de Alagoas. *semiramis.ramos@embrapa.br

A umbu-cajazeira (*Spondias* spp.) é uma fruteira nativa valorizada para consumo tanto *in natura* quanto pela agroindústria de sucos, polpas e sorvetes. Em Alagoas, a ocorrência concentra-se na região agreste, onde as plantas são conservadas pelos agricultores familiares. A comercialização dos frutos é dependente da produção extrativista. No entanto, há demanda de mercado e a exploração apresenta-se como alternativa rentável, com impactos positivos na área social e econômica para os agroextrativistas. O objetivo do trabalho foi avaliar os frutos de umbu-caja por meio de descritores morfométricos e físico-químicos e para tanto foram coletados, ao acaso e em período de safra 2025, 20 frutos firmes e íntegros, em estágio de maturação completa, em quatro quadrantes de 18 plantas/acessos distribuídos em cinco áreas de agricultores (A1 a A5), no município de Palmeira dos Índios, Alagoas. Os seguintes descritores foram mensurados: peso do fruto (PF-em g), diâmetro longitudinal (DLF-em mm) e transversal (DTF-em mm) do fruto, DLF/DTF-relação diâmetro longitudinal e transversal, peso da casca (PC-em g), peso do caroço (PEC-em g), porcentagem de polpa (% PPA); relação entre polpa e caroço (PPA/PEC); pH; teor de sólidos solúveis (TSS- em ºBrix) e porcentagem de polpa (PPA). Houve diferença significativa entre as cinco áreas avaliadas, conforme o agrupamento pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$), indicando a existência de variabilidade fenotípica entre as plantas conservadas pelos agricultores. Plantas na Área 2 exibiram maiores valores de PF (34,21 g), DLF (46,44 mm) e DTF (35,44 mm). Contudo, esse maior tamanho foi acompanhado pelo incremento proporcional de estruturas não comestíveis, registrando também os maiores PC (3,90 g) e PEC (8,71 g). Embora a Área 2 tenha apresentado a maior massa absoluta de polpa (21,59 g), o rendimento percentual (%PPA) seguiu padrão distinto; a Área 1 obteve o maior rendimento relativo de polpa (66,24%) e a maior relação PPA/PEC (2,77). A relação DLF/DTF variou de 1,24 a 1,31, apontando a predominância de frutos com formato elipsoide em todas as áreas, com formatos mais alongados nas áreas 2 e 4 e mais arredondados nas áreas 1 e 3. Frutos mais doces foram encontrados na Área 5 (9,92 °Brix). O pH variou de 1,99 (Área 3) a 2,85 (Área 1). Há variabilidade entre os frutos avaliados com aptidões tanto para o mercado *in natura* quanto para o processamento agroindustrial.

**Palavras-chave:** *Spondias* spp.; Conservação *on farm*; fruteiras nativas.

**Agradecimentos:** CNPQ/EMBRAPA pelo apoio, via bolsas PIBIC, aos discentes UFAL e IFAL.

# RGV 283 - RB 0725 CAMILA: NOVA CULTIVAR DE GOIABEIRA-SERRANA

José Henrique Melo Salvador[1]; Rubens Onofre Nodari[2]; Joel Donazzolo[3]*

[1]Engº Agrº Mantenedor da Cultivar, Uribici, Brasil. [2]PPGRGV/UFSC, Florianópolis, Brasil.
[3]PPGSIS/UTFPR, Dois Vizinhos, Brasil. *joel@utfpr.edu.br

A goiabeira-serrana ou feijoa (*Feijoa sellowiana*. Sin. *Acca sellowiana*) é uma fruteira nativa do sul do Brasil, amplamente cultivada no exterior, que possui grande potencial para consumo *in natura* e processamento. Paradoxalmente, ainda há carência de variedades registradas e adaptadas no Brasil. O objetivo deste trabalho é apresentar a nova cultivar registrada da espécie, a RB 0725 Camila. Essa cultivar é oriunda de um programa de melhoramento desenvolvido pela UTFPR e pela UFSC, em parceria com diversas outras instituições. Os cruzamentos foram realizados no banco de Germoplasma de São Joaquim (SC), em 2010, sendo as progênies testadas em diferentes locais do Sul do Brasil (PR, SC e RS) a partir de 2011. O vigor vegetativo, as características dos frutos e a adaptação às condições de cultivo foram os principais critérios de seleção. A avaliação resultou na seleção de diversos genótipos superiores promissores, entre os quais, o genótipo descrito como RB 0725 Camila, cultivado em Urubici-SC, cujo registro de cultivar junto ao Ministério da Agricultura foi obtido em 06/01/2025, sob o número 58935. Trata-se de uma planta cujos progenitores são uma planta do acesso 50 do Banco de Germoplasma de Feijoa, polinizada com uma mistura de pólen de diversos acessos. Essa planta se destacou por suas características agronômicas e sensoriais. Possui ramificação aberta e porte médio. As folhas apresentam formato ovalado, coloração verde-prateada na face inferior e disposição ascendente. Os frutos são médios a grandes, pesando, em média, entre 60 e 120 g, de formato obovoide e coloração verde-médio. A casca é semilisa, medianamente fina e macia. O rendimento de polpa é de cerca de 30%, com sabor doce, agradável e equilibrado entre acidez e teor de açúcares, característica fundamental para aceitação no mercado. No local de seleção, a brotação ocorre em setembro, o florescimento pleno em outubro e a colheita dos frutos concentra-se entre março e abril. O genótipo entra em produção precoce, no terceiro ano após a enxertia, e, a partir do quinto ano, estabiliza a produtividade. Em condições ideais, pode produzir 30 kg.planta$^{-1}$ e atingir uma produtividade de até 20 t.ha$^{-1}$. É recomendada para regiões de maior altitude (acima de 800 m) e de clima temperado. A cultivar RB 725 Camila é uma nova alternativa para o cultivo de goiabeira-serrana no Brasil e pode consolidar-se como uma contribuição significativa ao cenário da fruticultura, ampliando as opções de espécies nativas cultivadas comercialmente e fortalecendo a agrobiodiversidade.

**Palavras-chave:** Feijoa; frutas nativas; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** Ao CNPq, CAPES, Fundação Araucária, à UTFPR e à UFSC pela concessão de fomento e bolsas.

# RGV 284 - CRIOPRESERVAÇÃO DE ESPÉCIES DE *Mentha*: OTIMIZAÇÃO DE CONDIÇÕES PARA O ESTABELECIMENTO DE UM BANCO CRIOGÊNICO

Alina Guimarães Furtado[1]; Rennan Oliveira Meira[1]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[2]*

[1]Bolsistas, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [2]Pesquisador. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *jonny.pereira@embrapa.br

O Banco Genético Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia desempenha papel fundamental na conservação da variabilidade genética de espécies de interesse agrícola, medicinal e aromático. Entre as estratégias de conservação de longo prazo, a criopreservação destaca-se por possibilitar o armazenamento seguro de germoplasma em nitrogênio líquido, reduzindo riscos de perda de material genético. Entretanto, a eficiência dessa técnica depende da otimização de etapas do protocolo, como o tempo de exposição à solução vitrificante PVS2, especialmente quando se busca sua aplicação a diferentes espécies para o estabelecimento de bancos criogênicos. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar o efeito de diferentes tempos de exposição ao PVS2 sobre a regeneração pós-criopreservação de três espécies de Mentha, visando subsidiar o estabelecimento de um banco criogênico do gênero. Foram utilizados acessos de Mentha spicata L., Mentha arvensis L. e Mentha piperita L., provenientes da coleção *in vitro* da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Os ápices caulinares foram submetidos ao método droplet vitrification, utilizando tempos de exposição ao PVS2 de 40, 50 e 60 minutos, seguidos de imersão em nitrogênio líquido, descongelamento e regeneração em meio de cultura. A variável resposta foi a proporção de explantes regenerados por placa, analisada por regressão beta-binomial com função de ligação logit, utilizando o pacote glmmTMB. O efeito do tempo foi avaliado como covariável numérica, considerando-se os componentes linear e quadrático da resposta. Observou-se tendência linear positiva entre o tempo de incubação em PVS2 e a probabilidade de regeneração ($\beta = 0,060 \pm 0,0270$; $\chi^2 = 4,97$; $p = 0,026$), indicando aumento progressivo da probabilidade de regeneração à medida que o tempo de exposição ao PVS2 aumentou. A decomposição do efeito do tempo em contrastes polinomiais ortogonais revelou componente linear significativo ($p = 0,023$), enquanto o componente quadrático não foi significativo ($p = 0,42$). As probabilidades ajustadas estimadas pelo modelo linear foram de 35,8% (IC95%: 22,1-52,1%) para 40 minutos, 50,4% (IC95%: 40,1-60,8%) aos 50 minutos e 65,0% (IC95%: 48,5-78,6%) aos 60 minutos. Portanto, a regeneração aumentou com o tempo de exposição ao PVS2, sendo que as maiores probabilidades estimadas foram obtidas aos 50 e 60 minutos, indicando esses períodos como os mais favoráveis entre os tempos avaliados e fornecendo subsídios para o ajuste das condições de exposição ao PVS2 no protocolo de criopreservação visando ao estabelecimento de um banco criogênico de *Mentha*.

**Palavras-chave:** conservação *ex situ*; germoplasma; *Mentha*.

**Agradecimentos:** CNPq.

# RGV 286 - EFICIÊNCIA E REPRODUTIBILIDADE EM PROCEDIMENTOS DE MANIPULAÇÃO DURANTE A CRIOPRESERVAÇÃO DE ÁPICES CAULINARES DE BATATA (*Solanum tuberosum* L.)

Alina Guimarães Furtado[1]; Laieskha Ferreira dos Anjos[1]; Rennan Oliveira Meira[1]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[1]*

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *jonny.pereira@embrapa.br

A criopreservação por *droplet vitrification* constitui uma estratégia eficiente para a conservação de recursos genéticos vegetais, permitindo o armazenamento de germoplasma em nitrogênio líquido com manutenção da capacidade regenerativa dos explantes. Entretanto, para sua aplicação rotineira em bancos de germoplasma, é fundamental que os procedimentos apresentem elevada eficiência e reprodutibilidade. Este trabalho teve como objetivo avaliar a eficiência e a reprodutibilidade de diferentes procedimentos de manipulação durante a criopreservação de ápices caulinares de batata (*Solanum tuberosum* L.), considerando a regeneração pós-criopreservação e o efeito do operador. Ápices caulinares foram submetidos a três procedimentos de manipulação durante a *droplet vitrification*: Embrapa, no qual, após 50 min de exposição ao PVS2, os ápices foram transferidos simultaneamente para gotas da solução sobre tiras de alumínio; Pesca, em que, após o mesmo período de exposição, os ápices foram transferidos individualmente para as gotas sobre as tiras de alumínio; e Direto, no qual os ápices permaneceram diretamente nas gotas de PVS2 sobre as tiras de alumínio durante os 50 min de exposição. Em seguida, as tiras contendo os ápices foram imersas em nitrogênio líquido. Os procedimentos foram avaliados por dois operadores e comparados a um controle positivo, em três repetições de 10 ápices cada. Os dados de regeneração foram analisados por ANOVA fatorial (2 operadores × 3 procedimentos), após transformação arco-seno da raiz quadrada. As médias dos procedimentos foram comparadas pelo teste de Tukey e com o controle positivo pelo teste de Dunnett ($\alpha = 0,05$). Adicionalmente, foi considerado um limiar mínimo de 50% de regeneração para avaliação da viabilidade operacional. A análise revelou efeito significativo do operador, com regeneração média de 90,1% para o operador A e 41,7% para o operador B. Em contraste, os três procedimentos não diferiram estatisticamente entre si, apresentando regeneração média entre 62,8% e 72,7%. A comparação com o controle positivo revelou redução significativa da regeneração nos três procedimentos, sendo observada no procedimento Embrapa a maior média de regeneração e a menor redução em relação ao controle (27,3 pontos percentuais). Na avaliação da viabilidade operacional, apenas o procedimento Embrapa apresentou limite inferior do intervalo de confiança de 95% (52,5%) superior ao limiar de 50% estabelecido. Entre os procedimentos avaliados, apenas o Embrapa atendeu ao critério de viabilidade operacional estabelecido. Entretanto, o efeito significativo do operador evidencia que a padronização da execução técnica é determinante para assegurar a reprodutibilidade da criopreservação de ápices caulinares de batata.

**Palavras-chave:** Conservação *ex situ*; criogenia; vitrificação em gota.

**Agradecimentos:** CNPq.

# RGV 290 - EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA SECUNDÁRIA A PARTIR DE COTILÉDONES HIPER-HIDRATADOS DE *Theobroma cacao* L.

Stefhania Alzate-Lozano[1]; Elias Cruz[2]; Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso[3]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[4]*

[1]Universidade de Brasília, [2]Universidade Federal do Amazonas, [3]Universidade Federal de Uberlândia, [4]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *jonny.pereira@embrapa.br

A embriogênese somática secundária possibilita a multiplicação sucessiva de embriões somáticos e representa uma importante via para ampliar a regeneração *in vitro* de *Theobroma cacao* L., favorecendo a multiplicação clonal e o aproveitamento de genótipos de interesse. Esse processo pode ser estabelecido a partir de fragmentos cotiledonares de embriões somáticos primários, cuja competência embriogênica pode ser influenciada pelas condições de cultivo e pelo estado fisiológico dos tecidos. Entretanto, o cultivo em meio líquido, embora promova intensa expansão dos cotilédones, pode ocasionar hiper-hidratação uma alteração frequentemente associada à redução da qualidade dos tecidos cultivados *in vitro*. Nesse contexto, o objetivo do trabalho foi avaliar se os cotilédones hiper-hidratados provenientes do cultivo em meio líquido mantêm a capacidade de induzir novos ciclos de embriogênese somática. Foram utilizados 30 embriões somáticos primários que apresentaram cotilédones expandidos e hiper-hidratados após serem mantidos durante 30 dias em meio líquido e 30 embriões-controle mantidos em meio semissólido, sem sinais de hiper-hidratação e coletados após apresentarem cotilédones suficientemente expandidos. Os cotilédones foram seccionados em fragmentos, posteriormente distribuídos em placas contendo aproximadamente 15 explantes cada e destinados à indução da embriogênese somática secundária. Verificou-se que os explantes cotiledonares hiper-hidratados mantiveram capacidade de resposta à indução da embriogênese somática secundária. Aos 30 dias de cultivo, 77 dos 433 explantes avaliados apresentaram formação de embriões somáticos secundários, correspondendo a 18% de resposta embriogênica com 186 embriões somáticos contabilizados. Aos 45 dias, 155 explantes apresentaram resposta embriogênica, correspondendo a 36%, com produção acumulada de 565 embriões somáticos secundários. O aumento da resposta entre os períodos avaliados evidencia a continuidade do processo embriogênico ao longo do cultivo. Considerando que os explantes permanecem em cultivo por aproximadamente quatro meses, os valores obtidos até os 45 dias representam uma avaliação parcial da capacidade embriogênica. Os resultados demonstram que a hiper-hidratação dos cotilédones não impede a manutenção da competência embriogênica, permitindo sua utilização como fonte de explantes para novos ciclos de embriogênese somática secundária em cacaueiro.

**Palavras-chave:** cacaueiro; propagação; embriogênese somática secundária; hiper-hidratação.

**Agradecimentos:** Capes, Embrapa Recursos Genéticos.

# RGV 291 - ESTIMATIVA DO NÚMERO DE ESTAMINÓDIOS PARA PRODUÇÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS VISANDO AO ESTABELECIMENTO DE UM BANCO CRIOGÊNICO DE *Theobroma cacao* L.

Ana Vitória Coelho De Castro E Souza[1]*; Marco Antônio Lourenço Clementino de Oliveira[1]; Inaê Mariê de Araujo Silva Cardoso [1]; Stefhania Alzate Lozano[1]; André Luis Xavier de Souza[1]; Jonny Everson Scherwinski-Pereira[1]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *44anavitoria44@gmail.com

O cacau (*Theobroma cacao* L.) é uma espécie de grande importância para o Brasil, cuja conservação de germoplasma é estratégica para a manutenção da diversidade genética e sua utilização em programas de melhoramento genético. Considerando o comportamento recalcitrante das sementes de cacaueiro, a criopreservação constitui uma alternativa para a conservação de germoplasma em longo prazo, podendo ser associada à embriogênese somática (ES) para a produção de material vegetal destinado ao armazenamento em nitrogênio líquido. Entretanto, a eficácia da ES pode variar entre genótipos, influenciando diretamente a quantidade inicial de explantes necessária para a obtenção de um número predefinido de embriões somáticos (ESs). O objetivo deste trabalho foi estimar o número de estaminódios necessários para a obtenção de 150 ESs, visando ao estabelecimento futuro de um banco criogênico de *T. cacao*. Para representar a variabilidade na resposta embriogênica, foram avaliados três genótipos (754, 755 e 758). Os estaminódios foram inoculados em meio de crescimento de calo primário (CCP) por 14 dias e, em seguida, transferidos para o meio de crescimento de calo secundário (CCS) por mais 14 dias. Posteriormente, foram cultivados em meio de desenvolvimento de ESs (MDE) por 30 dias, com renovação do MDE por mais 30 dias. Em cada etapa, foram registradas as perdas decorridas das transferências em meio de cultura, contaminações fúngicas e bacterianas e ausência de resposta morfogênica. O rendimento da ES foi determinado pela relação entre o número de ESs obtidos e o número inicial de estaminódios, permitindo estimar a quantidade de explantes necessária para a obtenção de 150 ESs ao final do processo. Verificou-se que o genótipo 754 apresentou o maior rendimento embriogênico, de 55,28%, resultando em uma estimativa de aproximadamente 271 estaminódios para a obtenção de 150 ESs. Os genótipos 755 e 758 apresentaram rendimentos de 15,52% e 15,50%, respectivamente, demandando aproximadamente 966 e 968 estaminódios para atingir a mesma produção. Os resultados demonstram ampla variação entre os genótipos quanto ao rendimento embriogênico, indicando que o dimensionamento do número inicial de estaminódios deve considerar a variabilidade genotípica. Essas estimativas fornecem uma base para o planejamento da produção de ESs em quantidade suficiente para o estabelecimento de um banco criogênico de cacaueiro.

**Palavras-chave:** cacau; embriogênese somática; criopreservação.

**Agradecimentos:** Ministério da Agricultura e Pecuária; CNPq.

# RGV 292 - CARACTERIZAÇÃO SOCIOAGRONÔMICA DE AGRICULTORES GUARDIÕES E PRÁTICAS DE CONSERVAÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS NA SERRA DA IBIAPABA, CEARÁ

Paulo Vinicius Fontenele Figueira[1]; Kayra Gomes Alves[1]; Ana Karla de Brito Gonçalves[1]; Francisco Walisson de Melo Sousa[1]; Antonio Samuel dos Santos Moreira[1]; Samuel Henrique Kamphorst[2]*; Tayd Dayvison Custódio Peixoto[1]; Valter Jário de Lima[1]

[1]Universidade Estadual do Vale do Acaraú, Campus Ibiapaba, São Benedito - CE. [2]Universidade Federal da Integração Latino-Americana, Foz do Iguaçu - PR. *samuelkampho@hotmail.com

As variedades crioulas constituem importante patrimônio genético e cultural da agricultura familiar, sendo conservadas por agricultores guardiões que contribuem para a manutenção da agrobiodiversidade e de recursos genéticos adaptados às condições locais. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar o perfil socioagronômico de agricultores guardiões da Serra da Ibiapaba, Ceará, identificando aspectos relacionados aos sistemas produtivos e às práticas de conservação de variedades crioulas. O estudo foi realizado por meio da aplicação do Questionário Semiestruturado - Diagnóstico dos Agricultores Detentores de Sementes Crioulas da Serra da Ibiapaba, durante visitas técnicas a dez agricultores vinculados a quatro casas de sementes da região. As informações foram sistematizadas no Google Forms e analisadas por estatística descritiva. Entre os entrevistados, 60% eram homens e 40% mulheres, com idades informadas entre 42 e 69 anos. Entre os agricultores que responderam sobre os principais cultivos, predominaram feijão (100%), milho (85,7%) e mandioca (57,1%), sendo também relatados batata-doce, fava, cana-de-açúcar, melancia, abóbora, maracujá, limão, tangerina e banana, demonstrando a diversificação dos sistemas produtivos. Verificou-se ainda que 100% dos agricultores armazenam sementes de milho e feijão em garrafas PET, demonstrando a ampla utilização dessa prática de conservação. Toda a mão de obra empregada é familiar, reforçando sua importância na manutenção dos sistemas produtivos e da agrobiodiversidade regional. Quanto aos sistemas de produção, 70% dos agricultores adotam o sistema agroecológico, 20% o convencional e 10% o orgânico. Apenas um agricultor, detentor de certificação orgânica pela Organização de Controle Social (OCS), relatou receber assistência técnica. Todos os entrevistados consideraram suas variedades crioulas mais produtivas que as variedades comerciais em suas condições de cultivo. Os resultados evidenciam a importância dos agricultores guardiões para a conservação *in situ on farm* dos recursos genéticos vegetais e a manutenção de sistemas agrícolas diversificados. Conclui-se que o fortalecimento da assistência técnica pode contribuir para a continuidade das práticas de conservação e para a valorização da agrobiodiversidade mantida pelos agricultores familiares da Serra da Ibiapaba.

**Palavras-chave:** Conservação *in situ on farm*; Agrobiodiversidade; Recursos genéticos vegetais.

**Agradecimentos:** os autores agradecem à UVA e à FUNCAP pelas bolsas BICT e PBPU.

# RGV 293 - OTIMIZAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJÃO COMUM REGISTRADAS

Gustavo Hossel[1]; Lucas da Silva Domingues[1]; Otávio Lúcio Cossetin[1]; Marcos Paulo Dela Justina[1]; Andriele Orben[1]; Joice Alessandra Zart[1]; João Bento Pagnoncelli de Godoy[1]; Maria Eduarda Baldissar Hamud[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR). *gustavohossel@alunos.utfpr.edu.br

O feijão comum é uma importante fonte proteica vegetal, utilizada para alimentação por grande parte da população mundial. Por ser um alimento popular, constantemente os programas de melhoramento genético vêm buscando características que agradem uma região demográfica específica. Ciente disso, esse trabalho teve como objetivos analisar o efeito de diferentes densidades de plantio na produtividade e nos componentes de rendimento de cultivares registradas. O experimento foi desenvolvido na fazenda experimental da UTFPR - Dois Vizinhos, PR. Foram avaliadas oito cultivares: Urutau, IPR Águia, IPR Nhambu, IPR Sabiá, Tuiuiú, Curió, Uirapuru e Tangará. As densidades finais utilizadas no experimento foram de 10,3, 12,1 e 14,3 plantas por metro linear. O delineamento experimental foi em blocos ao acaso, em esquema bifatorial, com três repetições. Foram avaliados a altura de inserção da primeira e última vagem, número de vagens por planta, número de grãos por planta, número de grãos por vagem, peso de grãos e produtividade. A cultivar IPR Sabiá apresentou a maior produtividade, com 2.677,84 kg $ha^{-1}$, associada a 15,32 vagens por planta e 77,33 grãos por planta. As cultivares IPR Águia e Urutau tiveram produtividades muito próximas, com 2.373,33 e 2.350,40 kg $ha^{-1}$, respectivamente. A cultivar Tangará teve produtividade de 2.163,36 kg $ha^{-1}$. A cultivar IPR Nhambu apresentou o maior número de vagens e de grãos por planta, entretanto, isso não resultou em maior produtividade. A cultivar Uirapuru apresentou o maior número de grãos por vagem, com produtividade de 2.156,45 kg $ha^{-1}$. Curió apresentou a menor produtividade, com 1.695,56 kg $ha^{-1}$, enquanto Tuiuiú produziu 1.832,53 kg $ha^{-1}$. Quanto às densidades, as diferenças não foram estatisticamente significativas. A ausência de efeito significativo das densidades sobre a produtividade pode ser atribuída à plasticidade fenotípica do feijoeiro. A altura da primeira e última vagem e o número de grãos por vagem não diferiram estatisticamente. O trabalho concluiu que as densidades de 10,3, 12,1 e 14,3 plantas $m^{-1}$ não afetaram significativamente a produtividade do feijoeiro. Esse trabalho destacou que a escolha de cultivares adaptadas à região é mais determinante para a produtividade do que as variações de densidade avaliadas.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*; densidades; produtividade.

**Agradecimentos:** UTFPR e a Fundação Araucária pelo fomento a essa pesquisa.

# RGV 294 - ESTRATÉGIAS DE MANEJO E CONSERVAÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO MANTIDAS EM CASAS DE SEMENTES DA SERRA DA IBIAPABA, CEARÁ

Ana Karla de Brito Gonçalves[1]; Paulo Vinicius Fontenele Figueira[1]; Kayra Gomes Alves[1]; Francisco Walisson de Melo Sousa[1]; Antonio Samuel dos Santos Moreira[1]; Janaína Braga de Araújo[1]; Samuel Henrique Kamphorst[2]; Tayd Dayvison Custódio Peixoto[1]; Valter Jário de Lima[1]*

[1]Universidade Estadual do Vale do Acaraú, Campus Ibiapaba. [2]Universidade Federal da Integração Latino-Americana. *valter_jario@uvanet.br

A conservação de variedades crioulas de milho depende de práticas de cultivo, seleção e armazenamento desenvolvidas pelos agricultores, contribuindo para a manutenção *in situ/on farm* dos recursos genéticos vegetais. Este trabalho teve como objetivo caracterizar estratégias de cultivo, manejo e conservação de variedades crioulas de milho (*Zea mays* L.) mantidas em Casas de Sementes Comunitárias da Serra da Ibiapaba, Ceará. A pesquisa foi realizada por meio de questionário semiestruturado aplicado a agricultores guardiões vinculados a quatro Casas de Sementes nos municípios de Ibiapina, Carnaubal, São Benedito e Ubajara. Foram caracterizados materiais selecionados entre aqueles conservados nas Casas, considerando diferenças reconhecidas pelos agricultores. Dos dez materiais coletados, dois estavam armazenados nas Casas sem a presença do agricultor guardião responsável pelas informações; assim, as práticas de cultivo e manejo foram caracterizadas em oito materiais. Os dados foram analisados por estatística descritiva. As áreas de cultivo variaram de 0,5 a 2 ha ou foram expressas em linhas ou braças, sendo 50,0% dos materiais cultivados em aproximadamente 1 ha. O cultivo consorciado ocorreu em 75,0% dos casos, principalmente com feijão, cana-de-açúcar e fava, e 25,0% eram cultivados de forma solteira. Não foi relatado uso de agroquímicos ou fertilizantes e 87,5% dos cultivos não utilizavam irrigação. Todos os agricultores armazenavam sementes para a safra seguinte em garrafas PET, em alguns casos associadas ao uso de cinza ou pimenta-do-reino, e realizavam seleção e armazenavam as sementes para a safra seguinte. Quanto à fitossanidade, 50,0% relataram ocorrência de pragas, principalmente lagartas, com destaque para a lagarta-do-cartucho. Os resultados evidenciam que a manutenção das variedades está associada ao cultivo em pequena escala e a práticas locais de consórcio, seleção e armazenamento. Conclui-se que essas estratégias contribuem para a conservação *on farm* do milho crioulo e evidenciam o papel dos agricultores guardiões e das Casas de Sementes na manutenção desses recursos genéticos.

**Palavras-chave:** Agricultura familiar; Sistemas tradicionais de cultivo; Conservação comunitária.

**Agradecimentos:** À UVA e à FUNCAP pelo fomento à pesquisa e pela concessão de bolsas de estudo.

# RGV 295 - DIVERSIDADE DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO COM BASE EM CARACTERES DO SISTEMA RADICULAR

Luan Tiago dos Santos Carbonari[1]*; Carina Lopes Djadjo[1]; Mauro Bitencourt de Souza[1]; Altamir Frederico Guidolin[1]; Jefferson Luís Meirelles Coimbra[1]

[1]Instituto de Melhoramento e Genética Molecular, Universidade do Estado de Santa Catarina.
*carbonari.luan@gmail.com

A caracterização da diversidade genética é importante para a conservação e utilização de recursos genéticos em programas de melhoramento. Nesse contexto, a avaliação da arquitetura radicular permite identificar genótipos contrastantes e potencialmente úteis para ampliar a variabilidade genética disponível para cruzamentos. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a divergência entre genótipos de feijão com base em características radiculares e da parte aérea. Os experimentos foram conduzidos no Instituto de Melhoramento e Genética Molecular, em Lages, Santa Catarina, nos anos agrícolas de 2018/19, 2019/20 e 2020/21. Foram avaliados 36 genótipos em delineamento em látice com duas repetições, incluindo as testemunhas IPR Uirapuru e BRS Pérola e 34 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão (BAF). Foram avaliadas dez características: ângulo da raiz (ANG), comprimento vertical (CV), comprimento horizontal esquerdo (CHE), comprimento horizontal direito (CHD), estatura de planta (EST), diâmetro do caule (DC), massa fresca da parte aérea (MFPA), massa fresca da raiz (MFRA), massa seca da parte aérea (MSPA) e massa seca da raiz (MSRA). Inicialmente, foi realizada análise de variância multivariada (MANOVA), considerando ano, genótipo e a interação genótipo × ano. Posteriormente, a divergência entre os genótipos foi estimada pela distância generalizada de Mahalanobis, considerando a matriz de covariâncias das características, e o agrupamento foi realizado pelo método de agrupamento médio entre grupos (UPGMA). A MANOVA evidenciou diferenças multivariadas para os fatores considerados, indicando que o conjunto de características foi eficiente para discriminar os genótipos avaliados. A análise revelou ampla divergência entre os genótipos. A testemunha IPR Uirapuru apresentou divergência em relação aos demais genótipos. Entre os acessos, as maiores dissimilaridades foram observadas entre os grupos constituídos por BAF 205, BAF 239, BAF 204 e BAF 217 e por BAF 206, BAF 203, BAF 233 e BAF 226. Esses agrupamentos evidenciam diferentes padrões para os caracteres avaliados entre os recursos genéticos, permitindo caracterizar a diversidade e identificar genótipos contrastantes, contribuindo para a utilização da variabilidade genética disponível em programas de melhoramento de feijão.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; arquitetura radicular; diversidade genética.

**Agradecimentos:** à Universidade do Estado de Santa Catarina, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pelo apoio institucional e financeiro à realização deste trabalho.

# RGV 296 - DIVERSIDADE DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO CONSERVADAS EM CASAS DE SEMENTES DA SERRA DA IBIAPABA, CEARÁ

Kayra Gomes Alves[1]; Ana Karla de Brito Gonçalves[1]; Paulo Vinicius Fontenele Figueira[1]; Pablo Jose de Sousa Oliveira[1]; Lucas Silva dos Santos[2]; Rosane Costa Lima[1]; Samuel Henrique Kamphorst[3]; Tayd Dayvison Custódio Peixoto[1]; Valter Jário de Lima[1]*

[1]Universidade Estadual do Vale do Acaraú, Campus Ibiapaba. [2]Cáritas Diocesana de Tianguá. [3]Universidade Federal da Integração Latino-Americana. *valter_jario@uvanet.br

As variedades crioulas de milho constituem importante patrimônio genético e cultural, mantido por agricultores familiares e comunidades rurais, contribuindo para a conservação in situ *on-farm* da agrobiodiversidade. Este trabalho teve como objetivo caracterizar a diversidade de variedades crioulas de milho (Zea mays L.) conservadas em Casas de Sementes Comunitárias da Serra da Ibiapaba, Ceará, considerando denominações locais, características dos grãos, origem, tempo de cultivo, usos e atributos valorizados pelos agricultores. A pesquisa foi realizada por meio de questionário semiestruturado aplicado a agricultores guardiões vinculados a quatro Casas de Sementes. Foram caracterizados materiais selecionados entre aqueles conservados nas Casas, considerando diferenças reconhecidas pelos agricultores. Foram registradas denominações como Milho branco, Sabugo fino, Dente de cavalo, Sabugo fino vermelho, Dente de cavalo roxo, Milho roxo e Sabugo fino amarelo. Predominaram grãos amarelos/amarelados (54,5%), seguidos por vermelhos (18,2%), roxos (18,2%) e brancos (9,1%). Quanto ao tamanho, 36,4% eram grandes, 36,4% pequenos e 27,3% médios; 72,7% foram classificados como dentados e 27,3% como duros. Quanto à origem, 40% dos materiais foram obtidos por herança familiar, 30% por trocas com vizinhos, 10% por doação, 10% por troca em Casa de Sementes e 10% não apresentaram informação. A alimentação familiar foi finalidade de uso para 90% dos materiais, 60% também eram destinados à alimentação animal e 40% à comercialização. O tempo de cultivo incluiu materiais mantidos por mais de 15 anos. Entre os atributos valorizados destacaram-se produtividade, tamanho das plantas e espigas, coloração dos grãos, qualidade da massa e do cuscuz e aptidão para alimentação animal. Os resultados evidenciam diversidade entre os materiais e a importância dos processos familiares e comunitários de transmissão, intercâmbio e uso. Conclui-se que as Casas de Sementes e os agricultores guardiões desempenham papel estratégico na manutenção desses recursos genéticos e dos conhecimentos associados à sua conservação.

**Palavras-chave:** Conservação *in situ on farm*; Agrobiodiversidade; Recursos genéticos vegetais.

**Agradecimentos:** À UVA e à FUNCAP pelo fomento à pesquisa e pela concessão de bolsas de estudo.

# RGV 297 - IDENTIFICAÇÃO DA IMPORTÂNCIA DE CARACTERES FENOTÍPICOS PARA DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO

Luan Tiago dos Santos Carbonari[1]*; Carina Lopes Djadjo[1]; Mauro Bitencourt de Souza[1]; Altamir Frederico Guidolin[1]; Jefferson Luís Meirelles Coimbra[1]

[1]Instituto de Melhoramento e Genética Molecular, Universidade do Estado de Santa Catarina.
*carbonari.luan@gmail.com

A caracterização da diversidade genética é fundamental para a conservação e utilização de recursos genéticos em programas de melhoramento. Características relacionadas à arquitetura radicular podem contribuir para a discriminação de genótipos. O objetivo foi verificar a capacidade de caracteres em discriminar genótipos de feijão utilizando aprendizado de máquina. Os experimentos foram conduzidos no Instituto de Melhoramento e Genética Molecular, em Lages, Santa Catarina, nos anos agrícolas de 2018/19, 2019/20 e 2020/21. Foram avaliados 36 genótipos, incluindo as testemunhas IPR Uirapuru e BRS Pérola e acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Feijão (BAF). Foram utilizadas dez características como preditoras: ângulo da raiz (ANG), comprimento vertical (CV), comprimento horizontal esquerdo (CHE), comprimento horizontal direito (CHD), estatura de planta (EST), diâmetro do caule (DIAM), massa fresca da parte aérea (MFPA), massa fresca da raiz (MFRA), massa seca da parte aérea (MSPA) e massa seca da raiz (MSRA), tendo o genótipo como variável resposta. Foi ajustado um modelo de Random Forest para classificação multiclasse, utilizando validação cruzada Leave-One-Out. O modelo apresentou acurácia de 0,67, com médias macro de precisão, sensibilidade e F1-score de 0,69, 0,67 e 0,67, respectivamente, indicando capacidade de discriminação dos genótipos a partir das características avaliadas. A estatura de planta (EST) apresentou maior importância média (0,132), seguida pela massa fresca da raiz (MFRA; 0,127), massa seca da raiz (MSRA; 0,125), ângulo da raiz (ANG; 0,107) e diâmetro do caule (DIAM; 0,107). As características CV, CHE e CHD apresentaram importâncias de 0,099, 0,094 e 0,092, enquanto MFPA (0,064) e MSPA (0,054) apresentaram menor contribuição relativa. Esses resultados evidenciam que características relacionadas ao desenvolvimento da planta, à biomassa e à arquitetura radicular apresentam maior contribuição para a discriminação dos genótipos. A aplicação do aprendizado de máquina permitiu identificar os caracteres mais informativos para a diferenciação dos recursos genéticos, fornecendo subsídios para sua caracterização e utilização em programas de melhoramento de feijão.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; caracteres informativos; arquitetura radicular.

**Agradecimentos:** à Universidade do Estado de Santa Catarina, à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico, pelo apoio institucional e financeiro à realização deste trabalho.

# RGV 299 - INFLUÊNCIA DA ÉPOCA DE COLETA DE PROPÁGULOS NO ENRAIZAMENTO DE MINIESTACAS DE *Campomanesia xanthocarpa*

Maria Fernanda Grocoske Gonzatto[1]; Sandra Regina Cabel[1]; Felipe Perin Santos[1]*; Bruno Quadros de Paula Xavier[1]; Matheus Keller Fernandes[1]; Gabriela Peres Benecioto[1]; Juliana Degenhardt[2]

[1]PUCPR. [2]Embrapa Florestas. *fperin1499@gmail.com

A utilização sustentável e o avanço da domesticação de espécies frutíferas nativas dependem do desenvolvimento de tecnologias que possibilitem a multiplicação eficiente de genótipos de interesse. Em *Campomanesia xanthocarpa* O. Berg (guabiroba), espécie nativa da Mata Atlântica com potencial para sistemas agroflorestais, restauração ecológica e exploração de frutos, a propagação clonal ainda é limitada pelo baixo e inconsistente enraizamento de miniestacas. Este trabalho teve como objetivo avaliar a influência da época de propagação e de reguladores vegetais sobre o desempenho de miniestacas da espécie. O estudo foi conduzido com duas épocas de coleta dos propágulos, novembro de 2025 (primavera) e março de 2026 (final do verão), utilizando miniestacas provenientes de mudas de dois anos mantidas em casa-de-vegetação. Foram avaliados quatro tratamentos: controle, 10 µM de ácido indolbutírico (AIB), 20 µM de ácido 2-metil-1,3-dioxolano-2-carboxílico (MDCA) e a combinação MDCA+AIB. As miniestacas foram avaliadas quanto ao enraizamento, mortalidade e comprimento das raízes. Na primeira época, foi observado elevado percentual de enraizamento, atingindo aproximadamente 90% no tratamento de maior desempenho, embora sem diferenças estatísticas entre os tratamentos. Na segunda época, o enraizamento foi substancialmente inferior (com no máximo 10% de enraizamento) e não diferiu entre os tratamentos. Entretanto, a combinação MDCA+AIB reduziu a mortalidade das miniestacas para aproximadamente 27%, em comparação com cerca de 60% no controle ($p<0,01$). O comprimento médio das raízes variou entre 2,8 cm no controle e 8,2 cm com MDCA, porém sem diferenças estatísticas entre os tratamentos. A expressiva variação observada entre as duas épocas evidencia a importância da época de coleta do material propagativo para o sucesso do enraizamento de miniestacas de *C. xanthocarpa*. Nas condições deste estudo, a primavera mostrou ser mais favorável para a propagação clonal da espécie por miniestaquia, contribuindo para o desenvolvimento de protocolos de domesticação e utilização sustentável de seus recursos genéticos.

**Palavras-chave:** guabiroba; MDCA; domesticação.

**Agradecimentos:** CNPq.

# RGV 302 - EFEITO DA ALTURA INICIAL NA ACLIMATIZAÇÃO E NO DESENVOLVIMENTO *EX VITRO* DE MUDAS DE *Dendrocalamus latiflorus*

Vanessa Aragão Shany[1]*; Anna Clara A. de Oliveira[1]; Danyele Silva Durães Pacheco[2]; André Luís Xavier de Souza[3]; Jonny E. Scherwinski-Pereira[3]

[1]Centro Universitário de Brasília - UDF. [2]Universidade de Brasília - UnB. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *vanessa.a.shany@gmail.com

A aclimatização constitui uma etapa crítica da micropropagação, caracterizada pela transferência de plantas cultivadas *in vitro* para condições *ex vitro*, período em que as mudas precisam se adaptar às novas condições ambientais. O desenvolvimento das plantas no momento da transferência pode influenciar tanto o sucesso da aclimatização quanto seu crescimento posterior. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da altura inicial das mudas sobre a aclimatização e o desenvolvimento *ex vitro* de *Dendrocalamus latiflorus*. As mudas foram previamente multiplicadas *in vitro* a partir de brotações laterais e, no momento da transferência para condições *ex vitro*, distribuídas em três classes de altura: <7 cm, 7-10 cm e >10 cm, constituídas por 22, 24 e 33 mudas, respectivamente, totalizando 79 indivíduos. Para a aclimatização, as raízes foram lavadas em água corrente para remoção do meio de cultura e as mudas plantadas individualmente em tubetes contendo substrato constituído por Latossolo, areia lavada e esterco bovino curtido (3:1:1, v/v/v), acrescido de calcário dolomítico e fertilizante NPK 4-14-8, sendo mantidas em casa de vegetação. A sobrevivência foi avaliada aos 30 dias após a transferência para condições *ex vitro*, como indicador do sucesso da aclimatização. Posteriormente, o desenvolvimento das mudas estabelecidas foi avaliado por meio da altura, diâmetro da base do colmo (DBC), número de colmos e número de folhas. Aos 30 dias, foram observadas sobrevivências de 59,1%, 95,8% e 90,9% para as classes <7 cm, 7-10 cm e >10 cm, respectivamente, demonstrando maior estabelecimento das mudas com altura inicial igual ou superior a 7 cm. Na avaliação posterior, as classes <7 cm, 7-10 cm e >10 cm apresentaram, respectivamente, alturas médias de 8,9, 10,9 e 11,0 cm; DBC médio de 1,16, 1,58 e 1,44 mm; números médios de colmos de 3,0, 2,9 e 2,4; e números médios de folhas de 14,8, 14,0 e 13,3 por planta. Os resultados indicam que mudas com altura inicial igual ou superior a 7 cm apresentam maior sucesso na aclimatização, com sobrevivência superior a 90% aos 30 dias, mantendo posteriormente desenvolvimento satisfatório em condições *ex vitro*. Dessa forma, mudas a partir de 7 cm mostram-se adequadas para a transferência às condições de aclimatização de *D. latiflorus*, não sendo necessário aguardar que atinjam alturas superiores a 10 cm para iniciar essa etapa.

**Palavras-chave:** Propagação; bambu; sobrevivência.

**Agradecimentos:** FAPDF; Centro Universitário de Brasília - UDF; Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Universidade de Brasília - UnB.

# RGV 303 - CONSERVAÇÃO DE ESPÉCIES VEGETAIS DE INTERESSE MEDICINAL E AGRONÔMICO NO BANCO DE GERMOPLASMA DO NBV/UERJ

[1]Claudia Simões-Gurgel; Lívia Cordeiro; [1]Matheus Tirado; [1]Renata Garcia; [1]Jamine Pettinelli; [1]Georgia Pacheco; [1]Norma Albarello

[1]Núcleo de Biotecnologia Vegetal; Universidade do Estado do Rio de Janeiro.
labplan_uerj@yahoo.com.br

A produção biotecnológica de material vegetal apresenta muitas vantagens em relação aos métodos convencionais, mas também impõe grandes desafios técnicos e biológicos. Nesse sentido, a consolidação de bancos de germoplasma, com o monitoramento metabólico e molecular das coleções *in vitro*, assegura a conservação e a qualidade dos recursos vegetais. Dessa forma, no Núcleo de Biotecnologia Vegetal da UERJ (NBV/UERJ), têm sido estabelecidos protocolos de conservação e monitoramento de espécies de interesse medicinal e agronômico, permitindo o seu controle e rastreabilidade. Espécies vegetais pertencentes aos gêneros *Passiflora* L. e *Tarenaya* Raf., com relevância na prospecção de substâncias bioativas, foram produzidas nos laboratórios do NBV/UERJ por germinação e propagação *in vitro*, sendo mantidas em crescimento ativo sob condições controladas. Ápices caulinares e segmentos nodais dessas plantas foram criopreservados pelas técnicas de vitrificação (V) e a associação V ou D (dessecação) a crioplacas de alumínio (V-crioplaca e D-crioplaca), para armazenamento em longo prazo. A desidratação celular e a crioproteção antes do armazenamento em nitrogênio líquido foram promovidas por soluções crioprotetoras (V e V-crioplaca) ou por dessecação em sílica gel (D-crioplaca). O monitoramento metabólico, por análises cromatográficas e molecular, utilizando marcadores RAPD, ISSR e SCoT, tem sido realizados visando garantir a qualidade dos acessos. Ápices de *T. rosea* e *T. spinosa* criopreservados pela técnica V-crioplaca alcançaram 100% e 76% de recuperação, respectivamente, quando submetidos por 90 min à solução crioprotetora PVS2. Usando a técnica de D-crioplaca, a recuperação de ápices de *T. spinosa* foi de 56% após dessecação por 60 min em sílica gel. Entre as espécies de *Passiflora*, as maiores taxas de recuperação foram obtidas utilizando a técnica V, para segmentos nodais de *P. pohlii* (65%), e V-crioplaca, para ápices caulinares de *P. suberosa (60%), ambas utilizando PVS3*. As análises dos padrões de bandas gerados pelos marcadores moleculares revelaram alto grau de semelhança entre as amostras criopreservadas e suas plantas matrizes, sem detecção expressiva de polimorfismos. Já as análises cromatográficas mostraram que o processo de criopreservação manteve o perfil fitoquímico das plantas regeneradas semelhante àquele das plantas estoque mantidas *in vitro*. Esses resultados subsidiam a implementação do Banco de Germoplasma do NBV/UERJ, contribuindo para a conservação segura e de longo prazo de recursos genéticos vegetais.

**Palavras-chave:** Criopreservação; *Passiflora*; *Tarenaya*.

**Agradecimentos:** Faperj; Prointec/Uerj; Qualitec/Uerj.

# RGV 306 - BIODIVERSIDADE À MARGEM: RISCO DE EXTINÇÃO DE DUAS BROMÉLIAS ENDÊMICAS

Juliana Machado Ferreira[1]*; Francisco Lanzer Machado[1]; Ana Flávia Augustin[1]; Tiago Montagna[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina; PPG em Recursos Genéticos Vegetais; Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais. *jumachadoferreira@hotmail.com

Os rios conectam as paisagens e modelam os ecossistemas ripários pelo seu fluxo hídrico. A pressão antrópica e as alterações no regime de chuva impactam a dinâmica dos habitats ripários e a sobrevivência de espécies reófitas. Em Santa Catarina, as bromélias *Dyckia brevifolia* e *Dyckia ibiramensis*, espécies reófitas, ocorrem nas margens dos rios Itajaí-Açu e Itajaí do Norte, respectivamente. Estas espécies são endêmicas e limitadas a um habitat restrito, que vem sendo impactado pela implantação e operação de hidrelétricas. Diante desse contexto, este trabalho tem o objetivo de avaliar o risco de extinção de *D. brevifolia* e *D. ibiramensis* a partir das Categorias e Critérios da Lista Vermelha da UICN, a fim de direcionar ações prioritárias de conservação em Santa Catarina. Para tanto, foram avaliados dados de censos demográficos de ambas as espécies. Entre 2008 e 2024 foram realizados seis censos para *D. ibiramensis* e, nesse período, foi registrada a perda de seis e surgimento de uma subpopulação e declínio populacional de 72% (7.366 para 2.060) para o total de rosetas e de 92% para os indivíduos maduros (1.125 para 87). Para *D. brevifolia*, foram realizados três censos entre 2007 e 2024, nos quais foi observada a perda de duas subpopulações e a redução de 45% (30.443 para 16.656) do total de rosetas e de 80% (4.228 para 845) dos indivíduos maduros. Além do declínio populacional, as espécies também apresentam Extensão de Ocorrência (EOO) e Área de Ocupação (AOO) restritas, *D. ibiramensis* apresenta EOO de 0,09 km$^2$ e AOO de 0,06 km$^2$, enquanto *D. brevifolia* apresenta EOO de 184 km$^2$ e AOO de 94 km$^2$. A partir disso, sugere-se a classificação de *D. ibiramensis* como Criticamente em Perigo CR B1ab(i,ii,iii,iv,v)+2ab(i,ii,iii,iv,v);C1+2b e a classificação de *D. brevifolia* como Em Perigo EN B1ab(ii,iii,iv,v)+2ab(ii,iii,iv,v);C1. A última avaliação do risco de extinção de *D. ibiramensis* classificou a espécie como EN na Lista Nacional de Espécies Ameaçadas de Extinção. Atualmente, *D. brevifolia* não consta nessa lista por ainda não ter sido avaliada. Ademais, a condição de ameaça é agravada pela construção de hidrelétricas. Atualmente duas estão em operação na área de ocorrência de ambas as espécies, enquanto outras sete Pequenas Centrais Hidrelétricas (PCHs) estão em fase inicial de implantação. Se instalados, esses empreendimentos estariam próximos ou sobrepostos à área de ocorrência de *D. brevifolia*. Dado o risco de extinção dessas espécies, uma área de proteção integral seria fundamental para a conservação das populações remanescentes *in situ*.

**Palavras-chave:** conservação; espécies ameaçadas; hidrelétricas; UICN.

**Agradecimentos:** CAPES; CNPq; FAPESC.

# RGV 307 - ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO *EX SITU* DE ARAUCÁRIA: TESTES DE PROGÊNIE PODEM ATUAR COMO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA?

Juliana Machado Ferreira[1]*; Francisco Ianzer Machado[1]; Emanueli Marchioro[2]; Alexandre Siminski[3]; Maurício Sedrez dos Reis[3]; Tiago Montagna[1]

[1]Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais, PPGRGV, UFSC; [2]Laboratório de Microorganismos e Processos Biotecnológicos, PPGRGV, UFSC; [3]Núcleo de Estudos em Socioagrobiodiversidade, PPGEAN, UFSC. *jumachadoferreira@hotmail.com

A conservação *in situ* é considerada a melhor estratégia para a conservação da biodiversidade em longo prazo. Porém, desafios crescentes como perda e fragmentação de habitats comprometem sua eficácia, principalmente em se tratando de espécies ameaçadas de extinção. As Florestas com Araucária tiveram redução significativa de sua área original, e apesar de estar protegidas por lei, a araucária (*Araucaria angustifolia*) ainda sofre com a exploração madeireira, a mudança no uso do solo e a construção de usinas hidrelétricas, e, por isso, atualmente a espécie está na categoria 'em perigo' na avaliação de risco de extinção. Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) podem ser importantes ferramentas na conservação *ex situ* de recursos genéticos florestais, desde que sejam capazes de capturar e manter uma parcela representativa da diversidade genética existente nas populações. Nesse sentido, testes de procedência e progênie, embora utilizados majoritariamente em programas de melhoramento genético, podem cumprir a função de BAGs. O presente estudo avaliou a variação no crescimento e a quantidade de variação genética detectada no teste de *A. angustifolia*. O referido teste de progênies foi implantado em 2006 na Floresta Nacional de Três Barras, Santa Catarina, sendo composto por 27 famílias de meios-irmãos, distribuídas em oito blocos, com dez árvores plantadas por progênie em cada bloco, totalizando 2.160 indivíduos. Avaliações de sobrevivência e diâmetro à altura do peito (DAP) foram realizadas em 2013, 2018 e 2023. A variação de crescimento por meio das medidas de DAP foi analisada por modelo linear misto, no qual os blocos foram considerados efeito fixo e as progênies e a interação entre progênie e bloco como efeitos aleatórios. Em 2013 foram identificados 1.748 indivíduos vivos (80,9%), e, em 2023, 1.714 (79,4%). Todas as 27 progênies permanecem representadas na última avaliação, com 48 a 73 indivíduos por progênie. Detectou-se variância significativa entre progênies para DAP ($\sigma^2$ = 0,687; p < 0,001), com herdabilidade média de progênies de 0,28. Os resultados demonstram uma manutenção de ampla representação das famílias e captura de variação genética detectável no experimento. Assim, testes de progênies podem compor a variabilidade de um BAG, incorporando simultaneamente estratégias de conservação *ex situ*, caracterização e uso de recursos genéticos florestais.

**Palavras-chave:** *Araucaria angustifolia*; herdabilidade; recursos genéticos florestais.

**Agradecimentos:** à CAPES; ao CNPq; à FAPESC.

# RGV 309 - AVALIAÇÃO BIOMÉTRICA DE PLANTAS, FÍSICO-QUÍMICA DE FRUTOS DE MANGABEIRAS (*Hancornia speciosa* Gomes) DE POMAR COMERCIAL

Edivaldo Galdino Ferreira[1]*; Ivonete Berto Menino[1]

[1]Empresa de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária-EMPAER.
*edivaldogaldino@gmail.com

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma fruteira tropical e importante recurso genético do Nordeste e Norte do país, da região do cerrado e Sudeste do Brasil. O estudo teve como objetivos avaliar plantas e a qualidade física e química dos frutos, escolhendo-se as plantas de maior porte e qualidade dos frutos. A pesquisa foi realizada em Pomar no município de Jaguaripe-BA, de 10/2018 a 02/2019. Selecionaram-se, aleatoriamente, 10 plantas em produção, bom estado fitossanitário, representativas da área estudada. Com trena, fez-se medição da altura das plantas (m), diâmetro da copa (m) e diâmetro do caule (m) a 10 cm do solo. Os frutos colhidos maduros, selecionados em 30 plantas/repetição. Estes foram colocados em sacos, etiquetados, colocados em recipiente térmico e, conduzidos ao laboratório, conservando as características físico-químicas dos frutos. Nos frutos coletados, foram selecionados 10 representativos por planta, fazendo um total de 100 frutos. Fizeram-se avaliações do peso do fruto inteiro (g), da casca (g), da polpa (g) e as sementes (g), diâmetro (cm), comprimento (cm), número de sementes/fruto e oBrix (%). Foram postos em bandeja, para serem determinados, individualmente, suas características físicas e químicas. O peso dos frutos inteiros foi expresso em gramas (g), em cada fruto inteiro fresco. Após a pesagem dos frutos inteiros, estes foram abertos e separados as partes, casca, polpa e sementes, para serem pesados. O grau brix (%) dos frutos determinou-se com o uso de refratômetro. Verificaram-se os valores médios para as variáveis altura de planta, diâmetro de copa e diâmetro do caule. Para a altura média das plantas, encontraram-se resultados de 1,75 m a 3,10 m. Para o diâmetro da copa, obteve-se medições entre 2,60m a 4,60m; para diâmetro do caule, as variações foram de 0,18m à 0,24. O peso médio do fruto maduro é variável entre as plantas e oscilou entre 9,71g e 34,41g. O número de sementes/fruto, variou de 4 a 24 sementes. O teor de sólidos solúveis totais (oBrix) na polpa dos frutos foi mais elevado nas plantas 7 (18,98) e 10 (17,38). Os resultados mostraram que a polpa representou a maior proporção do fruto, mas nem sempre as polpas com maior oBrix pertenciam aos maiores frutos como ao observado na planta10. As diferenças devem-se às variações que ocorrem em plantas oriundas de sementes devido a segregação. A altura média das plantas foi de 2,40m, diâmetro da copa de 2,70m e o diâmetro do caule de 0,24m; O peso médio de fruto foi de 9,71g a 34,41g entre as plantas, e o número médio de sementes/fruto foi de 04 a 24; O comprimento médio dos frutos foi de 2,97cm a 4,56cm e os diâmetros variaram de 2,43 a 3,43 cm; O 0Brix da polpa de frutos maduros variou entre 18,98 a 17,38.

**Palavras-chave:** pomar; fruto, brix.

# RGV 310 - SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA DE RECURSOS GENÉTICOS DE BATATA-DOCE DE POLPA ROXA PARA MELHORAMENTO

André Ricardo Zeist[1]*; Joana Nascimento Oliveira Zeist[1]; Jorge Andrés Betancur González[1,2]; Adriel da Silva Alves[2]; Patrik Francisco de Almeida Marques[1]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo (ESALQ/USP), Piracicaba, SP, Brasil. [2]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC, Brasil. *andrezeist@usp.br

A caracterização de recursos genéticos de batata-doce de polpa roxa permite identificar materiais que conciliem desempenho agronômico, qualidade comercial e composição química, atributos necessários para seu uso em programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi caracterizar e selecionar genótipos de batata-doce de polpa roxa com desempenho equilibrado para produtividade, qualidade de raízes e teor de antocianinas. Foram avaliadas 50 entradas, incluindo a cultivar BRS Cotinga como controle, em Piracicaba, SP, em delineamento alfa-látice com duas repetições. Foram mensurados produção total e comercial de raízes, produção não comercial, número e massa média de raízes comerciais, distribuição das raízes no solo, resistência a danos por insetos, aparência, espessura de casca, massa seca, sólidos solúveis e teor de antocianinas. Os valores genotípicos foram preditos por modelos mistos e a seleção simultânea foi realizada por índice multicaracterística de distância ao ideótipo, com intensidade de seleção de 30%. Foram selecionados 14 genótipos experimentais e a cultivar BRS Cotinga, com U1-123*, U1-47* e LP-103 nas três primeiras posições. A média de produção de raízes comerciais foi de 31,71 t $ha^{-1}$ no grupo selecionado, frente a 24,48 t $ha^{-1}$ no conjunto avaliado, enquanto o teor de antocianinas foi de 20,46 e 14,76 mg 100 $g^{-1}$, respectivamente. Foram estimados ganhos de 19,25% para aparência, 17,28% para resistência a insetos e 10,37% para massa seca, com redução de 5,99% na produção de raízes não comerciais. A resposta diferenciada entre os genótipos confirma que a seleção simultânea permite reter combinações favoráveis de produtividade, qualidade comercial e composição química. Os genótipos selecionados constituem recursos genéticos de interesse para continuidade do programa de melhoramento e avaliação em diferentes ambientes, visando ao desenvolvimento de cultivares de polpa roxa adaptadas às condições tropicais.

**Palavras-chave:** germoplasma; antocianinas; seleção genética.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), Brasil. Processo nº 2024/21951-8.

# RGV 311 - AVALIAÇÃO DA COLEÇÃO COLOMBIANA DE *Solanum phureja* PARA RESISTÊNCIA A *Spongospora subterranea*

Elena Paola González Jaimes[1]*; Catalina María Zuluaga Amaya[1]; José Miguel Cotes Torres[2]

[1]Politécnico Colombiano Jaime Isaza Cadavid. [2]Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. *epgonzalez@elpoli.edu.co

A coleção colombiana de *Solanum phureja* (batata-doce crioula, diploide) é composta por 105 acessos que foram avaliados para verificar a resistência à sarna pulverulenta (*Spongospora subterranea*) para selecionar os progenitores para um programa de melhoramento de plantas. *Solanum subterranea* é um patógeno do solo que ataca raízes e tubérculos de batata em todo o mundo e não possui uma estratégia eficiente de controle químico ou biológico, sendo a resistência genética uma das principais ferramentas que podem ser usadas para o controle da doença em campo. A avaliacão da resistência foi realizada no estado de Antioquia (Colômbia) em sete locais diferentes, durante dois ciclos de plantio em solos com histórico do patógeno, a fim de evidenciar a resposta dos genótipos sob condições naturais de infecção. Dessa forma, em cada localidade, foi utilizado um desenho em blocos completos randomizados com quatro repetições nas quais foram plantados dois tubérculos de cada acessão, seguidos por um tubérculo da variedade “Criolla Colombia” como controle suscetível, para garantir que o patógeno estava no solo, com base nos dados das testemunhas. Quatro modelos de ajuste semivariograma foram avaliados e, em todos os casos, o modelo "nugget pure" foi selecionado para o critério da soma mínima ponderada dos quadrados, que indica que não há dependência espacial da severidade da doença. As avaliações de severidade radicular foram realizadas no momento da floração usando a escala de Ramírez et al. (2013) e a severidade do tubérculo na colheita com a escala de Falloon et al. (1995), os dados foram avaliados por uma análise combinada da variância usando a função de ligação de *probit*. Na análise combinada da variância, os genótipos são assumidos como efeitos fixos e os ambientes como efeitos aleatórios, a interação genótipo-ambiente e o efeito dos blocos dentro dos ambientes. O modelo assume variâncias heterogêneas entre localidades. A comparação entre genótipos foi realizada usando o BLUP (Best Linear Unbiased Predictor). Os resultados mostraram que os genótipos 43, 92,100 e 122 não apresentaram nenhum sintoma nas raízes, sendo esses genótipos altamente resistentes à doença e o mais suscetível foi o genótipo controle, atingindo um nível estimado de 43,49%. O genotipo 3 com alta resistência (0.4%) e bom desempenho agronômico foi utilizado como parental para construir variedades comerciais. Durante as avaliações, não houve infecções nos tubérculos.

**Palavras-chave:** *Sarna pulverulenta*; batata crioula; germoplasma de batata.

**Agradecimentos:** Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, Diretoria de Pesquisa da Univesidad Nacional de Colombia e do Politécnico Colombiano JIC.

# RGV 312 - AVALIAÇÃO DA REPETIBILIDADE E SELEÇÃO DE ACESSOS DE *Furcraea andina* PARA A PRODUÇÃO DE FIBRA SECA

Laura Espitia-Negrete[1]; Luz Fanny Orozco-Orozco[1]; José Miguel Cotes Torres[2]*; Clara Inés Medina-Cano[1]; Nancy Yohana Grisales-Vasquez[1]

[1]Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria-AGROSAVIA, Centro de Investigación La Selva, Antioquia, Colombia [2]Universidad Nacional de Colombia, sede Medellín, Medellín, Colombia. *jmcotes@unal.edu.co

As fibras naturais são importantes em nível mundial para reduzir o uso de fibras sintéticas não recicláveis, na Colômbia, o fique é a segunda fibra natural de maior produção depois do algodão, por isso o cultivo do fique pode ajudar a suprir a demanda por embalagens não plásticas no mercado colombiano e internacional. A Agrosavia conta com uma coleção de trabalho de fique localizada no Centro de Pesquisa La Selva-Rionegro (Antioquia-Colômbia). Neste trabalho foi avaliado o coeficiente de repetibilidade em 68 acessos de *Furcraea andina*, coleitados de 2019 a 2022. Foram encontrados coeficientes de repetibilidade de 0,29 e 0,14, para a produção total de fibra seca e o percentual de fibra seca, respectivamente. Foi calculado o índice de seleção rendimento-estabilidade para as características avaliadas, e assim foram selecionados 10 acessos promissores, representando 14% da população avaliada. Três desses materiais foram levados para propagação *in vitro* para serem posteriormente registrados como as primeiras variedades comerciais de fique na Colômbia. Além disso, foram calculados os coeficientes de correlação entre as variáveis produtivas e algumas variáveis meteorológicas (precipitação e radiação solar acumulada, temperaturas médias máximas e mínimas). A correlação entre as variáveis climáticas e as variáveis de produção foi avaliada até 252 dias antes de cada ciclo de colheita (período de atraso). A precipitação acumulada apresentou a correlação mais alta aos 101 dias, com valores de 0,42 e 0,48 para a produção total de fibra seca e o percentual de fibra seca, respectivamente. A temperatura média mínima apresentou correlações positivas com o desempenho produtivo do fique, entretanto, é necessário realizar mais estudos para esclarecer seu papel na produção de fibra de fique.

**Palavras-chave**: Heredabilidade potencial; produção; fique; variabilidade fenotípica.

**Agradecimentos**: Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, AGROSAVIA Centro de Investigaciones La Selva, Universidad Nacional de Colombia - Sede Medellín.

# RGV 315 - DESEMPENHO DE GENÓTIPOS HÍBRIDOS DE BANANEIRA (*Musa* spp.) PROVENIENTES DE CRUZAMENTOS ENTRE VARIEDADES COMERCIAIS DO SUBGRUPO PRATA E DIPLOIDES MELHORADAS

Ramon Felipe Scherer[1]*; Jackson Felipe Cardoso[2]; André Boldrin Beltrame[1]

[1]Pesquisador - Estação Experimental de Itajaí (EEI) da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri); [2]Bolsista/Fapesc - EEI da Epagri.
*ramonscherer@epagri.sc.gov.br

A banana, quando somadas bananas e plátanos, é a fruta mais produzida no mundo, apresentando-se como um dos recursos alimentares mais importantes para a humanidade. Porém, apesar de haver centenas de variedades de importância agronômica, somente uma pequena fração é utilizada nas cadeias produtivas mundial e nacional, tornando-as frágeis a problemas bióticos e/ou abióticos. No Brasil, cerca de 80% das bananas produzidas são dos subgrupos Cavendish (bananas caturra) e Prata (bananas brancas), sendo que esta última corresponde a cerca de 50% da banana nacional produzida. As variedades desses dois subgrupos registradas no país são triploides e provenientes de seleções de mutações espontâneas. Esta metodologia, apesar de gerar novas variedades de importância agrícola, tem uma velocidade relativamente lenta, é limitada e, normalmente, aleatória. Nesse sentido, o melhoramento via cruzamentos entre variedades comerciais triploides e variedades diploides melhoradas busca combinar a produtividade e qualidade de frutas das variedades comerciais com a resistência às principais doenças e a estresses abióticos das variedades diploides melhoradas. Desta forma, plantas do subgrupo Prata das variedades comerciais SCS453 Noninha, SCS454 Carvoeira e Prata Anã foram polinizadas com polens de diferentes variedades diploides melhoradas. Todo indivíduo gerado foi plantado em uma coleção, de onde foram selecionados os genótipos: Planta 04, 11, 13, 19, 20, 24, 45 e 62. Eles foram micropropagados e plantados em dois experimentos contendo também as plantas maternas comerciais. No experimento dos genótipos derivados do 'SCS454 Carvoeira' e do 'Prata Anã', utilizou-se também como controle os híbridos comerciais 'BRS Platina' e 'FHIA 18'. O experimento contou com 15 plantas por genótipo, divididas em 3 repetições de 5 plantas cada. Avaliou-se a produtividade de cada genótipo em dois ciclos de produção via ANOVA, seguida pelo teste de separação de médias de Tukey ($p<0,05$). A fórmula da produtividade foi: Peso do cacho * densidade por hectare/número de dias entre o plantio e colheita ou entre colheitas/365. As plantas geradas pelo 'SCS453 Noninha' (Plantas11, 13, 19, 20 e 62) não diferiram entre si em nenhum ciclo. Nas plantas derivadas do 'SCS454 Carvoeira' e do 'Prata Anã' (Plantas04, 24 e 45), não houve diferenças no 1º ciclo mas houve no 2º, sendo que os genótipos híbridos foram mais produtivos que suas respectivas plantas maternas: Planta04 x 'SCS454 Carvoeira'; e Planta24 e Planta45 x 'Prata Anã'; foram mais produtivos que o 'FHIA 18'; e ou foram mais produtivos (Planta04) ou não diferiram (Planta24 e 45) do 'BRS Platina'. De uma forma geral os novos híbridos da Epagri selecionados ou foram mais produtivos ou mantiveram a mesma produtividade das plantas maternas comerciais.

**Palavras-chave:** Banana, Hibridação, Produtividade.

**Agradecimentos:** Aos funcionários da Epagri, Estação Experimental de Itajaí, pelo auxílio na condução do experimento e ao apoio do CNPq (Proc 406873/2025-9) e da FAPESC (chamadas públicas 53/2022 e 44/2025).

# RGV 316 - FREQUÊNCIA DE SEMENTES COMPLETAS E INCOMPLETAS GERADAS EM CRUZAMENTOS ENTRE PLANTAS DE BANANEIRA (*Musa spp.*) DE VARIEDADES DO SUBGRUPO PRATA (AAB) E VARIEDADES DIPLOIDES MELHORADAS (AA)

Ramon Felipe Scherer[1]*; Jackson Felipe Cardoso[2]; André Boldrin Beltrame[1]

[1]Pesquisador - Estação Experimental de Itajaí (EEI) da Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri). [2]Bolsista/Fapesc - EEI da Epagri
*ramonscherer@epagri.sc.gov.br

A banana, quando somadas as bananas de consumo *in natura* e as amiláceas (bananas-da-terra e semelhantes), é a fruta mais produzida e consumida do mundo e se constitui como um dos recursos alimentares de maior importância à humanidade. A grande maioria das variedades de banana com importância agrícola são triploides e foram originadas pela seleção de mutantes espontâneos. Essa metodologia tem sido capaz de gerar novas e importantes combinações de características, desde a domesticação até os dias atuais, porém, ela é lenta e aleatória, necessitando de o acaso para a variante ser vista no pomar de produção e selecionada. Nesse sentido, desde que o melhoramento moderno da banana se iniciou (década de 1920) outras metodologias também são utilizadas, com destaque para cruzamentos entre variedades comerciais triploides (2n=3x) e variedades diploides melhoradas (2n=2x). A gametogênese em um indivíduo triploide é comprometida, sendo que a formação de gametas viáveis fica limitada a uma baixa frequência, assim como a formação de sementes. Estas podem ser completas (com endosperma e embrião) ou incompletas (sem endosperma, sem embrião ou sem embrião e sem endosperma). Objetiva-se neste trabalho verificar dentro das sementes formadas a frequência de cada tipo de semente. Polinizações entre variedades do subgrupo Prata (AAB) e diferentes variedades diploides melhoradas foram realizadas na Estação Experimental de Itajaí (EEI). Sementes coletadas entre julho de 2020 e fevereiro de 2026 foram enviadas ao Laboratório de Cultura de Tecidos da EEI onde cada semente passou por assepsia e, em câmara de fluxo, foi excisada para a coleta e introdução *in vitro* do embrião, caso presente. Nesse momento cada semente era classificada quanto ao tipo. As análises estatísticas foram realizadas através de testes de qui-quadrado ($\chi 2$) em tabelas de contingência (95% de confiabilidade). Os tratamentos diferiram significativamente entre si, tanto na análise com todos os tratamentos (tabela de contingência 4x2), como nas comparações par a par (tabelas de contingência 2x2). Assim, na avaliação de 448 sementes coletadas de 278 plantas, a maior frequência foi de sementes completas (309 sementes - 68,9%), seguida de sementes sem embrião e sem endosperma (93 sementes - 20,7%), seguida, por sua vez, de sementes sem endosperma (31 sementes - 6,9%), e, por fim, sementes sem embrião (15 sementes - 3,3%). Destaca-se neste trabalho que cerca de 70% das sementes provenientes de genótipos no subgrupo Prata como planta mãe foram sementes completas.

**Palavras-chave:** melhoramento genético, triploidia, banana.

**Agradecimentos:** Agradeço aos funcionários da Epagri, Estação Experimental de Itajaí, pelo auxílio na condução do experimento e ao apoio do CNPq (Proc 406873/2025-9) e da FAPESC (chamadas públicas 53/2022 e 44/2025).

# RGV 317 - INDUÇÃO DE CALOS COM POTENCIAL EMBRIOGÊNICO EM MANDIOQUINHA-SALSA

Laura Abatti[1,2]*, Dielly Mayara Comelli Alves[1,2]; Bárbara Nicole Daboit[1,2]; Daisy Letícia Ramirez Mónzon[3]; Neusa Steiner[4]; Taciane Finatto[1,2]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. [2]Programa de Pós-Graduação em Agronomia. [3]Universidade Nacional Del Este, Paraguai. [4]University of Hawaii at Manona, USA.
*lauraabatti@alunos.utfpr.edu.br

A mandioquinha-salsa (*Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) é uma espécie de origem andina cujas raízes apresentam elevado interesse econômico e alto valor nutricional. Por ser propagada vegetativamente por meio de cormelos, a cultura pode apresentar problemas relacionados à sanidade das mudas, especialmente devido à disseminação de doenças, como vírus e bactérias, portanto, o estabelecimento de um protocolo de embriogênese somática permite a propagação massal, em larga escala e com produção de mudas de alta qualidade fitossanitária. Diante disso, o objetivo desse trabalho foi induzir embriões somáticos via produção de calos com o uso da técnica *thin cell layer* (TCL) em diferentes explantes obtidos de plantas de mandioquinha-salsa estabelecidas *in vitro*. Em laboratório, explantes da cultivar 'BRS Catarina 64', provenientes das regiões basal, mediana e distal do pecíolo e do limbo foliar, previamente estabelecidos *in vitro*, foram cultivados em meio de cultura B5 contendo diferentes concentrações de 2,4-D (0; 0,020; 0,040; 0,060; 0,080 µM e 0; 10; 20; 30; 40 µM), visando à indução de calos. Posteriormente, os calos obtidos foram transferidos para meio B5 suplementado com diferentes concentrações das citocininas BAP e KIN (1 e 0,93 µM), bem como, em etapas subsequentes, para meio B5 isento de reguladores de crescimento, visando à indução da embriogênese somática. Observou-se que a indução de calos foi favorecida pela técnica de TCL, especialmente em explantes da porção basal do pecíolo, nos quais tanto a calogênese quanto a posterior embriogênese somática e regeneração de plantas foram favorecidas. Além disso, a adição de 2,4-D influenciou o desenvolvimento dos calos iniciais, sendo as concentrações de 0,040 e 20 µM as mais promissoras. Os calos formados apresentaram diferentes características morfológicas, com predominância de aspecto friável e coloração escura. A citocinina BAP não promoveu a formação de calos embriogênicos. Em contrapartida, verificou-se a formação de calos com padrão embriogênico tanto na presença de KIN quanto em meio isento de reguladores de crescimento. Dessa forma, os resultados demonstram o potencial da mandioquinha-salsa para a embriogênese somática.

**Palavras-chave:** Calogênese; 2,4-D; Thin Cell Layer.

**Agradecimentos:** À UTFPR, ao CNPq e a CAPES (Código de Financiamento 001) pelo apoio à pesquisa.

# RGV 318 - STATUS DE OCORRÊNCIA, USO E CONSERVAÇÃO *ON-FARM* DE VARIEDADES DE INHAME POR AGRICULTORES FAMILIARES EM ALAGOAS

Vinicios Ferreira da Silva[1]; Karyna Evellin Alves da Silva[1]; Semíramis Rabelo Ramalho Ramos[2]*; Marissonia de Araújo Noronha[3]; João Gomes da Costa[2]

[1]Universidade Federal de Alagoas. [2]Embrapa Alimentos e Territórios. [3] Embrapa Tabuleiros Costeiros. *semiramis.ramos@embrapa.br

As mesorregiões do Agreste e Leste de Alagoas têm forte tradição agrícola no cultivo de variedades tradicionais de inhame (*Dioscorea* spp), as quais têm importância sócioeconômica para o estado. O objetivo central deste trabalho foi avaliar ocorrência, uso, estado de conservação e as ameaças à erosão genética das variedades de inhame em Alagoas. Os dados foram coletados no período de março de 2023 a março de 2024, por meio de questionário e da técnica "bola de neve", identificando agricultores e suas áreas de cultivo a partir de contatos estabelecidos nas feiras livres de Maceió. O grau de conservação foi avaliado por fatores como frequência de cultivo, condições de manejo, ameaça a erosão, vulnerabilidade ambiental e uso tradicional. Os agricultores atribuíram uma classificação subjetiva de risco a cada variedade (alto, médio, baixo). Foram identificados 51 agricultores-chave, guardiões de variedades crioulas de inhame/cará por preservarem esses genótipos e possuírem profundo conhecimento sobre o cultivo. Os resultados indicaram tendência de redução da diversidade varietal nos últimos anos, com aumento expressivo do cultivo da variedade “inhame branco” (*D. cayennensis*), introduzida de Pernambuco e da Paraíba, que representou cerca de 49% dos plantios locais. A infestação do nematoide causador da doença casca-preta (*Scutellonema bradys*) foi o maior problema enfrentado pelos agricultores. Constatou-se que as variedades locais “Gereba”, “Barba-de-Arame” e “Seda” ainda são mantidas, assim como o cultivo e consumo de *D. trifida,* conhecidas como “Cará-Roxo-da-Mata”, “Cará-Branco-da-Mata” e “Cará-Amarelo-da Mata”, exploradas quase exclusivamente de forma extrativista. Três espécies foram identificadas: *D. alata* Lam (polpa branca e roxa), *D. trifida* Lam (branca, amarela e roxa) e *D. cayennensis* Lam (branca e creme). A caracterização e a valorização dessas variedades representam oportunidade de agregação de valor e geração de renda para os agricultores. Os resultados evidenciam dificuldades com o manejo pós-colheita dos genótipos reservados para sementes e o armazenamento inapropriado, situações que contribuem para o desaparecimento das variedades tradicionais. Diante desse cenário, torna-se urgente a implementação de estratégias que possam integrar a conservação *in situ*/*on farm* e *ex situ*, bem como o fortalecimento de políticas públicas que valorizem, incentivem e promovam o uso sustentável das variedades crioulas de inhame.

**Palavras-chave:** Erosão Genética; Cultivares Tradicionais; Agrobiodiversidade.

**Agradecimentos:** CNPQ/EMBRAPA pelo apoio, via bolsas PIBIC, aos discentes UFAL.

# RGV 319 - DIVERSIDADE GENÉTICA EM MUDAS DE ESPÉCIES FLORESTAIS PARA RESTAURAÇÃO ECOLÓGICA EM SANTA CATARINA

Francisco Lanzer Machado[1]; Juliana Machado Ferreira[1]; Maurício Sedrez dos Reis[2]; Tiago Montagna[1]*

[1]Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais, Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Núcleo de Estudos em Socioagrobiodiversidade, Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais, Universidade Federal de Santa Catarina. *t.montagna@ufsc.br

A manutenção da variabilidade genética em projetos de restauração ecológica é fundamental para a preservação do potencial adaptativo e persistência das populações restauradas. A captura da variabilidade genética depende em grande medida das práticas de coleta de sementes e produção de mudas adotadas. O presente estudo acessou a diversidade genética de lotes de mudas de *Araucaria angustifolia*, *Euterpe edulis* e *Mimosa scabrella* produzidos por viveiros no estado de Santa Catarina, Brasil, relacionando-a às práticas de coleta de sementes adotadas pelos viveiristas. Foram amostradas em torno de 30 mudas por lote em cinco viveiros para *A. angustifolia*, três viveiros para *E. edulis* e três viveiros para *M. scabrella*. A variabilidade genética foi acessada por meio da técnica de eletroforese de isoenzimas, estimando-se a heterozigosidade esperada ($\widehat{H}_E$), heterozigosidade observada ($\widehat{H}_O$) e o índice de fixação ($\hat{f}$). Para *A. angustifolia*, $\widehat{H}_E$ e $\widehat{H}_O$ médias foram 0,112 e 0,088, respectivamente, e três dos cinco lotes amostrados apresentaram f significativamente positivo. Para *M. scabrella*, $\widehat{H}_E$ e $\widehat{H}_O$ foram 0,433 e 0,321, e os três lotes apresentaram $\hat{f}$ significativamente positivo. Já para *E. edulis*, $\widehat{H}_E$ foi de 0,213 e $\widehat{H}_O$ de 0,226, sem índices de fixação diferentes de zero. Os viveiristas afirmam coletar sementes a partir de 3 a 50 matrizes por espécie, utilizando a disponibilidade de sementes como critério predominante na seleção das árvores matrizes. Os resultados deste trabalho evidenciam diferenças entre as espécies em relação à manutenção da variabilidade genética das mudas produzidas a partir destes critérios de coleta de sementes. Contudo, para *A. angustifolia* e *M. scabrella*, levanta-se uma preocupação quanto à conservação da diversidade genética de parte dos lotes avaliados. Dessa forma, protocolos de coleta de sementes para a produção de mudas para plantios de restauração ecológica devem incluir critérios como o número mínimo de matrizes, sua distribuição espacial e a origem do material, de forma a ampliar a captura da diversidade genética e, consequentemente, o potencial adaptativo das populações e a persistência dos sistemas restaurados.

**Palavras-chave:** pinheiro-brasileiro, bracatinga, juçara.

**Agradecimentos:** à CAPES; ao CNPq; à FAPESC.

# RGV 320 - CRIA E RECRIA DE MUDAS: CENTRALIZAÇÃO DAS FONTES DE GERMOPLASMA PARA A RESTAURAÇÃO ECOLÓGICA

Francisco Ianzer Machado[1]; Juliana Machado Ferreira[1]; Maurício Sedrez dos Reis[2]; Tiago Montagna[1]*

[1]Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais, Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Núcleo de Estudos em Socioagrobiodiversidade, Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais, Universidade Federal de Santa Catarina. *t.montagna@ufsc.br

A produção e a comercialização de mudas florestais voltadas à restauração ecológica com alta variabilidade genética depende em grande medida das práticas de coleta ou obtenção de sementes e mudas. A coleta de sementes pode ser uma etapa custosa em tempo e recursos para os viveiristas, e redes de comércio de mudas entre viveiros podem ampliar a distribuição geográfica de material de origem idêntica. O presente estudo caracterizou a produção e a comercialização de mudas de espécies florestais nativas da Mata Atlântica em viveiros do estado de Santa Catarina à luz de suas possíveis implicações para a conservação dos recursos genéticos. Foram realizadas entrevistas semiestruturadas com 44 viveiristas com ampla distribuição geográfica no estado, abordando temas relacionados às práticas de coleta ou obtenção de sementes e mudas e comercialização do material. Dentre os principais resultados, foi identificado um sistema informal de aquisição de mudas bastante difundido, referido como “cria e recria” de mudas. Este sistema consiste na compra de mudas germinadas por poucos estabelecimentos coletores de sementes por outros viveiros, que, por sua vez, desenvolvem o material vegetal e revendem para o mercado. Entre os viveiros avaliados, 38,6% adquirem parte de suas mudas por esta modalidade, e 20,5% dependem exclusivamente da “cria e recria”. Três viveiros localizados no Alto Vale do Itajaí fornecem mudas para ao menos 13 outros estabelecimentos distribuídos por Santa Catarina. Estes fornecedores de mudas afirmaram coletar sementes provenientes de até dez matrizes por espécie, e conjuntamente produzem aproximadamente 1,7 milhão de mudas anualmente, o que representa cerca de 25% da produção estadual estimada. Além disso, dois destes viveiros fornecem mudas para recria nos estados do Rio Grande do Sul, Paraná, São Paulo e Minas Gerais. Como resultado, uma pequena parcela dos viveiros pode concentrar grande parte da origem do germoplasma distribuído para a cadeia da restauração ecológica. A dependência de poucos agentes pode reduzir a representatividade da diversidade genética e favorecer processos de homogeneização genética em florestas restauradas. Dessa maneira, deve-se visar a incorporação de estratégias de rastreabilidade do material genético utilizado em projetos de restauração, assim como de ampliação do número de matrizes utilizadas, buscando a introdução de germoplasma com variabilidade genética e localmente adaptado.

**Palavras-chave:** variabilidade genética; germoplasma; viveiros florestais.

**Agradecimentos:** à CAPES; ao CNPq; à FAPESC.

# RGV 321 - CARACTERIZAÇÃO MORFOFISIOLÓGICA DE SEMENTES DA CULTIVAR DE MARACUJÁ SCS437 CATARINA EM SISTEMAS DE AGRICULTURA FAMILAR EM SANTA CATARINA

Carolina Müller Zimmermann[1]; Michelle Barbosa Teixeira Loss[2]; Jonathan Eduardo Giehl Müller[2]; Yohan Fritsche [2]*; Loisiana Feuser dos Santos[2]; Gabriela Woiczack[2]; Marina Martinello Back[3]; Henrique Belmonte Pety[3]; Alberto Fontanella Brighenti[2]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão de Santa Catarina. *carolzimmermann16@gmail.com

O maracujazeiro-azedo (*Passiflora edulis* Sims) é uma das principais frutíferas cultivadas no Brasil, com importância para a agricultura familiar. Em Santa Catarina, a cultivar SCS437 Catarina, desenvolvida pela Epagri, destaca-se como importante recurso genético regional. A produção de sementes ocorre, em grande parte, nas propriedades familiares, podendo resultar em diferenças na qualidade dos materiais utilizados. O objetivo deste trabalho foi avaliar a qualidade morfofisiológica de sementes da cv. SCS437 Catarina cultivadas por agricultores familiares do sul de Santa Catarina. Foram avaliados materiais provenientes de 15 agricultores com diferentes práticas de seleção, manejo, armazenamento e produção de sementes. As avaliações foram conduzidas em delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições de 25 sementes por agricultor. Foram determinados o grau de umidade, o peso de mil sementes, a porcentagem de germinação, o índice de velocidade de emissão de radículas (IVER) e os comprimentos da parte aérea, das raízes e das plântulas, conforme as Regras para Análise de Sementes (RAS). Os dados foram submetidos à análise de variância e, quando significativos, as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Foram observadas diferenças significativas entre os agricultores para todas as características avaliadas. A germinação apresentou diferenças significativas entre as épocas de avaliação. Aos 7 dias após a semeadura (DAS), os valores variaram de 1 a 53%, enquanto aos 28 DAS variaram de 10 a 71%. Ao final do teste, os materiais dos agricultores 7 e 12 apresentaram as maiores germinações, com 71 e 70%, respectivamente, enquanto os agricultores 14 e 15 apresentaram 10 e 26%. O peso de mil sementes variou de 24,53 a 28,15 g e o teor de umidade de 7,75 a 11,14%. Também foram observadas diferenças no comprimento da parte aérea (8,81-13,00 cm), das raízes (3,88-6,97 cm) e das plântulas (13,66-18,77 cm). Os resultados evidenciam diferenças na qualidade física e fisiológica das sementes provenientes dos agricultores, reforçando a importância da caracterização desses materiais para compreender a variabilidade presente na cultivar SCS437 Catarina e subsidiar estratégias de conservação e utilização desse recurso genético.

**Palavras-chave:** Variabilidade genética; qualidade fisiológica; *Passiflora edulis*.

**Agradecimentos:** A CAPES, RGV e EPAGRI-Urussanga.

# RGV 322 - SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA EM DUAS ETAPAS PARA PRODUTIVIDADE, QUALIDADE COMERCIAL E CAROTENOIDES EM BATATA-DOCE DE POLPA LARANJA

Adriel da Silva Alves[1]*; Jorge Andres Betancur Gonzalez[1]; Juliano Galina[1]; André Junior Ribeiro[2]; Tiago Olivoto[1]; André Ricardo Zeist[3]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri). [3]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ/USP). *adriel.alves@posgrad.ufsc.br

Genótipos de batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] de polpa laranja representam importantes recursos genéticos para o desenvolvimento de cultivares biofortificadas devido ao elevado teor de carotenoides. A seleção simultânea de produtividade, qualidade comercial de raízes e teor de carotenoides requer índices multicaracterísticos capazes de integrar esses caracteres na identificação de genótipos superiores. Este estudo objetivou selecionar genótipos de batata-doce de polpa laranja utilizando o índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterístico (MGIDI) e avaliar a estabilidade da seleção por meio de análise de sensibilidade. Os experimentos foram conduzidos na Fazenda Experimental da Ressacada (UFSC), Florianópolis, SC, em delineamento de blocos aumentados. Na Etapa I (2023), 1.048 genótipos foram avaliados para aptidão para propagação (AP), número total (NTR) e produtividade total de raízes (RTY), número (NCR) e produtividade comercial (CRY), resistência a insetos (RI), aparência de raízes (AR), cor da polpa (CP) e razão CRY/RTY. Na Etapa II (2024), 70 tratamentos foram avaliados incluindo teor de carotenoides totais (CAR, μg $g^{-1}$ de farinha seca) quantificado por espectrofotometria. Na Etapa I, os maiores diferenciais de seleção foram para CRY (207,9%), RTY (174,1%) e NCR (157,5%); RI e CP apresentaram diferenciais negativos, evidenciando limitação da pré-seleção para atributos qualitativos. Na Etapa II, todos os dez caracteres apresentaram diferenciais positivos, com destaque para CAR (33,0%), CRY (32,9%) e RTY (32,2%). A decomposição da variância indicou elevada contribuição genotípica para aparência de raízes (100%), RTY (81,5%) e CRY (78,3%). O MGIDI selecionou 14 materiais: B-35, F06-136, B-71, FA-149, FA-132, U2-158, Beauregard, FA-168, B-58, U1-87, FA-180, B-69, B-A e FA-71. A análise de sensibilidade com 1.000 simulações confirmou elevada estabilidade da seleção, com 12 dos 14 materiais classificados como altamente estáveis; B-35, B-71, F06-136 e U2-158 foram selecionados em 100% das simulações. O MGIDI associado à análise de sensibilidade mostrou-se eficiente na seleção de genótipos com desempenho equilibrado para caracteres agronômicos, comerciais e nutricionais, sendo os 14 genótipos identificados recursos genéticos promissores para programas de melhoramento voltados à biofortificação.

**Palavras-chave:** *Ipomoea batatas*; índice de seleção; biofortificação.

**Agradecimentos:** À CAPES (Código de Financiamento 001) pelo apoio financeiro.

# RGV 323 - ESTABILIDADE DA SELEÇÃO MULTICARACTERÍSTICA DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE DE POLPA LARANJA: SENSIBILIDADE AO PESO DOS CARACTERES NO ÍNDICE MGIDI

Adriel da Silva Alves[1]*; Jorge Andres Betancur Gonzalez[1]; Juliano Galina[1]; André Junior Ribeiro[2]; Tiago Olivoto[1]; André Ricardo Zeist[3]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC. [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri), Florianópolis, SC. [3]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ/USP), Piracicaba, SP. *adriel.alves@posgrad.ufsc.br

A batata-doce [*Ipomoea batatas* (L.) Lam.] possui ampla variabilidade genética e potencial para biofortificação, com destaque para genótipos de polpa laranja ricos em carotenoides. A seleção simultânea de caracteres por índices multicaracterísticos exige a definição de pesos que expressam a importância relativa de cada caractere. Pequenas variações nesses pesos podem alterar a composição do grupo selecionado, tornando a avaliação da estabilidade da seleção essencial para conferir confiabilidade às recomendações do melhoramento. Este trabalho objetivou avaliar a estabilidade da seleção de genótipos de batata-doce de polpa laranja com o índice de distância genótipo-ideótipo multicaracterístico (MGIDI) por meio de análise de sensibilidade aos pesos. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental da Ressacada (UFSC), Florianópolis, SC, em delineamento de blocos aumentados com 70 tratamentos avaliados para dez caracteres: distribuição de raízes no solo (DRS), produtividades total (RTY) e comercial (CRY), números total (NTR) e comercial (NCR) de raízes, massa média de raízes comerciais (AMCR), aparência (AR), resistência a insetos (RI), cor da polpa (CP) e carotenoides totais (CAR, μg $g^{-1}$ de farinha seca). Os pesos originais variaram de 1 a 5, com maior prioridade para CAR (5), CRY, AR e RI (4). Foram realizadas 1.000 simulações de perturbação aleatória nos pesos (±1 unidade), mantendo intensidade de seleção de 20% (14 genótipos por simulação). A frequência de seleção de cada genótipo foi utilizada como indicador de estabilidade: altamente estável (≥80%), moderadamente estável (50-79,9%) e sensível aos pesos (<50%). Dos 14 genótipos selecionados pelo MGIDI, 12 foram classificados como altamente estáveis, com frequência média de 94,9%. B-35, B-71, F06-136 e U2-158 foram selecionados em 100% das simulações. FA-71 e B-58 foram moderadamente estáveis (79,9% e 69,0%). Genótipos não selecionados originalmente apresentaram frequências abaixo de 14%. A análise de sensibilidade mostrou-se eficaz para avaliar a estabilidade da seleção multicaracterística em genótipos de batata-doce de polpa laranja. Os resultados mostraram que a recomendação dos genótipos permaneceu consistente frente às variações nos pesos dos caracteres, reforçando a confiabilidade do índice MGIDI.

**Palavras-chave:** *Ipomoea batatas*; MGIDI; biofortificação.

**Agradecimentos:** À CAPES (Código de Financiamento 001) pelo apoio financeiro.

# RGV 328 - CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA E PRODUTIVA DE CULTIVARES CRIOULAS DE FEIJÃO

Marcos Paulo Dela Justina[1]*; Lucas da Silva Domingues[1]; Andriele Orben[1]; Gustavo Hossel[1]; João Bento Pagnoncelli de Godoy[1]; Joice Alessandra Zart[1]; Maria Eduarda Baldissar Hamud[1]; Otavio Lucio Cossetin[1]

[1]UTFPR - Campus Dois Vizinhos. *marcosjustina@alunos.utfpr.edu.br

A cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris*) apresenta ampla diversidade genética, especialmente entre as variedades crioulas. Essas podem apresentar características agronômicas importantes, como produtividade e resistência a pragas e doenças, além de aspectos morfológicos. Características como a altura de inserção da primeira vagem têm recebido atenção crescente nos programas de melhoramento genético devido ao aumento da colheita mecanizada e às dificuldades associadas a essa prática. O presente trabalho tem como objetivo avaliar o desempenho agronômico de dez genótipos crioulos de feijão quanto à altura da primeira vagem e à produtividade de grãos. O experimento foi conduzido na Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Dois Vizinhos, safra 2024/2025. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados (DBC), com três repetições por tratamento. Ao final da colheita, foram separadas dez plantas de cada tratamento, nas quais, com o auxílio de uma régua, foram realizadas medições para obter a variável altura da primeira vagem (A1V) em centímetros. Para a produtividade, foi realizada a debulha de uma amostra com 16,2 $m^2$ por parcela, a qual foi pesada para obter a produtividade em kg $ha^{-1}$. Os resultados obtidos com essa pesquisa mostram que, no parâmetro A1V, a variedade Vinagrinho apresentou superioridade em relação às outras cultivares, com A1V de 23,41 cm, diferindo dos demais genótipos, que apresentaram valores entre 12,34 e 16,21 cm. Essa característica representa maior potencial, uma vez que a maior distância entre a superfície do solo e a primeira vagem pode favorecer a operação de colheita. Quanto à produtividade, a cultivar Carioca Siriri apresentou a maior média, com 2.718,17 kg $ha^{-1}$, seguida da cultivar Vinagrinho (2.681,17 kg $ha^{-1}$), Maronze (2.519,00 kg $ha^{-1}$) e Carioca Pintinho (2.502,02 kg $ha^{-1}$), enquanto a cultivar Mouro apresentou a menor produtividade, com 718,40 kg $ha^{-1}$. Conclui-se que os genótipos avaliados apresentam grande variabilidade quanto à altura da primeira vagem e à produtividade, com destaque para o genótipo Vinagrinho, que apresentou maior altura da primeira vagem e elevada produtividade. Já o genótipo Carioca Siriri apresentou a maior produtividade entre os materiais avaliados, seguido por Vinagrinho, o que demonstra o alto potencial dos genótipos crioulos como fonte de variabilidade para a seleção de materiais de interesse agronômico.

**Palavras-chave:** Variedades crioulas; produtividade.

**Agradecimentos:** Agradecemos à UTFPR e à Fundação Araucária pela realização dos projetos de pesquisa.

# RGV 329 - ANÁLISE DA IDENTIDADE GENÉTICA DE CLONES DE MANDIOQUINHA-SALSA PROPAGADOS *IN VITRO*

Bárbara Nicole Daboit[1,2]*; Laura Abatti[1,2]; Dielly Mayara Comelli Alves[1,2]; Taciane Finatto[1,2]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. [2] Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
*barbaradaboit@alunos.utfpr.edu.br

A espécie *Arracacia xanthorrhiza* Bancroft, conhecida como mandioquinha-salsa, é uma olerícola perene de origem andina, propagada principalmente por via vegetativa por meio de perfilhos. A propagação *in vitro* a partir do isolamento de meristemas é amplamente empregada para a obtenção de plantas matrizes livres de vírus e deve garantir a identidade genética do material vegetal. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a identidade genética de seis clones do genótipo Amarela de Senador Amaral (ASA), obtidos via cultura de meristemas e posteriormente submetidos ao processo de aclimatação (clones 49, 55, 56, 60, 61 e 66). O estudo foi conduzido no Laboratório de Biotecnologia Vegetal da Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Pato Branco. As plantas foram subcultivadas duas vezes em meio de cultura B5 e, em seguida, avançaram para a etapa de aclimatação, constituída por três fases: 30 dias em sala de crescimento, 50 dias em Fitotron e 110 dias em casa de vegetação. A variabilidade genética foi avaliada utilizando 14 marcadores microssatélites (SSR). Após a extração e quantificação do DNA, procedeu-se à amplificação dos fragmentos por PCR, seguida da separação por eletroforese. Os dados obtidos originaram uma matriz binária, utilizada para estimar a similaridade genética pelo coeficiente de Dice e realizar a análise de agrupamento pelo método UPGMA no software NTSYS-PC. Os marcadores SSR empregados apresentaram baixo nível de polimorfismo, com o maior valor de Conteúdo de Informação Polimórfica (PIC) igual a 10%, os quais foram classificados como pouco informativos. Entre os iniciadores avaliados, D4 e D5 demonstraram maior variação entre os clones aclimatados do genótipo ASA, indicando que existe variabilidade genética oriunda do processo de propagação *in vitro*. A similaridade genética média foi de 0,908, e o clone 61 registrou a maior similaridade com a planta matriz (90,8%), enquanto o clone 66 apresentou a menor similaridade genética, de 81,5% com base nos marcadores utilizados.

**Palavras-chave:** microssatélites; batata-baroa; similaridade genética.

**Agradecimentos:** À Fundação Araucária/SETI pela bolsa de técnico II e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

# RGV 330 - DESEMPENHO DE GENÓTIPOS CRIOULOS DE FEIJÃO QUANTO AOS COMPONENTES DE RENDIMENTO

Marcos Paulo Dela Justina[1]*; Lucas da Silva Domingues[1]; Andriele Orben[1]; Gustavo Hossel[1]; João Bento Pagnoncelli de Godoy[1]; Joice Alessandra Zart[1]; Maria Eduarda Baldissar Hamud[1]; Otavio Lucio Cossetin[1]

[1]UTFPR - Campus Dois Vizinhos. *marcosjustina@alunos.utfpr.edu.br

O feijão é uma cultura de grande importância mundial, difundida em mais de 130 países, desempenhando papel de significativa relevância nos aspectos nutricionais, econômicos e culturais. Os componentes de rendimento são uma ferramenta utilizada para a avaliação integrada de aspectos morfológicos e agronômicos, permitindo a identificação de materiais com características agronômicas relevantes e favoráveis. O trabalho tem como objetivo avaliar o desempenho de genótipos crioulos de feijão quanto aos componentes de rendimento, considerando o número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV) e número de grãos por planta (NGP). O experimento foi conduzido na Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Dois Vizinhos na safra de 2024/2025. O delineamento experimental utilizado foi o de blocos casualizados (DBC), com três repetições por tratamento. Para fins de comparação, foram avaliados dez genótipos de feijão, identificados como: Colorido, Pardinho, Mouro, Carioca Siriri, Carijó, Carioca Pintinho, Maronze, Paco Mineiro, Vinagrinho e Rosinha. Ao final do cultivo, foram realizados os componentes de rendimento, avaliando: número de vagens por planta (NVP), número de grãos por vagem (NGV) e número de grãos por planta (NGP). Os dados foram tabulados em planilha eletrônica e submetidos à análise de variância. As médias dos genótipos foram comparadas pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$). Os resultados obtidos a partir desse experimento mostram que, para a variável NVP, Rosinha apresentou o maior valor com 16,00, enquanto Carioca Pintinho apresentou o menor, 7,63, sendo este último pertencente ao grupo estatístico (b), distinto dos demais genótipos. Já para NGP novamente a variedade Rosinha apresentou destaque, com 60,00, seguida por Carioca Siriri (56,23) e Maronze (54,33) enquanto o genótipo Mouro apresentou o menor valor, 32,40. Para a variável NGV, Carioca Pintinho apresentou o maior valor, 4,76, seguido por Maronze (4,60) e Pardinho (4,30), enquanto, no agrupamento estatístico inferior, a variedade Mouro apresentou o menor valor, 3,03. Conclui-se que os genótipos avaliados apresentaram padrões distintos de desempenho nos componentes de rendimento. A variedade Rosinha apresentou desempenho superior para NVP e NGP, enquanto Carioca Pintinho apresentou elevado NGV, mas o menor NVP contribuiu para o baixo NGP, assim como Mouro, cujos baixos índices de NGV resultaram em baixo NGP, apontando um efeito compensatório entre os componentes do rendimento.

**Palavras-chave:** Variedades; *Phaseolus vulgaris* L.

**Agradecimentos:** Agradecemos à UTFPR e à Fundação Araucária pela realização dos projetos de pesquisa.

# RGV 331 - ANÁLISE MORFOLÓGICA DE ACESSOS RECÉM-INTRODUZIDOS: SUBSÍDIO PARA INCORPORAÇÃO E MANEJO NO BANCO DE GERMOPLASMA DE ABACAXIZEIRO

Rafaela de Santana Sacramento[1]*; Eva Maria Costa[2]; Paulo Henrique[2]; Andressa Henrique Sousa[1]; Caroline dos Santos[1]; Fernanda Vidigal Duarte Souza[2]

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [2]Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*rafaelasacramento20@gmail.com

O Banco Ativo de Germoplasma de Abacaxi da Embrapa Mandioca e Fruticultura é um dos mais antigos do Brasil e provavelmente um dos maiores do mundo. As perdas no campo ao longo dos anos têm sido expressivas, principalmente devido ao complexo viral PMWaV causador da murcha do abacaxizeiro. A reintrodução de acessos, assim como o enriquecimento do BAG com novos acessos por meio de doações, introduções ou coletas são atividades de rotina na gestão de um banco. Este trabalho aborda a caracterização morfológica de 17 acessos que foram inseridos no BAG Abacaxi. Foram avaliados 17 acessos a partir de cinco descritores quantitativos: número de folhas, altura da planta, largura da copa, comprimento e largura da folha D. Devido ao número desbalanceado de repetições por genótipo, os dados foram consolidados por meio da média aritmética de cada variável. Posteriormente, a matriz foi padronizada (Z-score) e submetida às análises multivariadas de Componentes Principais (PCA) e Agrupamento Hierárquico (HCA), utilizando a distância euclidiana e o método de Ward. A análise multivariada revelou que os três primeiros componentes principais (CP) acumularam 83,59% da variância fenotípica total observada no banco de germoplasma de abacaxizeiro. CP1 foi responsável por explicar a maior fração da variabilidade (40,42%), sendo predominantemente influenciado, em ordem decrescente de importância, pelas características de comprimento da folha D, largura da copa e altura da planta. Dessa forma, o eixo horizontal do biplot discriminou com eficiência o vigor vegetativo geral das plantas. CP2 reteve 21,75% da variação residual e foi fortemente dominado pelo número de folhas, com um comportamento independente para o desenvolvimento foliar. A análise de agrupamento hierárquico (HCA), baseada na distância euclidiana e no método de Ward, confirmou a dispersão espacial da PCA ao estratificar os 17 acessos de abacaxizeiro em três grupos morfológicos distintos: G1: BGA-957, BGA-966, BGA-969, BGA-971 e BGA-987, caracterizados por plantas de porte mais compacto, apresentando menores médias para altura, largura de copa e comprimento de folha. G2: concentrou a maior parte do germoplasma (BGA-955, BGA-960, BGA-963, BGA-973, BGA-975, BGA-976, BGA-978, BGA-979, BGA-984, BGA-985 e BGA-986), apresentando genótipos de vigor vegetativo intermediário a elevado e G3: apenas o BGA-972, que se isolou como um *outlier* superior devido ao seu comportamento morfológico discrepante, exibindo simultaneamente o maior número de folhas (30,0) e o maior comprimento da folha D (138,10) dentre todos os materiais avaliados. A análise multivariada discriminou com eficiência os novos materiais, evidenciando que as introduções recentes ampliam a variabilidade do BAG. A caracterização prévia permitiu discriminar os acessos e identificar materiais com alto vigor vegetativo (como o *outlier* BGA-972).

**Palavras-chave:** *Ananas comosus*; Conservação *ex situ*; Estatística multivariada.

**Agradecimentos:** UFRB, EMBRAPA, CNPq e Fapesb.

# RGV 332 - FENOTIPAGEM DIGITAL NA CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE PANÍCULAS DE ACESSOS DE MILHETO

Isabela Volpi Furtini[1]*; Nathan Lamounier Lima[1]; Jamilly Cavanholi Valadares[2]; Vitória Moreira Tamarindo Sena[2]; Marcos Paulo Mingote Julio[3]; Ruan Camilo Silva[2]; José Ângelo Nogueira de Menezes Júnior[1]; Flávio Dessaune Tardin[1]; Priscila Cordeiro Gomes[1]

[1]Embrapa Milho e Sorgo. [2]Universidade Federal de São João del Rey. [3]Bolsista.
*isabela.furtini@embrapa.br

O milheto (*Cenchrus americanus*) é estratégico para a segurança alimentar frente às mudanças climáticas, devido à sua tolerância à seca e ao calor. A caracterização de germoplasma é essencial para identificar acessos promissores, contudo, métodos manuais de avaliação demandam tempo e limitam a caracterização em larga escala. Objetivou-se avaliar a eficiência e precisão da fenotipagem digital por processamento automatizado de imagens frente ao método manual para caracterizar panículas de milheto em 77 acessos do Banco Ativo de Germoplasma conduzidos em blocos casualizados com duas repetições. Na avaliação manual, mediu-se o comprimento da panícula (CP) e do pedúnculo (CPE) com régua e a largura (LP) com paquímetro. Na digital, as estruturas foram fotografadas sob altura padronizada por um celular e analisadas no software FIJI/ImageJ, determinando-se o comprimento pelo eixo central da máscara segmentada e a largura pela maior dimensão em nove pontos do Mapa de Distância Euclidiana. Houve diferenças significativas entre os acessos ($p < 0,01$) para todas as características em ambos os métodos. Para CP, o coeficiente de variação residual (CVe) foi de 7,3% (digital) e 8,0% (manual), e o método digital apresentou elevado ajuste linear em relação ao manual, com coeficiente de determinação (R2) = 96,6% e correlação de Pearson (r) = 0,98**. Para o CPE, observou-se R2 = 85,1%, r = 0,92** e CVe idênticos (~ 26%). Para a LP, o CVe foi de 8,4% (manual) e 6,7% (digital), com R2 = 82,3% e r = 0,91**. As médias digitais foram superiores às manuais (CP: 27,0 vs. 23,1 cm; CPE: 9,9 vs. 7,7 cm; LP: 30,9 vs. 22,4 mm). As menores médias manuais do CP e CPE podem decorrer da leitura linear da régua, que desconsidera curvaturas e inclinações das hastes e panículas. Em contrapartida, o algoritmo computa a distância ponto a ponto da trajetória sinuosa do eixo medial, obtido via varredura transversal da máscara binária. A menor média manual da LP pode ser explicada pela subjetividade ao posicionar o paquímetro no diâmetro máximo de uma estrutura irregular, enquanto o Mapa de Distância Euclidiana mede a distância do eixo medial ao contorno da máscara binária, definindo a largura local como o diâmetro do círculo inscrito em cada ponto. A fenotipagem digital é uma ferramenta precisa, apta a otimizar tempo operacional, contornar limitações anatômicas e acelerar a triagem de acessos de milheto.

**Palavras-chave:** Análise de imagens; Recursos genéticos vegetais; Variabilidade genética.

**Agradecimentos:** À FAPEMIG e à EMBRAPA.

# RGV 334 - VARIAÇÃO DE DITERPENO SINTASES E PADRÃO DE ACÚMULO DE DITERPENOS EM FRUTOS DE *COFFEA SALVATRIX*

Joana Oliveira Zeist[1]; Ilara Gabriela Frasson Budzinski[1]; Daisy Sotero Chacon[1,2]; Marcelo José Pena Ferreira[3]; Laura Gonzalez-Garcia[4]; Romain Guyot[4]; Oliveiro Guerreiro Filho[5]; Douglas Silva Domingues[1]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ/USP). [2]Universidade Estadual de Londrina (UEL). [3]Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo (IB/USP). [4]Institut de Recherche pour le Développement (IRD), UMR DIADE. [5]Instituto Agronômico de Campinas (IAC). *joanazeist@usp.br

Espécies silvestres de *Coffea* são fontes de diversidade genética e metabólica para a caracterização e o uso de recursos genéticos. Cafestol e caveol são diterpenos característicos de *Coffea*, associados à composição da bebida e a efeitos de interesse nutricional e farmacológico. Neste estudo, avaliou-se a variação de cafestol e caveol em frutos verdes e maduros de *Coffea salvatrix* e caracterizaram-se as candidatas a diterpeno sintases (diTPS), usando espécies cultivadas como referência. Os diterpenos foram quantificados por HPLC, enquanto proteínas preditas a partir de uma montagem genômica *draft* de *C. salvatrix*, gerada pelo grupo de trabalho, e de genomas de referência de *C. canephora* e *C. arabica* 'ET39' foram reanalisadas para identificação e análise filogenética de diTPS. Em *C. salvatrix*, o cafestol aumentou de 0,0569 para 0,8128 µg $g^{-1}$ e o caveol de 0,1572 para 1,6033 µg $g^{-1}$ entre frutos verdes e maduros, correspondendo a aumentos de aproximadamente 14,3 e 10,2 vezes, respectivamente. O caveol apresentou concentrações superiores às de cafestol nos dois estádios, e o maior acúmulo de ambos os diterpenos em frutos maduros contrasta com o usualmente observado em *C. arabica*. Foram identificadas onze candidatas a diTPS em *C. salvatrix*, número superior ao observado em *C. canephora* (sete) e em cada um dos subgenomas C (sgC) e E (sgE) de *C. arabica* 'ET39' (oito cada). Das candidatas de *C. salvatrix*, cinco correspondem a TPS-c e seis a TPS-e/f, conforme a inferência filogenética. Os resultados revelam um repertório expandido de diTPS em *C. salvatrix* e um padrão particular de acúmulo de cafestol e caveol durante a maturação, indicando a análise de expressão como próxima etapa para associar genes candidatos à biossíntese desses diterpenos.

**Palavras-chave:** espécies silvestres; germoplasma: maturação.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), Brasil, Processos nº 2024/23401-5 e 2023/03353-3; Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) (processos nº 445271/2024-8 e 405096/2024-0); Instituto Agronômico de Campinas (IAC), pela manutenção e disponibilização dos acessos do banco de germoplasma de *Coffea* utilizados neste estudo.

# RGV 335 - VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE MANGABEIRA (*Hancornia speciosa Gomes*) ORIUNDOS DE DIFERENTES ECOSSISTEMAS E PROVENIENTES DO JARDIM CLONAL DA EMPAER-PB

Edivaldo Galdino Ferreira[1]; Ivonete Berto Menino[1]; Demilson Lemos de Araujo[1]

[1]Empresa Paraibana de Pesquisa, Extensão Rural e Regularização Fundiária.

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 EMPAER, localizado na Estação Experimental José 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, acondicionadas em caixas térmicas para melhor conservação e levadas ao Laboratório de Biologia Molecular da Universidade Federal Rural do Semiárido - UFERSA. A metodologia utilizada para extração do DNA foi o protocolo de Doyle & Doyle com modificações. Foram utilizados quarenta primers RAPD e encontrados 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. Os trinta e um genótipos foram analisados utilizando-se o programa Genes e dados binários. Foi aplicado o método de agrupamento UPGMA (Unweighted Pair Group Method), construído um dendrograma e observadas as dissimilaridades existentes entre os genótipos. 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.

**Palavras-chave**: mangaba, DNA, germoplasma.

# RGV 336 - CARACTERIZAÇÃO NUTRICIONAL DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO

Andriele Orben[1]*; Lucas da Silva Domingues[1]; Marcos Paulo Dela Justina[1]; Gustavo Hossel[1]; João Bento Pagnoncelli de Godoy[1]; Joice Alessandra Zart[1]; Maria Eduarda Baldissar Hamud[1]; Caroline Isabela Favetti[1]; Otavio Lucio Cossetin[1]

[1]UTFPR - Campus Dois Vizinhos. *orben.2002@alunos.utfpr.edu.br

O feijão (*Phaseolus vulgaris*) é uma cultura de grande importância social, econômica e nutricional, presente em cerca de 70% dos pratos brasileiros, uma fonte rica de proteína vegetal. Dessa forma, características nutricionais são de interesse para programas de melhoramento genético, pois o teor de proteínas nos grãos influencia diretamente a qualidade nutricional e a aceitação no mercado consumidor. Este trabalho buscou avaliar o teor de proteína bruta de 30 variedades crioulas de feijão e selecionar possíveis variedades com maior potencial nutricional. O trabalho foi conduzido na fazenda experimental da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR), campus Dois Vizinhos, na safra de 2022, utilizando o delineamento experimental em blocos ao acaso, com três repetições. Após a colheita, as amostras foram moídas no moinho de facas e submetidas à determinação do teor de proteínas a partir do método Kjeldahl (digestão, destilação e titulação). Posteriormente, submetidas à análise de variância Scott-Knott, com probabilidade de 5%. A análise estatística resultou em diferença significativa entre as variedades, formando quatro grupos. O maior teor de proteína foi observado para o genótipo Pombinho (24,36%), seguido do Taquara (24,19%), Chumbão (23,90%) e Paco mineiro (23,82%) com desempenho estatisticamente superior. Logo após estão Carioca Vermelho (23,27%), Carioca Siriri (23,02%), Mulatinho (22,77%), 90 Dias Verdeado (22,59%) e Rosinha (22,06%), apresentando valores inferiores ao primeiro grupo, mas superiores ao grupo “c” e “d” em que foram observados teores de proteína menores que 22%. Embora os grupos “c” e “d” tenham apresentado menores teores de proteína, seus genótipos não devem ser desconsiderados, pois podem apresentar características agronômicas de interesse, como resistência a doenças, adaptação e produtividade, contribuindo para futuras combinações em programas de melhoramento. Os resultados demonstram a variabilidade no teor de proteína bruta entre as variedades crioulas avaliadas. As variedades Pombinho, Taquara, Chumbão, Paco mineiro, Carioca Vermelho e Carioca Siriri apresentaram maiores teores proteicos, destacando-se como materiais promissores para estudos posteriores e como possíveis fontes de variabilidade em programas de melhoramento genético do feijão, visando à obtenção de cultivares com maior qualidade nutricional.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*; Proteína; Variedades crioulas.

**Agradecimentos:** Agradecemos à UTFPR e à Fundação Araucária pelo apoio à pesquisa.

# RGV 337 - CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-COMUM QUANTO AO TEMPO DE COZIMENTO

Joice Alessandra Zart[1]; Marcos Paulo Dela Justina[1]; Andriele Orben[1]*; Otávio Lucio Cossentin[1]; Gustavo Hossel[1]; João Bento Pagnoncelli de Godoy[1]; Maria Eduarda Baldissar Hamud[1]; Caroline Isabela Favetti[1]; Lucas da Silva Domingues[1]

[1]UTFPR-DV. *orben.2002@alunos.utfpr.edu.br

O feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é um recurso genético importante, pois apresenta grande diversidade de variedades, que pode ser explorada para características de interesse tecnológico, como o tempo de cozimento, aspecto muito importante e buscado pelo consumidor. Nesse contexto, a caracterização de variedades crioulas quanto ao tempo de cozimento pode contribuir para a seleção de materiais promissores para uso em programas de melhoramento. Esse trabalho buscou caracterizar o tempo de cozimento de 30 genótipos crioulos de feijão, visando identificar materiais com o menor tempo de cocção. O estudo foi realizado com 30 variedades crioulas de feijão comum cultivadas na área experimental da UTFPR *campus* Dois Vizinhos na safra de 2022. As avaliações foram realizadas a partir de amostras com 25 grãos, em três repetições, que, após 8 horas de embebição foram submetidas aos testes de cocção utilizando cozedor de Mattson, considerando-se o tempo médio para a queda de 13 dos 25 pinos. Os dados foram submetidos à análise de variância e ao teste de Scott-Knott a 5% de significância. Os genótipos apresentaram diferenças significativas no teste de cozimento, sendo classificados em cinco grupos pelo teste de Scott-Knott, com variação de tempo entre 13 min 24 s no genótipo Colorido a 30 min para o genótipo Argentino, com coeficiente de variação de 8,13%. Além do Colorido, outros nove genótipos integraram o grupo de menor tempo de cozimento, com médias entre 14 min 5 s e 16 min 6 s. Esta amplitude observada evidencia variabilidade entre os genótipos avaliados para essa característica, permitindo identificar materiais com desempenho favorável quanto ao tempo de cozimento e potencial de utilização em programas de melhoramento genético. A caracterização permitiu identificar genótipos com menor tempo de cozimento, com destaque para o Colorido, com potencial de uso como fonte de variabilidade em estratégias de seleção para melhoramento do feijão-comum.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*; Teste de cozimento; Variedades crioulas.

**Agradecimentos:** Agradecemos à UTFPR e à Fundação Araucária pelo apoio à pesquisa.

# RGV 338 - AVALIAÇÃO DO POTENCIAL GERMINATIVO DE DIFERENTES GENÓTIPOS DE FEIJOEIRO

Otavio Lucio Cossetin[1]*; Lucas da Silva Domingues[1]; Andriele Orben[1]; Gustavo Hossel[1]; João Bento Pagnoncelli de Godoy[1]; Joice Alessandra Zart[1]; Marcos Paulo Dela Justina [1]; Maria Eduarda Baldissar Hamud[1]

[1]UTFPR - Campus Dois Vizinhos. [2]UTFPR - Campus Dois Vizinhos. [3]UTFPR - Campus Dois Vizinhos. *cossetin@alunos.utfpr.edu.br

A cultura do feijão (*Phaseolus vulgaris*) tem grande importância econômica e social, sendo uma das principais fontes de proteína vegetal na alimentação humana. Nesse contexto, a utilização de sementes de elevada qualidade é fundamental para garantir emergência rápida e uniforme, favorecendo o estabelecimento inicial da cultura. Entretanto, fatores como patógenos e insetos podem comprometer a qualidade das sementes e o desenvolvimento inicial das plântulas. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a qualidade fisiológica de dezoito genótipos de feijão, comparando a formação de plântulas normais e anormais. O experimento foi conduzido na Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Dois Vizinhos. Foram utilizadas quatro repetições, com 50 sementes por tratamento, totalizando 200 sementes. As sementes foram distribuídas em papel germitest previamente umedecido com água destilada na proporção de 2,5 vezes o peso do papel. Os papéis foram enrolados, mantendo as sementes posicionadas e retirando o excesso de ar. Cada rolo foi identificado pelo genótipo, tratamento e repetição. As quatro repetições foram agrupadas, presas com elástico e colocadas em sacos plásticos. Os rolos permaneceram por oito dias em câmara de germinação, previamente higienizada, à temperatura de 25 °C. Por fim, o fotoperíodo foi ajustado conforme o horário de instalação do teste na câmara por oito dias, quando então as plântulas foram contabilizadas e classificadas como normais ou anormais. Os resultados do teste de germinação evidenciaram diferenças entre os genótipos quanto ao desempenho germinativo. Considerando o total de sementes germinadas, destacaram-se Carioca Siriri (103%), Smal red (99%) e Sabiá (98%), seguidos de Gracebol, Vinagrinho, Maronze, Gralha Copp e Uirapuru (96%). Em relação às Plântulas normais, os maiores valores foram observados em Smal red, Maronze e Carioca Siriri ambos com (74%), seguidos por Capixaba e vinagrinho (69%), indicando melhor desempenho germinativo. Já para plântulas anormais, o maior valor foi observado em Cavalo BGL (75%), seguido por ESP-Crambery (58%), Sabiá (57%) e Tangará (48%). Conclui-se que os genótipos apresentaram ampla variabilidade no desempenho germinativo, com diferenças na proporção de sementes germinadas e de plântulas normais e anormais, o que permite identificar materiais com maior potencial de germinação e de formação de plântulas normais.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris*; análise de sementes; Plântulas.

**Agradecimentos:** Agradecemos à UTFPR e à fundação Araucária pelo apoio à pesquisa.

# RGV 339 - VARIABILIDADE AGRONÔMICA ENTRE GENÓTIPOS CRIOULOS DE FEIJÃO PRETO

João Bento Pagnoncelli de Godoy[1]; Otavio Lucio Cossetin[1]*, Lucas da Silva Domingues[1]; Andriele Orben[1]; Gustavo Hossel[1]; Joice Alessandra Zart[1]; Marcos Paulo Dela Justina[1]; Maria Eduarda Baldissar Hamud[1]

[1]UTFPR - Campus Dois Vizinhos. *cossetin@alunos.utfpr.edu.br

A conservação e a caracterização de genótipos crioulos de feijoeiro são fundamentais para a manutenção da variabilidade genética e para a identificação de materiais com características agronômicas de interesse. Nesse trabalho, objetivou-se avaliar a variabilidade agronômica de oito genótipos crioulos de feijão preto quanto à altura da primeira vagem e à produtividade. O experimento foi conduzido na Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Dois Vizinhos, durante a safra 2025/2026, em delineamento de blocos casualizados, com oito genótipos e quatro repetições. Foram avaliadas a altura da primeira vagem em relação ao solo (A1V) em centímetros e a produtividade em kg $ha^{-1}$, sendo os dados submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Para A1V, os genótipos foram distribuídos em três grupos estatísticos. Gralha Coop apresentou a maior média, de 20,70 cm, em relação aos demais materiais. Costa Rica, Fundo de Balde, Chumbão e Taquara formaram o grupo intermediário, com valores entre 15,57 e 17,31 cm, enquanto 90 Dias Preto, Manteigão e Preto Lustroso apresentaram as menores médias, entre 13,78 e 14,82 cm. Para produtividade, Fundo de Balde, Costa Rica, Gralha Coop, Chumbão e Preto Lustroso constituíram o grupo de maior desempenho, com médias entre 2.522,90 e 2.719,42 kg $ha^{-1}$, enquanto 90 Dias Preto, Taquara e Manteigão apresentaram produtividades inferiores, entre 1.859,04 e 2.131,14 kg $ha^{-1}$. Em geral, destaca-se o genótipo Gralha Coop, que reuniu a maior altura da primeira vagem e a produtividade pertencente ao grupo estatístico superior para as duas características. Os resultados evidenciam variabilidade agronômica entre os genótipos crioulos avaliados, permitindo identificar materiais com características distintas de arquitetura e de desempenho produtivo, o que reforça a importância de sua caracterização e conservação como recursos genéticos, bem como de seu potencial para futuros processos de seleção.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; germoplasma; variabilidade agronômica.

**Agradecimentos:** À UTFPR e à Fundação Araucária pelo apoio e fomento ao projeto de pesquisa.

# RGV 340 - HISTÓRIAS EM QUADRINHOS COMO RECURSO DIDÁTICO PARA A CONSERVAÇÃO E VALORIZAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS DO CERRADO

Flávia Melo Rodrigues[1,2]*; Andreia Juliana Rodrigues Caldeira[2]; Giovanna Rabelo Barbosa[2]; Jaqueline Gleice Aparecida de Freitas[2]; Cynthia Aparecida Arossa Alves Soares[2]; Josana de Castro Peixoto[2]; Karine Aparecida Obalhe da Silva Piorski[2]; Mariana Pires de Campos Telles[1,3]

[1]Pontifícia Universidade Católica de Goiás - PUC Goiás. [2]Universidade Estadual de Goiás - UEG. [3]Universidade Federal de Goiás - UFG. *rflamelo@gmail.com

O Cerrado brasileiro detém expressiva biodiversidade vegetal, abrigando recursos genéticos de relevante valor ecológico, científico, medicinal e socioeconômico. Contudo, a crescente degradação ambiental ameaça a conservação dessas espécies, demandando estratégias de divulgação científica que aproximem a biotecnologia e a genética vegetal da sociedade. Conceitos como variação genética, transgenia e edição gênica frequentemente apresentam complexidade para a educação básica, tornando fundamental o uso de metodologias lúdicas. O objetivo deste trabalho foi desenvolver uma história em quadrinhos (HQ) educativa para promover a divulgação científica sobre os recursos genéticos vegetais e da conservação de espécies do Cerrado. A metodologia qualitativa e interdisciplinar consistiu em revisão bibliográfica sobre variação genética, biotecnologia e espécies nativas, com seleção do pequi (*Caryocar brasiliense*), cajuzinho-do-cerrado (*Anacardium humile*) e lobeira (*Solanum lycocarpum*). Em seguida, elaborou-se o roteiro estruturado em sete momentos narrativos contextualizados, utilizando personagens e cenários cotidianos para abordar conceitos científicos. As ilustrações foram geradas por meio de ferramentas de Inteligência Artificial para integrar texto e representação visual de forma dinâmica. Como resultados, o roteiro permitiu abordar a variação genética natural a partir do pequi sem espinhos, o emprego de técnicas agrícolas e biotecnológicas para produção fora de época no cajuzinho-do-cerrado, e a adaptação genética de resistência a secas e queimadas na lobeira, associada à dispersão de sementes pelo lobo-guará (*Chrysocyon brachyurus*). A HQ viabilizou a contextualização e reestruturação de conteúdos genéticos complexos de maneira acessível. Conclui-se que o recurso didático construído atende à proposta de divulgação científica, demonstrando o potencial de estratégias narrativas para valorizar os recursos genéticos vegetais do Cerrado, incentivar o letramento científico e conscientizar sobre a conservação do bioma.

**Palavras-chave:** Recurso didático; Biotecnologia; Divulgação científica.

**Agradecimentos:** CEGGen - Centro de Excelência em Genética e Genômica (FAPEG proc. 202410267001291), Coletivo de Mulheres Cientistas em Rede (MCTI, Ministério das Mulheres, CNPq proc.440358/2024-8), PUC Goiás e UEG.

# RGV 341 - CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE MANDIOCA PARA CONSERVAÇÃO PELO USO

Emilly Adrielly de Campos[1]*; Daniel dos Santos Liuti[1]; Serinei César Grigolo [1]; Joel Donazzolo[1]; Fabiane Aparecida Greselle[1]; Flávia Eduarda Martins[1]; Samuel Felipe Dias Hermann[1]; Alexandre Engster Diesel[1]; Gustavo Hossel[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, UTFPR - Campus Dois Vizinhos.
*emillyc@alunos.utfpr.edu.br

A caracterização morfológica é uma ferramenta essencial em ações de conservação da agrobiodiversidade, auxiliando o resgate de variedades crioulas. Este trabalho objetivou caracterizar morfologicamente uma coleção de germoplasma de mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) no município de Dois Vizinhos, Estado do Paraná. A caracterização foi realizada em 22 acessos, incluindo variedades crioulas como Casca Roxa, Americana Amarela, Renascer, Timbó, Pronta a Mesa, Casca Rosa, Pessegueira Amarela e Pessegueira Mandirituba, além das linhagens de pesquisa 03/13, 06/13, 132/13, 138/13, 203/13, BRS 398, BRS 401, 278/13, 954/13, 239/13, 893/13 e 135/13, empregando descritores mínimos e principais estabelecidos pela Embrapa. Os caracteres avaliados incluíram cor da folha apical, forma do lóbulo central, cor do córtex do caule, número de lóbulos e altura da planta. Os resultados indicaram expressiva variabilidade fenotípica entre os materiais. A cor da folha apical variou de verde-claro a verde-arroxeado, com destaque para os acessos Casca Roxa e Renascer. A forma do lóbulo central variou de elíptica-lanceolada a oblongo-lanceolada. O número de lóbulos foi predominantemente sete, mas atingiu nove nos genótipos 132/13, BRS 401, 278/13 e Amarela Pinzon. A altura das plantas variou de 157 cm (BRS 398) a 350 cm (BRS 401), evidenciando forte contraste morfológico. Conclui-se que o germoplasma estudado apresenta ampla variabilidade morfológica, indicando a presença de materiais distintos e com potencial para programas de melhoramento genético, além de reforçar a importância de conservar esses recursos fitogenéticos regionais para evitar a erosão da biodiversidade agrícola.

**Palavras-chave:** Mandioca de mesa; Caracterização fenotípica; Germoplasma crioulo; Variabilidade morfológica.

**Agradecimentos:** Agradecemos à Fundação Araucária pelo financiamento do Novo Arranjo de Pesquisa e Inovação Alimento e Território, ao programa de bolsas de extensão da Universidade Tecnológica Federal do Paraná e à Unidade Mista de Pesquisa e Transferência de Tecnologia do Sudoeste do Paraná - Umiptt.

# RGV 342 - MANDIOCAS DE MESA EM ÁREA DE CERRADO DE RORAIMA NA SAFRA 2025/2026

Everton Diel Souza[1]*

[1]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa. *everton.souza@embrapa.br

A Embrapa Roraima participa desde 2009 do projeto de melhoramento genético de mandioca de mesa, também conhecida como macaxeira, mandioca mansa ou aipim, que é bastante cultivada no Estado e destinada principalmente ao consumo in natura. Uma das atividades deste projeto consiste na introdução de cultivares melhoradas lançadas pela Embrapa Mandioca e Fruticultura e pela Embrapa Cerrados, além de cultivares coletadas no Estado que funcionam como testemunhas dos experimentos. As avaliações consistem em ensaios com repetições, nos ecossistemas de mata alterada e de Cerrado para melhor caracterização dos materiais adaptados. Neste período, as cultivares BRS Japonesa e BRS Moura (amarelas), Saracura (branca), BRS Dourada e BRS Gema de Ovo (amarelas e biofortificadas) foram recomendadas para o plantio em Roraima. O objetivo deste trabalho foi o de avaliar o comportamento de cultivares de mandioca de mesa em área de Cerrado de Roraima. Foram avaliadas 24 cultivares na safra 2025/2026: Aciolina, Branquinha, BRS 396, BRS 397, BRS 398, BRS 399, BRS 400, BRS 401, BRS 429, BRS Dourada, BRS Gema de Ovo, BRS Japonesa, BRS Moura, Conquista 1, Conquista 2, Folha Fina, Manteiga, Manteiga2, Roxona, Saracura, 2012-26-33, 2012-26-36, 2012-27-01 e 2012-34-15. Os genótipos foram avaliados em delineamento de blocos casualizados com três repetições e a colheita foi realizada aos 12 meses do plantio. Por ocasião da colheita foram realizadas as medições dos dados de produção incluindo-se a produção de raízes, o peso das raízes com tamanho comercial (média de 30 cm de comprimento e entre 4 e 5 cm de diâmetro) e o teor de matéria seca e de amido das raízes. Com os dados da produção total de raízes e da porcentagem de amido de cada cultivar foram obtidas as médias de produtividade de amido e convertidas em toneladas por hectare. As médias foram comparadas estatisticamente pelo teste de Skott e Knott a 5% de probabilidade. As cultivares que mais se destacaram quanto ao peso total de raízes foram a BRS Japonesa (33,6 $t.ha^{-1}$), Folha Fina (29,7 $t.ha^{-1}$), BRS 399 (28,1 $t.ha^{-1}$), BRS 398 (25,0 $t.ha^{-1}$) e BRS 397 (23,4 $t.ha^{-1}$) não diferindo estatisticamente entre si. As cultivares que mais se destacaram quanto ao peso de raízes comerciais foram a BRS Japonesa (16,9 $t.ha^{-1}$), BRS 399 (12,8 $t.ha^{-1}$), Conquista 2 (12,7 $t.ha^{-1}$), BRS 397 (10,4 $t.ha^{-1}$), BRS 398 (10,0 $t.ha^{-1}$), Saracura (9,9 $t.ha^{-1}$), BRS Dourada (9,8 $t.ha^{-1}$), Aciolina (9,7 $t.ha^{-1}$), Manteiga (9,3 $t.ha^{-1}$), Manteiga2 (9,2 $t.ha^{-1}$), Folha Fina (9,2 $t.ha^{-1}$), Branquinha (8,3 $t.ha^{-1}$), BRS 429 (8,0 $t.ha^{-1}$) e Conquista 1 (8,0 $t.ha^{-1}$) que não diferiram significativamente entre si. As maiores produções de amido em toneladas por hectare foram das cultivares BRS Japonesa (10,0 $t.ha^{-1}$) e Folha Fina (8,2 $t.ha^{-1}$), que não diferiram significativamente entre si. As cultivares BRS 399, Conquista 2, BRS 397, BRS 398, Manteiga, Manteiga2, BRS 429 e Conquista 1 mostraram-se promissoras para indicação de plantio em área de Cerrado no estado de Roraima.

**Palavras-chave:** *Manihot esculenta* Crantz; macaxeiras; produtividade de raízes.

# RGV 344 - CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE MANDIOCA PARA CONSERVAÇÃO PELO USO

Emilly Adrielly de Campos[1]*; Serinei César Grigolo [2]; Joel Donazzolo[3]; Fabiane Aparecida Greselle; Flávia Eduarda Martins; Samuel Felipe Dias Hermann; Alexandre Engster Diesel; Gustavo Hossel

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, UTFPR - Campus Dois Vizinhos.
*emillyc@alunos.utfpr.edu.br

A conservação no local (*on farm*) e a caracterização de recursos genéticos da mandioca (*Manihot esculenta* Crantz) são essenciais para a segurança alimentar e a sustentabilidade de agroecossistemas familiares. Este estudo objetivou caracterizar 22 genótipos (12 linhagens de pesquisa e 10 acessos crioulos) mantidos na Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Dois Vizinhos, utilizando descritores agronômicos de vigor, produtividade e qualidade culinária. O experimento seguiu um delineamento inteiramente casualizado com quatro repetições. Os dados foram submetidos à Análise de Componentes Principais e ao Agrupamento Hierárquico pelo Método de Médias Não Ponderadas no programa computacional RBIO. A Análise de Componentes Principais explicou 73,16% da variação total, revelando que o primeiro componente principal (54,18%) foi influenciado principalmente pelo potencial produtivo (massa média de raízes, número de raízes e produtividade total), enquanto o segundo componente principal (18,98%) associou-se às características morfológicas e de qualidade, como comprimento médio, diâmetro e tempo de cozimento. O agrupamento hierárquico formou quatro grupos distintos, destacando o Grupo II (composto pelos materiais 203/13, 954/13, 135/13, 278/13 e Amarela Pinzon) pelo maior potencial produtivo. As linhagens 203/13, 954/13 e 135/13 alcançaram produtividades de 63.453, 57.268 e 52.659 quilogramas por hectare, respectivamente, superando amplamente as médias nacional e estadual. Já os genótipos 132/13 e 06/13 apresentaram maior eficiência na translocação de produtos da fotossíntese, com índices de colheita de 0,87 e 0,57, respectivamente. Na avaliação culinária, os menores tempos de cozimento foram registrados em Casca Roxa (16 minutos), 278/13 (17,5 minutos), Timbó (18,45 minutos) e 03/13 (18,51 minutos). Conclui-se que as linhagens de pesquisa possuem elevado teto produtivo, enquanto as variedades crioulas se destacam pelo excelente padrão de mesa, reforçando a importância da caracterização para a conservação da agrobiodiversidade e recomendação regional.

**Palavras-chave:** Conservação no local; Variedades crioulas; *Manihot esculenta*; Recursos Genéticos.

**Agradecimentos:** Agradecemos à Fundação Araucária pelo financiamento do Novo Arranjo de Pesquisa e Inovação Alimento e Território, ao programa de bolsas de extensão da Universidade Tecnológica Federal do Paraná e à Unidade Mista de Pesquisa e Transferência de Tecnologia do Sudoeste do Paraná - Umiptt.

# RGV 346 - POTENCIAL GERMINATIVO DE POPULAÇÕES DE *Typha* spp. DO RIO GRANDE DO SUL: SUBSÍDIOS PARA SELEÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS

Catiuscia Marcon[1]*; Delio Endres Júnior[2]; Nicholas Maciel Michel[2]; Ricardo Bittencourt[1]; Günther Gehlen[2]

[1]FURB. [2]INCT-SbN/Universidade Feevale. *cmarcon@furb.br

Entre as espécies mais utilizadas em *wetlands* construídos, destacam-se as do gênero *Typha*, adaptadas a ambientes alagados e com potencial para uso no tratamento de efluentes. A caracterização do potencial germinativo de diferentes populações pode subsidiar a seleção de recursos genéticos para esses sistemas. O objetivo foi avaliar o potencial germinativo de populações de *Typha* spp. provenientes de diferentes regiões hidrográficas do Rio Grande do Sul (RS), relacionando ao tamanho populacional e à altitude dos habitats de origem. Durante expedições de campo entre 2024 e 2026 (200 h de amostragem), populações de *Typha* spp. foram georreferenciadas e tiveram seu tamanho estimado ($m^2$). Com auxílio do *Google Earth*, as populações foram associadas às regiões hidrográficas do RS e tiveram a altitude dos habitats determinada. Foram consideradas as regiões Guaíba, Litoral e Uruguai, sendo esta última subdividida em Uruguai 1 (oeste) e Uruguai 2 (norte). Nas expedições foram coletadas sinflorescências maduras e, em laboratório, aproximadamente 2 g do conteúdo da porção pistilada foram semeados em frascos contendo 150 mL de água de torneira. As culturas foram mantidas a 26±1 °C e fotoperíodo de 12 h por 14 dias. A germinação foi avaliada em escala ordinal de 0 (ausente) a 3 (alta), sendo calculado o Índice de Germinação Relativa (IGR). Os dados foram analisados pelo teste de Kruskal-Wallis e pela correlação de Spearman ($p<0,05$). Foram avaliadas 57 populações, sendo 27 na região hidrográfica Guaíba (IGR=49,4%), 19 no Litoral (IGR=71,9%), quatro no Uruguai 1 (IGR=100%) e sete no Uruguai 2 (IGR=42,9%). Não houve diferença significativa no potencial germinativo entre as regiões hidrográficas ($H=6,8540$; $p=0,0767$). O IGR apresentou correlação positiva, porém fraca, com o tamanho populacional ($rs=0,2719$; $p=0,0407$), indicando associação entre maior tamanho populacional e maior potencial germinativo. Não houve correlação significativa entre o IGR e a altitude dos habitats ($rs=-0,1908$; $p=0,1551$). Observou-se correlação negativa entre altitude e tamanho populacional ($rs=-0,5433$; $p<0,001$), indicando que populações localizadas em menores altitudes tendem a apresentar maior extensão. Populações de *Typha* spp. das diferentes regiões do RS apresentam potencial para coleta de sementes e propagação, com populações maiores tendendo a maior potencial germinativo para produção de mudas destinadas a *wetlands* construídos.

**Palavras-chave:** macrófitas aquáticas; taboa; *wetlands* construídos.

**Agradecimentos:** FAPESC (bolsa de Pós-Doutorado - Edital CP nº 25/2025); CAPES (bolsa de Pós-Doutorado, Edital nº 58/2022).

# RGV 347 - CARACTERIZAÇÃO NUTRICIONAL DE VARIEDADES CRIOULAS DE BATATA-DOCE

Flávia Eduarda Martins[1]; Serinei César Grigolo[1]*; Joel Donazzolo1; Fabiane Aparecida Greselle[1]; Emilly Adrielly de Campos[1]; Samuel Felipe Dias Hermann[1]; Alexandre Engster Diesel[1]; Gustavo Hossel[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná - UTFPR-DV. *serineister@gmail.com

A batata-doce (*Ipomoea batatas Lam)* é a terceira cultura de raízes mais importante no mundo e apresenta ampla variabilidade genética, característica que permite a exploração de diferentes populações para a seleção de genótipos com finalidades diversas. Além disso, destaca-se pelo elevado valor nutricional, desempenhando papel relevante para a segurança alimentar e para a conservação da agrobiodiversidade. Este trabalho teve como objetivo caracterizar a composição nutricional de 25 variedades crioulas de batata-doce, incluindo quatro materiais lançados pela Embrapa e demais acessos provenientes de um guardião de sementes crioulas, cultivados na Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Foram avaliados compostos bioativos, capacidade antioxidante, parâmetros bromatológicos e teores minerais. Para as análises, adotaram-se metodologias específicas, como o método de sequestro do radical DPPH para determinação da atividade antioxidante, além de técnicas apropriadas para quantificação de compostos fenólicos, açúcares redutores e não redutores e minerais. As amostras foram processadas com o auxílio de equipamentos especializados, incluindo espectrofotômetro e outros instrumentos adequados às diferentes determinações. Os resultados evidenciaram diferenças nutricionais expressivas entre as variedades avaliadas, refletindo a diversidade genética existente no conjunto de acessos. As principais variações ocorreram nos teores de compostos fenólicos e açúcares, indicando potencial diferenciado entre os materiais. As análises multivariadas, por PCA e dendrograma, permitiram identificar agrupamentos consistentes entre os acessos, revelando padrões de similaridade e contribuindo para a compreensão da variabilidade nutricional presente. Conclui-se que as variedades analisadas apresentam diferenciações relevantes quanto ao potencial nutricional, reforçando o valor dos recursos genéticos conservados por agricultores familiares e guardiões de sementes. A diversidade observada destaca materiais com características nutricionais superiores, evidenciando a importância da caracterização desses recursos para sua conservação e para o fortalecimento da segurança alimentar.

**Palavras-chave:** compostos bioativos; diversidade genética; agrobiodiversidade.

**Agradecimentos:** Agradecemos à Fundação Araucária pelo financiamento do NAPI Alimento e Território; à Unidade Mista de Pesquisa e Transferência de Tecnologia do Sudoeste do Paraná (Umiptt); e ao Programa de Bolsas de Extensão da UTFPR pelo apoio às atividades desenvolvidas.

# RGV 348 - CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE BATATA-DOCE *(Ipomoea batatas LAM.)*

Jeferson Ricardo Martini[1]; Serinei César Grigolo[1]*; Joel Donazzolo[1]; Fabiane Aparecida Greselle[1]; Flávia Eduarda Martins[1]; Emilly Adrielly de Campos[1]; Samuel Felipe Dias Hermann[1]; Alexandre Engster Diesel[1]; Gustavo Hossel[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, UTFPR - Campus Dois Vizinhos.
*serineister@gmail.com

A batata-doce (*Ipomoea batatas Lam.*) é uma olerícola de elevado potencial agronômico e importância estratégica para a segurança alimentar em países em desenvolvimento. Apesar de sua rusticidade e ampla adaptabilidade, a cultura permanece subutilizada. No Brasil, existe grande diversidade de variedades crioulas, muitas ainda pouco caracterizadas. A caracterização desses materiais é essencial para orientar seu uso, ampliar o aproveitamento de seu potencial agronômico e assegurar sua conservação, especialmente porque recursos genéticos mantidos em cultivo tendem a ser preservados pelos agricultores. Foram avaliadas características agronômicas de 25 acessos locais de batata-doce e cinco variedades comerciais da Embrapa, totalizando 30 materiais genéticos. O experimento foi conduzido no campus Dois Vizinhos da UTFPR, em nitossolo vermelho e clima subtropical úmido. As variedades foram implantadas em delineamento com três repetições, resultando em 90 parcelas experimentais, cada uma composta por oito mudas, considerando-se úteis as quatro plantas centrais. O cultivo ocorreu por 120 a 150 dias, entre novembro de 2022 e abril de 2023, sem incidência relevante de pragas ou doenças. Ao final do ciclo, foram mensuradas características relacionadas à produtividade, incluindo massa total de raízes tuberosas e massa de raízes em padrão comercial, conforme parâmetros descritos na literatura. A colheita foi realizada entre o final de março e o final de abril de 2023. As variedades BRS Gaita, Lindana, Franbell e Peluda apresentaram os melhores desempenhos produtivos, enquanto outras, como Catarina e BT1, tiveram desempenho inferior. Contudo, não foi possível realizar a categorização estatística dos dados devido à elevada variabilidade entre parcelas, que impediu o atendimento aos pressupostos de normalidade e homogeneidade de variâncias, mesmo após diferentes transformações. Assim, os resultados foram apresentados por meio de estatística descritiva e submetidos à análise multivariada de componentes principais.

**Palavras-chave:** recursos genéticos; caracterização agronômica; agrobiodiversidade.

**Agradecimentos:** Agradecemos à Fundação Araucária pelo financiamento do NAPI Alimento e Território; à Unidade Mista de Pesquisa e Transferência de Tecnologia do Sudoeste do Paraná (Umiptt); e ao Programa de Bolsas de Extensão da UTFPR pelo apoio às atividades desenvolvidas.

# RGV 350 - EFEITO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO NOS ATRIBUTOS FÍSICO-QUÍMICOS DE FRUTOS DE ABACAXIZEIRO

Aline Simões da Rocha Bispo[1]; Caroline dos Santos[2]; Cintia Paula Feitosa Souza Araújo[1]; Michele dos Santos Ferreira[1]; Antônio Batista de Souza Neto[2]; Victor Santos dos Anjos[2]; Patrícia Santos de Oliveira[2]; Luís Gustavo Sales Souza[1]; Paulo Henrique da Silva[1]; Fernanda Vidigal Duarte Souza[1]*

[1]Embrapa Mandioca e Fruticultura. [2]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.
*fernanda.souza@embrapa.br

A qualidade físico-química dos frutos é um dos principais critérios para valorização comercial do abacaxi, sendo influenciada por fatores genéticos e pelas práticas de manejo adotadas durante o cultivo. Nesse contexto, bactérias promotoras do crescimento de plantas têm se destacado como uma estratégia promissora para o manejo sustentável de culturas agrícolas, promovendo o crescimento vegetal e influenciando atributos relacionados à qualidade dos frutos. Assim, este estudo teve por objetivo avaliar o efeito da aplicação de bactérias endofíticas promotoras de crescimento em mudas de abacaxizeiros 'BRS Sol Bahia' e 'BRS Diamante' sobre os atributos físico-químicos dos frutos. Para tanto, o experimento foi conduzido em canteiros, em esquema fatorial 2 x 4, em delineamento inteiramente casualizado com quinze repetições por tratamento: controle (plantas não microbiolizadas), BAC 25, BAC 406 e BAC 222, totalizando 120 frutos avaliados. Os atributos físico-químicos avaliados foram: peso do fruto com coroa (PCC), peso do fruto sem coroa (PSC), comprimento do fruto (CF), comprimento da coroa (CC), diâmetro da coroa (DC), diâmetro médio do fruto (DMF), diâmetro do eixo (DE), acidez titulável (AT), sólidos solúveis (SS), pH e SS/AT. Os dados foram submetidos à análise de variância com comparação de médias pelo teste de Tukey ($p < 0,05$), utilizando o software R. A microbiolização promoveu redução no comprimento e diâmetro da coroa sem diferença significativa entre os isolados, independentemente do genótipo. Para sólidos solúveis, peso e comprimento dos frutos, foi observada interação significativa entre genótipo e tratamento. Em 'BRS Diamante', o isolado BAC 222 elevou o teor de sólidos solúveis de 17,0 para 18,6 °Brix em relação ao controle, enquanto em 'BRS Sol Bahia' os isolados BAC 406 e BAC 222 favoreceram o incremento do peso dos frutos (1025 g e 998 g, respectivamente). O isolado BAC 222 proporcionou aumento do pH dos frutos de 3,52 no controle para 3,63, sem alteração significativa na acidez titulável (0,8%). Contudo, os resultados indicam que a microbiolização pode contribuir para a melhoria de atributos pós-colheita de frutos de abacaxizeiro, com respostas dependentes do genótipo, destacando seu potencial como estratégia para agregação de valor e uso sustentável de recursos genéticos microbianos.

**Palavras-chave:** *Ananas comosus*; microbiolização; pós-colheita.

**Agradecimentos:** CNPq, FAPESB, UFRB e EMBRAPA.

# RGV 352 - REGULADORES DE CRESCIMENTO VEGETAL NA REGENERAÇÃO PÓS-CRIOPRESERVAÇÃO DE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI

Michele dos Santos Ferreira[1]; Andressa Henrique Sousa[2]; Síntique Maressa Alves Soares[2]; Patrícia Santos de Oliveira[2]; Fernanda Vidigal Duarte Souza[1]*

[1]Embrapa Mandioca e Fruticultura. [2]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia.
*fernanda.souza@embrapa.br

A conservação de recursos genéticos do abacaxizeiro (*Ananas comosus* L. Merr.) é fundamental para a manutenção da diversidade genética disponível para programas de melhoramento e para a conservação segura desses recursos genéticos em longo prazo. Nesse contexto, a criopreservação destaca-se como uma estratégia eficiente para a conservação de materiais vegetais em longo prazo por meio do armazenamento em nitrogênio líquido, sob temperaturas ultrabaixas. Contudo, a recuperação dos ápices caulinares após a criopreservação é uma etapa crítica para o sucesso da técnica, sendo influenciada pelas condições estabelecidas para a regeneração *in vitro*. A depender da espécie, o uso de reguladores vegetais pode favorecer ou inibir a retomada do crescimento e o desenvolvimento dos explantes após o descongelamento. Com isso, esse trabalho teve como objetivo avaliar o efeito do ácido α-naftalenoacético (ANA) e da 6-benzilaminopurina (BAP) na regeneração pós-criopreservação de ápices caulinares de quatro acessos de abacaxi (BGA 354, BGA 382, BGA 391 e BGA 692) conservados em banco de germoplasma, comparando o desenvolvimento pós-crio dos explantes cultivados com e sem regulador. Para isso, os ápices foram submetidos à criopreservação utilizando a técnica de vitrificação em gotas, conforme protocolos previamente estabelecidos. Após o descongelamento, os explantes foram inoculados em meio MS contendo a citocinina BAP (0,05 mg $L^{-1}$) e a auxina ANA (0,01 mg $L^{-1}$) e em meio sem regulador. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado em esquema fatorial 4 x 2 (quatro acessos x dois tratamentos) com três repetições, contendo dez ápices por repetição, totalizando 30 ápices por tratamento. Houve efeito significativo da interação entre o acesso e o regulador de crescimento sobre a regeneração de ápices de abacaxizeiro. Na ausência do regulador, o acesso BGA 354 destacou-se com a maior média de regeneração (40%), enquanto BGA 391 e BGA 692 exibiram as menores taxas (10%). Com a adição do regulador, o BGA 354 manteve a maior eficiência (50%), seguido por BGA 391 e BGA 692 (30%), ao passo que o BGA 382 apresentou o menor desempenho (20%). A análise comparativa revelou que apenas o BGA 382 não respondeu significativamente ao estímulo químico. Em contrapartida, os demais acessos incrementaram suas taxas de regeneração, evidenciando que o uso de reguladores é uma estratégia crucial para consolidar a eficiência do protocolo de criopreservação.

**Palavras-chave:** Vitrificação; Cultivo de ápice; Regeneração.

**Agradecimentos:** Embrapa, UFRB, Fapesb e CNPq.

# RGV 353 - *Indigofera suffruticosa*: ANILEIRA COMO RECURSO GENÉTICO VEGETAL PROMOTOR DE SUSTENTABILIDADE ASSOCIADA AO TINGIMENTO NATURAL

Natália Seeger Duarte[1]; Vitor Carlos Brito[1]*; Amanda Sophia M. A. Hrdlicka[1]; Bruna Becker[1]; Hannah Arlt Mignoni[1]; Patrizia Ana Bricarello[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *vitorbritozoot@gmail.com

A *Indigofera suffruticosa* Mill., conhecida popularmente como anileira, é uma espécie da família Fabaceae, amplamente distribuída em regiões tropicais e subtropicais. Suas folhas são utilizadas na obtenção do índigo, um pigmento natural de coloração azul produzido por meio de processos de fermentação e beneficiamento da biomassa vegetal. O índigo caracteriza-se por ser um corante insolúvel em água, atóxico e biodegradável, apresentando-se como uma alternativa ambientalmente mais adequada aos corantes sintéticos utilizados na indústria têxtil. Além de sua relevância ambiental, o cultivo e o beneficiamento de plantas tintórias estão associados à preservação de saberes tradicionais, práticas artesanais e formas de expressão cultural transmitidas entre gerações, especialmente entre comunidades tradicionais e povos originários da América Latina. A utilização de corantes naturais assume importância diante dos impactos ambientais associados à indústria têxtil. Os efluentes provenientes dos processos convencionais de tingimento podem conter substâncias químicas tóxicas e persistentes, representando riscos para os ecossistemas e para a saúde dos trabalhadores. O objetivo deste trabalho foi destacar a importância da *Indigofera suffruticosa* na produção de pigmento azul natural e apresentar sua contribuição para as ações desenvolvidas pelo Núcleo de Agroecologia da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC) e pelos coletivos Ovelhas Azuis e Anileiras da Ilha, em Florianópolis, SC. O Coletivo Ovelhas Azuis constitui um projeto de extensão, desenvolvido em parceria com o Instituto Compassos, que busca promover a capacitação de mulheres em situação de vulnerabilidade social e de jovens com deficiência por meio do beneficiamento e tingimento natural da lã ovina. O Coletivo Anileiras da Ilha é formado por artesãos dedicados ao cultivo, mapeamento, pesquisa e disseminação dos conhecimentos relacionados ao índigo, contribuindo para a formação de tintureiras no Brasil e em outros países. O Núcleo desempenha papel estratégico ao integrar a produção de lã ao cultivo de plantas tintórias, produzidas sob princípios da agroecologia, com certificação orgânica pela Associação Biodinâmica do Sul. Nesse sentido, a pesquisa, o cultivo e o beneficiamento de plantas tintórias, orientados por princípios agroecológicos, assumem papel relevante não apenas na conservação desses recursos genéticos vegetais, mas também na valorização cultural, na educação ambiental, na geração de alternativas de renda e na redução da vulnerabilidade social de comunidades.

**Palavras-chave:** ancestralidade; fibras naturais; plantas tintórias.

# RGV 354 - CRIOGENIA DE ESPOROS: ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO EM LONGO PRAZO DE MATERIAL GENÉTICO DE SAMAMBAIAS

Catiuscia Marcon[1]*; Delio Endres Júnior[2]; Iasmin Tassi Grott[1]; André Luís de Gasper[1]; Annette Droste[3]; Ricardo Bittencourt[1]

[1]Universidade Regional de Blumenau. [2]Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Soluções baseadas na Natureza/Universidade Feevale. [3]Universidade Federal da Fronteira Sul.
*cmarcon@furb.br

Bancos de esporos constituem uma estratégia de conservação dos recursos genéticos de espécies ameaçadas e de interesse econômico, como a Dicksonia sellowiana Hook. (Dicksoniaceae). A criopreservação permite o armazenamento prolongado, mas é necessário avaliar a manutenção da capacidade germinativa e de desenvolvimento dos esporos após o armazenamento. O objetivo foi avaliar a criopreservação em nitrogênio líquido de esporos da espécie como estratégia de conservação em longo prazo, verificando a capacidade de retomada do desenvolvimento após cinco anos de armazenamento. Esporos coletados em 2021 de uma população na área rural de Igrejinha/RS foram divididos em três grupos: recém-coletados (RC), referência; criopreservados a -196°C por um ano (C1) e por cinco anos (C5). O cultivo *in vitro* foi realizado em meio Meyer líquido (pH 4), com 10 repetições por grupo e 5 mg de esporos por frasco. A viabilidade foi avaliada em microscópio óptico, observando-se 1.000 esporos por tratamento e classificando-os como viáveis ou inviáveis (sem formato trilete ou transparentes). Aos 60 dias de cultivo, avaliou-se o desenvolvimento inicial de 1.000 indivíduos por tratamento, classificados em não germinados, gametófito com clorócito/rizoide, gametófito filamentar, gametófito laminar e gametófito cordiforme. A germinação foi quantificada pela soma das porcentagens de indivíduos nos diferentes estádios gametofíticos. Os dados foram submetidos à ANOVA e as médias comparadas pelo teste de Duncan ($p=0,05$). A viabilidade média dos esporos foi de 96% em RC e C1, valores significativamente superiores aos de C5 (90%) ($p<0,001$), indicando ainda manutenção de elevada viabilidade após cinco anos de criopreservação. A germinação foi de 89% em RC e 87% em C1, diferindo significativamente daquela em C5 (49%) ($p<0,001$), que apresentou redução de cerca de 55% na capacidade germinativa. Tendência semelhante foi observada no desenvolvimento gametofítico: gametófitos laminares corresponderam a 80% em RC, 69% em C1 e 39% em C5 ($p<0,001$). O estádio cordiforme apresentou maior frequência em C1 (15%), diferindo de C5 (9%) e RC (7%) ($p=0,007$). A criopreservação, apesar da redução na germinação e progressão gametofítica, manteve elevada viabilidade e capacidade de desenvolvimento após cinco anos, evidenciando seu potencial para a conservação em longo prazo de *D. sellowiana*.

**Palavras-chave:** conservação; cultivo *in vitro;* xaxim.

**Agradecimentos:** FAPESC (Edital CP nº 25/2025; Edital 21/2024 - Pesquisa Universal; Edital CP 65/2024 IAI-FAPESC); CAPES (Edital nº 58/2022); CNPq (bolsa Doutorado).

# RGV 355 - CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE *Coffea arabica* L. DO BANCO DE GERMOPLASMA DE CAFÉ EM ESTAÇÃO SECA

Julieta Andrea Silva de Almeida[1]*; Matheus Gustavo Quinalha[1]; Angélica Prela Pantano[1]; Guilherme Amulssa Leite Torres[2]; Marcus Vinicius Salomon[3]; Hélio Coelho da Silva[4], Júlio César Mistro[1]; Elaine Mantovani Satorres[1]

[1]Instituto Agronômico de Campinas; [2]Universidade Estadual de Campinas; [3]Coordenadoria de Assistência Técnica Integral; [4]Universidade Federal de São João Del-Rei.
*julieta.almeida@sp.gov.br

A ocorrência de períodos de seca severa associados a temperaturas elevadas tem sido frequente e vem impactando negativamente a agricultura cafeeira, resultando em perdas de produtividade e qualidade. *Coffea arabica* é sensível ao déficit hídrico e às temperaturas altas, evidenciando a necessidade de identificar genótipos adaptados a essas condições. O Banco de Germoplasma do Café (BAG-Café) do Instituto Agronômico (IAC) constitui importante fonte de variabilidade genética para programas de melhoramento. Este estudo objetivou caracterizar respostas fisiológicas de genótipos de *C. arabica* do BAG-Café/IAC em estação de seca. Foram avaliadas plantas de vinte genótipos, estabelecidas em campo experimental na Fazenda Santa Elisa do IAC, em Campinas, SP, durante a estação seca de 2024, período caracterizado por déficit hídrico severo. As plantas foram avaliadas quanto à temperatura foliar, ao índice SPAD e ao conteúdo relativo de água (CRA). Os resultados evidenciaram ampla variabilidade fisiológica entre os genótipos avaliados. Um grupo constituído por seis genótipos, 2, 3, 13, 16, 18 e 20, apresentou, simultaneamente, baixa temperatura foliar, elevados valores de SPAD e de CRA, indicando manutenção dos eventos de transpiração, absorção de água e de $CO_{2'}$ sob condições de déficit hídrico. Outro grupo, constituído por oito genótipos, 1, 5, 8, 10, 12, 14, 15 e 17, apresentou valores elevados de temperatura foliar, índice de SPAD e CRA. Esses genótipos mantiveram o teor de umidade, possivelmente associado à redução da transpiração, com preservação do teor de clorofila. O terceiro grupo, constituído por seis genótipos, 4, 6, 7, 9, 11 e 19, apresentou temperatura foliar alta e baixos valores de SPAD e CRA, indicando maior suscetibilidade às condições severas de déficit hídrico e altas temperaturas. Os resultados evidenciam variabilidade fisiológica entre os genótipos e indicam que aqueles que mantiveram maior conteúdo relativo de água, menor temperatura foliar e elevado índice SPAD apresentam características importantes para a seleção de genótipos mais adaptados ao déficit hídrico. Esses genótipos podem apresentar potencial positivo de variabilidade para programas de melhoramento genético visando a adaptação do cafeeiro às condições de seca e temperaturas altas.

**Palavras-chave:** Conteúdo relativo de água; SPAD; temperatura foliar.

**Agradecimentos:** Ao Consórcio Brasileiro de Pesquisa Café pelo financiamento da SI. 10.24.22.016.00.03.

# RGV 356 - DISPONIBILIZAÇÃO DE GENOMA DE REFERÊNCIA DE *Eugenia klotzschiana* (Myrtaceae): UMA ESPÉCIE FRUTÍFERA DO CERRADO

Cimara S. Vieira[1,2]*; Cíntia P. Targueta[1]; Alba V. M. de Araújo[1]; Rhewter Nunes[1]; Renata de O. Dias[1]; Ramilla dos S. Braga-Ferreira[1]; Carmen E. Barragán-Ruiz[1]; Leonardo C. J. Corvalán[1]; Mariana P. de C. Telles[1,2]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Pontifícia Universidade Católica de Goiás.
*cisalesv@gmail.com.

A *Eugenia klotzschiana* O. Berg, popularmente conhecida como perinha, é uma espécie frutífera do Cerrado. Embora seus frutos apresentem potencial alimentício, a espécie vem sofrendo com a perda de habitat. Nesse contexto, a disponibilização de recursos genômicos da espécie pode impulsionar o desenvolvimento de ferramentas moleculares voltadas à sua conservação e manejo. Assim, o objetivo do estudo foi disponibilizar um genoma de referência para *E. klotzschiana*. Para isso, tecido foliar foi coletado em Goiânia, Goiás e, em seguida, aplicado um protocolo de extração para obtenção de DNA de alto peso molecular. A qualidade, integridade e concentração do DNA foram avaliadas utilizando Nanodrop, TapeStation e Qubit, respectivamente. O DNA foi fragmentado com seringa 26G e, após isso, os fragmentos pequenos foram eliminados pelo Short Fragment Eliminator Kit. Em seguida, foi preparada uma biblioteca de sequenciamento utilizando o SQK-LSK114, que foi sequenciada em uma PromethION R10.4.1 Flow Cell na plataforma Oxford Nanopore P2 Solo. A etapa de sequenciamento teve duração de 22 horas. O *basecalling* foi realizado pelo Dorado (*Super Accuracy Basecalling*) e possíveis adaptadores residuais, foram removidos utilizando Porechop_ABI. Posteriormente, *reads* menores que 5.000 pb e com qualidade inferior a Q15 foram removidos. Os *reads* filtrados foram utilizados para a montagem do genoma utilizando o programa hifiasm. A montagem foi avaliada utilizando QUAST, e sua completude foi estimada utilizando BUSCO com o banco de dados *eudicotyledons_odb12*. Ao todo, foram obtidos 24,31 Gb de dados de sequenciamento, com N50 dos *reads* de 22,76 Kb. A montagem apresentou tamanho total de 494,70 Mb, distribuída em 723 *contigs*, com N50 de 37,37 Mb, N90 de 6,56 Mb, L50 de 6 e L90 de 14. A completude estimada por BUSCO foi de 99,5% de genes em cópia única. Esses resultados indicam um expressivo avanço na obtenção de uma montagem genômica completa e contínua para *E. klotzschiana*, apresentando potencial para o desenvolvimento de um genoma de referência. Além disso, *E. klotzschiana* apresenta um cariótipo 2n= 22, indicando que os maiores *contigs* representam significativamente estes cromossomos. Dessa forma, apresenta-se um recurso genômico de elevada completude que representa um importante avanço para o estudo e a conservação desse recurso genético do Cerrado.

**Palavras-chave:** Genoma; Sequenciamento; Oxford Nanopore.

**Agradecimentos:** INCT-EECBio (CNPq- proc. 409197/2024-6); BioGenomas (CNPq - proc. 444522/2024-7); PPBIO Araguaia (CNPq - proc. 441114/2023-7); CEGGen (FAPEG proc. 202410267001291); Universal (CNPq - Proc. 408094/2025-7).

# RGV 357 - OSMORREGULADORES PARA CONSERVAÇÃO *IN VITRO* DE BATATA-DOCE

Milena dos Santos Lerin[1]; Milene Machado[1]*; Alessandra Ferreira Ribas[1]; Roger Raupp Cipriano[1]; Eduardo Aragão[1]

[1]Universidade Federal do Paraná. *mimchado@gmail.com

A conservação de germoplasma é essencial para a preservação da diversidade genética existente e para a segurança alimentar das populações. A batata-doce é uma cultura alimentar de grande importância como uma fonte de energia e nutrientes e demonstra alto potencial de rendimento produtivo. O presente trabalho teve por objetivo avaliar os osmorreguladores manitol e sorbitol adicionados ao meio MS, visando reduzir o desenvolvimento para conservação por um período maior de tempo em laboratório. O experimento foi conduzido em arranjo fatorial, com dois acessos identificados como 7 e 4 da coleção de germoplasma *ex situ* da Universidade Federal do Paraná. Os acessos estabelecidos *in vitro* foram micropropagados em meio de cultura MS contendo os osmorreguladores sorbitol (20 $g.L^{-1}$), manitol (20 $g.L^{-1}$) e sorbitol (10 $g.L^{-1}$) + manitol (10 $g.L^{-1}$), além do controle (somente meio MS). Foi utilizado delineamento inteiramente casualizado com 3 repetições por tratamento. Os frascos foram mantidos em sala de crescimento com luminosidade de 30 µmol. $m^2$ $s^2$ e fotoperíodo de 16 h de luz por 8 h de escuro. Após 5 meses de cultivo *in vitro*, foram realizadas as seguintes avaliações biométricas: número de folhas verdes, altura da planta (cm), massa fresca e seca da parte aérea e das raízes (g), área foliar ($cm^2$), comprimento das raízes (cm), diâmetro das raízes de 0 a 0.5 mm (cm). Também foram realizadas avaliações bioquímicas: proteínas totais ($mg.g^{-1}$), carotenoides ($mg.g^{-1}$), clorofila a e b ($mg.g^{-1}$), açúcares totais ($mg.g^{-1}$) e açúcares redutores ($mg.g^{-1}$). Os dados obtidos foram submetidos ao teste de normalidade de Shapiro-Wilk e de homogeneidade de Hartley, quando normais submetidos à análise de variância ($p<0,05$) e em caso de diferença significativa, ao teste de Tukey. Em relação aos parâmetros biométricos, não foram observados efeitos no crescimento para as concentrações testadas. Em relação aos parâmetros bioquímicos, observou-se que o teor de açúcares totais aumentou no acesso 7, em meio com sorbitol, e no acesso 199, em meio com manitol e na combinação sorbitol + manitol. O teor de açúcares redutores também aumentou no acesso 7, em meio com sorbitol + manitol, e no acesso 199, em meio com manitol. Além disso, o teor de proteínas totais aumentou no acesso 7, em meio suplementado com sorbitol + manitol, e no acesso 199, em meio suplementado com manitol e sorbitol + manitol.

**Palavras-chave:** *Ipomoea batatas* (L.) Lam; agentes osmóticos; germoplasma.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

# RGV 361 - DIVERSIDADE FUNCIONAL EM FEIJÃO-COMUM: ACESSOS RESISTENTES À ANTRACNOSE REFORÇAM A IMPORTÂNCIA DO ALTO NOROESTE FLUMINENSE COMO REPOSITÓRIO DE RECURSOS GENÉTICOS

Diego Chagas Batista[1]*; Cleiton Vasconcelos Vieira[1]; Eduardo Salomão Soares Filho[1]; Joel Barbosa Cancio Pereira Soares[1]; Roberta Aparecida de Sales[1]; Cláudia Pombo Sudré[1]; Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti[2]; Maria Lúcia Rangel Ferreira Gomes[3]; Rosana Rodrigues[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. [2]Instituto Agronômico de Campinas. [3]Instituto Federal Fluminense. *diegochagasb1995@gmail.com

A conservação *on farm* de recursos genéticos vegetais contribui para a manutenção da diversidade genética e de caracteres de interesse em sistemas agrícolas tradicionais. No Alto Noroeste Fluminense, misturas varietais de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) mantidas por agricultores constituem importante fonte de diversidade, abrigando materiais com diferentes níveis de resistência a doenças. Objetivou-se avaliar a resposta à antracnose entre acessos de feijão-comum advindos dessas misturas. Foram avaliados 24 acessos quanto ao período de incubação (PI), à área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD) e à nota final de severidade (NF), após inoculação com suspensões conidiais de *Colletotrichum lindemuthianum* (SisGen cadastro n°A35F8FD). Foram observadas diferenças significativas entre os acessos para AACPD e NF. Para PI não foram detectadas diferenças significativas. O teste Scott-Knott permitiu a formação de três grupos para AACPD, com médias variando de 18,3 a 35,7 ua, e três grupos para NF, com médias de 2 a 4, correspondentes a lesões de 1 a 4 mm de diâmetro. Para PI, os acessos constituíram um único grupo, com médias entre 2,0 a 3,3 dias. Os baixos coeficientes de variação (<10%) indicaram elevada precisão experimental. Entre os sete grupos comerciais de feijão avaliados, quatro apresentaram acessos resistentes à antracnose, com destaque para um acesso do grupo vermelho, classificado como altamente resistente, além de acessos resistentes pertencentes aos grupos carioca, mulatinho e verde. A variabilidade observada para severidade e progresso da doença evidencia diferentes níveis de resistência entre os acessos e demonstra a diversidade funcional presente nas misturas varietais. Essa heterogeneidade constitui característica relevante para a conservação desses recursos genéticos vegetais, uma vez que possibilita a manutenção, em um mesmo sistema agrícola, de materiais com respostas distintas a uma doença de grande importância para a cultura. Os resultados reforçam o Alto Noroeste Fluminense como área de expressiva diversidade de recursos genéticos de feijão-comum e evidenciam o valor das misturas varietais conservadas *on farm* como reservatórios de variabilidade genética para conservação, pesquisa e uso futuro em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; conservação *on farm*; diversidade genética.

**Agradecimentos:** CAPES, CNPq e FAPERJ.

# RGV 362 - ÍNDICES ESPECTRAIS REVELAM A VARIABILIDADE FENOTÍPICA DE VARIEDADES LOCAIS DE FEIJÃO-COMUM OBTIDAS DE MISTURAS VARIETAIS CONSERVADAS *ON-FARM*

Ana Caroline de Freitas Gonçalves[1]*; Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti[2]; Cláudia Pombo Sudré[1]; Cleiton Vasconcelos Vieira[1]; Joel Barbosa Cancio Pereira Soares[1]; Eduardo Salomão Soares Filho[1]; Karina Kazue Nakamura Fukuji[1]; Anderson Yusei Suzuki Fukuji[1]; Rosana Rodrigues[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. [2]Instituto Agronômico de Campinas. *anacarollnyfg@gmail.com

As misturas varietais de feijão-comum manejadas por agricultores familiares representam uma importante estratégia de conservação *on-farm*, reunindo variedades locais com ampla diversidade genética e fenotípica, cuja composição permanece pouco conhecida. Ao separar e caracterizar esses componentes, é possível compreender a variabilidade conservada dessas misturas e ampliar o conhecimento sobre recursos genéticos tradicionais. Nesse contexto, os índices espectrais constituem uma ferramenta promissora por possibilitarem a avaliação não destrutiva de características fisiológicas das plantas ao longo do ciclo. O objetivo deste estudo foi caracterizar variedades locais de *Phaseolus vulgaris* L., obtidas após a separação de misturas varietais conservadas por agricultores do estado do Rio de Janeiro, visando investigar a variabilidade fenotípica associada aos índices espectrais durante a fase reprodutiva. O experimento foi conduzido em campo, em Itaocara (RJ), utilizando 22 genótipos em delineamento em blocos ao acaso. As avaliações foram realizadas nos estádios de enchimento de grãos e maturação de vagens por meio de mini espectrômetro foliar (CI-710 *Leaf Spectrometer*, CID *Bio-Science*), sendo estimados 29 índices espectrais. A variabilidade entre os genótipos foi investigada por análise de componentes principais (PCA) e *heatmap* com agrupamento hierárquico UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Na fase de enchimento de grãos, os índices espectrais evidenciaram ampla diversidade fisiológica entre as variedades, distinguindo genótipos com perfis contrastantes. Na maturação de vagens, a PCA e o agrupamento hierárquico discriminaram conjuntos de genótipos associados a diferentes padrões fisiológicos, destacando os acessos UENF 2657, UENF 2299, UENF 2662, UENF 2661 e UENF 2379, relacionados a índices de senescência foliar e alterações pigmentares, e UENF 2301, UENF 2377, UENF 2667, UENF 2658, UENF 2300 e UENF 2660, associados a maior vigor vegetativo. Os resultados demonstram que a espectrometria foliar é uma ferramenta eficiente para revelar a variabilidade fenotípica existente entre variedades locais provenientes de misturas varietais, contribuindo para sua caracterização, documentação e valorização em programas de conservação *on-farm* e de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; vigor vegetativo; diversidade fisiológica.

**Agradecimentos:** CAPES, CNPq e FAPERJ.

# RGV 364 - SELEÇÃO PARTICIPATIVA DE MATRIZES DE PALMEIRA JUÇARA PARA A PRODUÇÃO DE AÇAÍ NA COMUNIDADE DOM TOMÁS BALDUÍNO, QUEDAS DO IGUAÇÚ-PR

Joel Donazzolo[1]*; Serinei Cesar Grigolo[1]; Rosiele Farias da Silva[1]; Cindy Amorim Martins[1]; Mateus Rosante Grisang[1*]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Programa de Pós-Graduação em Agroecossistemas (PPGSIS). *joel@utfpr.edu.br

No Assentamento Dom Tomás Balduíno, localizado em Quedas do Iguaçu (PR), famílias desenvolvem práticas agroecológicas que integram a conservação da Mata Atlântica à geração de renda. Entre essas ações, destaca-se o manejo da palmeira juçara (*Euterpe edulis*), uma espécie nativa de extrema relevância ecológica, econômica e social, que foi praticamente dizimada no sudoeste e no oeste do Paraná pela exploração predatória do palmito. Em atividades do Núcleo de Estudos e Pesquisas em Agroecologia e Produção Orgânica (NEA) da UTFPR, campus Dois Vizinhos, o projeto estabeleceu uma atuação conjunta entre a universidade e os agricultores para o manejo sustentável da espécie. O objetivo principal foi identificar matrizes de palmeira juçara com elevado potencial produtivo, por meio de um processo participativo, envolvendo ativamente os agricultores na seleção e no monitoramento. Buscou-se subsidiar a coleta de sementes de alta qualidade visando a produção de mudas, ao enriquecimento de sistemas agroflorestais (SAFs), à ampliação do cultivo da espécie e à conservação da sociobiodiversidade. A metodologia baseou-se em princípios de pesquisa participativa e incluíu: diagnóstico e planejamento, com a aproximação à comunidade por meio de visitas técnicas e reuniões de apresentação para identificar demandas e planejar as etapas de intervenção; ações participativas com a realização de oficinas, rodas de conversa e visitas às propriedades rurais, permitindo que agricultores, técnicos e estudantes compartilhassem experiências sobre a identificação e o manejo da juçara; produção de materiais educativos (cartilhas e informativos) para sensibilizar a comunidade sobre a importância ecológica e econômica da juçara. O processo resultou no fortalecimento das capacidades locais e na consolidação de uma rede de conservação; na identificação e mapeamento inicial de aproximadamente 30 matrizes com alto potencial produtivo; no aumento significativo na conscientização da comunidade sobre o potencial econômico dos frutos da juçara (açaí de juçara) e dos benefícios ecológicos da conservação da espécie. Esses resultados demonstram a eficácia da seleção participativa não apenas como ferramenta técnica de melhoramento, mas também como mecanismo de empoderamento comunitário e de valorização da agrobiodiversidade local. Para os próximos ciclos, os trabalhos se voltam para o monitoramento e a caracterização das matrizes.

**Palavras-chave:** agrossociobiodiversidade; Mata Atlântica; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** Agradecemos o apoio e o fomento do NAPI Alimentos e Território, do ITAIPU Parquetec e do CNPq.

# RGV 366 - USO DE qPCR PARA DIAGNOSE DE VÍRUS E VIROIDES EM PLANTAS CÍTRICAS REGENERADAS ATRAVÉS DA MICROENXERTIA

Luana Aparecida Castilho Maro[1]*; Murilo Dalla Costa[2]; Adriana Klock[1]

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Estação Experimental de Itajaí. [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Estação Experimental de Lages. *luanamaro@epagri.sc.gov.br

O uso sustentável dos recursos genéticos da família Rutaceae através da obtenção de plantas livres de doenças eleva o potencial genético dos materiais com benefícios que perpassam as diferentes esferas da cadeia produtiva. Como a multiplicação assexuada das plantas cítricas por meio da enxertia favorece a transmissão de doenças sistêmicas, a limpeza viral constitui importante ferramenta, sendo as técnicas moleculares como a qPCR fundamentais para atestar sua eficiência de maneira rápida e segura na identificação e seleção de indivíduos livres de vírus. Para a obtenção de matrizes certificadas de cultivares registradas e mantidos pela Epagri, o trabalho objetivou avaliar a presença dos viroides causadores da exocorte (*Citrus exocort viroid* - CEVd) e da xiloporose ou cachexia (*Hop stunt viroid* - HSVd), além do complexo da sorose (sorose A, sorose B e mancha anelar dos citros, causada pelo *Citrus ringspot virus* (CtRSV) através da técnica de qPCR. Os cultivares utilizados neste estudo (SCS454 Catarina, SCS455 Reinaldo, SCS 456 Sigmar, SCS 457 Souza e SCS458 Osvino) foram regenerados por meio da microenxertia como preconizado por Navarro et al., (1975). Para a avaliação da presença dos patógenos foram utilizadas amostras de tecido vegetal de 19 plantas. A extração de RNA total se deu a partir de 100 mg de tecido foliar jovem, seguindo o protocolo trizol. A síntese do cDNA e as reações foram conduzidas conforme metodologia descrita por Doyle & Doyle (1990). As reações de qPCR para análise de CEVd (viroides da exocorte) e HSVd (viroides da xiloporose ou cachexia) continham 1 µL de cDNA, 10 µL de Master Mix (Sybr Green), 0,35 µM de primers e água para completar o volume final de 20 µL. As reações de qPCR para o complexo da sorose seguiram o protocolo de Francesco et al., (2014). Os resultados indicaram que nenhuma das amostras continha o viroide CEVd. Por outro lado, HSVd e o complexo da sorose estavam presentes em 37% e 42% das amostras, respectivamente. Considerando os três patógenos, a microenxertia foi eficiente apenas para a limpeza das laranjeiras ‘Catarina’ e ‘Reinaldo’. ‘Sigmar’ e ‘Osvino’ testaram positivo para o complexo da sorose e ‘Souza’ testou positivo para HSVd. Conclui-se que a técnica de qPCR constitui uma ferramenta importante ao programa de certificação de matrizes de citros da Epagri por validar a eficiência da microenxertia que, embora eficiente na eliminação do viroide da exocorte, indica a necessidade de associação com outras técnicas como a termoterapia e a quimioterapia.

**Palavras-chave:** *Citrus* spp.; limpeza viral; programa de certificação.

**Agradecimentos:** Fapesc, Acafruta.

# RGV 367 - CARACTERIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE *Coffea arabica* E *Coffea canephora* POR ESPECTROSCOPIA LIBS VISANDO À AUTENTICAÇÃO DE ESPÉCIES

Inoá Victória Martins[1]*; Pedro Augusto Senger Piana[1]; Andressa Moreira de Souza[2]; Otniel Freitas Silva[2]; Gustavo Nicolodelli[3]; Eduardo Vinicius Kuhn[1]; Ricardo Schneider[1]; Cleverson Busso[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. [2]Embrapa Agroindústria de Alimentos. [3]Universidade Federal de Santa Catarina. *inoavmartins@hotmail.com

O Brasil é o maior produtor e exportador mundial de café, sendo *Coffea arabica* L. uma espécie de fundamental importância entre os recursos genéticos vegetais devido à qualidade sensorial de seus grãos e por apresentar grande relevância econômica, seguida pelo *Coffea canephora* Pierre ex A. Froehner (Robusta). O elevado valor agregado do café favorece práticas fraudulentas, como a mistura de espécies, adição de impurezas e materiais de menor valor comercial, o que torna indispensável o desenvolvimento de metodologias rápidas e confiáveis para a autenticação e controle de qualidade. Neste trabalho, avaliou-se a espectroscopia de emissão óptica com plasma induzido por laser (*Laser-Induced Breakdown Spectroscopy* - LIBS), associada à análise multivariada, para diferenciar *C. arabica* e *C. canephora*, visando explorar o potencial da técnica na detecção de adulterações. Para isso, foram avaliadas 20 amostras fornecidas pela Embrapa e adquiridas comercialmente, sendo cinco de *C. arabica*, cinco de *C. arabica* tipo Moca, cinco de *C. canephora* (Robusta) e cinco cafés comerciais adquiridos com indicação de composição predominantemente arábica. Cada amostra foi representada por cinco pastilhas, totalizando 100 pastilhas de aproximadamente 300 mg (obtidas por prensagem hidráulica a 3 toneladas), que foram analisadas por LIBS (500 espectros por amostra). A técnica LIBS destaca-se pela rapidez, pelo reduzido preparo das amostras, pela ausência de reagentes químicos, pelo caráter minimamente destrutivo e pela capacidade de fornecer informações sobre a composição elementar dos materiais. Os dados foram pré-processados com o método *Standard Normal Variate* (SNV) e submetidos à construção de modelos classificatórios por Máquina de Vetores de Suporte com kernel linear (*SVM linear*), *Random Forest* e Análise Discriminante por Mínimos Quadrados Parciais (*PLS-DA*). Inicialmente, o tipo Moca foi avaliado separadamente, mas, devido ao menor desempenho, foi agrupado à classe *Arabica*, juntamente com os cafés comerciais, para a classificação final entre *Arabica* e *Robusta*. Os espectros evidenciaram principalmente linhas de emissão de magnésio (Mg, ~279 nm), cálcio (Ca, ~393 nm) e potássio (K, ~766 nm). Os modelos desenvolvidos apresentaram exatidão superior a 93% na diferenciação entre as classes, com destaque para o SVM linear, que alcançou 99,8% de exatidão em duas das estratégias avaliadas. A validação dos modelos foi realizada por meio de validação cruzada do tipo Stratified Group K-Fold. Os resultados demonstram que a associação entre a técnica LIBS e métodos de classificação supervisionada é altamente promissora para a autenticação de cafés, diferenciação de espécies e fortalecimento do controle de qualidade na cadeia produtiva.

**Palavras-chave**: Espectroscopia de Ruptura Induzida por laser; autenticação de café; Análise multivariada.

**Agradecimentos**: À Embrapa, UTFPR, UFSC, CAPES e Central Analítica do campus da UTFPR-TD pelo apoio técnico e financeiro.

# RGV 371 - DIVERSIDADE DE VARIEDADES LOCAIS DE MILHO CONSERVADO ON-FARM NA ZONA DA MATA MINEIRA

Luana Santos Dayrell[1]*; Heitor Mancini Teixeira[2]; Natália Carolina. de Almeida Silva[3]; João Carlos Cardoso Galvão[2]; Jarno Winkel[4]; Pedro Affonso Cardoso Moretzsohn[2]

[1]Programa de Pós-Graduação em Agroecologia, Universidade Federal de Viçosa (UFV). [2]Universidade Federal de Viçosa (UFV). [3]UTEC - Universidade Tecnológica do Uruguai [4]Wageningen University & Research (WUR). *luana.dayrell@ufv.br

Na Zona da Mata mineira, a conservação de variedades locais de milho constitui estratégia de conservação de recursos genéticos vegetais, vinculada à organização popular, à experimentação participativa e à valorização da agrobiodiversidade. Desde a década de 1990, iniciativas do Centro de Tecnologias Alternativas da Zona da Mata (CTA-ZM), organizações de agricultores e da Universidade Federal de Viçosa (UFV) contribuíram para a produção, seleção e intercâmbio de sementes locais. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar e sistematizar a diversidade de variedades crioulas de milho conservadas por famílias guardiãs na Zona da Mata mineira. O levantamento foi realizado nos municípios de Divino, Araponga, Pedra Dourada, Acaiaca, Espera Feliz e Muriaé. Foram obtidos 59 registros de variedades e identificadas 30 denominações locais, mantidos por 25 famílias guardiãs. Entre as denominações registradas estão Amarelo (2), Amarelo de Paiol (1), Amarelão (1), Asteca (3), Branco (9), Caiana Sobrália (4), Cateto (1), Cravo (1), Crioulo Amarelo (4), Dente de Burro (1), Iza (1), Macabu Palha Roxa (1), Macabu Sabugo Fino (1), Maisena (4), Milhão (1), Milho Roxo (1), Ouro (3), Paiol (3), Paiol Amarelo (1), Palha Roxa (2), Paraguai (1), Pipoca Branco (1), Pipoca Preto (4), Pipoca Vermelha (1), Preto (1), Puri (1), Recanto (1), Santa Helena (1), Ventura (1) e Vermelho (2). As variedades são utilizadas na alimentação familiar e animal, incluindo angu, fubá, canjiquinha, bolos e broas. As variedades assumem funções culturais e ecológicas, associadas às festas, às redes de troca de sementes e ao aproveitamento da palhada para cobertura e adubação do solo, evidenciando sua articulação a práticas produtivas, alimentares e culturais das famílias guardiãs. A conservação realizada pelas famílias guardiãs demonstra que a manutenção desses recursos genéticos está associada à continuidade de práticas, conhecimentos e redes de troca construídas no território. Assim, a sistematização contribui para reconhecer a diversidade de milho crioulo conservada on-farm e fornece subsídios a estudos sobre potencial agronômico e socioambiental na Zona da Mata mineira.

**Palavras-chave:** variedades crioulas de milho; recursos genéticos vegetais; agrobiodiversidade.

**Agradecimentos:** À FAPEMIG e ao CNPq pela bolsa de pesquisa; ao Programa de Pós-Graduação em Agroecologia da UFV; ao Centro de Tecnologias Alternativas da Zona da Mata (CTA-ZM); e às famílias guardiãs participantes da pesquisa.

# RGV 373 - PAIOL COLETIVO DE SEMENTES DO CTA: CONSERVAÇÃO E CIRCULAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS NA ZONA DA MATA MINEIRA

Luana Santos Dayrell[1]*; Irene Maria Cardoso[2]; Heitor Mancini Teixeira[2]; Brendo Henrique da Silva Costa[2]

[1]Programa de Pós-Graduação em Agroecologia, Universidade Federal de Viçosa (UFV). [2]
*luana.dayrell@ufv.br

As sementes crioulas e variedades locais constituem recursos essenciais à conservação da agrobiodiversidade, à autonomia das famílias agricultoras e à diversificação agrícola. Sua conservação envolve seleção, multiplicação, uso, armazenamento e troca de sementes e conhecimentos por famílias agricultoras. Na Zona da Mata Mineira, essas práticas integram uma rede de famílias guardiãs da agrobiodiversidade e articuladas no Polo Agroecológico e de Produção Orgânica da Zona da Mata de Minas Gerais. Inspirado nos paióis rurais, o "Paiol Coletivo de Sementes do Centro de Tecnologias Alternativas da Zona da Mata (CTA-ZM)" constitui uma estrutura para acolher, registrar, catalogar e organizar sementes, disponibilizando-as para troca e circulação. Este trabalho teve como objetivo caracterizar a diversidade de materiais presentes no Paiol Coletivo de Sementes do CTA-ZM em 2025, considerando origem, denominação e recorrência entre agricultores. Foram sistematizados 245 registros de materiais vegetais, associados a 65 registros de agricultores, famílias e instituições, correspondentes a 116 denominações distintas. Milho e feijão apresentaram maior presença, com 81 e 75 registros, seguidos por abóbora (26), arroz (18), fava (17), algodão (16) e quiabo (12). Os materiais tiveram origem na Zona da Mata Mineira e em outras regiões de Minas Gerais e do Brasil, evidenciando fluxos entre agricultores(as) e territórios. A recorrência de denominações entre agricultores demonstra que o Paiol se relaciona a esses fluxos, recebendo materiais registrados, catalogados e organizados para circulação. Nesse sentido, constitui uma estrutura dinâmica de conservação, na qual as sementes não permanecem armazenadas, mas entram e saem do acervo de acordo com os processos de circulação entre agricultores(as). Essa dinâmica articula sementes, agricultores(as), territórios e conhecimentos locais. Ressalta-se que as denominações atribuídas pelos agricultores expressam a diversidade reconhecida e manejada localmente, mas não permitem, isoladamente, inferir diferenciação genética entre os materiais. A experiência evidencia o potencial de estruturas coletivas vinculadas às redes de famílias guardiãs para fortalecer a conservação, valorização e continuidade de uso dos recursos genéticos vegetais na Zona da Mata Mineira.

**Palavras-chave:** recursos genéticos; sementes crioulas; agrobiodiversidade.

**Agradecimentos:** À FAPEMIG e ao CNPq pela bolsa de pesquisa; ao Programa de Pós-Graduação em Agroecologia da UFV; ao Centro de Tecnologias Alternativas da Zona da Mata (CTA-ZM); e às famílias guardiãs participantes da pesquisa.

# RGV 375 - INTEGRANDO VARIABILIDADE FENOTÍPICA E GENÉTICA PARA A CONSERVAÇÃO E O MANEJO DE *Euterpe edulis*

Peggy N. Thalmayr[1,2,3]*; Fermín J. Chamorro[1,4]; Mauricio Sedrez Dos Reis[5]; Norma I. Hilgert[1,2,3,6]

[1]Laboratorio de Etnobiología y Desarrollo Comunitario (LeyDeC) Facultad de Ciencias Forestales (FCF), Universidad Nacional de Misiones (UNaM), Misiones, Argentina. [2]Laboratorio de Propagación Vegetativa Conservación y Domesticación de Recursos Fitogenéticos (LAPROVECO) FCF, UNaM. [3]Asociación Civil Centro de Investigaciones del Bosque Atlántico-CeIBA, Misiones, Argentina. [4]ABC Colombia, Somos Territorio, Casanare, Colombia. [5]Núcleo de Pesquisas em Florestas Tropicais, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Núcleo de Estudos em SocioAgroBiodiversidade, Pós-Graduação em Ecossistemas Agrícolas e Naturais, UFSC, Santa Catarina, Brasil. [6]Instituto de Biología Subtropical (UNaM, Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas-CONICET), Misiones, Argentina.
*peggy.thalmayr@fcf.unam.edu.ar

A conservação dos recursos genéticos vegetais depende da identificação de populações com elevada variabilidade biológica. Entretanto, as dimensões genética e fenotípica são frequentemente avaliadas de forma independente, dificultando sua integração em estratégias de conservação e manejo. Este estudo desenvolveu e avaliou um Índice Integrado de Variabilidade (IIV), combinando informações fenotípicas e genéticas de 12 populações naturais de *Euterpe edulis* sob diferentes intensidades de manejo em Misiones, Argentina. A variabilidade fenotípica foi estimada a partir de oito atributos estruturais, produtivos e morfométricos por análise de componentes principais (PCA), utilizando a distância média ao centroide populacional como medida de heterogeneidade intrapopulacional. A variabilidade genética integrou heterozigosidade esperada, riqueza alélica e índice de fixação intrapopulacional, reorientado como (1-FIS), após padronização. Ambos os componentes foram padronizados e combinados com pesos iguais. Os três primeiros componentes explicaram 71,7% da variação fenotípica. Os índices fenotípico e genético apresentaram correlação positiva moderada, porém não significativa ($\rho$=0,38; p=0,22), evidenciando padrões distintos. O IIV variou de 0,58 a 1,00 e manteve elevada estabilidade sob diferentes ponderações ($\rho$=0,93-0,951), com mudança média inferior a uma posição no ordenamento das populações. Não foram detectadas diferenças entre categorias de manejo (F=0,897; p=0,469). O IIV evidenciou que elevada variabilidade em apenas um componente nem sempre correspondeu à elevada variabilidade integrada. O índice constitui uma abordagem potencialmente útil para subsidiar a priorização de populações para conservação e manejo de recursos genéticos e o planejamento de ações de restauração de *E. edulis*.

**Palavras-chave:** conservação pelo uso; palmeira-juçara; recursos genéticos vegetais.

# RGV 376 - DOMESTICAÇÃO DE FRUTEIRAS NATIVAS DA SELVA PARANAENSE: AVANÇOS 2024-2026

Niella, Fernando[1]; Parra, Marina[2]; Rocha, Patricia[1]; Barth, Sara Regina[3]; Scharschinger, Marianela[4]; Richardt, Nélida[4]; Puzzo, Fernando[5]; Piris, Juliana[6]; Thalmayr, Peggy[1]*; Jungblut Schuh, Tania Marina[1]

[1]UNaM-FCF-LAPROVECO. [2]UNaM-FCF-LAPROVECO / Somos Red. [3]UNaM-FCF / INTA EEA Montecarlo. [4]Somos Red. [5]ISFD C. Braslavsky / Somos Red. [6]UNaM-FCF. [7]UNaM-FCF-LAPROVECO / CONICET. Todos em Misiones, Argentina. *peggy.thalmayr@fcf.unam.edu.ar

As mirtáceas nativas da Selva Paranaense *Eugenia involucrata* DC. (cerella), *Eugenia uniflora* L. (pitanga) e espécies de *Plinia* L. (jabuticaba) têm alto valor cultural e demanda regional crescente, mas sua colheita provém de árvores silvestres, periurbanas e urbanas, e o uso dessas sementes sem critérios de seleção, amostragem e manejo genético eleva o risco de endogamia e de perda de variabilidade. Para conservá-lo e desenvolver variedades cultiváveis por domesticação participativa, constituiu-se um núcleo associativo entre a Universidad Nacional de Misiones, o Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) e cooperativas locais da Somos Red. Selecionaram-se 80 árvores porta-sementes (40 de pitanga, 24 de cerella, 16 de jabuticaba) em três regiões de Misiones; de 12.000 frutos colhidos, 2.400 foram analisados quanto a peso, rendimento de polpa e sólidos solúveis (SS), com ampla variabilidade fenotípica. Em *E. uniflora*, componentes principais e agrupamento da biometria de frutos e sementes indicaram elevada divergência, com maior contribuição de SS e peso do fruto. Em *E. involucrata*, 465 unidades experimentais de 18 árvores-mãe colhidas entre setembro e outubro de 2024, sob modelos lineares mistos, deram médias de 3,92 g de peso de fruto (PF), 0,76 g de sementes, 80% de recuperação de mesocarpo e 8,35 °Brix; a repetibilidade foi de 0,65 (PF) e 0,64 (SS) e os melhores preditores lineares não viesados (BLUPs) apontaram EI12.24, EI16.24, EI10.24 e EI03.24. Conformaram-se população base e banco miniclonal *ex situ* e instalaram-se três ensaios de progênie em delineamento completamente casualizado, com parcelas de uma planta e 4 a 20 repetições, em Montecarlo, Salto Encantado e San Pedro. Em minicepas, a sobrevivência foi de 98±0,02% e o Bocashi superou a fertilização química em brotos/minicepa (4,28±0,22 vs. 3,63±0,22; p<0,04), sem diferenças na biomassa aérea, com *Plinia* sp. (5,48±0,27) acima de *E. uniflora* (3,25±0,27) e *E. involucrata* (3,15±0,27). Em miniestacas juvenis, *Plinia* sp. alcançou 100% de sobrevivência e 95-100% de enraizamento; em *E. involucrata* o Bocashi elevou o enraizamento a 92% ante 65% (p=0,0052) e em *E. uniflora* a microaspersão rendeu 40% ante 18% sob gotejamento. O programa avança na caracterização molecular do germoplasma base.

**Palavras-chave:** Myrtaceae; Recursos fitogenéticos; Variabilidade fenotípica.

**Agradecimentos:** Proyectos de Tecnologías para la Inclusión Social (PNTIS-MINCyT) e FCF-UNaM.

# RGV 378 - ANÁLISE MULTIVARIADA DA COMPOSIÇÃO LIPÍDICA E DE COMPOSTOS BIOATIVOS EM GENÓTIPOS DE LINHAÇA

Vanessa Gabriela Borges[1]*; Emille Begnini Zingler[1]; Marina Mattiello Crestani[1]; Daniel Schmechel Affeldt[1]; Luiz Paulo da Silva[1]; Luiz Felipe Inácio[1]; Vivian Almeida[1]; Tiago Olivoto[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *vanessaborges1312@gmail.com

A linhaça (*Linum usitatissimum* L.) é uma espécie de interesse agronômico e nutricional devido ao elevado teor de óleo e à presença de compostos bioativos com potencial funcional. O estudo teve como objetivo avaliar a variabilidade entre genótipos de linhaça por meio da associação entre perfil lipídico, compostos bioativos e variáveis espectrais, identificando materiais com potencial nutricional e funcional. Foram avaliados o perfil lipídico (Ácido Alfa-Linolênico (C18:3n3: Ômega-3), Ácido Oléico (C18:1n9c: Ômega-9), Ácido Linoleico (C18:2n6c : Ômega-6), Éster metílico do ácido cis-10-pentadecenoico (C15:1), Éster metílico do ácido cis-10-heptadecenoico (C17:1)), caracteres nutracêuticos (potencial antioxidante, flavonóides e fenólicos totais) e de cor (RGB e os índices de imagem BI, HUE, IPCA e SAVI) em quatro genótipos de linhaça. A análise de componentes principais (PCA) explicou 91,1% da variabilidade total dos dados, sendo 74% atribuídos ao primeiro componente e 17,1% ao segundo componente, indicando elevada representatividade do modelo. O gráfico biplot evidenciou a formação de dois grupos distintos, separados prioritariamente pela cor, os genótipos dourados apresentaram associação positiva com maiores teores de C18:1n9c e C18:2n6c, além de maior proximidade com fenólicos totais, flavonoides e potencial antioxidante. Por outro lado, os genótipos da cor marrom destacaram-se pela associação com maiores proporções de C18:3n3. O gráfico de composição lipídica confirmou essa tendência, evidenciando maior participação relativa de C18:3n3 nesses materiais. A separação observada entre os genótipos aponta para uma possível diferença no perfil lipídico entre linhaças de cor marrom e dourada. A associação da linhaça dourada com maiores teores de compostos bioativos e atividade antioxidante sugere potencial para agregação de valor funcional ao óleo. Em contrapartida, a linhaça marrom destacou-se pelo maior teor relativo de C18:3n3, principal ácido graxo presente no óleo de linhaça, associado a benefícios à saúde cardiovascular e a propriedades anti-inflamatórias. Os resultados evidenciam variabilidade entre os genótipos avaliados, mantendo perspectivas de utilização desses materiais em estudos de seleção e melhoramento vegetal. A caracterização integrada, associada a métodos multivariados, apresenta-se como uma abordagem promissora para a avaliação e o aproveitamento de recursos genéticos vegetais.

**Palavras-chave:** Variabilidade; Perfil lipídico; Qualidade.

**Agradecimentos:** PPGRGV/UFSC, NEPEM/UFSC, CAPES e CNPq pelo apoio técnico e financeiro.

# RGV 379 - DIVERSIDADE DE PLANTAS ALIMENTÍCIAS NÃO CONVENCIONAIS (PANC) DA AGROECOLOGIA FAMILIAR RURAL OFERECE POTENCIAL PARA CONSERVAÇÃO PELO USO NA CIDADE

Xiomara Chacón Nieves[1]*; Larisse Maria de Azevedo Cavalcante[2]; Jefferson Pietroski Mota[3]; Ilyas Siddique[4]

[1]PPG-RGV Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC. [2]PPG-Agroecossistemas UFSC [3]UFSC & AgroUrb Ltda. [4]UFSC. *xiomara.nieves@posgrad.ufsc.br

A perda da agrobiodiversidade compromete a diversidade de alimentos disponíveis e o conhecimento tradicional associado aos recursos genéticos vegetais. As plantas alimentícias não convencionais (PANCs) ajudam a diversificar o valor nutritivo, utilizar áreas improdutivas e proporcionar maior soberania alimentar. A conservação da agrobiodiversidade e a memória biocultural são interdependentes. As mulheres desempenham um papel transformador, preservando a biodiversidade alimentar por meio do cultivo, preparo dos alimentos, compartilhamento de germoplasma e transmissão do conhecimento entre gerações. Esta pesquisa objetiva apresentar uma análise inédita sobre a diversidade de recursos genéticos vegetais conservados por agricultoras familiares e suas famílias da Grande Florianópolis. Os dados foram coletados por Cavalcante (2024) e colegas em 24 sítios agroecológicos no leste de Santa Catarina. Dentre as espécies de plantas alimentícias que não são vendidas no CEASA-SC (em diante chamadas de PANC), as famílias agricultoras reconheceram como alimentícias na mediana mais de 90% das espécies (spp.) de PANC encontradas por estabelecimento. As 176 spp. de PANC identificadas com evidência de uso alimentar seguro, representam 62 famílias botânicas. Dessas, quase metade são nativas do Brasil (81 spp.), sendo a família Myrtaceae a mais representativa com 16 spp. A diversidade varia amplamente entre as partes botânicas usadas para consumo humano, frutos (86 spp.), folhas (78 spp.), flores (51 spp.), sementes (29 spp.), brotos (27 spp.), caules incluindo os palmitos (14 spp.), rizoma (13 spp.), raízes (12 spp.), bulbilhos (2 spp. trepadeiras). Dos rizomas e bulbilhos alimentícios todas as spp. exigem algum tipo de aquecimento no preparo seguro (principalmente cozimento), enquanto das raízes 75% e brotos 60%, das sementes dois-terços, dos caules e folhas quase metade, das flores 24% e dos frutos apenas 17% das spp. requerem aquecimento. Uma imensa diversidade de PANC segue sendo conservada pelo uso ativo e convivência passiva na agricultura familiar agroecológica rural no leste catarinense. Parte dessa diversidade tem potencial para conservação pelo uso em espaços urbanos, em diferentes nichos socioculturais próximos à circulação de mulheres que cuidam da alimentação nas suas famílias e em espaços de ensino-aprendizagem coletiva intergeracional.

**Palavras-chave:** diversidade funcional; PANC; gênero.

**Agradecimentos:** Famílias agricultoras participantes, CAPES, CEPAGRO, PPGA-UFSC, Ana Clara Alves Farias, Hannah Wittman (University of British Columbia)

# RGV 380 - QUIMIODIVERSIDADE DO PUXURI (LAURACEAE) EM AMBIENTE NATURAL E DE CULTIVO

Polyana de Souza Amoedo[1]; Adriano Pinheiro da Costa[1]; Juliana Cristiane Liberato Quihue[2]; Géssica Aline Nogueira dos Santos[3]; Flávia Camila Schimpl[1,3]*

[1]INPA - Programa de Pós-Graduação em Agricultura no Trópico Úmido. [2]UEA - Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia e Recursos Naturais da Amazônia. [3]IFAM - Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Amazonas. *fla.schimpl@gmail.com

A floresta amazônica abriga espécies aromáticas de expressivo valor para a bioeconomia, cuja diversidade de metabólitos secundários sustenta tanto a adaptação das plantas quanto seu aproveitamento econômico. Entre as Lauraceae, o puxuri (*Licaria puchury-major* (Mart.) Kosterm), árvore nativa da Amazônia, destaca-se pelo uso tradicional das sementes por comunidades locais e pelo potencial de seu óleo essencial para aplicações biotecnológicas. Pouco se conhece sobre a diversidade química do puxuri e a variação da composição de voláteis nas folhas em função do ambiente. Diante disso, este trabalho teve como objetivo caracterizar a quimiodiversidade foliar do puxuri e verificar diferenças na composição química entre plantas de ambiente natural alagável e de cultivo em terra firme. Foram avaliadas 50 plantas, 25 de cada ambiente. O óleo essencial das folhas foi obtido por hidrodestilação em Clevenger e o perfil químico determinado por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (GC-MS), expresso em abundância relativa. Foram identificados 24 compostos, 23 no igapó e 20 em terra firme, dos quais safrol e eucaliptol foram os majoritários em ambos os ambientes, seguidos por α-terpineol, sabineno, eugenol e D-limoneno. O safrol, fenilpropanoide predominante, apresentou médias de 36,38% no igapó e 37,39% em terra firme, enquanto o eucaliptol, monoterpeno oxigenado, correspondeu a 29,59% e 28,32%, respectivamente, de modo que os dois constituintes reuniram a maior parte do óleo em todas as plantas. A composição global não diferiu entre os ambientes (PERMANOVA: pseudo-F = 0,83; $R^2$ = 0,017; p = 0,411), com dispersões homogêneas (PERMDISP: p = 0,817) e boa ordenação (NMDS: stress = 0,077); a análise de SIMPER indicou que safrol, eucaliptol, eugenol, sabineno e α-terpineol responderam por cerca de 76% da dissimilaridade entre os indivíduos, e nenhum constituinte diferiu entre ambientes pelo teste de Mann-Whitney com correção de Benjamini-Hochberg. Os resultados evidenciam a conservação do padrão químico predominante entre o ambiente natural e o de cultivo, possivelmente associada à origem comum das sementes que originaram as plantas de terra firme. Dessa forma, estudos genéticos e experimentos controlados são necessários para distinguir os efeitos da origem genética e do ambiente sobre a quimiodiversidade foliar.

**Palavras-chave:** óleo essencial; safrol; bioeconomia.

**Agradecimentos:** À FINEP, à FAPEAM, ao INPA e ao IFAM.

# RGV 381 - EFEITO DE DIFERENTES TRATAMENTOS PRÉ-GERMINATIVOS NA GERMINAÇÃO E EMERGÊNCIA DE PLÂNTULAS DE *Astronium urundeuva* ALLEMÃO

Tânia Silva Santos[1]; Raquel Araújo Gomes[2]*; Jamille Cardeal da Silva[2]; Ana Caroline Lima dos Santos[1]; Andressa Mirelle Santos Lourenço[3]; Jailton de Jesus Silva[3]; Bárbara França Dantas[3]

[1]Universidade Federal do Vale do São Francisco. [2]Universidade Estadual de Feira de Santana. [3]Embrapa Semiárido. raquel.gomesbio18@gmail.com

*Astronium urundeuva* (aroeira-do-sertão) é uma espécie arbórea nativa da Caatinga, de relevância ecológica e econômica, usada em ações de conservação e restauração. Tratamentos pré-germinativos eficientes aumentam a germinação e a produção de mudas vigorosas. Com o avanço das mudanças climáticas, a emergência rápida e uniforme das plântulas é decisiva para a sobrevivência e o estabelecimento em campo. Assim, este estudo objetivou avaliar a eficiência de diferentes tratamentos pré-germinativos na germinação de sementes e na emergência de plântulas de *A. urundeuva*. As sementes foram submetidas à pré-embebição nos seguintes tratamentos: T1: Stimulate® (10%); T2: Auras® (10%); T3: suspensões bacterianas dos isolados ESA01 e ESA402 (30 min); T4: suspensões bacterianas dos isolados ESA01 e ESA402 (1 h); T5: BiogainPlus®; T6: BiogainAq50®; T7: controle; e T8: pré-embebição em água (1 h). O teste de germinação foi conduzido com quatro repetições de 50 sementes, em câmara tipo BOD a 30 °C e fotoperíodo de 12 h, durante 14 dias. A emergência de plântulas foi avaliada em delineamento em blocos casualizados, com oito tratamentos, cinco blocos e 10 repetições por tratamento. Cada unidade experimental foi composta por um tubete contendo quatro sementes, preenchido com substrato comercial, e o experimento teve duração de 28 dias. Os tratamentos pré-germinativos afetaram significativamente a germinação e a emergência de plântulas. No teste de germinação, o T3 apresentou a maior porcentagem (77%), diferindo estatisticamente do T4 (45%), enquanto os demais tratamentos não diferiram entre si. Para a emergência, o T7 registrou a maior média (68,0%), superior a todos. Os tratamentos 4, 5, 6 e 8 apresentaram desempenho intermediário, enquanto o T2 foi o que apresentou o menor valor na emergência (36,0%). Os tratamentos pré-germinativos mostraram-se eficientes para favorecer a germinação e a emergência de plântulas de *A. urundeuva*, evidenciando seu potencial para otimizar a produção de mudas e contribuir para ações de conservação e restauração da Caatinga em um cenário de mudanças climáticas.

**Palavras-chave:** Bioinsumos; Restauração ecológica; Caatinga.

**Agradecimentos:** Embrapa Semiárido e CNPq.

# RGV 382 - EFEITO DE TRATAMENTOS PRÉ-GERMINATIVOS NA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE LICURI

Raquel Araujo Gomes[1]*; Jamille Cardeal da Silva[1]; Jailton de Jesus Silva[2]; Tânia Silva Santos[3]; Andressa Mirelle Santos Lourenço[2]; Bárbara França Dantas[2]

[1]Universidade Estadual de Feira de Santana. [2] Embrapa Semiárido. [3]Universidade Federal do Vale do São Francisco. *raquel.gomesbio18@gmail.com

O licuri (*Syagrus coronata* (Mart.) Becc.) é uma palmeira nativa do semiárido brasileiro, de importância ecológica e socioeconômica, utilizada na alimentação humana e animal e na produção de diversos produtos. Entretanto, sua germinação lenta e desuniforme dificulta a propagação da espécie. Assim, tratamentos pré-germinativos podem favorecer a germinação e contribuir para a produção de mudas, conservação e uso sustentável da espécie. Desse modo, o objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes tratamentos pré-germinativos para promover a germinação do licuri. Foram utilizadas quatro repetições de 20 pirênios (endocarpo + semente), distribuídos em três folhas de papel Germitest® umedecidas com água destilada. Foram avaliados os seguintes tratamentos: controle (T0); pré-embebição em solução de ácido giberélico ($GA_3$) a 0,3 mM por 24 horas (T1); pré-embebição em água destilada por 96 horas (T2); e escarificação mecânica na região do poro germinativo com lixa de óxido de alumínio (T3). Após os tratamentos, os pirênios foram semeados em rolos de papel, acondicionados em sacos plásticos e mantidos a 30 °C em câmara de germinação, sob fotoperíodo de 12 horas. O teste de germinação foi conduzido por 91 dias, com avaliações semanais, considerando-se germinados os pirênios que apresentaram emissão do pecíolo cotiledonar de, no mínimo, 2 mm. Ao final do experimento, foram avaliados a porcentagem de germinação e o Índice de Velocidade de Germinação (IVG). Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA), e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Os tratamentos pré-germinativos influenciaram significativamente a germinação e o IVG dos pirênios de licuri. T1 e T2 apresentaram maiores porcentagens de germinação (71,25 e 83,75%) e IVG (0,418 e 0,349), respectivamente, diferindo de T0 (18,75%; 0,065) e T3 (13,75%; 0,058), mas não entre si. A eficiência de T1 e T2 pode estar associada à hidratação dos tecidos e à ativação do metabolismo germinativo, enquanto o $GA_3$ pode ainda favorecer processos fisiológicos relacionados à germinação. Considerando a eficiência semelhante entre T1 e T2, a pré-embebição em água destaca-se como uma alternativa simples e de baixo custo para favorecer a germinação da espécie.

**Palavras-chave:** *Syagrus coronata* (Mart.) Becc.; Ácido giberélico; Embebição; Conservação.

**Agradecimentos:** Embrapa Semiárido e ConservaIn II.

# RGV 384 - DA COMMODITY À BIOTECNOLOGIA FUNCIONAL: DUZENTOS ANOS DE EVOLUÇÃO CIENTÍFICA NA LITERATURA SOBRE O ÓLEO DE LINHAÇA

Vanessa Gabriela Borges[1]*; Daniel Schmechel Affeldt[1]; Marina Mattiello Crestani[1]; Emille Begnini Zingler[1]; Luiz Paulo da Silva[1]; Luiz Felipe Inácio[1]; Vivian Almeida[1]; Tiago Olivoto[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *vanessaborges1312@gmail.com

A linhaça (*Linum usitatissimum* L.) destaca-se como alimento funcional e importante fonte vegetal de ácidos graxos essenciais, consolidando-se como uma matriz estratégica para as ciências nutricionais, alimentares e biotecnológicas. Identificar as principais tendências de pesquisa é fundamental para direcionar programas de melhoramento genético e a conservação de recursos genéticos vegetais. Nesse contexto, este trabalho realizou um estudo bibliométrico sobre a literatura de artigos publicados a respeito do óleo de linhaça de 1826 a 2026, abrangendo a série histórica disponível na base de dados Scopus. Utilizando os termos "oil" e "linseed", e restrições a artigos em periódicos, a análise de dados foi conduzida por meio do pacote bibliometrix no software R. Os resultados evidenciaram um total de 1.849 documentos. O primeiro registro, datado de 1826, atesta a relevância histórica da espécie. Em um período inicial de 160 anos (até 1987), foram contabilizados 160 artigos; a partir desse marco, observou-se um incremento médio de 2,44 publicações por ano, demarcando a transição do óleo de linhaça de uma commodity agrícola tradicional para um ativo funcional de alto valor agregado. A distribuição internacional das publicações destacou a liderança da Índia (167 artigos), seguida por China (120), Polônia (91) e Brasil na quarta posição (84). A análise dos ecossistemas editoriais revelou um perfil fortemente interdisciplinar, articulado por periódicos das áreas de química, engenharia de materiais, polímeros, lipídeos e ciência dos alimentos. Essa convergência impulsionou uma ruptura paradigmática no mapeamento de tópicos emergentes: a migração do processamento básico para fronteiras biotecnológicas de ponta, incluindo nanoemulsões, microencapsulamento, estabilidade oxidativa e preservação de polifenóis e ômega-3. Conclui-se que o óleo de linhaça apresenta crescente relevância científica, destacando seu potencial funcional e biotecnológico. Nesse contexto, a conservação e caracterização dessa variabilidade genética mostram-se cruciais para mitigar a erosão genética, contribuindo para o avanço no melhoramento vegetal e na criação de novas tecnologias. Assim, ao demonstrar a evolução do conhecimento na área, a análise bibliométrica contribui para tendências estratégicas para a valorização e o uso sustentável desse recurso genético, demonstrando forte capacidade de subsidiar tendências e direcionar futuras inovações na bioeconomia.

**Palavras-chave:** Ácidos graxos; Funcional; Inovação.

**Agradecimentos:** PPGRGV/UFSC, NEPEM/UFSC, CAPES e CNPq pelo apoio técnico e financeiro.

# RGV 386 - MEIO SÉCULO DE PESQUISA SOBRE A FIBRA DE LINHO: DA TRADIÇÃO TÊXTIL AOS BIOCOMPÓSITOS SUSTENTÁVEIS DE BASE BIOLÓGICA

Daniel Schmechel Affeldt[1]*; Vanessa Gabriela Borges[1]; Luiz Paulo da Silva[1]; Matheus Lopes Machado[1]; Fausto Henrique Silva Galhardi[1]; Marina Mattiello Crestani[1]; Emille Begnini Zingler[1]; Luiz Felipe Inácio[1]; Vivian Almeida[1]; Tiago Olivoto[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *danielsaffeldt@gmail.com

O linho (*Linum usitatissimum L.*) tem passado por uma transição estrutural de uma cultura têxtil milenar para um recurso estratégico na engenharia de materiais sustentáveis, impulsionado pela necessidade industrial de substituir fibras sintéticas. Para compreender a evolução da exploração desse recurso genético e direcionar estratégias futuras de conservação e melhoramento, este trabalho realizou um estudo bibliométrico abrangente sobre a literatura global publicada nos últimos cinquenta anos (1976 a 2026). A coleta de dados foi conduzida na base de dados Scopus, utilizando a estrutura de busca avançada (TITLE ((flax* OR "*Linum usitatissimum*" OR linseed*) AND (fiber* OR fibre*)) OR TITLE (linen)), restringindo-se estritamente a artigos e revisões em periódicos científicos. O processamento analítico foi realizado por meio do pacote *bibliometrix* no software R, permitindo a quantificação e o mapeamento evolutivo das publicações. Os resultados revelaram a existência de 3.726 documentos, os quais foram divididos em dois períodos distintos. O primeiro, compreendido até o ano de 2001, apresentou uma produção média estável de 42,1 artigos/ano. Em contraste, o período subsequente demonstrou uma aceleração expressiva na produção científica, com um incremento médio de 7,54 artigos por ano e uma média consolidada de 102,83 artigos publicados por ano. Picos superiores a 200 publicações anuais foram observados em 2024 e 2025, com a expectativa de superar esta marca até o encerramento de 2026. A análise temporal de palavras-chave permitiu identificar uma transição significativa no uso deste recurso genético: a pesquisa, concentrada no beneficiamento têxtil primário até o início dos anos 2000, migrou para a área de engenharia de materiais, com foco crescente na incorporação de fibras em matrizes poliméricas. Nos últimos dez anos, observou-se um impulsionamento de termos vinculados ao uso sustentável, como "biocompósitos" e "fibras naturais", voltados primordialmente à substituição da fibra de vidro. Conclui-se que o uso do germoplasma de *L. usitatissimum* atravessa uma mudança de paradigma tecnológico, evoluindo de uma base têxtil tradicional para uma matéria-prima de alto valor na bioeconomia circular.

**Palavras-chave**: Linho; Biocompósitos; Sustentabilidade.

**Agradecimentos:** CNPq, UFSC e NEPEM.

# RGV 387 - EFICIÊNCIA DA CRIOTERAPIA NA REMOÇÃO DO COMPLEXO VIRAL PMWAV (*PINEAPPLE MEALYBUG WILT-ASSOCIATED VIRUS*) EM ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI

Andressa Henrique Sousa [1]*; Luis Gustavo Sales Souza[2]; Síntique Maressa Alves Soares[1]; Aline Simões Bispo[2]; Paulo Henrique da Silva[2]; Fernanda Vidigal Duarte Souza[2]

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

A criopreservação e a crioterapia utilizando ápices caulinares constituem técnicas empregadas tanto para a conservação de germoplasma em longo prazo, quanto para a eliminação de vírus e outros agentes fitopatogênicos. O complexo viral PMWaV (*Pineapple mealybug wilt-associated virus*), responsável pela murcha do abacaxizeiro, tem causado perdas importantes no Banco Ativo de Germoplasma de Abacaxi da Embrapa Mandioca e Fruticultura, comprometendo a conservação e a disponibilidade de recursos genéticos de interesse agronômico. Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência da crioterapia na eliminação do complexo viral PMWaV em plantas de abacaxizeiro obtidas por meio da técnica de vitrificação em gotas (*Droplet Vitrification*). O estudo foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos da Embrapa Mandioca e Fruticultura utilizando os acessos BGA 852, BGA 692 e BGA 245, os quais apresentavam contaminação pela murcha do abacaxizeiro. Foram utilizadas 3 plantas *in vitro* de cada acesso, das quais foram excisados os ápices caulinares com aproximadamente 1,0 mm, que foram introduzidos em meio de pré-cultivo com alta concentração de sacarose, por 48 horas. Na sequência, foram tratados com a solução de osmoproteção por 20 min, seguido do tratamento com solução de vitrificação (PVS2) por 45 min e posterior imersão em nitrogênio líquido, lavagem e cultivo em meio de regeneração. Após o crescimento e a multiplicação das plantas, realizou-se a etapa de indexação molecular por meio da extração de RNA total a partir de amostras de tecido foliar, utilizando o reagente Trizol®. Para a síntese do cDNA, foram utilizados 5 µg de RNA total, 2 pmol do oligonucleotídeo reverso, 0,5 mM de dNTPs, tampão de reação contendo 250 mM de Tris-HCl (pH 8,3), 375 mM de KCl, 15 mM de $MgCl_2$, 0,1 M de DTT e 200 U da enzima transcriptase reversa. Após obtenção dos cDNAs, todos foram padronizados para uma concentração de 50 ng/uL, e utilizados para a detecção por PCR em Tempo real (qPCR) utilizando SYBR Select Master Mix. Para análise dos resultados foram desconsideradas todas as amostras que apresentaram Ct (“Cycle Threshold”) maior ou igual a 36. Concluída a etapa de indexação, verificou-se a ausência do complexo viral PMWaV em 100% das plantas avaliadas. Os resultados obtidos demonstram a eficiência da crioterapia na eliminação do vírus e destacam o potencial dessa técnica para a conservação de germoplasma livre de patógenos. Além disso, a metodologia possibilita a recuperação de acessos previamente contaminados, contribuindo para a reintegração de plantas sadias ao Banco Ativo de Germoplasma de Abacaxi em condições de campo.

**Palavras-chave:** *Ananas comosus L. Merr;* qPCR; Crioterapia.

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

# RGV 388 - CARACTERIZAÇÃO PROTEÔMICA DE PROTOPLASTOS DE *Araucaria angustifolia* REVELA REMODELAMENTO METABÓLICO E DA PROTEOSTASE ASSOCIADO AO ISOLAMENTO CELULAR

Evelyn Lopes dos Santos[1]*; Vanildo Silveira[2]; Laura Eliza de Oliveira Alves[2]; Miguel Pedro Guerra[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Centro de Biociências e Biotecnologia (CBB), Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF). *evelyn.lopes@posgrad.ufsc.br

A *Araucaria angustifolia* é um recurso genético vegetal de relevância ambiental, científica e econômica, cuja recalcitrância à regeneração limita estratégias de conservação e utilização biotecnológica. Este trabalho teve como objetivo caracterizar as alterações proteômicas associadas ao isolamento de protoplastos de *A. angustifolia*. Massas pró-embriogênicas, estabelecidas a partir de embriões zigóticos imaturos, foram mantidas em suspensão em meio basal (BM) líquido. Para o isolamento, as células foram incubadas por 1 h e 30 min, a 26 °C e 80 rpm, em solução contendo celulase (1,0%), pectinase (0,05%), manitol (0,45 M), MES (10 mM) e $CaCl_2$ (5 mM). Os protoplastos foram purificados, apresentando rendimento de $2{,}26 \times 10^5$ protoplastos $mL^{-1}$ e viabilidade média de 73,39%. Os perfis de abundância proteica foram analisados por proteômica *bottom-up*, sem marcação, baseada em espectrometria de massas. Foram identificadas 817 proteínas, das quais 384 apresentaram acúmulo diferencial entre os tratamentos ($p < 0{,}05$ e $|Log_2FC| > 0{,}6$). Nos protoplastos, proteínas associadas ao metabolismo de aminoácidos, metabolismo de carbono, processos biossintéticos e proteassomo apresentaram menor representação, enquanto proteínas relacionadas à síntese proteica, componentes ribossomais, ligação a RNA e transporte transmembrana de prótons e íons apresentaram maior representação. A análise de enriquecimento funcional e interação proteína-proteína indicou módulos funcionalmente conectados (FDR ≤ 0,05), evidenciando reorganização coordenada do proteoma após a remoção da parede celular. Os resultados caracterizam alterações associadas à resposta inicial de células de *A. angustifolia* ao isolamento de protoplastos, indicando redistribuição coordenada de processos metabólicos, translacionais e de homeostase celular. Essa caracterização amplia o conhecimento molecular sobre a espécie e fornece uma base para estudos sobre plasticidade celular e aplicações biotecnológicas envolvendo protoplastos e sistemas de regeneração.

**Palavras-chave:** Regeneração Vegetal; Plasticidade Celular; Biotecnologia Vegetal.

**Agradecimentos:** CAPES e FAPESC.

# RGV 390 - DIVERSIDADE FENOTÍPICA DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA (BAG) DE *Passiflora* DA EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA

Jeovani Silva Almeida[1]*; Lucas Kennedy Silva Lima[2]; Onildo Nunes de Jesus[3]

[1]Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA. [2]Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana, BA, [3]Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA.
*jeeovanialmeida@gmail.com

O gênero *Passiflora* L. da família Passifloraceae tem mais de 600 espécies descritas distribuídas nas regiões subtropicais e tropicais, sendo que aproximadamente 150 espécies são nativas do Brasil. Parte dessa diversidade está conservada no Banco Ativo de Germoplasma de Passiflora da Embrapa Mandioca e Fruticultura, possuindo 450 acessos. Para os programas de melhoramento genético a um uso potencial da diversidade desse gênero no setor ornamental se mostra promissora, já que a espécie possui uma ampla diversidade fenotípica, bem como promissoras nos setores agrícolas e de fármacos. Objetivou-se neste trabalho a fotodocumentação por meio de pranchas dos acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Passiflora da Embrapa Mandioca e Fruticultura em Cruz das Almas-BA. Para a fotodocumentação foi usada uma câmera digital Canon PowerShot SX70 HS, sendo fotografadas as estruturas dos ramos, folhas e frutos. Posteriormente as imagens foram editadas em Adobe Photoshop para remoção do plano de fundo das imagens, padronizando em plano preto. Usando Powerpoint e as cores capturadas pelo próprio pacote utilizando a ferramenta de cores em um sistema RGB em código hexadecimal para confeccionadas as pranchas. Dessa forma, foram fotografados 139 acessos contemplando 35 espécies, incluindo *P. edulis* (26 genótipos), *P. cincinnata* (31 genótipos), *P. alata* (16 genótipos), *P. mucronata* (7 genótipos), P. *miersii, P. gibertii, P. suberosa, P. edmundoi (4 genótipos cada), P. foetida, P. amethystina* (3 genótipos), *P. porophylla, P. silvestris, P. morifolia, P. capsularis, P. bahiensis, P. kermesina, P. junqueirae, P. contracta* (2 genótipos cada), *P. setacea, P. tenuifila, P. rubra, P. quadrangulares, P. mallacophyla, P. racemora, P. maliformis, P. edulis* f. *edulis*, *P. misera, P. biflora, P. actínia, P. caerulea, P. cervii, P. vellozii, P. trintae* (1 genótipo cada), *Passiflora* sp. (1 genótipo) e híbridos interespecíficos (5 genótipos), esses dados serão incluídos no sistema alelo Embrapa. Os genótipos BAG-maracujá possuem uma ampla variabilidade fenotípica sendo peça fundamental na conservação das espécies e um uso futuro pelos programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** Conservação; Ilustração; Melhoramento.

**Agradecimentos:** CAPES, UFRB, UEFS, FAPESB, CNPq e à Embrapa.

# RGV 391 - DESENVOLVIMENTO DE LIVRO ILUSTRADO COMO FERRAMENTA DE DIVULGAÇÃO CIENTÍFICA SOBRE A DIVERSIDADE FÚNGICA

Victoria Bernardin Von Holleben[1]*; Juliana Vitória Messias Bitencourtt[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Ponta Grossa.
*vholleben@alunos.utfpr.edu.br

A divulgação científica desempenha um papel importante para a aproximação entre a sociedade e o conhecimento científico, tornando conteúdos específicos mais acessíveis a diferentes públicos. Nesse contexto, a diversidade fúngica apresenta importante oportunidade para ações de educação e divulgação, considerando a variedade de formas, características e funções desempenhadas pelos fungos nos ecossistemas. Este trabalho teve como objetivo desenvolver um livro ilustrado, de colorir e aprender, como ferramenta didático-pedagógica e de divulgação científica sobre a diversidade, biologia e morfologia dos fungos. O material foi desenvolvido utilizando uma linguagem acessível e uma abordagem visual e educativa. Teve como base literatura especializada em micologia, microbiologia e biologia vegetal, artigos científicos e fontes de referência sobre macrofungos. O conteúdo foi organizado de forma progressiva, contemplando a diversidade dos seres vivos, domínios e reinos, a caracterização geral do Reino Fungi, leveduras, bolores, hifas e micélio, além da morfologia dos macrofungos (cogumelos) e da diversidade de formas e tamanhos dos fungos. Para a etapa de ilustração, foram utilizadas fotografias de referência e literatura especializada, com ferramentas de inteligência artificial como recurso auxiliar na elaboração e adaptação visual das imagens. Foram selecionados representantes fúngicos com diferentes características morfológicas, ecológicas e visuais, incluindo *Oudemansiella platensis*, *Trametes* sp., *Amanita gemmata*, *Hygrocybe* sp., *Clavulina fuscolilacinea*, *Aseroe rubra* e *Cyptotrama asprata*. As imagens para colorir do livro ilustrado foram desenvolvidas com auxílio de Inteligência artificial generativa (ChatGPT-5.6 Luna, OpenAI). Como resultado, foi finalizado um livro de colorir e aprender sobre fungos, integrando informações científicas, ilustrações e atividade interativa em uma abordagem acessível ao público geral. O material recebeu apoio para a impressão de 500 exemplares, ampliando seu potencial de disseminação. A utilização de uma linguagem visual e interativa constitui uma estratégia para a divulgação e valorização da diversidade fúngica, contribuindo para a educação científica e para a promoção do conhecimento sobre recursos genéticos fúngicos.

**Palavras-chave:** fungos; diversidade fúngica; divulgação científica; recursos genéticos; educação científica.

**Agradecimentos:** À UTFPR, ao Programa CAPES PROEXT (processo n.8881.927570/2023-01).

# RGV 392 - PLANTAS MEDICINAIS COMO RECURSOS GENÉTICOS: VALIDAÇÃO DE INSTRUMENTO ETNOBOTÂNICO EM COMUNIDADE RIBEIRINHA

Bárbara Lucas Pereira[1]*; Andreia Juliana Rodrigues[1]; Josana de Castro Peixoto[1]

[1]Universidade Estadual de Goiás (UEG), Câmpus de Ciências Exatas e Tecnológicas (CET).
*barbarabio2012@gmail.com

As plantas medicinais, tradicionalmente reconhecidas por sua função terapêutica, constituem também recurso genético vegetal, cuja conservação e uso sustentável são estratégicos para a biodiversidade e o cuidado em saúde de populações tradicionais. Em comunidades ribeirinhas, a escassez desse recurso pode comprometer não só o acesso a alternativas terapêuticas, mas também a continuidade do conhecimento tradicional associado, já que planta e saber popular se mantêm vivos de forma interdependente. Este estudo teve como objetivo validar um instrumento de levantamento etnobotânico, aplicado como estudo piloto, para a construção de um protocolo replicável de avaliação de recursos genéticos vegetais em comunidades ribeirinhas. Aplicou-se questionário semiestruturado a 56 moradores de Aruanã-GO, contemplando perfil sociodemográfico, uso e conhecimento tradicional de plantas medicinais e percepção sobre conservação ambiental, com análise descritiva dos dados. Os resultados revelaram elevada diversidade de espécies citadas e aprendizado predominantemente por tradição familiar; contudo, 67,9% dos entrevistados percebem que esse conhecimento está se perdendo, e 60,7% relatam maior dificuldade em encontrar plantas medicinais hoje do que no passado, sinalizando possível declínio do recurso genético vegetal nativo. Grande parte das espécies é cultivada nos quintais, forma informal de conservação, enquanto parcela relevante depende da coleta extrativista no Cerrado, mais exposta à degradação ambiental. O instrumento, porém, não permitiu mensurar a abundância real das populações vegetais, limitando-se à percepção subjetiva de escassez, lacuna relevante para avaliar a vulnerabilidade de um recurso genético. Somam-se a ausência de identificação botânica formal das espécies e a falta de dados sobre práticas de conservação por planta, ajustes que orientam o refinamento do protocolo. Conclui-se que o instrumento validado constitui ferramenta replicável para o levantamento de recursos genéticos vegetais em comunidades ribeirinhas, contribuindo para a conservação da biodiversidade e do conhecimento tradicional associado.

**Palavras-chave:** Recurso Genético Vegetal; Etnobotânica; Comunidades Ribeirinhas.

**Agradecimentos:** Coletivo de Mulheres Cientistas em Rede, Araguaia Vivo, PPBio Araguaia, TWRA, FAPEG, MCTI, Ministério das mulheres.

# RGV 393 - SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Passiflora* spp. PARA RESISTÊNCIA A FUSARIOSE

Jeovani Silva Almeida[1]*; Lucas Kennedy Silva Lima[1]; Onildo Nunes de Jesus[2]

[1]Universidade Estadual de Feira de Santana. [2]Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*jeeovanialmeida@gmail.com

O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de maracujá azedo sendo *Passiflora edulis* a principal espécie cultivada no país, representando 95% dos pomares. Contudo, inúmeros problemas fitossanitários limitam a longevidade e produtividade dos pomares, com destaque para fusariose, provocada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *passiflorae* (*FOP*). O patógeno infecta as plantas através das raízes e suas hifas crescem e invadem o sistema vascular, impedindo a translocação de água no xilema e ocasionando a murcha e morte das plantas. Identificar genótipos resistentes a essa doença é crucial para a produção em áreas afetadas pela fusariose. O presente estudo objetivou realizar uma triagem em genótipos do Banco de Germoplasma de Maracujá da Embrapa Mandioca e Fruticultura para resistência ao *FOP*. O experimento foi conduzido na Embrapa Mandioca e Fruticultura, localizada no município de Cruz das Almas, Bahia, Brasil, em Delineamento Inteiramente Casualizado (DIC). Foram avaliadas sete espécies do gênero *Passiflora*, utilizando-se 30 mudas inoculadas e 10 mudas como controle para cada espécie. As plantas foram cultivadas em vasos de 200 ml contendo substrato composto por solo e esterco bovino, na proporção de 5:3 (v:v), previamente infestado por sete dias com o isolado virulento CPMF3115, na concentração de $1 \times 10^6$ UFC $g^{-1}$ de substrato. As plantas foram avaliadas durante 120 dias, sendo a mortalidade registrada a cada dois dias após a submissão das plantas ao déficit hídrico. Os dados obtidos foram submetidos à análise de sobrevivência e as curvas comparadas pelo teste F-Cox. A Proporção da Curva de Sobrevivência (PCS) aos 120 dias após a inoculação (DAI) variou de 0,28 a 1,00 entre as espécies avaliadas. Valores de PCS inferiores a 0,40, associados à alta mortalidade, foram observados *em P. edulis* (0,28) e *P. alata* (0,33). As espécies *P. gibertii* (0,46) e *P. morifolia* (0,64) apresentaram valores intermediários de sobrevivência. Em contraste, *P. suberosa* apresentou PCS de 0,86, indicando elevada sobrevivência ao longo do período de avaliação. As espécies mais promissoras foram *P. foetida* e *P. mucronata* apresentando PCS 1.0, ou seja, as plantas não manifestaram sintomas de murcha. Conclui-se que as espécies *P. foetida* e *P. mucronata* apresentam potencial para utilização como porta-enxerto em áreas afetadas pela fusariose ou para utilização em programas de melhoramento visando desenvolver cultivares resistentes ao *FOP*.

**Palavras-chave:** Caracterização; Passiflorae; Resistência genética.

**Agradecimentos:** CAPES, UFRB, UEFS, FAPESB, CNPq e à Embrapa.

# RGV 394 - EVOLUÇÃO DO GENOMA DA CASTANHA DO BRASIL APÓS O COLAPSO DAS POPULAÇÕES PRÉ-COLOMBIANAS: *INSIGHTS* SOBRE DOMESTICAÇÃO E RESTAURAÇÃO DE ECOSSISTEMAS

Flaviane Malaquias Costa[1]*; Ana Flavia Francisconi[2]; Matheus Skaketti[2]; Charles R. Clement[3]; Carlos Augusto Zimpel[4]; Lorena Becerra-Valdivia[5]; Roberto Moreira[6]; Orivan Lemos Brasil[7]; Maria Imaculada Zucchi[8]; David Moreno Mateos[1,9]

[1]University of Oxford. [2]Universidade de São Paulo. [3]Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. [4]Universidade Federal de Rondônia. [5]University of Bristol. [6]Comunidade Quilombola Cachoeira, Rio Jaú. [7]Comunidade Quilombola Tambor. [8]Secretaria de Agricultura e Abastecimento do Estado de São Paulo, APTA. [9]Basque Centre for Climate Change.
*flavianemcosta@hotmail.com

A castanha do Brasil foi domesticada por povos pré-colombianos e continua sendo manejada por comunidades tradicionais e indígenas. Analisamos como a diversidade genômica evoluiu após a liberação da seleção indígena, quando os povos pré-colombianos foram dizimados após o século XVI. Coletamos nove populações com diferentes perfis de uso próximas a sítios arqueológicos nos rios Jaú e Unini, Amazonas, Brasil. Sequenciamos 76 genomas completos, identificamos 27 milhões de SNPs e estimamos a diversidade genômica (*He, Ho*) e potenciais assinaturas de seleção (*Tajima D*, *genes outliers*). As idades das árvores variaram de 40 a 465 anos, que classificamos como mais jovens (40-200 anos) e mais velhas (201-465 anos). O uso histórico da terra nos sítios arqueológicos foi datado por meio de carvão vegetal 14C e variou de 300 a 2100 anos atrás. A modelagem cronológica bayesiana sugere que há, potencialmente, dois períodos de ocupação ao longo do tempo. A análise de componentes principais identificou 3 grupos genômicos. Em G1 (sem uso), as árvores jovens apresentaram *Ho* e *He* mais altos e *Tajima D* mais baixo do que as árvores mais velhas. Em G2 (predominantemente sem uso), *He* em árvores jovens e velhas foi semelhante, mas a *Ho* foi ligeiramente menor nas árvores jovens. Em G3 (predominantemente com uso intensivo), as árvores jovens apresentaram *Ho* e *He* mais baixos e *Tajima D* mais alto do que as árvores mais velhas. Em G1, G2 e G3, foram identificados 2.628, 1.208 e 5.248 *genes outliers*, respectivamente. Esses padrões sugerem i) uma recuperação da diversidade genômica após o fim da seleção há pelo menos 200 anos (G1) e ii) seleção contínua ao longo do tempo em populações com uso intenso (G3).

**Palavras-chave:** *Bertholletia excelsa*; florestas antropogênicas; domesticação.

**Agradecimentos:** Às comunidades quilombolas e ribeirinhas dos rios Jaú e Unini; ao ICMBio Novo Airão; Apoio financeiro: University of Harvard; FAPESP (2022/12692-3; 2023/04242-0; 2024/00569-8); UK Research and Innovation - UKRI).

# RGV 396 - INDEXAÇÃO DE ACESSOS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE CITROS DA EPAGRI PARA *Huanglongbing*

Luana Aparecida Castilho Maro[1]*

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina - Estação Experimental de Itajaí. *luanamaro@epagri.sc.gov.br

O Banco Ativo de Germoplasma de Citros (BAG Citros) mantido pela Epagri - Estação Experimental de Itajaí (EEI) localiza-se no litoral norte catarinense, no município de Itajaí. O BAG Citros conta atualmente com 280 acessos, conservados sob condições de campo (três plantas/acesso) e, genótipos de maior interesse comercial e potencial de exploração também se encontram conservados em telado antiafídico (duas plantas/acesso. Em ambas as condições, os acessos estão enxertados no porta-enxerto *Poncirus trifoliata* (L.) Raf. = *Poncirus trifoliata* var. *monstrosa* (T. Ito) Swingle que tem permitido adensamento das plantas e otimização da área disponível e da mão-de-obra demandada para os tratos culturais. O BAG Citros reúne diversas espécies e gêneros da família *Rutaceae* e sua manutenção tem contribuído para a redução da erosão genética, principalmente a causada pela ação antrópica. O incremento de acessos ocorre continuamente desde 1976 - data das primeiras introduções, visando a identificação e o estudo de genótipos superiores com potencial para exploração comercial. A detecção do *Huanglongbing* (HLB) em Santa Catarina no ano de 2022 e a forma de exploração da cultura no estado que é revestida de importância social, uma vez que é de natureza familiar, tem levado à necessidade constante de monitoramento das plantas, uma vez que a EEI disponibiliza material propagativo para o setor de produção de mudas desde a década de 80. Considerada a doença mais importante e destrutiva para a produção mundial de citros, comumente chamado de *greening* dos citros, o HLB tem como agente causal, no Brasil, as espécies bacterianas gram-negativas *Candidatus Liberibacter asiaticus* (CLas) e *Ca. L. americanus* (CLam), sendo a primeira de maior prevalência no universo amostral. O objetivo deste trabalho foi indexar acessos de citros da Epagri para *Candidatus Liberibacter asiaticus*. Para tanto, amostras foliares de 100 acessos foram coletadas e enviadas à Clínica Fitopatológica do Centro de Citricultura Sylvio Moreira do Instituto Agronômico de Campinas, credenciada pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento para laudos oficiais da doença. A amostragem dos acessos levou em conta a aparência visual das plantas de forma a considerar possíveis sintomas mais próximos ao que são descritos para o HLB. Os ensaios consistiram no uso de qPCR com metodologia baseada em sondas TaqMan direcionadas à região do gene 16S rRNA da bactéria. Os resultados foram negativos para a presença de CLas em todas as amostras avaliadas. Conclui-se, portanto, que os acessos que integram o BAG Citros da Epagri encontram-se isentos da doença e que a indexação para a ausência de CLas garante a sanidade do material propagativo para viveiristas de todo o estado de Santa Catarina. Desse modo, o trabalho contribui para a redução da disseminação de doenças tanto nos pomares comerciais como pomares domésticos, além de assegurar a qualidade da produção citrícola do estado e do Brasil.

**Palavras-chave:** *Citrus* spp.; greening; *Candidatus Liberibacter* spp.

**Agradecimentos:** Fapesc, Acafruta.

# RGV 398 - ALELOS NULOS E DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *Ilex paraguariensis* NO PLANALTO CATARINENSE

Newton Clovis Freitas da Costa[1]*; Lilian Iara Bet Stedille[2]; Adelar Mantovani[2]

[1]Universidade Estadual do Centro Oeste. [2]Universidade do Estado de Santa Catarina.
*ncfcosta@unicentro.br

A fragmentação e a modificação da paisagem influenciam na conectividade e no fluxo gênico de populações, aumentando o potencial de perda da diversidade genética e diminuindo a adaptabilidade das espécies. O uso de marcadores microssatélites fornece informações genéticas fundamentais para subsidiar estratégias de uso e conservação sustentáveis. *Ilex paraguariensis* St. Hil. (erva-mate) é uma espécie-chave na Floresta Ombrófila Mista, representa o principal produto florestal não madeireiro do bioma e seu manejo possui grande importância socioeconômica. O objetivo deste estudo foi analisar a diversidade genética e a presença de alelos nulos em locos microssatélites, em duas populações de erva-mate, localizadas no planalto serrano catarinense. Foram amostrados 362 e 213 indivíduos de erva-mate, para cada população. Os oito marcadores microssatélites utilizados (Ipg_06, Ipg_10, Ipg_19, Ipg_41, Ipg_49, Ipg_01, Ipg_03 e Ipg_46) foram previamente descritos. Os marcadores Ipg_08 e Ipg_23 foram descartados das análises devido à presença de elevadas inconsistências na determinação dos alelos. Após as reações de amplificação, realizou-se a genotipagem por meio da interpretação de eletroferogramas, oriundos de eletroforese capilar em Analisador Genético ABI3500. A presença de alelos nulos por loco variou de 1 a 41%. Além disso, foi observado que alguns genótipos não apresentaram alelos em apenas um dos oito marcadores utilizados, mesmo depois de repetir as reações, sugerindo a presença de alelos nulos em homozigose. Houve uma forte correlação negativa entre a taxa de alelos nulos e a heterozigozidade observada ($r = -0,858$; $p= 0,0064$). Após a implementação de procedimentos para correção de alelos nulos, a análise da diversidade genética revelou um total de 117 alelos. As heterozigozidades observada e esperada foram de 0,50 e 0,73, respectivamente. O índice de fixação foi de 0,31, valor este que foi significativamente diferente de zero em ambas as populações avaliadas. O índice de fixação elevado é provavelmente decorrente de cruzamentos entre indivíduos aparentados e da sobreposição de gerações, visto que a espécie é dioica. A alta presença de alelos nulos em alguns locos e o excesso de homozigose sugerem, inicialmente, a necessidade de aprimoramento dos marcadores para a espécie. No entanto, os resultados já indicam que sejam adotadas práticas de manejo que favoreçam o fluxo gênico e a manutenção da diversidade populacional da erva-mate.

**Palavras-chave:** conservação genética; erva-mate; microssatélites.

**Agradecimentos:** UDESC; CAPES; FAPESC.

# RGV 399 - ESTRUTURA GENÉTICA ESPACIAL EM DIFERENTES SISTEMAS DE MANEJO DE *Ilex paraguariensis* EM FLORESTA OMBRÓFILA MISTA

Newton Clovis Freitas da Costa[1]*; Lilian Iara Bet Stedille[2]; Adelar Mantovani[2]

[1]Universidade Estadual do Centro Oeste. [2]Universidade do Estado de Santa Catarina.
*ncfcosta@unicentro.br.

A variabilidade genética nas populações é alimentada por mutações e equilibrada por forças evolutivas como migração, deriva e seleção natural. Em paisagens altamente fragmentadas, a interrupção do fluxo gênico pode levar ao isolamento espacial, afetando a dinâmica evolutiva e a manutenção da diversidade. Na Floresta Ombrófila Mista, a erva-mate (*Ilex paraguariensis*) compõe paisagens culturais onde o uso extrativista é predominante, tornando essencial a compreensão da sua estrutura genética para garantir sua manutenção. Este trabalho avaliou a estrutura genética espacial (SGS) em populações de erva-mate sob diferentes sistemas de manejo, sendo: sem extrativismo (unidade de conservação) e com extrativismo (propriedade particular), ambos no município de Urupema, SC. A hipótese central é que o extrativismo e os agrupamentos densos da espécie influenciam a divergência genética entre populações manejadas e preservadas. A metodologia envolveu o levantamento demográfico e a coleta de material genético de 341 indivíduos para área sem extrativismo e 209 para área com extrativismo. A análise genética utilizou estatísticas F de Wright para estimar a divergência entre áreas, além do coeficiente de coancestria para avaliar a SGS. Resultados com cinco marcadores microssatélites mostraram um valor de índice de fixação da população total significativo ($F_{IT}$ = 0,328). O valor de divergência genética entre as populações também foi significativo ($F_{ST}$ = 0,024), assim como o índice de fixação dentro de cada população ($F_{IS}$ = 0,29 e 0,32), porém sem diferença entre si. Esses resultados indicam que há diferenças significativas na distribuição da diversidade genética entre populações, e também dentro das populações, formando demes panmíticas. Para ambas as áreas se verificou a presença de estrutura genética espacial (SGS) significativa até uma distância de 30 metros, indicando que até esta distância os indivíduos possuem maiores coeficientes de coancestria. Estes resultados são fundamentais para o desenvolvimento de modelos de gestão de recursos genéticos florestais que aliem uso econômico e conservação da biodiversidade na Mata Atlântica.

**Palavras-chave:** microssatélites; fluxo gênico; diversidade genética.

**Agradecimentos:** UDESC; CAPES; FAPESC.

# RGV 402 - PODERÁ HAVER EXISTÊNCIA DO MILHO CRIOULO FRENTE AO AVANÇO DAS CULTIVARES TRANSGÊNICAS?

Larissa Gabrielly Sporne[1]*; Silvana dos Santos Moreira[2]; Ingridy Cristina de Alvarenga[3]; Renato Kovalski Ribeiro[3]

[1]Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia do Paraná. [2]ASPTA - Associação para o desenvolvimento da agricultura familiar e agroecologia. *larissaduda42@gmail.com

O milho crioulo, patrimônio genético e cultural, enfrenta desafios de coexistência com as cultivares transgênicas devido ao fluxo gênico. A detecção precoce de contaminação é crucial para preservar a pureza das sementes e a agrobiodiversidade. Este trabalho apresenta a extensão da contaminação transgênica em amostras de milho crioulo coletadas em diversas comunidades do Centro Sul do Paraná e, evidenciando a vulnerabilidade dessas variedades frente às cultivares geneticamente modificadas. No ano de 2025 foram analisadas 111 amostras de milho crioulo, abrangendo 72 variedades provenientes de 21 municípios. A detecção de contaminação transgênica foi realizada utilizando o kit de teste rápido AgraStrip® Pro GMO, que identifica proteínas específicas associadas a transgênicos, como CP EPSPS (tolerância ao glifosato), CryA (resistência a insetos-praga), PAT (tolerância ao glufosinato de amônio) e PMI (marcador selecionável). Dos 111 testes, 92 (82,88%) foram puros e 19 (17,12%) contaminados. A contaminação ocorreu em diversos municípios, a exemplo de, Teixeira Soares, São Mateus do Sul e Palmeira. Variedades como “Catarina”, “Amarelo Maisena” e “TSURU” foram afetadas, o que demonstra a dispersão da transgenia e a dificuldade do isolamento. A taxa de 17,12% é preocupante e indica as dificuldades inerentes à convivência e conservação frente à pressão das culturas transgênicas. O fluxo gênico por polinização cruzada inviabiliza a convivência sem medidas de biossegurança. Genes transgênicos em variedades crioulas comprometem a integridade genética, adaptabilidade e autonomia dos agricultores. A detecção rápida é essencial, mas a prevenção exige abordagens mais rigorosas. Os resultados confirmam a impossibilidade da convivência harmoniosa entre o milho crioulo e o transgênico. A contaminação ameaça a biodiversidade e a segurança alimentar. É crucial fortalecer políticas públicas para proteger o milho crioulo, com zonas livres de transgênicos e apoio à conservação. A preservação do milho crioulo é questão de soberania alimentar e cultural.

**Palavras-chave:** Soberania alimentar; Biossegurança; Recursos genéticos.

**Agradecimentos:** Agradecemos as comunidades e indivíduos que contribuíram para a coleta das amostras e a realização deste estudo, que é fundamental para a preservação dos recursos genéticos vegetais.

# RGV 403 - ATRIBUTOS DE FRUTOS COMO FERRAMENTA PARA CARACTERIZAÇÃO E USO DE GERMOPLASMA DE TOMATEIRO

Kaio dos Santos Ribeiro Silva[1]*; Anderson Yusei Suzuki Fukuji[1]; Karina Kazue Nakamura Fukuji[1]; Cláudia Pombo Sudré[1]; Ana Caroline de Freitas Gonçalves[1]; Eduardo Salomão Soares Filho[1]; Rosana Rodrigues[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *kaiodsrs@gmail.com

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) está entre uma das hortaliças mais importantes do mundo, apresentando ampla variabilidade fenotípica. O conhecimento da divergência genética entre acessos é fundamental para os programas de melhoramento e conservação de recursos genéticos, pois permite a identificação de genitores promissores para a obtenção de populações segregantes superiores. O objetivo deste trabalho foi avaliar a divergência genética entre genótipos de tomateiro, de hábitos de crescimento determinado e indeterminado, cultivados em ambiente protegido. O experimento foi conduzido em ambiente protegido na Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), em Campos dos Goytacazes, RJ. Os genótipos foram caracterizados quanto a sete descritores quantitativos e qualitativos relacionados aos frutos: comprimento, largura, tamanho, massa média, teor de sólidos solúveis totais (ºBrix), cor e formato. A divergência entre os genótipos foi estimada pela distância de Gower, possibilitando a análise conjunta de variáveis quantitativas e qualitativas. A matriz de dissimilaridade foi utilizada para o agrupamento hierárquico pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). A análise evidenciou variabilidade entre os 19 genótipos e permitiu sua organização em dois grupos geneticamente divergentes com base no conjunto de características avaliadas. A formação de grupos distintos demonstra a existência de diferentes combinações de atributos relacionados à morfologia, massa e qualidade dos frutos, evidenciando a diversidade presente no conjunto de germoplasma avaliado. A caracterização dessa divergência contribui para ampliar o conhecimento sobre os recursos genéticos de tomateiro mantidos e avaliados na UENF e fornece subsídios para o manejo e uso da coleção. Além disso, a identificação de genótipos contrastantes possibilita orientar a seleção de genitores para cruzamentos, favorecendo a ampliação da variabilidade genética e a obtenção de populações segregantes com combinações de características de interesse. Os resultados reforçam a importância da caracterização fenotípica como ferramenta para agregar valor aos recursos genéticos, promovendo sua conservação associada ao uso em programas de melhoramento do tomateiro.

**Palavras-chave:** divergência genética; variabilidade; *Solanum lycopersicum* L.

**Agradecimentos:** UENF, CAPES, CNPq, FAPERJ e LMGV/UENF.

# RGV 404 - RECURSOS GENÉTICOS DE TOMATEIRO: DESCRITORES MORFOLÓGICOS COMO PONTE ENTRE CONSERVAÇÃO E USO

Kaio dos Santos Ribeiro Silva[1]*; Anderson Yusei Suzuki Fukuji[1]; Karina Kazue Nakamura Fukuji[1]; Cláudia Pombo Sudré[1]; Ana Caroline de Freitas Gonçalves[1]; Eduardo Salomão Soares Filho[1]; Rosana Rodrigues[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *kaiodsrs@gmail.com

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) mantém um Banco Ativo de Germoplasma que reúne recursos genéticos de diferentes espécies olerícolas, entre elas o tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.). A avaliação sistemática dos genótipos conservados é fundamental para ampliar o conhecimento sobre o germoplasma, subsidiar seu manejo e favorecer sua utilização em programas de melhoramento genético. Objetivou-se avaliar 26 genótipos de tomateiros mantidos na UENF utilizando descritores morfológicos vegetativos e reprodutivos, visando identificar atributos de interesse para conservação e uso do germoplasma. O experimento foi conduzido em ambiente protegido, na UENF, em Campos dos Goytacazes, RJ. As avaliações foram realizadas com base nos *Descriptors for Tomato* (*Lycopersicon* spp.), do *International Plant Genetic Resources Institute* (IPGRI). Na fase vegetativa, todos os genótipos apresentaram hipocótilo roxo e o período para germinação foi de aproximadamente sete dias. Quanto ao hábito de crescimento, dois genótipos foram classificados como anões, cinco como indeterminados e 19 como determinados. Foram identificados quatro genótipos com folhagem densa, 15 com densidade intermediária e sete com folhagem esparsa. Para o tipo de folha, dois apresentaram o tipo anão, um o tipo pimpinellifolium e os demais, folha do tipo padrão. Na fase reprodutiva, todos os genótipos apresentaram inflorescência unípara e corola amarela. Para a posição do estilete, um genótipo apresentou estilete fortemente projetado em relação aos estames, enquanto, nos demais, o estilete se encontrava no mesmo nível dos estames. Diferenças marcantes foram observadas nos atributos dos frutos. Na maturação, um genótipo apresentou frutos amarelos, um apresentou frutos alaranjados e os demais, frutos vermelhos. Quanto ao tamanho, dois genótipos produziram frutos muito pequenos (<3 cm), quatro apresentaram frutos pequenos (3,1-5 cm) e os demais, frutos médios (5,1-8,0 cm). A avaliação por descritores morfológicos padronizados permitiu documentar atributos vegetativos e reprodutivos de interesse e identificar genótipos contrastantes dentro do germoplasma conservado. Os resultados ampliam as informações associadas aos genótipos mantidos na UENF e fornecem subsídios para o manejo do BAG, a identificação de acessos com características de interesse e sua utilização como potenciais genitores em programas de melhoramento do tomateiro.

**Palavras-chave:** Caracterização morfoagronômica, germoplasma, *Solanum lycopersicum* L.

**Agradecimentos:** UENF, LMGV/UENF, CAPES, CNPq e FAPERJ.

# RGV 405 - ANIMAÇÃO IMERSIVA EM 360° COMO TECNOLOGIA EDUCACIONAL PARA A PROMOÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DO CERRADO

Andreia Juliana Rodrigues[1]*; Thais Rodrigues Oliveira[1]; Mariana Pires de Campos Telles[2,3]; Ana Clara Diniz[1]; Josana de Castro Peixoto[1]; Charles Lima Ribeiro[4]

[1]Universidade Estadual de Goiás. [2]PUC Goiás. [3]Universidade Federal de Goiás. [4]Secretaria de Educação de Goiás. *andreiajuliana@ueg.br

Os recursos genéticos vegetais constituem a base da biodiversidade, da segurança alimentar, da bioeconomia e da resiliência dos ecossistemas frente às mudanças climáticas, tornando indispensável o desenvolvimento de estratégias educativas que ampliem o acesso ao conhecimento e fortaleçam a sensibilização da sociedade sobre sua importância para ações de sustentabilidade socioambiental. Nesse contexto, este estudo adaptou a animação "Florinha do Cerrado" para o formato imersivo em 360°, utilizando-a como tecnologia educacional para promover a divulgação científica e sensibilizar diferentes públicos acerca da riqueza florística do Cerrado e da relevância da conservação de seus recursos genéticos vegetais. A animação foi exibida em ambiente imersivo, em um planetário inflável durante o 27º Festival Internacional de Cinema e Vídeo Ambiental (FICA) na cidade de Goiás/GO. Ao longo de uma semana de atividades, aproximadamente dois mil visitantes participaram da experiência, incluindo estudantes, professores, famílias e o público em geral. Os resultados evidenciaram elevado interesse e engajamento dos visitantes, favorecendo a compreensão sobre a importância da flora do Cerrado, da conservação da biodiversidade e da proteção dos recursos genéticos vegetais. A linguagem audiovisual associada à tecnologia imersiva ampliou o potencial comunicativo da ação, tornando conceitos científicos mais acessíveis e fortalecendo o diálogo entre ciência e sociedade. A experiência demonstra que tecnologias educacionais inovadoras potencializam a divulgação científica, despertam o interesse pela conservação da biodiversidade e ampliam o engajamento social em ações voltadas à valorização do patrimônio genético vegetal. Conclui-se que a adaptação da animação para o formato 360° constitui uma estratégia inovadora do ensino, pesquisa e extensão, ampliando o impacto socioambiental das ações de popularização da ciência e contribuem para a valorização dos recursos genéticos vegetais do Cerrado, incentivando a participação da sociedade na conservação desse patrimônio biológico e na construção de uma cultura científica comprometida com a sustentabilidade e a proteção da biodiversidade.

**Palavras-chave**: ensino de botânica; popularização da ciência; patrimônio genético.

**Agradecimentos:** UEG, PUC Goiás, UFG, CEHIDRA Cerrado, Coletivo de Mulheres Cientistas em Rede, Araguaia Vivo, PPbio Araguaia, TWRA, FAPEG, CNPq, MCTI, Ministério das Mulheres.

# RGV 406 - GENÔMICA DE RECURSOS GENÉTICOS DE *Capsicum* spp. NO BRASIL

Edimar Olegário de Campos Júnior[1]; Felipe Rodrigues Dias[1]; Marcos Vinicius Bohrer Monteiro Siqueira[1]

[1]Universidade do Estado de Minas Gerais (UEMG). *edimarcampos@yahoo.com.br

Os recursos genéticos de *Capsicum spp*. constituem fonte estratégica de variabilidade para conservação e melhoramento, mas sua utilização depende da rastreabilidade e da caracterização molecular dos acessos. Este estudo objetivou integrar um diagnóstico global da pesquisa com germoplasma de *Capsicum* à construção de um banco genômico brasileiro. A literatura foi recuperada na Web of Science Core Collection e Scopus entre 1992 e 2024 e, após triagem baseada no PRISMA, 119 estudos foram analisados com VOSviewer e R quanto à informação de passaporte, caracterização morfoagronômica e físico-química, evidência molecular e ômicas estritas. Paralelamente, foi estruturada uma coleção de 370 acessos de *Capsicum* provenientes do Instituto Agronômico de Campinas (IAC), de coleção do Rio Grande do Sul e do Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Estadual de Montes Claros (UNIMONTES). As amostras foram processadas segundo o fluxo metodológico empregado pela Outlier Soluções Genômicas, abrangendo extração de DNA genômico, controle de qualidade e quantificação, preparação de bibliotecas, sequenciamento de nova geração e processamento bioinformático para obtenção de variantes moleculares. Na análise global, 73,9% dos estudos apresentaram caracterização morfoagronômica e 79,0% evidência molecular, enquanto somente 32,8% reportaram informações de passaporte, 25,2% caracterização físico-química e 21,8% ômicas estritas. Apenas 20,2% integraram rastreabilidade, fenótipo e evidência molecular, e 3,4% reuniram essas camadas com caracterização físico-química e ômicas. O sequenciamento dos 370 acessos brasileiros foi concluído e os dados foram organizados em uma base integrada de germoplasma e informação molecular, estabelecendo infraestrutura para análises de diversidade, estrutura populacional, redundância genética e identificação de acessos prioritários para pré-melhoramento. A integração entre o diagnóstico global e a base brasileira evidencia a importância de conectar conservação *ex situ*, documentação e genômica para ampliar o uso dos recursos genéticos de *Capsicum*.

**Palavras-chave:** germoplasma; genômica; pré-melhoramento.

**Agradecimentos:** à FAPEMIG (Edital nº 009/2024) e à UEMG (PQ/UEMG, Edital nº 14/2024).

# RGV 408 - CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DA GERMINAÇÃO E DO DESENVOLVIMENTO INICIAL DE *Cattleya grandis* (Lindl. & Paxton) A.A. Chadwick COMO SUBSÍDIO À CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS

Elinton Soares Pontes[1]*; Mateus Tonini[2]; William Santos Cabral[3]; Jamille Marques[3*] Rosete Pescador[4]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *elintonpon@gmail.com

A família Orchidaceae apresenta elevada diversidade genética, morfológica e ecológica, constituindo importante componente da biodiversidade vegetal e um relevante grupo para estratégias de conservação de recursos genéticos. No Brasil, diversas espécies de orquídeas encontram-se sob ameaça devido principalmente à perda de habitat e à coleta de indivíduos na natureza. Entre elas, *Cattleya grandis* apresenta distribuição restrita e vulnerabilidade à extinção, tornando necessário o desenvolvimento de estratégias de conservação e propagação. Nesse contexto, a germinação assimbiótica *in vitro* constitui uma ferramenta relevante para a conservação *ex situ*, possibilitando a obtenção de indivíduos e a manutenção de material genético. O presente trabalho teve como objetivo acompanhar e caracterizar os eventos morfológicos associados à germinação e ao desenvolvimento inicial de *C. grandis* mediante registros sequenciais por microscopia estereoscópica, microscopia eletrônica de varredura e microscopia histológica. Sementes provenientes de cápsulas maduras foram inoculadas em meio de cultura e mantidas sob condições controladas de temperatura e luminosidade. Durante o período de cultivo, foram realizadas avaliações e registros de imagens em diferentes etapas, permitindo acompanhar as alterações morfológicas desde a hidratação e germinação das sementes até a formação e diferenciação dos protocormos e o desenvolvimento das primeiras estruturas vegetativas. A análise integrada das imagens permitiu caracterizar e organizar cronologicamente os principais eventos morfogenéticos durante o desenvolvimento inicial da espécie, evidenciando modificações na organização e diferenciação dos tecidos ao longo do processo. A caracterização morfológica obtida fornece informações importantes para a compreensão da biologia regenerativa de *C. grandis* e pode contribuir para o estabelecimento e aprimoramento de protocolos de germinação e propagação *in vitro*. Dessa forma, o estudo constitui uma abordagem aplicável à conservação *ex situ* e à manutenção de recursos genéticos de orquídeas nativas, podendo subsidiar estratégias futuras de produção de mudas, formação de coleções de germoplasma e reintrodução de indivíduos em áreas de ocorrência natural.

**Palavras-chave:** Orchidaceae; conservação *ex situ*; espécies ameaçadas.

**Agradecimentos:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Universidade Federal de Santa Catarina, Programa de Pós-Graduação em recursos Genéticos Vegetais.

# RGV 409 - PROMOÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS POR MEIO DE MATERIAL EDUCATIVO SOBRE PLANTAS MEDICINAIS E PRÁTICAS INTEGRATIVAS NO SUS, ARUANÃ/GO

Andreia Juliana Rodrigues[1]*; Bárbara Lucas Pereira[1]; Grasielly Queiroz Pereira Salgado[1]; Julia Pádua Gouveia[1]; Estevão Martins Maciel[1]; Josana de Castro Peixoto[1]

[1]Universidade Estadual de Goiás. *andreiajuliana@ueg.br

Os recursos genéticos vegetais representam um componente essencial da biodiversidade brasileira, constituindo a base para a conservação, o uso sustentável e a inovação em saúde. Nesse contexto, as plantas medicinais destacam-se como recursos estratégicos para a Fitoterapia e para as Práticas Integrativas e Complementares em Saúde (PICS) no Sistema Único de Saúde (SUS), articulando conhecimentos científicos e tradicionais em favor da promoção da saúde e da valorização da sociobiodiversidade. Esse estudo desenvolveu um material educativo sobre plantas medicinais, a partir de uma pesquisa participativa no município de Aruanã/GO, às margens do rio Araguaia, envolvendo levantamento etnofarmacológico junto a comunidades ribeirinhas, indígenas e usuários do SUS, além de entrevistas semi estruturadas com profissionais da saúde e representantes da gestão pública municipal. As informações obtidas subsidiaram a elaboração da cartilha, contemplando espécies medicinais utilizadas pela população, formas tradicionais de uso, cuidados na utilização, importância da conservação da flora nativa e potencial de integração desses conhecimentos às ações da Farmácia Viva. Observou-se uma ampla diversidade local de espécies medicinais utilizadas e riqueza dos saberes locais relacionados ao patrimônio genético vegetal, além de demonstrar o interesse dos diferentes atores sociais na valorização dessas práticas e em sua inserção nas ações de promoção da saúde. Conclui-se que a cartilha educativa, constitui uma tecnologia social com potencial para promover a valorização das plantas medicinais do Cerrado como recursos genéticos vegetais estratégicos, fortalecer ações de fitoterapia e das PICS no SUS, além de subsidiar iniciativas de Farmácia Viva e de educação em saúde. Destaca-se ainda que a integração entre saberes tradicionais e conhecimento científico favorece a difusão do conhecimento, amplia o engajamento da sociedade na conservação e no uso sustentável dos recursos genéticos vegetais do Cerrado e fortalece a integração entre ensino, pesquisa, extensão e políticas públicas voltadas à biodiversidade, à inovação em saúde e à valorização do patrimônio genético vegetal brasileiro.

**Palavras-chave**: etnoconhecimento; recursos genéticos do Cerrado; SUS.

**Agradecimentos:** UEG. CEHIDRA Cerrado. Coletivo de Mulheres Cientistas em Rede. Araguaia Vivo. PPBio Araguaia. TWRA. FAPEG. CNPq. MCTI. Ministério das Mulheres.

# RGV 410 - TEOR E APORTE DE NUTRIENTES VIA BIOMASSA DE PODAS DE *Leucaena leucocephala* EM SISTEMA AGROFLORESTAL SUCESSIONAL

Mateus Rosante Grisang[1]*; Alan Francisco Sandrin[1]; Serinei Cesar Grigolo[1]; Joel Donazzolo[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, PPGSIS. *mateusrosante@alunos.utfpr.edu.br

Objetivamos avaliar os teores de nutrientes da espécie *Leucaena leucocephala* (Leucena) inserida em um sistema agroflorestal da região sudoeste do Paraná, visando quantificar capacidade de ciclagem de nutrientes. Para isso, foram avaliados 5 indivíduos de *Leucaena leucocephala* na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão de Sistemas agroflorestais com área de 1600m$^2$, plantados no ano de 2010. Os dados foram obtidos através de podas drásticas nos anos de 2022 e 2023, onde foi realizada a coleta do material de podas mediante ao uso de uma lona ao redor do tronco dos indivíduos durante a realização da atividade. O material vegetal obtido foi coletado e segregado em quatro classes: ramos menores que 3cm, de 3 a 5cm, maiores que 5cm de diâmetro e folhas. Cada um desses segmentos foi devidamente pesado e, ao somar-se, obtiveram-se os valores de biomassa verde total. Após a pesagem, o material foi fragmentado e, com isso, foram retiradas amostras em triplicata de cada fração. Essas foram pesadas e, posteriormente, submetidas à secagem em estufa a 65°C até atingirem peso constante, gerando valores de percentagem de massa seca do material. Posteriormente, o material seco foi triturado em moinho de facas, separando-se uma amostra de cada triplicata de cada fração, que foi encaminhada ao laboratório para análise do teor de nutrientes: carbono, nitrogênio, cálcio, fósforo e potássio, em que os teores de nutrientes foram estimados pela média das triplicatas de cada uma das frações analisadas, as quais foram submetidas a ANOVA e ao teste de análise de médias de Tukey ($p>0,05$). A espécie em questão apresentou um valor médio por indivíduo de 19350 g/ano$^{-1}$ para biomassa verde e um valor de 7920 g/ano$^{-1}$ de massa seca. A análise de teor de carbono não apresentou diferença significativa entre frações (média de 441,5 g/kg), enquanto o nitrogênio, fosforo, potássio e cálcio apresentaram valores estatisticamente superiores na fração de folhas (N:33,8 g/kg P:1,5 g/kg K:21,36 g/kg Ca:15,8 g/kg). As outras frações não apresentaram diferença significativa. Somando as frações chegamos em um aporte de carbono, nitrogênio, fósforo, potássio, cálcio por indivíduo de 7,8823 kg/ano$^{-1}$, 2,522 kg/ano$^{-1}$, 0,0914 kg/ano$^{-1}$, 2,2139 kg/ano$^{-1}$, 1,134 kg/ano$^{-1}$ respectivamente. Com esses dados podemos apontar que dentre as frações obtidas através das podas, as folhas se mostraram como material de maior carga nutricional a ser incorporada e ciclada dentro do plantio, além de trazer aporte para estimativa de teores de nutrientes reincorporados em SAFs pela *Leucaena leucocephala*. Esses resultados fornecem parâmetros para estimar a biomassa e destinar esses resíduos a outros usos, especialmente à fertilização de solos em áreas de transição para a agricultura orgânica.

**Palavras-chave:** Sistema agroflorestal; biomassa; ciclagem de nutrientes.

**Agradecimentos:** Agradecemos o apoio e fomento do Programa de Pós-Graduação em Agroecossistemas (PPGSIS), ao NAPI Alimentos e Território, ITAIPU Parquetec e CNPq.

# RGV 411 - PROPAGAÇÃO VEGETATIVA DE ERVA-BALEEIRA POR ESTAQUIA EM DIFERENTES SUBSTRATOS

Adejario Homem Botelho[1]*; Raquel Lins[1]; Rosete Pescador[1]; Renes Rossi Pinheiro[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina/ Departamento de Fitotecnia.
*adejarioufsc2024.2@gmail.com

A propagação vegetativa por estaquia destaca-se como alternativa viável na multiplicação de inúmeras espécies vegetais, por permitir a clonagem de genótipos de interesse. Porém, a escolha correta do substrato a ser utilizado no processo de propagação depende da espécie a ser multiplicada e das condições microclimáticas do viveiro de propagação. A erva-baleeira (*Varronia curassavica* Jacq.) é uma espécie medicinal e um recurso genético nativo do Brasil, amplamente utilizada pela indústria farmacêutica por apresentar compostos bioativos com propriedades anti-inflamatórias, o que reforça a importância de protocolos eficientes de multiplicação e conservação dessa espécie. Diante do exposto, este estudo teve como objetivo avaliar a propagação vegetativa de *Varronia curassavica* em diferentes substratos. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com três tratamentos: T1 - areia e vermiculita (3:1); T2 - vermiculita e húmus (3:1); e T3 - substrato comercial Carolina Soil®. Foram utilizadas estacas caulinares de *Varronia curassavica* com aproximadamente 20 cm de comprimento, coletadas de plantas matrizes sadias e padronizadas quanto ao diâmetro e ao número de folhas, mantendo-se duas folhas remanescentes por estaca. Cada tratamento contou com seis repetições, sendo cada repetição uma estaca caulinar, mantidas em ambiente protegido com nebulização intermitente, temperatura entre 25 e 30 °C e umidade relativa do ar superior a 80%. Aos 68 dias após a implantação foram avaliados a porcentagem de sobrevivência e o comprimento radicular médio das estacas. O tratamento T1 apresentou 33% de sobrevivência, enquanto T2 e T3 apresentaram 100% de mortalidade. Nas estacas sobreviventes de T1, o comprimento médio radicular foi de 0,83 cm. Esses resultados evidenciam a elevada dificuldade de enraizamento de *Varronia curassavica* por estaquia, característica já amplamente relatada na literatura e possivelmente associada a fatores endógenos, como baixos teores de auxinas naturais e maior lignificação dos tecidos caulinares. A superioridade do substrato areia e vermiculita pode estar relacionada à sua maior porosidade e drenagem, que favorecem a aeração do sistema radicular em formação, ao contrário dos substratos T2 e T3, mais retentivos de umidade, o que pode ter favorecido o apodrecimento das estacas. Conclui-se que o substrato areia e vermiculita (3:1) proporciona melhores resultados de sobrevivência e enraizamento de estacas de *Varronia curassavica*, ainda que em percentuais baixos, reforçando a necessidade de novos estudos que aprimorem os protocolos de propagação vegetativa dessa espécie, subsidiando estratégias de conservação e uso sustentável desse recurso genético nativo. Agradecimentos: os autores agradecem à Universidade Federal de Santa Catarina e ao Departamento de Fitotecnia pelo apoio institucional e pela infraestrutura disponibilizada para a realização deste trabalho.

**Palavras-chave:** *Varronia curassavica*; Substratos; Enraizamento.

# RGV 412 - REGULADOR VEGETAL AIB NO ENRAIZAMENTO DE ESTACAS DE *Varronia curassavica*

Adejario Homem Botelho [1]*; Raquel Lins [1]; Rosete Pescador [1]; Renes Rossi Pinheiro[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina/ Departamento de Fitotecnia.
*adejarioufsc2024.2@gmail.com

A erva-baleeira (*Varronia curassavica* Jacq.) é uma espécie medicinal nativa do Brasil, amplamente utilizada pela indústria farmacêutica por apresentar compostos bioativos com propriedades anti-inflamatórias. No entanto, a propagação por sementes apresenta limitações, como baixa germinação, lentidão no processo de multiplicação e alta variabilidade genética, o que dificulta a produção comercial uniforme de genótipos superiores. A propagação vegetativa por estaquia destaca-se como alternativa viável, por permitir a clonagem de genótipos de interesse, garantindo uniformidade no cultivo e maior viabilidade econômica. Algumas espécies apresentam limitações na obtenção de mudas por propagação vegetativa, principalmente devido à dificuldade de enraizamento das estacas em condições naturais. Entre os reguladores vegetais, o ácido indol-butírico (AIB) é considerado um dos mais eficientes para indução radicial e promoção da rizogênese. Diante disso, este estudo teve como objetivo avaliar a propagação vegetativa de *Varronia curassavica* Jacq. submetida a diferentes doses de Ácido Indolbutírico (AIB) em substrato de areia + vermiculita (3:1 v/v). O experimento foi constituído por três tratamentos: (T1) 0 ppm de AIB (controle), (T2) concentração de 2.000 ppm de AIB e (T3) concentração de 6.000 ppm de AIB. O experimento foi conduzido com estacas caulinares de *Varronia curassavica* com aproximadamente 20 cm de comprimento, coletadas de plantas-matrizes saudáveis. As estacas com dois nós e padronizadas quanto ao diâmetro e número de folhas, sendo duas folhas remanescentes por estaca. Para os tratamentos com regulador de crescimento, utilizou-se o Ácido Indol-butírico (AIB) veiculado em talco inerte industrial. A aplicação foi realizada por imersão da base das estacas em solução por 10 segundos. Cada tratamento contou com seis repetições, sendo cada repetição composta por uma estaca caulinar. As estacas foram mantidas em ambiente protegido com nebulização intermitente, temperatura entre 25-30 °C e umidade relativa do ar superior a 80%. O período de avaliação foi de 68 dias após o tratamento com AIB, quando foram avaliados a porcentagem de sobrevivência e comprimento radicular médio. Como resultados, T1 e T2 tiveram 33% de sobrevivência de estacas enquanto o T3 teve 100% de mortalidade das estacas. O tratamento T2 mostrou maior comprimento médio radicular em comparação ao T1, reforçando evidências de que a presença de folhas na estaca, conforme discutido por outros autores, pode favorecer a emissão de raízes ao aumentar o aporte de carboidratos e hormônios endógenos. Os resultados obtidos no presente estudo evidenciam a elevada dificuldade de enraizamento de *Varronia curassavica* por estaquia, característica já amplamente relatada na literatura.

**Palavras-chave:** *Varronia curassavica*; ácido indol butírico; Enraizamento.

# RGV 419 - CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE ACESSOS DE TRIGO (*Triticum aestivum* L.) COMO SUBSÍDIO À CONSERVAÇÃO E USO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Silvana Slowik[1]; Francieli Barbieri Martini[1]; Veruza Oliveira de Melo[1]; Roberta Sales Guedes Pereira[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Campus Universitário Reitor João David Ferreira Lima.

O trigo (*Triticum aestivum* L.) é um dos cereais mais cultivados do mundo e representa um recurso genético vegetal de alto valor econômico, científico e alimentar. A caracterização fisiológica de lotes de sementes é etapa fundamental para subsidiar estratégias de conservação, uso e intercâmbio de germoplasma, pois a qualidade das sementes determina diretamente a viabilidade de acessos mantidos em bancos de germoplasma e em sistemas de produção. O presente trabalho objetivou caracterizar a qualidade física e fisiológica de dois acessos de trigo com históricos distintos de manejo pós-colheita: IPR 144 (colheita 2020) e TBIO SOSSEGO (colheita 2022), este último armazenado em embalagem permeável à umidade, sem tratamento de sementes e com provável origem como grão, e não como semente certificada. Os testes foram conduzidos no Laboratório de Sementes do Centro de Ciências Agrárias da UFSC, seguindo as Regras para Análise de Sementes e a Instrução Normativa nº 45/2013 do MAPA. Foram realizados quatro testes: pureza (amostras de 120 g); germinação em rolo de papel germitest (três repetições de 50 sementes a 25 °C, com avaliações aos 4 e 8 dias); emergência em campo (canteiro de 60 × 90 cm, três repetições de 50 sementes, com avaliação aos 12 dias); e envelhecimento acelerado (40 °C, 24 h, 100% UR, seguido de germinação por 8 dias). O acesso IPR 144 apresentou desempenho superior, com 99,33% de pureza, 57,33% de germinação, 72,00% de emergência em campo e 72,00% de plântulas normais após o envelhecimento acelerado. O acesso TBIO SOSSEGO obteve resultados expressivamente inferiores: 91,74% de pureza, 26,00% de germinação, 11,33% de emergência e apenas 5,33% de plântulas normais após o envelhecimento acelerado, com 83,33% de sementes mortas no teste de campo. Apesar de mais recente, o lote TBIO SOSSEGO teve sua viabilidade comprometida pelas condições de acondicionamento e manejo pós-colheita, o que reforça a necessidade de protocolos adequados de conservação para garantir a integridade fisiológica dos recursos genéticos de trigo disponíveis para uso e pesquisa.

**Palavras-chave**: Germoplasma, vigor de sementes, envelhecimento acelerado conservação.

**Agradecimentos**: Ao Laboratório de Sementes do CCA/UFSC pela infraestrutura disponibilizada.

# RGV 421 - CARACTERIZAÇÃO DA GERMINAÇÃO E EMERGÊNCIA DE VARIEDADES CRIOULAS DE LEGUMINOSAS COMO SUBSÍDIO À CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Silvana Slowik[1]; Cristina Magalhães Ribas dos Santos[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina.

As variedades crioulas de leguminosas representam importantes recursos genéticos vegetais, acumulando diversidade genética moldada por séculos de seleção tradicional e adaptação a condições locais. A caracterização fisiológica dessas variedades é essencial para subsidiar estratégias de conservação *on farm* e *ex situ*, além de orientar seu uso em programas de melhoramento e sistemas de produção sustentáveis. O presente trabalho objetivou caracterizar a germinação e a emergência de sete variedades crioulas de leguminosas, feijão Jalo, Corda, Manteiga e Cavalo (*Phaseolus vulgaris* L.), feijão Andu ou Guandu (*Cajanus cajan*), feijão Azuki (*Vigna angularis*) e feijão Moyashi (*Vigna radiata*), visando gerar informações para subsidiar a conservação e o uso desses acessos. Os testes foram conduzidos no Laboratório de Plantas de Lavoura, do Centro de Ciências Agrárias da UFSC. Foram avaliadas 16 a 25 sementes por variedade, com acompanhamento fotográfico de 16 a 23 de setembro de 2024. A germinação foi avaliada diariamente e a emergência classificada por altura de plântula (+ 1, + 2, + 3, + 4 e + 5 cm), com registro da taxa de contaminação. As variedades *P. vulgaris* (Jalo, Corda, Manteiga e Cavalo) apresentaram 100% de germinação e ausência ou baixa contaminação, demonstrando alta viabilidade. O Moyashi (*V. radiata*) obteve 88% de germinação com 12% de contaminação, e o Andu (*C. cajan*) apresentou 84% de germinação com contaminação de 44%, sugerindo maior suscetibilidade a patógenos de armazenamento. O Azuki (*V. angularis*) registrou a menor germinação (52%) e contaminação de 100%, indicando comprometimento severo da qualidade do lote, possivelmente relacionado às condições de armazenamento ou à susceptibilidade da espécie a patógenos. A emergência foi proporcional à germinação, com destaque para Jalo, Corda, Manteiga e Cavalo, que apresentaram plântulas vigorosas e bem distribuídas entre as classes de altura avaliadas. Os resultados evidenciam diferenças expressivas na qualidade fisiológica entre as variedades avaliadas, demonstrando que germinação, emergência e contaminação são parâmetros relevantes para a caracterização inicial de acessos crioulos. As variedades de *P. vulgaris* apresentaram melhor desempenho, com elevada germinação e formação de plântulas vigorosas, enquanto Azuki e Andu apresentaram maiores limitações relacionadas à contaminação e à qualidade dos lotes. Conclui-se que a avaliação da qualidade fisiológica permite identificar diferenças entre variedades e reconhecer acessos que necessitam de cuidados específicos antes da multiplicação e conservação das sementes. Dessa forma, os resultados constituem uma base para o manejo e a conservação *on farm* e *ex situ*, contribuindo para a manutenção da diversidade genética.

**Palavras-chave**: Variedades crioulas; *Phaseolus vulgaris*; *Vigna radiata*; *Cajanus cajan*; vigor de sementes.

**Agradecimentos**: Laboratório  Plantas  Lavoura do CCA/UFSC.

# RGV 422 - ANOMALIAS RADICULARES COMO INDICADORES PRECOCES DE ALTERAÇÕES NA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES EXPOSTAS A ANTIMICROBIANOS: IMPLICAÇÕES PARA RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Luiz Gustavo Paulon Rezende[1]; Flaviane Malaquias Costa[1]*; Allison Queiroz de Oliveira[1]; Ana Dionisia da Luz Coelho Novembre[1]; Fernando Dini Andreote[1]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - Universidade de São Paulo (ESALQ/USP).
*flavianemcosta@hotmail.com

A conservação de recursos genéticos vegetais depende da qualidade fisiológica das sementes e da detecção precoce de fatores que comprometam o estabelecimento das plântulas. Antimicrobianos podem alcançar áreas agrícolas pela aplicação de esterco animal e lodo de esgoto como fertilizantes ou condicionadores do solo. Objetivou-se avaliar anomalias radiculares como indicadores precoces de alterações fisiológicas em sementes expostas a diferentes classes e concentrações desses contaminantes. Sementes de alface (*Lactuca sativa*), feijão (*Phaseolus vulgaris*) e milho (*Zea mays*) foram expostas a β-lactâmicos, fluoroquinolonas e tetraciclinas nas concentrações de 0 (controle), 0,2, 2, 20 e 200 mg $L^{-1}$. A estabilidade aparente dos antimicrobianos em solução aquosa foi avaliada paralelamente por UV-Vis. Avaliaram-se germinação e características morfológicas das plântulas. Os efeitos foram analisados por antimicrobiano e classe, com médias comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). A germinação final apresentou sensibilidade limitada, enquanto a avaliação morfológica revelou respostas diferenciais entre espécies, classes e concentrações. O feijão foi a espécie mais sensível, com anomalias na parte aérea e nas raízes; as menores concentrações significativamente diferentes do controle foram 200 mg $L^{-1}$ para β-lactâmicos, 2 mg $L^{-1}$ para fluoroquinolonas e 20 mg $L^{-1}$ para tetraciclinas. No milho, alterações significativas ocorreram exclusivamente nas raízes, a partir de 200 mg $L^{-1}$ para fluoroquinolonas. Na alface, sem diferenças significativas ou anomalias na parte aérea, observou-se tendência de aumento das anomalias radiculares desde 0,2 mg $L^{-1}$ nas três classes. Além das anomalias, observou-se redução do comprimento radicular, ausência de tricomas, discreto escurecimento com fluoroquinolonas, pigmentação amarelada com tetraciclinas e enrijecimento radicular, com maior suscetibilidade à ruptura mecânica conforme aumentou a concentração. As anomalias radiculares mostraram-se mais informativas que a germinação isolada para evidenciar respostas subletais. Os resultados destacam seu potencial como indicadores precoces e reforçam a necessidade de investigar os mecanismos dessas respostas, incluindo possíveis efeitos genotóxicos, com implicações para a avaliação e conservação de recursos genéticos vegetais.

**Palavras-chave:** Bioindicadores fenotípicos; fitotoxicidade; contaminantes emergentes.

**Agradecimentos:** CAPES, CNPq e FEALQ pelo apoio financeiro.

# RGV 424 - MONTAGEM E ANOTAÇÃO DOS GENOMAS PLASTIDIAL E MITOCONDRIAL DA CEREJEIRA-DO-RIO-GRANDE (*Eugenia involucrata* DC.) A PARTIR DE LEITURAS LONGAS

Sophia Cassol[1]*; Gabriel Menegusso Girardello[1]; Ingrid Lohani Degering Brand[1]; Yohan Fritsche[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *sophiacassol@gmail.com

As Myrtaceae compõem uma das maiores famílias de angiospermas do Brasil, com ampla importância ecológica e econômica, mas ainda são pouco representadas em dados genômicos. A cerejeira-do-Rio-Grande (*Eugenia involucrata* DC.) é uma espécie frutífera nativa da Mata Atlântica cujos genomas organelares permanecem desconhecidos, constituindo uma lacuna para estudos de diversidade e conservação desse recurso genético. Este trabalho teve como objetivo montar e anotar os genomas plastidial (plastoma) e mitocondrial (mitogenoma) de *E. involucrata* a partir de sequenciamento de leituras longas. O DNA total de um indivíduo adulto de *E. involucrata* foi sequenciado na plataforma Oxford Nanopore Mk1B, com *basecalling* em modo de super-acurácia. O plastoma foi montado com o pipeline ptGAUL utilizando como referência o genoma plastidial de *E. uniflora* e para o mitogenoma foi utilizado o pipeline POLAP para a montagem *de novo* a partir da seleção de contigs-semente guiada por anotação de genes organelares. Ambas as montagens foram polidas com Medaka e anotadas no GeSeq. O plastoma apresentou 157.960 pb, com a estrutura quadripartite típica: uma região de cópia única grande (86.527 pb), uma pequena (23.327 pb) e duas repetições invertidas (24.053 pb cada). Foram anotados 115 genes únicos, incluindo 81 codificadores de proteína, 30 RNAs transportadores e 4 RNAs ribossômicos. O mitogenoma apresentou estrutura multipartite, com 673.232 pb distribuídos em múltiplos contigs conectados por grandes repetições recombinantes (a maior com 22,8 kb e 99,9% de identidade), totalizando 36 genes codificadores de proteína, 3 rRNAs e 31 tRNAs, representando todos os complexos da cadeia respiratória. Dois achados relevantes foram detectados: cerca de 85 kb de sequência de origem plastidial inserida no mitogenoma (aproximadamente 12,7%), evidenciando transferência intracelular plastídio-mitocôndria; e ausência do gene *atp9* no mitogenoma, recuperado no genoma nuclear, sugerindo transferência funcional para o núcleo. A obtenção dos genomas organelares completos de *E. involucrata* amplia o conhecimento genômico das Myrtaceae e disponibiliza recursos para estudos filogenéticos, de diversidade e conservação. Conclui-se que os genomas organelares de *E. involucrata* possuem importantes arranjos evolutivos relacionados à evolução da espécie. A caracterização de genomas mitocondriais de outras espécies de Myrtaceae é recomendada para o desenvolvimento de estudos de genômica organelar comparativa dentro desta importante família da flora brasileira.

**Palavras-chave:** Myrtaceae; cerejeira-do-mato; genoma organelar.

**Agradecimentos:** À FAPESC e ao Centro Latino-Americano de Biotecnologia.

# RGV 427 - INTEGRIDADE POSICIONAL DE TRANSCRITOS COMO INDICADOR MOLECULAR DA DETERIORAÇÃO CRÍTICA EM SEMENTES DE FEIJÃO

Cristielly de Oliveira Silva Machado[1]*; Tayara C. Nunes[1]; Tamara S. Dantas; Guilherme H. M. B. C. de Oliveira[1]; Solange C. B. R. José[2]; Antonieta N. Salomão[2]; Marília C. R. Pappas[2]; Ana C. M. Brasileiro[2]; Jonny E. S. Pereira[2]; Marcos A. Gimenes[2]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
*cristiellymachadocipres@gmail.com

A conservação de sementes em bancos de germoplasma é uma maneira eficaz de manter a variabilidade genética de espécies de plantas cultivadas para uso futuro. Apesar da redução do metabolismo, em função do baixo teor de água e baixa temperatura (-20°C a -18°C) as quais são submetidas em banco de germoplasma, as sementes em conservação envelhecem lentamente. O teste de germinação é o principal método de monitoramento de sementes em conservação, mas ele não detecta estágios intermediários do envelhecimento. A perda da capacidade de germinação é precedida por uma série de eventos moleculares, entre eles, a perda da integridade do RNA. Nosso objetivo foi avaliar a integridade estrutural de transcritos na posição 5’ e 3’ como indicador complementar do Limiar Crítico de Deterioração (LCD) em feijoeiro. Sementes comerciais (marca Horticeres) de *Phaseolus vulgaris* L. das cultivares Brutus, Celta, FAB e Grazi foram submetidas a envelhecimento acelerado. Germinação e Número de Integridade do RNA (RIN) foram analisados em paralelo à RT-qPCR posicional, com iniciadores dirigidos às regiões 5' e 3' de sete transcritos-alvo e dois genes de referência; a deterioração estrutural foi expressa por ΔΔCq nos estágios pré-LCD, LCD e pós-LCD. Os pontos de mudança do RIN não coincidiram com o início da perda fisiológica de viabilidade, demonstrando limitações de seu uso isolado. A integridade posicional apresentou associação temporal mais próxima com a transição de deterioração em diferentes cultivares, embora com respostas dependentes do genótipo e do transcrito. Celta apresentou maior preservação estrutural, enquanto Grazi mostrou alterações marcantes em PED1 e TRA_2; também ocorreu assimetria crescente entre regiões 5' e 3' nos estágios críticos. A RT-qPCR posicional acrescenta informação à integridade específica do RNA e constitui abordagem promissora e escalável para triagem de lotes e priorização de regeneração, devendo ser validada em germoplasma conservado em longo prazo.

**Palavras-chave:** RNA; monitoramento; coleção.

**Agradecimentos:** FAP-DF, pelo apoio financeiro, e CNPq, pela concessão de bolsa de doutorado.

# RGV 428 - O LIMIAR CRÍTICO DE DETERIORAÇÃO É DEPENDENTE DO GENÓTIPO, MAS A TRANSIÇÃO MOLECULAR É CONSERVADA EM SEMENTES DE FEIJÃO

Cristielly de Oliveira Silva Machado[1]*; Tayara C. Nunes[1]; Tamara S. Dantas; Guilherme H. M. B. C. de Oliveira[1]; Solange C. B. R. José[2]; Antonieta N. Salomão[2]; Marília C. R. Pappas[2]; Ana C. M. Brasileiro[2]; Jonny E. S. Pereira[2]; Marcos A. Gimenes[2]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
*cristiellymachadocipres@gmail.com

A conservação *ex situ* em bancos de germoplasma exige o monitoramento contínuo dos lotes para identificar a perda iminente de viabilidade e garantir a regeneração em tempo hábil. Este trabalho avaliou se o Limiar Crítico de Deterioração (LCD) constitui um estado fisiológico e molecular comparável entre genótipos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.), independentemente do tempo necessário para atingi-lo. Para isso, sementes comerciais (marca Horticeres) das cultivares Brutus, Celta, FAB e Grazi foram submetidas ao envelhecimento acelerado (EA). A partir do acompanhamento das curvas de germinação ao longo do EA, foram mapeados três estágios para cada cultivar: pré-LCD, LCD e pós-LCD. Nesses pontos, avaliaram-se a porcentagem de germinação, o Número de Integridade do RNA (RIN) e a integridade de transcritos por RT-qPCR, analisando os dados por estatística multivariada. Como resultado, observou-se variação cronológica acentuada na perda de viabilidade entre as cultivares: FAB apresentou deterioração precoce, Grazi exibiu maior longevidade, e Brutus e Celta mostraram perfil intermediário. Entretanto, ao alinhar as amostras pelos estágios de deterioração (e não pelo tempo de estresse), revelou-se uma convergência das alterações fisiológicas e moleculares entre os genótipos. A análise multivariada separou nitidamente os grupos: a condição pré-LCD caracterizou-se por alta germinação e preservação do RNA; a pós-LCD, por colapso de viabilidade e degradação molecular; e o LCD, por um estado intermediário de transição. Conclui-se que o LCD deve ser interpretado como um estado fisiológico/molecular e não como um tempo fixo de envelhecimento, consistindo em um indicador mais preciso para nortear as decisões de regeneração em bancos de germoplasma.

**Palavras-chave:** RNA; banco; germoplasma.

**Agradecimentos:** FAP-DF, pelo apoio financeiro, e CNPq, pela concessão de bolsa de doutorado.

# RGV 430 - CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE HÍBRIDOS E ESPÉCIE DE *Pinus* COM BASE NO FLUXO DE RESINA

Kethelyn Rafaela Sudário de Oliveira[1]; Talita Carvalho de Souza Santos[1]*; Helmut Schuckar[2]; Bruno Marchetti Souza[1], Renata Ruiz Silva[3]; Osmar Vilas Boas[3]; Miguel Luiz Menezes Freitas[3]; José Arimatéia Rabelo Machado[3]; Ananda Virgínia de Aguiar[4]

[1]Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, UNESP, SP. [2]Schuckar Florestal LTDA, SP. [3]Instituto de Pesquisas Ambientais, SP. [4]Embrapa Florestas, PR. *tc.souza@unesp.br

A resina é um exsudato produzido por espécies do gênero *Pinus* que atua na defesa contra agentes externos e, por sua composição química, apresenta elevado valor econômico e ampla aplicação industrial. Caracterizar a produção de resina em materiais genéticos de *Pinus* pode contribuir para identificar indivíduos e populações com potencial uso em programas de melhoramento e em sistemas de produção de múltiplos produtos florestais. Assim, objetivou-se estimar a variação fenotípica entre híbridos e uma espécie de pínus quanto ao fluxo de resina (FR) e o diâmetro à altura do peito (DAP), visando identificar árvores produtivas para compor banco ativo de germoplasma (BAG) e plantios florestais. Este teste, localizado em Pederneiras, SP, foi implantado em delineamento de blocos completos ao acaso, com três tratamentos, nove parcelas e 21 plantas por parcela. Os tratamentos foram: os híbridos *Pinus elliottii* var. *elliottii* × *Pinus caribaea* var. *hondurensis* (PEExPCH) e *Pinus elliottii* var. *elliottii* × *Pinus caribaea* var. *bahamensis* (PEExPCB), e o *Pinus elliottii* var. *elliottii* (PEE). O FR foi determinado por microresinagem, mediante retirada de um disco do tronco e a instalação de um tubo Falcon associado a uma embalagem plástica, para coleta de resina por 24 horas. Os dados foram avaliados por meio da estatística descritiva no software Selegen. As médias foram 6 g (PEE), 7 g (PEExPCH) e 8 g (PEExPCB) para o FR, e 14 cm (PEE) e 16 cm (híbridos) para o DAP. Os valores mínimos variaram de 0,01 a 0,37 g (FR) e de 2,70 a 6 cm (DAP), enquanto os máximos variaram de 33 a 43 g (FR) e de 33 a 36 cm (DAP). Os coeficientes de variação (CV) foram de 58% a 75% (FR) e de 28% a 43% (DAP). As correlações fenotípicas entre DAP e FR foram positivas, porém fracas, entre 0,10 e 0,36. Os resultados evidenciaram variação fenotípica nos materiais avaliados, destacando o híbrido PEExPCB que apresentou maior média para FR. A correlação fenotípica positiva, embora fraca, indica associação entre FR e DAP. Assim, os resultados sugerem potencial dos materiais avaliados para seleção, composição de BAG e conservação *ex situ* dos híbridos e da espécie.

**Palavras-chave:** Conservação *ex situ*; Melhoramento genético florestal; Variabilidade genética.

**Agradecimentos:** Processo CNPq 300988/2025-7 (MLMF); CNPq 307064/2023-9 (AVA); CNPq 130702/2025-0 (KRSO); José Odair de Sene Técnico APCT IPA; Empresa Schuckar Florestal; Órgão financiador: AP 003/2022 - Processo SIMA: 055265/2021-02.

# RGV 431 - VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Pinus caribaea* var. *bahamensis* EM ESPAÇAMENTOS DIFERENTES

Talita Carvalho de Souza Santos[1]*; Osmar Vilas Boas [2]; Miguel Luiz Menezes Freitas[2]; José Arimatéia Rabelo Machado[2]; Mario Luiz Teixeira de Moraes[1]; Alexandre Marques da Silva[1]; Ananda Virgínia de Aguiar[3]

[1]Universidade Estadual Paulista, Ilha Solteira, SP; [2]Instituto de Pesquisas Ambientais, SP; [3]Embrapa Florestas, Colombo, PR. * tc.souza@unesp.br

O setor florestal brasileiro possui mais de 10,5 milhões de hectares de florestas plantadas, sendo que aproximadamente 1,9 milhão correspondem ao gênero *Pinus*. Entre as espécies tropicais indicadas para regiões de clima quente, destaca-se *P. caribaea* var. *bahamensis*, promissora para produção de madeira e resina, porém ainda pouco explorada comercialmente no Brasil. Neste contexto, bancos ativos de germoplasma (BAG) e testes de progênies são fundamentais para a conservação dos recursos genéticos e para subsidiar programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi avaliar o crescimento e a variabilidade genética de progênies de polinização aberta de *P. caribaea* var. *bahamensis*, visando caracterizar BAGs, subsidiar estratégias de conservação genética e uso da espécie. O experimento foi implantado em janeiro de 1997, em Paraguaçu Paulista, SP, sob delineamento em blocos completos ao acaso, em esquema fatorial 5 × 5 (progênies × espaçamentos), com três repetições, sendo a parcela a unidade experimental. Foram avaliados os diâmetros à altura do peito (DAP, cm), a altura (m) e o volume de madeira ($m^3$ árvore $^{-1}$). Não foram observadas diferenças significativas entre as progênies para os caracteres avaliados; entretanto, a interação progênies x espaçamentos foi significativa, conforme análise de deviance pelo método REML/BLUP. As médias descritivas indicaram crescimento satisfatório, evidenciando materiais adaptados à região e potencial incremento de BAGs existentes voltados à conservação genética. As elevadas correlações genotípicas para DAP e volume indicaram estabilidade das progênies entre os espaçamentos, enquanto a altura apresentou maior influência do espaçamento, refletindo maior sensibilidade à competição entre árvores. As baixas herdabilidades devem ser interpretadas com cautela, uma vez que o reduzido número de progênies avaliadas limita a precisão das estimativas genéticas e a representatividade da variabilidade disponível. Embora a variabilidade genética detectada tenha sido muito baixa, as progênies avaliadas apresentam potencial para produção de resina, podendo ser consideradas para inclusão e manutenção do material já existente nos BAGs, contribuindo para a conservação da espécie

**Palavras-chave:** BAG; conservação; progênies.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001; CNPq 307064/2023-9 (AVA), Instituto de Pesquisas Ambientais, Embrapa Florestas e Unesp.

# RGV 432 - SISTEMAS REPRODUTIVOS DE *Sincoraea* (BROMELIACEAE) E IMPLICAÇÕES PARA O USO ORNAMENTAL SUSTENTÁVEL

Adelly C. de A. Fagundes[1]; Everton Hilo de Souza[2]*; Ligia S. Funch[3]; José A. de Siqueira Filho[4]

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [2]Fundação Getúlio Vargas. [3]Universidade Estadual de Feira de Santana. [4]Universidade Federal do Vale do São Francisco.
*hilosouza@gmail.com

O gênero *Sincoraea* Ule é composto por 11 espécies endêmicas dos Campos Rupestres com relevantes funções ecológicas e patrimônio de recursos genéticos vegetais. Suas espécies apresentam características de interesse ornamental, como inflorescências sésseis, pequeno porte e tonalidades róseas a avermelhadas nas estruturas vegetativas durante a reprodução, ampliando seu potencial para utilização como planta de vaso e em paisagismo. Entretanto, a maioria das espécies do gênero está ameaçada de extinção. Com isso, o presente estudo teve como objetivo caracterizar o desempenho reprodutivo de seis espécies de *Sincoraea* e discutir seu potencial ornamental como estratégia de valorização e conservação de recursos genéticos vegetais. Foram avaliadas *Sincoraea albopicta*, *S. amoena*, *S. burle-marxii*, *S. hatschbachii*, *S. mucugensis* e *S. ophouroides*, sob os tratamentos de polinização natural (PN), polinização cruzada (PC), autopolinização espontânea (AE), autopolinização manual (AM) e agamospermia (AG). Sob PN, todas as espécies apresentaram 100% de sucesso reprodutivo. Na PC, *S. albopicta* apresentou 91%, enquanto as demais espécies alcançaram 100%. Na AE, os valores de frutificação variaram de 10 a 30%, com maiores registros em *S. burle-marxii* (30%), *S. albopicta* e *S. ophouroides* (25%), e menor valor em *S. mucugensis* (10). Na AM, os valores de frutificação variaram de 5 a 40%, com maior registro em *S. burle-marxii* (40%). Não houve formação de frutos e sementes sob AG. Os índices de autogamia variaram de 0,05 a 0,40 e o índice de autoincompatibilidade variaram de 0,10 a 0,30. Os resultados dos tratamentos de autopolinização e dos índices reprodutivos indicam que todas as espécies apresentaram autoincompatibilidade, com exceção de *S. burle-marxii*, que demonstrou autocompatibilidade parcial. Há elevada eficiência reprodutiva nas espécies avaliadas sem limitação polínica, o que evidencia a importância da reprodução sexuada, especialmente da polinização cruzada, para o estabelecimento de frutos. A dependência de agentes polinizadores reforça a necessidade de conservação das interações ecológicas associadas às populações naturais. Essas informações constituem subsídios para estratégias de conservação in situ e *ex situ*, bem como para o desenvolvimento de técnicas de propagação e cultivo voltadas à valorização ornamental do gênero, o que contribui para o uso sustentável de seus recursos genéticos, reduz a pressão de coleta sobre populações naturais.

**Palavras-chave:** Bromélia; planta ornamental; RGV.

**Agradecimentos:** CAPES; FUNBIO; Instituto Humanize; Fundação Chapada Diamantina.

# RGV 433 - DIVERSIDADE DE BROMELIACEAE DA BAHIA COMO PATRIMÔNIO DE RECURSOS GENÉTICOS: RIQUEZA, ENDEMISMO E POTENCIAL DE USO

Everton Hilo de Souza[1,2]; Abinailda S. Lima[1]; Adelly C. de A. Fagundes[1]; Lidyanne Yuriko S. Aona[1]; Maria Angélica P. de C. Costa[1]; Fernanda Vidigal D. Souza[3]

[1]Fundação Getulio Vargas. [2]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [3]Embrapa Mandioca e Fruticultura. *hilosouza@gmail.com

A diversidade vegetal representa uma fonte importante de recursos genéticos, cuja valorização depende do conhecimento da riqueza de espécies, de sua distribuição, endemismo e potencial de uso. Bromeliaceae destaca-se nesse contexto por sua expressiva diversidade morfológica e ecológica e por reunir espécies com diferentes aplicações, especialmente nos segmentos ornamental, alimentício e de fibras. A Bahia apresenta a maior representatividade da família, favorecida pela heterogeneidade ambiental e pela ocorrência de diferentes domínios fitogeográficos. Este trabalho teve como objetivo analisar a diversidade de Bromeliaceae registrada na Bahia sob a perspectiva de seu potencial como recurso genético, considerando a riqueza taxonômica, o endemismo, a distribuição nos diferentes biomas e os usos associados à família. Foram sistematizados dados provenientes de expedições de coleta realizadas, bases de dados botânicos, registros de germoplasma e imagens de exsicatas de mais de 40 herbários nacionais e internacionais. Foram registrados 433 táxons, correspondentes a 426 espécies, seis variedades e uma subespécie, distribuídos em 36 gêneros. Destes, 241 (55,6%) são endêmicos da Bahia, evidenciando a singularidade desse patrimônio genético. Bromelioideae apresentou a maior diversidade, com 308 táxons, seguida por Tillandsioideae (102), Pitcairnioideae (22) e Navioideae (1). Os gêneros *Aechmea*, *Hohenbergia*, *Cryptanthus*, *Vriesea* e *Tillandsia* foram os mais representativos. A maior riqueza foi registrada na Mata Atlântica (266 táxons), seguida pela Caatinga (86) e Cerrado (14). Essa diversidade representa não apenas um patrimônio biológico, mas um reservatório de recursos genéticos com elevado potencial de uso e geração de produtos de valor agregado, abrangendo espécies alimentícias, ornamentais e fibrosas, além de fontes de enzimas e compostos bioativos de interesse medicinal, farmacêutico e biotecnológico, como a bromelina. Somam-se a essas aplicações o potencial para obtenção de fibras e biomateriais e o uso de espécies como ferramentas de biomonitoramento ambiental. Entretanto, 89 táxons encontram-se classificados em categorias de ameaça, sendo 21 como ‘Criticamente em Perigo’ (CR), 48 como ‘Em Perigo’ (EN) e 20 como ‘Vulneráveis’ (VU). A elevada riqueza, o expressivo endemismo e a multiplicidade de usos posicionam a Bahia como um importante centro de diversidade de Bromeliaceae e ampliam as possibilidades de prospecção de novos usos e características de interesse, reforçando o valor estratégico dessa flora para a conservação, valorização e uso sustentável dos recursos genéticos vegetais.

**Palavras-chave**: Bromélia; RGV; biodiversidade; espécies ameaçadas.

**Agradecimentos:** CNPq; FAPESB; CAPES; Embrapa; UFRB.

# RGV 435 - CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE POPULAÇÕES RELICTUAIS DE *Manilkara bidentata* PARA A CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS NO NORTE DO PERU

Einstein Bravo Campos[1]

[1]Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas, Chachapoyas, Peru.
*einstein.bravo@untrm.edu.pe

*Manilkara bidentata* é uma árvore neotropical de importância ecológica e econômica, cujas populações relictuais constituem fontes de germoplasma para conservação e uso sustentável. Este estudo buscou caracterizar a diversidade e a estrutura genética de populações da bacia do rio Chinchipe, no Peru, e identificar árvores prioritárias para a conservação desse recurso genético florestal. Foram analisados, por genotipagem por sequenciamento, 94 indivíduos dos distritos de Huarango, San José de Lourdes, San Ignacio, Chirinos e Namballe. As leituras foram processadas e os loci montados de novo no software Stacks v.2.68. Após a aplicação dos filtros de qualidade e a retenção de um polimorfismo de nucleotídeo único (SNP) por locus, foram obtidos 4.331 marcadores bialélicos. A diversidade genética foi moderada e semelhante entre as populações, com heterozigosidade esperada entre 0,2746 e 0,3122 e riqueza alélica rarefeita entre 1,488 e 1,567. Em todas as populações, a heterozigosidade observada foi menor que a esperada, e o índice de fixação intrapopulacional foi positivo (0,3168-0,4517), evidenciando um déficit de heterozigotos que não pode ser atribuído exclusivamente à endogamia. A diferenciação genética entre populações, expressa pelo índice de fixação ($F_{ST}$), foi muito baixa (0,00015). A análise de variância molecular revelou que 45,56% da variação ocorreu entre indivíduos dentro das populações, 54,42% dentro dos indivíduos e apenas 0,02% entre populações. A inferência de ancestralidade favoreceu K = 1, e as análises de componentes principais e de agrupamento não identificaram grupos geográficos claramente definidos. Com o pacote *corehunter* do software R, foi selecionada uma coleção nuclear de 30 árvores, abrangendo as cinco localidades e retendo 99,72% dos alelos observados no painel de 3.407 SNPs utilizado nessa análise. Esses resultados indicam que as populações compartilham grande parte da variação genética detectada, embora o déficit de heterozigotos mereça atenção. Recomenda-se proteger os remanescentes in situ e priorizar as árvores selecionadas para a coleta de sementes e de material de propagação vegetativa destinado à conservação *ex situ*. A diversidade genética efetivamente mantida nas plantas obtidas deverá ser avaliada para orientar futuras ações de conservação, restauração e manejo.

**Palavras-chave:** Recursos genéticos florestais; germoplasma; conservação genética; marcadores moleculares.

**Agradecimentos:** À Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas pelo apoio institucional e ao CONCYTEC/ProCiencia pelo financiamento da pesquisa, PE50093163-2024.

# RGV 437 - VARIAÇÃO ENTRE PROCEDÊNCIAS E MATRIZES DE UMBUZEIRO NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Augusto Vinicius de Souza Nascimento[1]; Paulo Augusto Almeida Santos[2]; Ane Marcela das Chagas Mendonça[2]; Itamara Bomfim Gois[1]; Caroline de Araujo Machado Brandão[3]; Ana da Silva Lédo[4]*

[1]Universidade Federal de Sergipe-UFS/PPGAGRI. [2]UFS, Departamento de Biologia. [3]Secretaria Municipal de Educação de Aracaju-SEMED, Aracaju, SE. [4]Embrapa Tabuleiros Costeiros. *ana.ledo@embrapa.br.

A identificação da variabilidade entre árvores matrizes pode contribuir para a seleção de fontes de sementes e para a produção de mudas de maior qualidade de umbuzeiro (*Spondias tuberosa* Arruda), além de fornecer subsídios para conservação da espécie. Objetivou-se avaliar a biometria das unidades de dispersão, a emergência de plântulas e o crescimento inicial de mudas provenientes de diferentes procedências geográficas e árvores matrizes. Foram avaliadas matrizes provenientes de Graccho Cardoso, Nossa Senhora da Glória e Poço Redondo, Sergipe, Brasil. A biometria das unidades de dispersão (comprimento, largura e espessura com auxílio de paquímetro digital e massa fresca),foi determinada em 17 matrizes, enquanto a emergência e o desenvolvimento das plântulas e mudas foram avaliados em conjuntos de matrizes selecionados nas diferentes etapas experimentais. Os dados foram submetidos a análises univariadas e multivariadas. As características biométricas das unidades de dispersão apresentaram variação significativa entre as árvores matrizes, sem diferenciação consistente entre as procedências geográficas. A emergência, a velocidade de emergência e o crescimento inicial (altura da parte aérea (H, cm), diâmetro do caule (D, mm), número de folhas e índice de clorofila foliar) também variaram entre matrizes, evidenciando diferenças no potencial de estabelecimento das plântulas. Após o transplantio, a maioria das características de crescimento apresentou comportamento semelhante entre as matrizes, enquanto diferenças foram observadas para o índice de clorofila, a biomassa radicular, o comprimento do xilopódio e o índice de qualidade de Dickson. A análise de componentes principais integrada explicou 81,43% da variação total nos dois primeiros componentes e revelou associações distintas entre as características das unidades de dispersão, a emergência, o crescimento inicial, o desenvolvimento do xilopódio e a qualidade das mudas. Não foi observado agrupamento definido das matrizes conforme a procedência geográfica. A variação observada ocorreu predominantemente entre árvores matrizes, indicando que a seleção individual das fontes de sementes pode ser mais relevante do que a procedência geográfica para a produção de mudas de umbuzeiro.

**Palavras-chave:** *Spondias tuberosa* Arruda; Caatinga; variabilidade fenotípica.

**Agradecimentos:** CAPES, CNPQ, PPGAGRI/UFS e Embrapa CPATC.

# RGV 438 - CONSERVAÇÃO *ON-FARM* DE VARIEDADES CRIOULAS DE MILHO

Gustavo Hossel[1]*; Fabio de Mello[1]; Serinei César Grigolo[1]; Joel Donazzolo[1]; Fabiane Aparecida Greselle[1]; Samuel Felipe Dias Hermann[1]; Alexandre Engster Diesel[1]; Emilly Adrielly de Campos[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) - Campus Dois Vizinhos, PR.
*gustavohossel@alunos.utfpr.edu.br

O milho (*Zea mays* L.) é um dos grãos mais utilizados na alimentação humana, através de comidas típicas, e na alimentação animal, principalmente na mistura de rações. Mesmo com a ampla disponibilidade de sementes industriais, alguns agricultores conservam e cultivam variedades crioulas de milho por características que consideram vantajosas, como o sabor mais acentuado para o consumo como milho verde ou pamonha, a coloração diferenciada dos grãos e a maior rusticidade em comparação com os híbridos. Diante da perda progressiva de recursos genéticos associada ao desaparecimento de variedades crioulas, este trabalho teve como objetivo resgatar, multiplicar e promover a conservação *on-farm* de variedades de milho de polinização aberta com agricultores da região. Através de um estudo, foram identificadas 3 variedades de fácil acesso, sendo elas Catarina, Fortuna e Colorado. As sementes foram obtidas através da empresa BMF Tec Bio da cidade de Três Passos, Rio Grande do Sul, RS. Após a obtenção das sementes, foi feita a semeadura em uma data mais distante do plantio de híbridos convencionais próximos às áreas utilizadas, a fim de evitar contaminação com as variedades crioulas. Para produzir as sementes varietais, foram selecionadas 600 espigas em boas condições a campo que serviram para retirar as sementes. Para a seleção dessas espigas foram analisadas características de campo como resistência ao ataque de pragas e doenças, altura de planta, tamanho de espiga, entre outros. Após essa primeira seleção, foi feita uma segunda, ordenada por tamanho de espigas. Após essa etapa, as extremidades das espigas foram retiradas, mantendo-se apenas as sementes da região central, mais uniformes e com maior vigor. As sementes foram conservadas em câmara fria até o plantio seguinte, quando a metodologia foi repetida por mais dois anos. Através de uma parceria da UTFPR - Campus Dois Vizinhos com o Programa CAPA de Agroecologia - Fundação Luterana de Diaconia (FLD), foram identificados cerca de 10 produtores que teriam interesse de cultivar essas variedades. Com esses agricultores, foi realizada uma oficina de produção de sementes, com o objetivo de capacitá-los a produzir as próprias sementes para uso e conservação. Posteriormente, as sementes foram distribuídas aos produtores. Como resultado, esses agricultores passaram a conservar as variedades *on-farm* em suas propriedades e a utilizá-las em seu cotidiano.

**Palavras-chave:** *Zea mays* L.; conservação; sementes crioulas.

**Agradecimentos:** A Fundação Araucária pelo financiamento do NAPI Alimento e Território e ao programa de bolsas de extensão da UTFPR.

# RGV 439 - MULTICOLINEARIDADE NÃO ALTERA A DIFERENCIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO PARA PRODUTIVIDADE E MINERAIS

Lucas Piovesan Lago[1]*; Nerinéia Dalfollo Ribeiro[1]; Sandra Maria Mazieiro[2]; Henrique da Silva Argenta[1]; Junior Ismael Ferreira[1]

[1]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Maria (UFSM). [2]Universidade Federal da Fronteira Sul (UFFS). *lucasplago@gmail.com

As análises de divergência genética têm sido empregadas para caracterizar a diversidade genética, avaliar a duplicidade de acessos armazenados e para identificar recursos genéticos para utilização em programas de melhoramento. Todavia, se houver multicolinearidade, ou seja, caracteres altamente correlacionados, poderá ocorrer erros na diferenciação dos genótipos. Esse estudo objetivou analisar se o grau de multicolinearidade altera o padrão de agrupamento de genótipos de feijão para produtividade e minerais e selecionar parentais para uso em cruzamentos controlados. Para tanto, cinco experimentos foram conduzidos entre 2022 a 2025 em Santa Maria-RS, em delineamento de blocos ao acaso, com três repetições. Nos 11 genótipos de feijão preto foram determinados a produtividade e a concentração de potássio, fósforo, cálcio, magnésio, ferro, zinco, cobre e manganês nos grãos. Os dados foram submetidos a análise de variância conjunta, diagnóstico de multicolinearidade, método de otimização de Tocher e teste de Scott-Knott. Interação genótipo × ambiente significativa foi constatada para todos os caracteres, exceto para manganês e potássio em que se verificou apenas efeito significativo. Portanto, houve variabilidade genética para todos os caracteres. Entretanto, genótipos produzidos em diferentes ambientes exibiram variação para a maioria dos caracteres. No diagnóstico de multicolinearidade foi verificado um número de condição (NC) de 465,61, revelando multicolinearidade moderada a forte, devido à alta correlação entre cálcio e manganês (r = 0,71). Após a exclusão do manganês, foi observado um NC = 37,04, indicando multicolinearidade fraca. Nos dois graus de multicolinearidade, os genótipos foram agrupados em quatro grupos pelo método de Tocher. O grupo 1 foi formado pelo maior número de genótipos (CNFP 17978, CNFP 17984, CNFP 17979, BRS FP417, CNFP 17968, CNFP 17973 e CNFP 18552), seguido pelos grupos 2 (IPR Uirapuru e IPR Urutau), 3 (BRS FP403) e 4 (BRS Esteio). Os genótipos dos grupos 2 e 4 foram contrastantes para produtividade, ferro e zinco, sendo os mais promissores para uso em cruzamentos controlados. Para o método de Tocher, a multicolinearidade não altera a diferenciação de genótipos de feijão preto para produtividade e minerais. Os cruzamentos entre BRS Esteio × IPR Uirapuru e BRS Esteio × IPR Urutau são favoráveis para a obtenção de recombinantes com variabilidade genética para produtividade, ferro e zinco.

**Palavras-chave:** *Phaseolus vulgaris* L.; divergência genética; padrão de agrupamento.

**Agradecimentos:** FAPERGS, CNPq e CAPES.

# RGV 440 - DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO-FAVA QUANTO A CARACTERES MORFOLÓGICOS E FISIOLÓGICOS

Caio Petrick Monteiro da Cruz[1]; Marcos Vinicius Carvalho Castro[1]; Lyssandra Mhara Silva de Oliveira[1]; Izanna Araujo Macedo[1]; Fernando Ribeiro Nunes de Araújo[1]; Renato Oliveira de Sousa[1]; João Vitor Morais Sousa[1]; Bruna dos Santos Torres[1]; Regina Lucia Ferreira Gomes[1]; Verônica Brito da Silva[1]

[1]Universidade Federal do Piauí (UFPI). *rlfgomes@ufpi.edu.br

O feijão-fava atualmente possui uma grande importância no mercado nacional devido à sua diversidade genética que, principalmente no Nordeste, se mostra importante para a cultura regional e para a renda em modelos de agricultura familiar, com a região possuindo mais de 95% da produção nacional desse alimento. Apesar da sua grande adaptação, a cultura ainda sofre com baixo rendimento devido a diversos fatores, como o estresse térmico e hídrico. Nesse sentido, o experimento objetivou a caracterização de 13 genótipos de feijão-fava utilizando parâmetros fisiológicos com o Analisador de Gases Infravermelho (IRGA). O experimento foi conduzido na Universidade Federal do Piauí (UFPI), localizada na cidade de Teresina, onde o mesmo foi posto em telado com delineamento inteiramente casualizado (DIC) com 4 repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância, teste de Scott-Knott e análise de componentes principais. Nas condições do experimento, com temperaturas médias de 37 ºC, observou-se um maior desenvolvimento geral nos acessos H25-63 e H25-53, com destaque para o índice de transpiração, assimilação de $CO_2$, condutância estomática, índices de clorofila “a” e “b” e eficiência instantânea de carboxilação. Porém o genótipo H25-63 obteve destaque nas variáveis de eficiência fisiológica. Além disso, o genótipo H25-53 obteve uma alta eficiência quântica do fotossistema II e razão de CO2 em relação aos demais, e os genótipos H94-30 e H94-31 destacaram-se na eficiência do uso da água e na eficiência instantânea do uso da água. A análise de componentes principais exibiu um distanciamento entre as variáveis de eficiência carboxilativa e transpiração, com destaque para os genótipos H25-67 e H25-58. Além disso, as linhagens H25-63 e H25-53 se sobressaíram quanto à eficiência de múltiplos fatores do fotossistema, evidenciando maior potencial de adaptação ao clima nordestino em comparação aos demais acessos. Esses resultados reforçam a necessidade de selecionar genótipos favoráveis para a assimilação de $CO_2$ sob condições de altas temperaturas.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; Diversidade; Fotossistema.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI) e UFPI.

# RGV 441 - AVALIAÇÃO *IN VITRO* DE EXTRATOS DE PRÓPOLIS E GEOPRÓPOLIS DE DIFERENTES ORIGENS DE SANTA CATARINA SOBRE *Xanthomonas hortorum* pv. *gardneri*

Amanda Cristina de Figueiredo[1]*; Robson Marcelo Di Piero[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina - Centro de Ciências Agrárias - UFSC/CCA.
*mandibio1502@gmail.com

A conservação e uso sustentável dos recursos genéticos são importantes para identificação e valorização de materiais com potencial de aplicação na agricultura. A própolis e a geoprópolis constituem recursos naturais de origem biológica, cuja origem geográfica pode estar associada à variabilidade de sua composição e propriedades, tornando relevante a avaliação de seu potencial de utilização. Nesse contexto, o trabalho teve como objetivo avaliar *in vitro*, o potencial antibacteriano de extratos etanólicos de própolis e geoprópolis provenientes de diferentes regiões do estado de Santa Catarina sobre *Xanthomonas hortorum* pv. *gardneri*, agente causal da mancha bacteriana do tomateiro. Foram avaliados seis extratos etanólicos de própolis vermelha (São Joaquim (SJ), Água Doce (AD), Bom Retiro (BR), Furadinho (G1) e Guarda do Cubatão (G2)) representando diferentes origens geográficas no estado de Santa Catarina. Os extratos foram incorporados ao meio Nutrient Agar (NA) na concentração de 0,5% (v/v). Foram aplicadas nas placas uma solução final de 15 ml. A inoculação foi feita com 50 microlitros de solução bacteriana padronizada a $10^{-5}$ após a inoculação de *X. gardneri*, o crescimento bacteriano foi avaliado ao final de seis dias por meio da contagem de unidades formadoras de colônias (UFC). Os tratamentos não demonstraram crescimento bacteriano, com contagem de 0 UFC, enquanto o controle apresentou cerca de 135 UFC, demonstrando que os tratamentos tiveram efeito inibidor. Os resultados evidenciam o potencial antibacteriano dos extratos de própolis e geoprópolis nas condições experimentais, indicando que esses recursos, independente da origem geográfica, podem apresentar potencial no manejo da mancha bacteriana do tomateiro. A inibição do crescimento bacteriano pode estar relacionada à presença de compostos bioativos, especialmente compostos fenólicos e flavonoides, presentes na própolis e na geoprópolis. Conclui-se que os extratos etanólicos avaliados inibiram o crescimento de *X. gardneri in vitro*.

**Palavras-chave**: recursos genéticos; atividade antibacteriana.

**Agradecimentos:** Ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Santa Catarina (CCA/UFSC) e à Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina (FAPESC), pela concessão da bolsa de mestrado e pelo apoio à realização deste trabalho.

.

# RGV 443 - DIVERGÊNCIA FENOTÍPICA ENTRE HÍBRIDOS EXPERIMENTAIS E CULTIVARES COMERCIAIS DE MORANGUEIRO

Débora Ferreira de Souza[1]*; Izabela Cristina Pires Gomes[1]; Joana D'ark Nunes da Silva Lima[1]; Emerson Brito Ribeiro[1]; Joseane Faria Silva[1]; Mickaelly Jornanya Guimarães Silva[1]; Renata Aparecida Neres Faria[1]; Maria Fernanda Leal Lacerda[1]; Mário Sérgio Carvalho Dias[1]; Luciana Cardoso Nogueira Londe[1]

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (Epamig Norte).
*deboraagrofs@gmail.com

O morangueiro (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) é uma das principais olerícolas do Brasil, cuja produção depende de cultivares estrangeiras, reforçando a importância de caracterizar germoplasma nacional para o melhoramento e a conservação de recursos genéticos. Objetivou-se avaliar o desempenho agronômico, a qualidade dos frutos e a divergência fenotípica entre híbridos experimentais de morangueiro da Epamig Norte e cultivares comerciais cultivados em campo aberto no semiárido mineiro. Foram avaliados 13 genótipos, sendo seis híbridos experimentais (EP164, EP98, EP55/59, EP133, EP21 e EP10/51) e sete cultivares comerciais (Camarosa, Oso Grande, Festival, Dover, Tudla, Aromas e Pra Estiva), em blocos casualizados, com quatro blocos e nove plantas por parcela, no Campo Experimental do Gorutuba, Nova Porteirinha, MG. Avaliaram-se 18 características quantitativas (seis agronômicas, seis físico-químicas e seis de coloração dos frutos), e os dados foram submetidos à análise de variância, ao agrupamento de médias de Scott-Knott e à divergência fenotípica pelo método UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*). Houve diferença significativa para 16 das 18 características, exceto massa e número de frutos, evidenciando ampla variabilidade fenotípica. As cultivares destacaram-se em comprimento (31,84 a 33,38 mm), diâmetro (36,64 a 39,17 mm) e firmeza dos frutos (até 6,40 N), refletindo seu histórico de seleção comercial, enquanto os híbridos destacaram-se em sólidos solúveis (7,88 a 8,88 °Brix) e relação SS/AT (Sólidos Solúveis/Acidez Titulável; 33,45 a 36,47). Os híbridos EP98 (10,92 t $ha^{-1}$) e EP133 (10,00 t $ha^{-1}$) apresentaram produtividade equivalente à das cultivares mais produtivas (8,37 a 13,45 t $ha^{-1}$), e o EP21 destacou-se pela luminosidade e cromaticidade da epiderme. O EP164 formou grupo isolado no dendrograma (correlação cofenética de 0,96), evidenciando elevada dissimilaridade fenotípica. Conclui-se que os híbridos experimentais apresentam desempenho comparável ao das cultivares e identidade fenotípica própria, confirmando seu potencial como recursos genéticos para o melhoramento voltado ao semiárido mineiro.

**Palavras-chave:** *Fragaria* × *ananassa*; caracterização; híbridos.

**Agradecimentos:** à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG), pela concessão de bolsa à primeira autora; e à Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (Epamig Norte), pelo apoio institucional.

# RGV 444 - ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE PROGÊNIES DE MORANGUEIRO *(Fragaria × ananassa Duch.)* POR MEIO DE MARCADORES ISSR

Joana D'ark Nunes da Silva Lima[1]*; Débora Ferreira de Souza[1]; Izabela Cristina Pires Gomes[1]; Joseane Faria Silva[1]; Mickaelly Jordanya Guimarães Silva[1]; Renata Aparecida Neres Faria[1]; Emerson Brito Ribeiro[1]; Maria Fernanda Leal Lacerda[1]; Samy Pimenta[2]; Luciana Cardoso Nogueira Londe[1]

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais. [2]Universidade Estadual de Montes Claros. *joanals0311@gmail.com

O morangueiro (*Fragaria* × *ananassa Duch*.) apresenta importância econômica e potencial para programas de melhoramento genético, sendo a caracterização da variabilidade existente no germoplasma fundamental para a conservação e utilização de materiais promissores. Nesse contexto, os marcadores moleculares constituem ferramentas eficientes para identificar diferenças genéticas entre materiais vegetais. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética de progênies de morangueiro pertencentes ao Banco de Germoplasma da EPAMIG Norte, utilizando marcadores *Inter Simple Sequence Repeat* (ISSR). Foram avaliadas 17 progênies originadas dos genitores 'Toyonoka', 'Sweet Charlie', 'Oso Grande', 'Camino Real', 'Dover' e 'Aleluia', mantidas em casa de vegetação sob condições controladas de temperatura e irrigação. O DNA genômico foi extraído de folhas utilizando o protocolo de Doyle e Doyle, com adaptações, e posteriormente padronizado para 50 ng de DNA/µL. A amplificação foi realizada por reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando 13 iniciadores ISSR. Os fragmentos amplificados foram avaliados em gel de agarose e os dados foram convertidos em matriz binária, considerando 1 para presença e 0 para ausência de bandas. A dissimilaridade genética foi estimada pelo coeficiente de Jaccard e o agrupamento das progênies foi realizado pelo método UPGMA. Foram obtidos 90 fragmentos, dos quais 60 foram polimórficos, correspondendo a 66,67% de polimorfismo. O coeficiente de correlação cofenética foi de 0,89, indicando elevada concordância entre a matriz de dissimilaridade e o dendrograma. O agrupamento resultou em três grupos, com as progênies 1 e 17 formando grupos isolados e apresentando maior divergência genética em relação às demais. Os resultados demonstram a eficiência dos marcadores ISSR na caracterização da variabilidade genética das progênies avaliadas e evidenciam materiais com potencial para utilização em estratégias de conservação e melhoramento genético do morangueiro. As progênies 1 e 17 destacam-se como fontes potenciais de variabilidade, evidenciando variabilidade genética e potencial para contribuir na seleção de materiais em futuros programas de melhoramento do morangueiro.

**Palavras-chave:** Melhoramento, Morangueiro, Dissimilaridade.

**Agradecimentos:** À FAPEMIG, pelo apoio financeiro e concessão de bolsa, e a EPAMIG, pelo apoio institucional.

# RGV 445 - VOLUME DE MEIO E INTERVALO DE IMERSÃO NA MULTIPLICAÇÃO *IN VITRO* DE MORANGUEIRO EM BIORREATOR

Luciana Nogueira Londe[1]*; Renata Aparecida Neres Faria[1]; Emerson Brito Ribeiro[1]; Joseane Faria Silva[1]; Débora Ferreira de Souza[1]; Joana D'ark Nunes da Silva Lima[1]; Mickaelly Jordanya Guimarães Silva[1]; Izabela Cristina Pires Gomes[1]; Maria Fernanda Leal Lacerda[1]

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais, EPAMIG Norte, Nova Porteirinha, MG.
*luciananogueiralonde@gmail.com

A produção brasileira de morangueiro (*Fragaria* × *ananassa* Duch.) apoia-se quase integralmente em cultivares estrangeiras, o que limita a adaptação às condições nacionais. A obtenção de progênies adaptadas ao semiárido mineiro depende do uso efetivo dos recursos genéticos em programas de melhoramento. Progênies de cruzamentos dialélicos não se reproduzem fielmente por sementes, e sua conservação exige propagação clonal. Os biorreatores de imersão temporária permitem troca gasosa e maior contato do material vegetal com os nutrientes e aumentam as taxas de multiplicação, mas seus parâmetros operacionais são pouco estabelecidos para a cultura. Objetivou-se avaliar volumes de meio líquido e intervalos do ciclo de imersão na multiplicação *in vitro* da progênie EP 55 de morangueiro. O trabalho foi conduzido na EPAMIG Norte, Nova Porteirinha, MG. Explantes do terceiro subcultivo foram levados a biorreatores BioTilt, nos quais a imersão ocorre por rotação programada dos frascos. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado em esquema fatorial 4 × 2, combinando quatro volumes de meio líquido (150, 200, 250 e 300 mL) e dois intervalos entre ciclos (1 e 3 h), com imersão de cinco minutos, em três repetições de um frasco com quatro explantes. Aos 47 dias avaliaram-se comprimento do explante, número de brotos, comprimento e diâmetro médios dos brotos e número de folhas, sendo a média por frasco a unidade experimental. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5%. Não houve interação entre os fatores. O intervalo de uma hora superou o de três quanto ao comprimento do explante (5,27 e 4,40 cm), ao número de brotos (6,42 e 4,81), ao comprimento médio (3,90 e 3,24 cm) e ao diâmetro médio dos brotos (2,44 e 2,10 mm), sem diferença para número de folhas. Quanto ao volume, o maior número de brotos ocorreu em 150 mL (7,12), diferindo apenas de 300 mL (4,17), e o maior diâmetro em 250 mL (2,50 mm). O comprimento médio dos brotos não foi afetado pelo volume, indicando que o alongamento, prioritário nesta fase por se tratar de explantes do terceiro subcultivo, é mantido mesmo no menor volume. Indica-se, portanto, 150 mL associado à imersão a cada uma hora, por assegurar elevada multiplicação e o mesmo alongamento com menor consumo de meio de cultura.

**Palavras-chave:** *Fragaria* × *ananassa*; micropropagação; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** à FAPEMIG pela bolsa e pelo financiamento, e à EPAMIG pelo apoio institucional.

**RGV 447 - CRIOPRESERVAÇÃO DE PÓLEN DE DIPLOIDES SILVESTRES DE *Musa* spp.**

Vanessa de Oliveira do Lago[1]; Lucymeire Souza Morais Lino[2]; Fernanda Vidigal Duarte Souza[2]; Janay Almeida dos Santos Serejo[2]*

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [2]Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*janay.serejo@embrapa.br

A criopreservação de pólen é uma estratégia promissora para conservação de recursos genéticos e apoio a programas de melhoramento genético da bananeira, permitindo o armazenamento de gametas masculinos viáveis por longos períodos. O presente estudo objetivou determinar o tempo de desidratação mais adequado visando congelamento em nitrogênio líquido (-196 °C), de grãos de pólen de acessos diploides silvestres de Musa acuminata com base na avaliação da germinação *in vitro* e do crescimento do tubo polínico. Foram avaliados sete acessos pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de Banana da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA. Os grãos de pólen foram submetidos à desidratação por 6h e 24 h em sílica gel, seguida de criopreservação por aproximadamente 24 horas. Constatou-se que o conteúdo de água diminuiu significativamente com o tempo de desidratação, atingindo valores entre 22,0% e 31,9% após 24 horas. A germinação *in vitro* e o crescimento do tubo polínico apresentaram respostas dependentes do genótipo e do tratamento aplicado. De modo geral, a desidratação por 6 horas favoreceu a germinação imediata, variando de 53,67 no BGB064 (IDO110), a 91% no BGB045 (Krasan Saichon). Entretanto, após a criopreservação, a desidratação por 24 horas promoveu maior taxa de germinação dos grãos de pólen para os acessos BGB045 (85%) e BGB064 (60,33%) e maior comprimento do tubo polínico, 3,43 mm e 2,57 mm, respectivamente. Em contraste, o BGB065 (Pisang Cici) e o BGB025 (Pisang Lidi), apresentaram redução acentuada ou perda total da viabilidade após o armazenamento criogênico. Os resultados demonstram que a resposta do grão de pólen aos processos de desidratação e criopreservação é dependente do genótipo. A criopreservação apresenta-se como ferramenta viável para conservação e utilização de recursos genéticos de *Musa* spp.

**Palavras-chave:** Banana; nitrogênio líquido; germinação *in vitro*.

**Agradecimentos:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), Embrapa e UFRB.

# RGV 448 - CRIOPRESERVAÇÃO DE SUSPENSÕES CELULARES DE BANANEIRA cv. PRATA ANÃ POR CONGELAMENTO LENTO

Milena Trindade Silva[1]; Lucymeire Souza Morais Lino[2]; Fernanda Vidigal Duarte Souza[2]; Janay Almeida dos Santos Serejo[2]

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [2]Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*janay.serejo@embrapa.br

A banana (*Musa* spp.) é uma das culturas mais importantes mundialmente sendo amplamente cultivada em regiões tropicais e subtropicais. Técnicas biotecnológicas associadas à cultura de tecidos como a embriogênese somática e a criopreservação têm se destacado na propagação, conservação e manutenção de materiais genéticos de interesse agrícola. Diante da importância da conservação de materiais embriogênicos de bananeira e da necessidade de otimização de protocolos de criopreservação para diferentes genótipos e condições experimentais, este estudo tem como objetivo avaliar a capacidade embriogênica e regenerativa e a estabilidade genética de suspensões celulares de bananeira submetidas à criopreservação por congelamento lento utilizando diferentes concentrações do crioprotetor DMSO. O experimento foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos (LCT) da Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, Bahia. O material utilizado no experimento de criopreservação por congelamento lento foi composto por suspensões celulares embriogênicas de bananeira 'Prata Anã' estabelecidas a partir de calos embriogênicos derivados de inflorescências masculinas. Os aglomerados celulares foram submetidos a três tratamentos com diferentes concentrações de dimetilsulfóxido (DMSO), utilizado como agente crioprotetor. Os tratamentos consistiram em: T1: 5% DMSO, T2: 7,5% DMSO e T3: 10% DMSO. O tratamento contendo menor concentração de DMSO (T1-5%) apresentou reduzida capacidade regenerativa, totalizando 89 plantas regeneradas. Em contrapartida, os tratamentos contendo concentrações superiores do crioprotetor apresentaram maior eficiência regenerativa, com obtenção de 240 plantas no tratamento T2 (7,5% DMSO) e 343 plantas no tratamento T3 (10% DMSO). O tratamento T1 apresentou reduzido volume celular atingindo apenas 120 µL ao final do período de cultivo, enquanto que os tratamentos T2 e T3 apresentaram maior capacidade de recuperação e proliferação celular, alcançando volumes de 9,0 mL e 8,7 mL, respectivamente. Em todos os tratamentos foi observada fluorescência nas células analisadas, indicando presença de células viáveis após o processo de criopreservação. O protocolo de criopreservação empregado neste estudo mostrou-se adequado para a conservação de suspensões celulares de bananeira.

**Palavras-chave:** *Musa* spp.; suspensões celulares; dimetilsulfóxido.

**Agradecimentos:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), Embrapa e UFRB.

# RGV 451 - AVANÇO NA CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE *CARYOCAR BRASILIENSE* (PEQUI): NOVA MONTAGEM DE REFERÊNCIA EM NÍVEL DE PSEUDOCROMOSSOMOS

Leonardo C. J. Corvalán[1]; Larissa R Carvalho[1,2]; Cíntia P. Targueta[1,3]; Alba V. M. de Araújo[1]; Ramilla dos S. Braga-Ferreira[1]; Carmen E. Barragán-Ruiz[1]; Renata de O. Dias[1]; Rhewter Nunes[2]; Thannya N. Soares[1]; Mariana P. de C. Telles[1,4]*

[1]Laboratório de Genética & Biodiversidade (LGBio), ICB, UFG. [2]Laboratório de Bioinformática e Biodiversidade (LBB), IACSB, UEG. [3]Hospital Veterinário, EVZ - UFG. [4]ECMV, PUC Goiás.
*tellesmpc@gmail.com

O pequizeiro (*Caryocar brasiliense*) é uma espécie nativa do Cerrado de elevada importância ecológica, econômica e sociocultural, constituindo relevante recurso genético da sociobiodiversidade brasileira. Apesar dessa importância, a espécie ainda possui uma montagem genômica fragmentada, o que limita estudos de diversidade, evolução, conservação e uso sustentável. Este estudo teve como objetivo gerar uma nova montagem de referência de *C. brasiliense* com maior contiguidade. Para tanto, DNA de alto peso molecular foi extraído de folhas, avaliado quanto à qualidade e concentração, e, posteriormente, fragmentado, seguido da remoção de fragmentos curtos e preparação da biblioteca com o kit SQK-LSK114. O sequenciamento de leituras longas foi realizado na plataforma Oxford Nanopore P2 Solo com *flowcell* PromethION R10.4.1. Os dados Hi-C foram gerados na *facility* Arima. As leituras de sequenciamento passaram por controle de qualidade (Q > 15), filtragem de tamanho (>10.000 pb) e remoção de adaptadores. As leituras Hi-C foram filtradas (Q>20) e removidos adaptadores. O genoma foi montado utilizando a estratégia de montagem *de novo*, remoção de duplicações e contaminantes para obtenção de *scaffolding* com leituras Hi-C. Ao total foram obtidos 36 Gb de leituras longas filtradas e 34,4 Gb de dados Hi-C. A montagem final apresentou 562,99 Mb distribuídos em 179 *scaffolds*, com N50 de 21,27 Mb (L50 = 12) e N90 de 2,8 Mb (L90 = 28). Os 23 maiores *scaffolds*, sustentados pelos dados Hi-C, correspondem às 23 pseudomoléculas cromossômicas da espécie. A avaliação por BUSCO indicou 94,7% de completude, com 37,7% dos genes classificados como duplicados, resultado consistente com a hipótese de ocorrência de eventos de duplicação genômica ao longo da evolução da espécie. A nova montagem representa avanço substancial na disponibilidade de recursos genômicos para *C. brasiliense* e poderá subsidiar estudos de diversidade genética, evolução, conservação e uso sustentável dos recursos genéticos do pequizeiro.

**Palavras-chave:** Cerrado; Genômica da biodiversidade; Recursos genéticos.

**Agradecimentos:** INCT-EECBio (CNPq- proc. 409197/2024-6); BioGenomas (CNPq - proc. 444522/2024-7); PPBIO Araguaia (CNPq - proc. 441114/2023-7); CEGGen (FAPEG proc. 202410267001291); Universal (CNPq - Proc. 408094/2025-7).

# RGV 455 - DESEMPENHO AGRONÔMICO E ECOFISIOLÓGICO DA VIDEIRA 'MONTEPULCIANO' NA REGIÃO DE SÃO JOAQUIM, SANTA CATARINA

Sol Anahí Quesnel Kiefl[1]*; Gabriel Menegusso Girardello[1]; Maria Eduarda Bosquetti Bittencourt[1]; Emanuel Scalfi Santos[1]; Lenita Cabral dos Anjos[1]; Aparecido Lima da Silva[1]; Alberto Fontanella Brighenti[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *sol.kiefl@gmail.com

A viticultura de altitude no Brasil tem se expandido em busca de qualidade enológica superior, com destaque para a Serra Catarinense, onde condições edafoclimáticas acima de 900 m favorecem o amadurecimento tecnológico e fenólico das uvas. Este estudo objetivou caracterizar o desempenho agronômico e ecofisiológico da videira 'Montepulciano' (*Vitis vinifera* L.) em vinhedo comercial de altitude. O experimento foi conduzido na Vinícola Leone di Venezia, em São Joaquim, Santa Catarina (28°14'18"S; 49°57'15"O; aproximadamente 1.400 m), na safra 2025/2026. As plantas, conduzidas em espaldeira (2,4 × 1,2 m) e enxertadas sobre Paulsen 1103, foram avaliadas quanto à arquitetura do dossel, área foliar, trocas gasosas, teor de clorofila, índices produtivos e composição do mosto. A análise estatística incluiu estatística descritiva, teste de Shapiro-Wilk, identificação de outliers e PCA. As variáveis produtivas apresentaram maior variabilidade entre plantas (CV 40%), enquanto as estruturais do dossel foram mais homogêneas (CV 5,5-8,3%), com média de duas camadas foliares, indicando manejo adequado; a variabilidade foi atribuída a diferenças no solo. A PCA explicou 64,1% da variabilidade, revelando um eixo de atividade estomática inversamente relacionado ao porte vegetativo e à produção (PC1), e outro de carga produtiva por área foliar, relacionado à produção e fertilidade (PC2). Na maturação, as uvas apresentaram 20,53 °Brix e acidez titulável de 96,93 meq $L^{-1}$, com produtividade estimada de 27,12 Mg $ha^{-1}$. A cultivar mostrou elevada eficiência no uso da água e taxas de carboxilação comparáveis ou superiores às de Chardonnay e Pinot Noir da mesma região. Contudo, a relação produção/área foliar (2,89 kg $m^{-2}$) situou-se acima da faixa adequada à maturação plena (0,71-1,43 kg $m^{-2}$), indicando que o principal fator limitante ao equilíbrio fonte-dreno foi a carga frutífera em relação à superfície fotossintética disponível. Conclui-se que a 'Montepulciano' é um recurso genético promissor para a viticultura de altitude de São Joaquim, com desempenho ecofisiológico compatível com as condições locais. Recomenda-se, contudo, o ajuste da carga produtiva para otimizar o equilíbrio fonte-dreno, potencializando a qualidade e a sustentabilidade produtiva da variedade nesse ambiente.

**Palavras-chave:** trocas gasosas; viticultura de altitude; *Vitis vinifera* L.

**Agradecimentos:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa e apoio financeiro.

# RGV 459 - PROSPECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE BANANAS COMERCIALIZADAS NA FEIRA DE AGROECOLOGIA DA UFRRJ

Isabel Silva Pereira[1]; Ygor Egídio de Oliveira[1]; Paula Nascimento da Silva Jacintho[2]; Eulina Brito Marinho[1]; Thiago Franco de Paula[1]; Marilene Hilma dos Santos[1]*; Victor Hugo Fernandes[3]

[1]Universidade Federal do Rio de Janeiro. [2]EMATER. [3]Colégio Técnico da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. *marilenesantos@ufrrj.br

A bananicultura possui importância histórica na Baixada Fluminense, com registros de plantios desde 1770. Ao longo dos séculos, o cultivo se expandiu, formando pequenos bananais na região e áreas adjacentes. Atualmente, a banana permanece como importante cultura agrícola, especialmente na agricultura familiar, cujos agricultores contribuem para a conservação de recursos genéticos vegetais adaptados às condições locais. Desde 2016, a Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) promove a Feira da Agricultura Familiar (FAF Seropédica), espaço de comercialização da produção de agricultores familiares locais. Este trabalho objetivou prospectar materiais de bananeira comercializados na FAF Seropédica, visando à caracterização morfológica preliminar e a subsidiar futuras ações de coleta e conservação de germoplasma. Os frutos foram adquiridos em março de 2026, com uma penca de cada tipo disponibilizado pelos produtores na Feira. A caracterização morfológica foi realizada no Laboratório de Melhoramento e Genética Vegetal/UFRRJ, com base nos descritores propostos pelo IBPGR, considerando seis frutos da região mediana de cada penca. Os dados foram submetidos à estatística descritiva, utilizando medidas de tendência central e dispersão para os caracteres quantitativos e distribuição de frequência para os qualitativos. Foram prospectados cinco materiais de bananeira, registrados segundo os nomes comuns utilizados pelos produtores: Prata, Pratinha, Prata Pacovan e Prata-mel. A caracterização morfológica indicou variabilidade entre os materiais, com maior variação relativa no comprimento do pedicelo (CV = 40,62%), seguido pelo comprimento do fruto (CV = 15,37%), enquanto os diâmetros do pedicelo (CV = 6,59%) e do fruto (CV = 7,55%) apresentaram menor variabilidade. O formato do fruto foi o único descritor qualitativo uniforme (100% curvado), enquanto os demais apresentaram variação, especialmente sabor e ápice. Os resultados evidenciam diferenças morfológicas entre os materiais e indicam a feira como um espaço estratégico para a prospecção de variedades de banana de ocorrência local, contribuindo para a identificação de materiais de interesse para futuras ações de coleta e conservação de recursos genéticos vegetais.

**Palavras-chave**: Bananicultura; agricultura familiar; caracterização preliminar.

**Agradecimentos**: À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ) e aos agricultores familiares participantes da FAF Seropédica.

# RGV 460 - DESENVOLVIMENTO FENOLÓGICO DE ACESSOS DE *Physalis peruviana* L. EM CULTIVO PROTEGIDO EM SEROPÉDICA, RIO DE JANEIRO

Leonardo Floriano de Azevedo[1]; Isabel Silva Pereira[1]; Ygor Egídio de Oliveira[1]; Paula Nascimento da Silva Jacintho[2]; Eulina Brito Marinho[1]; Thiago Franco de Paula[1]; Marilene Hilma dos Santos[1]*

[1]Universidade Federal do Rio de Janeiro. [2]EMATER. *marilenesantos@ufrrj.br

A *Physalis peruviana* L. é a espécie mais consumida do gênero *Physalis* e destaca-se por suas propriedades medicinais e alto valor nutricional. No Brasil, essa cultura tem se mostrado uma alternativa viável para pequenos e médios produtores, dada sua ampla adaptação e manejo relativamente simples. Em regiões onde seu cultivo ainda é pouco difundido, a introdução de germoplasma como método de melhoramento constitui uma estratégia inicial para ampliar as possibilidades de cultivos e avaliar materiais com potencial de adaptação às condições locais. Este trabalho teve como objetivo caracterizar a fenologia de genótipos de *Physalis* em cultivo protegido no município de Seropédica, Rio de Janeiro. A fenologia foi avaliada pela escala BBCH, adaptada para *Physalis* spp., utilizando três acessos de *P. peruviana* L. e *P. angulata* L. como testemunha, cadastrada no SisGen (AC62B27) e pertencente à coleção do Laboratório de Melhoramento e Genética Vegetal/UFRRJ. O ensaio foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com cinco repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Houve diferença significativa entre os tratamentos pelo teste F (5%). Entretanto, os genótipos de *P. peruviana* apresentaram comportamento fenológico semelhante ($p \geq 0,05$) para a maioria dos estádios avaliados. As diferenças observadas estiveram associadas à antecipação das fases reprodutivas de *P. angulata* em relação a *P. peruviana*, evidenciando comportamento fenológico distinto entre as espécies. Os tratamentos de *P. peruviana* germinaram aos 16 dias após a semeadura, emitiram o primeiro botão floral visível aos 37 dias após o transplantio (DAT) e apresentaram antese aos 49 DAT, indicando comportamento precoce em relação a estudos realizados no Sul do Brasil. Os resultados obtidos neste trabalho contribuem para o conhecimento do ciclo da cultura no município de Seropédica e podem subsidiar o planejamento do manejo e do calendário de cultivo de *P. peruviana*, bem como fornecer informações para programas de melhoramento genético voltados à seleção de materiais adaptados às condições locais.

**Palavras-chave:** Introdução; estádios fenológicos; physalis.

**Agradecimentos:** À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro (UFRRJ), pelo apoio à realização deste trabalho.

# RGV 461 - EFEITO DE ÁCIDO GIBERÉLICO E DIFERENTES ESPECTROS LUMINOSOS SOBRE A GERMINAÇÃO E O DESENVOLVIMENTO *IN VITRO* DE *Feijoa sellowiana*

Sol Anahí Quesnel Kiefl[1]*; Nicoly Schelbauer D'Oliveira[1]; Maria Eduarda Bosquetti Bittencourt[1]; Thiago Sanches Ornellas[1]; Leonardo Araujo[2]; Lírio Luiz Dal Vesco[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]

[1]Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (EPAGRI), Unidade São Joaquim. *sol.kiefl@gmail.com

*Feijoa sellowiana* (O. Berg) O. Berg é uma espécie frutífera nativa do Sul do Brasil com elevado potencial econômico, nutricional e farmacológico, representando um valioso recurso genético vegetal para a conservação e propagação. O objetivo deste trabalho foi avaliar os efeitos da combinação de diferentes concentrações de ácido giberélico ($GA_3$) e espectros luminosos sobre a germinação e o desenvolvimento *in vitro* de *F. sellowiana*. O experimento foi conduzido na UFSC, em delineamento em blocos casualizado, em esquema fatorial 4 × 5, quatro concentrações de $GA_3$ (0; 0,5; 1,0 e 1,5 µM), suplementado ao meio de cultura MS, combinados com cinco espectros luminosos (LED vermelho, azul, vermelho+azul, branco e escuro). A germinação média foi de 98,66%, aos 30 dias ($G_{30}$) após a inoculação. O Tempo Médio de Germinação (*TMG*) variou significativamente com a luz ($p < 0,001$): os espectros vermelho + azul (17,01 dias), vermelho (17,10 dias) e azul (17,36 dias) promoveram germinação mais rápida que a luz branca (19,14 dias) e a obscuridade (19,73 dias). No crescimento das plântulas aos 30 dias, observou-se interação significativa entre luz e $GA_3$ ($p < 0,001$). Na ausência de $GA_3$ no meio de cultura, as luzes vermelha (31,2 mm), azul (25,9 mm) e vermelho + azul (24,7 mm) favoreceram maior alongamento radicular frente ao branco (18,1 mm) e ao escuro (17,0 mm); vermelho e azul diferiram significativamente de ambos, enquanto vermelho + azul mostrou a mesma tendência sem atingir significância estatística plena. A suplementação de $GA_3$ inibiu o crescimento da raiz sob cultivo na luz (8 - 18 mm), no entanto, estimulou moderadamente o alongamento da parte aérea. O cultivo no escuro combinado com o uso de $GA_3$ induziu o estiolamento da parte aérea, com máxima altura nas doses de 1,0 e 1,5 µM. O índice de vigor de plântulas (*SVI*) foi superior na ausência de $GA_3$ e sob luz vermelha (43,3) e, em segundo plano, sob luz azul (34,2) e vermelho + azul (32,6). Conclui-se que os espectros de luz azul, vermelho e vermelho + azul aceleram a germinação, e que o $GA_3$ exógeno inibe o crescimento radicular sob os espectros luminosos utilizados.

**Palavras-chave:** Fotomorfogênese; vigor de plântulas; giberelinas.

**Agradecimentos:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão de bolsa e apoio financeiro.

# RGV 462 - PROPAGAÇÃO CLONAL COMO ESTRATÉGIA PARA CONSERVAÇÃO E USO DE RECURSOS GENÉTICOS DE OLIVEIRA (*Olea europaea L.*): EFEITO DA SACAROSE, ÁCIDO INDOLBUTÍRICO E MIO-INOSITOL NO VIGOR DE MINIESTACAS

Tháliton Martins Morais[1]; Luana Piana Cristina do Amaral[1]; Sandra Regina Cabel[1]*; Juliana Degenhardt-Goldbach[2]

[1]Pontifícia Universidade Católica do Paraná - PUCPR; [2]Embrapa Florestas.
*sandra.cabel@pucpr.br

A conservação e o uso sustentável dos recursos genéticos vegetais dependem da disponibilidade de protocolos eficientes para multiplicação clonal de genótipos superiores, capazes de manter sua identidade genética para pesquisa, conservação e melhoramento. Em espécies perenes como a oliveira (*Olea europaea L.*), a propagação vegetativa representa uma ferramenta estratégica para a conservação *ex situ* de cultivares de interesse. Nesse contexto, o presente trabalho objetivou avaliar o potencial da sacarose, aplicada isoladamente ou em associação ao ácido indolbutírico (AIB) e ao mio-inositol, na indução do enraizamento e na manutenção do vigor de miniestacas da cultivar Picual. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com cinco tratamentos e 30 repetições: T0 (água deionizada), T1 (sacarose 2 mg $L^{-1}$), T2 (sacarose 2 mg $L^{-1}$ + AIB 0,2 mg $L^{-1}$), T3 (sacarose 2 mg $L^{-1}$ + AIB 0,2 mg $L^{-1}$ + mio-inositol 1 mg $L^{-1}$) e T4 (sacarose 2 mg $L^{-1}$ + mio-inositol 1 mg $L^{-1}$). As soluções foram aplicadas diariamente por 15 dias, via micropipetagem em algodão fixado na região apical. Foram avaliadas as variáveis: enraizamento, sobrevivência, mortalidade, manutenção da coloração verde das folhas e retenção foliar. Não houve diferença estatística significativa para enraizamento e sobrevivência. O controle não apresentou estacas enraizadas, enquanto T1, T2 e T4 atingiram 3,33% e T3 obteve 10%. A sobrevivência foi de 96,66% em T0 e 100% nos tratamentos contendo sacarose. Para manutenção de miniestacas verdes, T4 apresentou 100%, seguido por T3 (93,33%), T0 (83,33%), T2 (80%) e T1 (66,66%). A retenção foliar foi maior em T3 (82,33%), seguida por T2 (73,33%), T0 (60%), T1 (56,66%) e T4 (20%), com diferenças significativas para os parâmetros de vigor. O conjunto dos resultados indica maior vigor fisiológico em T3, associado à manutenção da coloração verde e à retenção foliar. Em contrapartida, a aplicação isolada de sacarose esteve associada à maior ocorrência de atividade fúngica e menor desempenho fisiológico. Embora o enraizamento ainda seja insuficiente para aplicação comercial, a associação entre sacarose, AIB e mio-inositol mostrou potencial para otimizar protocolos de propagação clonal, contribuindo para a multiplicação, conservação e utilização de recursos genéticos de oliveira em coleções clonais, bancos de germoplasma e programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** conservação *ex situ*; propagação clonal; rizogênese.

**Agradecimentos:** À Pontifícia Universidade Católica do Paraná (PUCPR), ao Programa Institucional de Bolsas de Iniciação e à Embrapa Florestas.

# RGV 465 - VARIABILIDADE QUÍMICA DE MORFOTIPOS DE PAU-ROSA (*Aniba* spp., Lauraceae): SUBSÍDIOS PARA A SELEÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS NA AMAZÔNIA

Caroline Schmaedeck Lara[1]*; Rayssa Gomes Vasconcelos[1]; Paulo de Tarso Barbosa Sampaio[1]; Lauro Euclides Soares Barata[2]; Sergio Duvoisin Junior[3]

[1]Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. [2]Universidade Federal do Oeste do Pará. [3]Universidade do Estado do Amazonas. *caroline.lara@inpa.gov.br

Pau-rosa (*Aniba* spp., Lauraceae) é um recurso florestal de alto valor econômico na Amazônia, utilizado historicamente para a produção de óleo essencial rico em fragrâncias para a perfumaria mundial. Produtores locais reconhecem diferentes tipos de pau-rosa com base em características morfológicas, mas pouco se conhece sobre as diferenças na sua composição química. A caracterização desses perfis pode contribuir para identificar e selecionar recursos genéticos de interesse para a silvicultura e conservação da espécie. Nesta pesquisa, avaliamos a composição dos voláteis de 40 árvores reconhecidas como pau-rosa por agricultores familiares, distribuídas em seis populações da Amazônia Central (Itacoatiara, Maués, Parintins, São Sebastião do Uatumã, Silves e Urucará), e agrupadas em cinco morfotipos: “embaúba”, “embaúba do Uatumã”, “itaúba”, “jutaí” e “preciosa” conforme os produtores locais os reconhecem. Amostras de folhas, galhos e madeira foram analisadas por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas por *headspace* estático (HS-GC/MS). A variabilidade da composição volátil foi avaliada por análise de variância multivariada permutacional (PERMANOVA). A composição volátil diferiu entre populações (F=4,310; p=0,0001), morfotipos (F=2,654; p=0,0001) e partes da planta (F=17,246; p=0,0001). O linalol foi identificado como composto majoritário em quatro morfotipos, variando entre 57,5 - 68,9% em “embaúba”, 69,2 - 84,7% em “itaúba”, 58,7 - 77,8% em “jutaí” e 71,4 - 76,5% em “preciosa”. Em contraste, não foi detectado linalol no morfotipo “embaúba do Uatumã”, caracterizado por maiores proporções de o-cimeno, eucaliptol e α-pineno, embora produtores locais relatem seu uso histórico para produção de óleo essencial de pau-rosa na região. Esses resultados reforçam a importância da análise da composição volátil na caracterização e seleção de matrizes de pau-rosa. Estudos filogenéticos poderão ampliar o entendimento sobre a delimitação e a história evolutiva das espécies e permitir avaliar possíveis associações entre linhagens e perfis químicos, fornecendo novas bases para a conservação e o uso desses recursos genéticos.

**Palavras-chave:** *Aniba rosiodora* Ducke; Lauraceae; HS-GC/MS.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM) pelo fomento, e ao Programa de Pós-Graduação em Ciências de Florestas Tropicais (PPG-CFT/INPA) e à Universidade do Estado do Amazonas (UEA) pelo apoio à pesquisa.

# RGV 466 - RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS E FORMAÇÃO EM BIOLOGIA: LACUNAS CURRICULARES E PERSPECTIVAS PARA A ASTROBOTÂNICA

Eduardo Lima Bomfim[1]*; Antonio Carlos de Oliveira[1]

[1]Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, *campus* Vitória da Conquista/BA.
*edwardlima77@gmail.com

A conservação, caracterização e utilização dos recursos genéticos vegetais, inclusive em contextos de exploração espacial, requerem formação interdisciplinar. Os Sistemas Biorregenerativos de Suporte à Vida (BLSS) demandam o uso e a conservação de materiais vegetais geneticamente diversos, selecionados para desempenho sob condições ambientais extremas. Na interface entre as ciências biológicas e a exploração espacial, conhecimentos de fisiologia vegetal, microbiologia, genética e biotecnologia podem contribuir para o desenvolvimento de sistemas de suporte à vida em missões espaciais de longa duração. Objetivou-se investigar como a graduação em biologia aborda e promove os recursos fitogenéticos sob a perspectiva astrobiológica. Realizou-se uma pesquisa documental quali-quantitativa e análise contextual em projetos pedagógicos de graduação em Biologia/Ciências das Plantas de 14 instituições (sete brasileiras e sete estrangeiras), incluindo USP, UFSC, Massachusetts Institute of Technology (MIT/USA) e a Wageningen University & Research (WUR/NL). A busca contemplou descritores como Astrobotânica, Astrobiologia, Exobiologia, microgravidade e ambientes extremos. Nenhuma instituição apresentou Astrobotânica como componente explícito do núcleo obrigatório de formação. Houve aproximações com Exobiologia, origem da vida, habitabilidade planetária, extremófilos e procura de vida extraterrestre. Contudo, não foram identificadas articulações explícitas desses conteúdos com fisiologia vegetal em condições espaciais, efeitos de gravidade parcial, radiação espacial ou utilização de recursos fitogenéticos em sistemas fechados. A WUR apresenta formação avançada em biotecnologia vegetal, edição gênica, bioinformática, fisiologia do estresse, modelagem e cultivo controlado. No MIT, o currículo de Biologia apresenta forte ênfase em biologia molecular, genética, genômica e biotecnologia. Mesmo com elevado domínio técnico, a aplicação educacional permanece circunscrita, por ora, a cultivos terrestres. Nos cursos brasileiros, ecofisiologia, conservação, melhoramento e recursos fitogenéticos são tratados sob o escopo de agroecossistemas e restauração ambiental. Os resultados sugerem lacuna na integração entre competências formativas em Biologia e biologia vegetal espacial. A Astrobotânica permanece ausente do núcleo formativo principal, embora a pesquisa aeroespacial já demande cultivo vegetal, bioprospecção e manejo de germoplasma em ambientes extremos. A atualização das matrizes curriculares poderá formar profissionais aptos a atuar na fisiologia vegetal espacial e no manejo *ex situ* em BLSS.

**Palavras-chave:** Astrobotânica; Conservação *ex situ*; Recursos Fitogenéticos.

**Agradecimentos:** UESB.

# RGV 467 - DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÔMICA DE POPULAÇÕES DE *Euterpe precatoria* E *Euterpe oleracea* NA AMAZÔNIA BRASILEIRA

Marcos Antônio Oliveira Rodrigues Gomes[1]*; Eduardo Antonio Monge-Castro[1]; Ana Flávia Francisconi[1]; Zirlane Portugal da Costa[1]; Gabriela de Oliveira Fornazier[1]; Maria Imaculada Zucchi[2]

[1]Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. [2]Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA), Polo Centro Sul, Piracicaba, Brasil. *rodrigues.marcos@usp.br

As palmeiras *Euterpe precatoria* Mart. e *Euterpe oleracea* Mart. constituem importantes recursos genéticos da Amazônia, devido à sua relevância ecológica, econômica e sociocultural e ao uso de seus frutos, principalmente para alimentação e geração de renda. *Euterpe oleracea*, conhecida como açaí-do-Pará, apresenta ampla exploração comercial, enquanto *E. precatoria*, o açaí-solteiro, possui distribuição predominante na porção ocidental da Amazônia. A crescente demanda pelos frutos e a intensificação da exploração desses recursos reforçam a necessidade de compreender a variabilidade genética existente nas espécies e sua distribuição entre populações. Nesse contexto, este estudo teve como objetivo caracterizar a diversidade e a estrutura genômica de populações de *E. precatoria* e *E. oleracea* na Amazônia brasileira, visando contribuir para a conservação e o uso sustentável desses recursos genéticos. Foram analisados 156 indivíduos, distribuídos em 16 populações de *E. precatoria* e 15 de *E. oleracea*, amostradas em diferentes localidades da Amazônia brasileira. As amostras foram submetidas ao sequenciamento genômico de baixa cobertura (lcWGS), seguido de controle de qualidade, mapeamento contra genoma de referência e identificação de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs). A estrutura da diversidade genômica foi investigada por análise de componentes principais (PCA), além de análises de estrutura populacional e diferenciação genética. A PCA conjunta evidenciou separação entre as duas espécies, enquanto as análises realizadas dentro de cada espécie revelaram estruturação genética entre populações. Em *E. oleracea*, os dois primeiros componentes principais explicaram 15,12% da variação genômica, sendo 13,27% atribuídos ao PC1 e 1,85% ao PC2. Em *E. precatoria*, PC1 e PC2 explicaram conjuntamente 8,61% da variação, correspondendo a 7,21% e 1,40%, respectivamente, evidenciando a existência de agrupamentos genéticos entre as populações. Esses resultados demonstram que a diversidade genômica de *Euterpe* apresenta estruturação tanto entre espécies quanto dentro delas, indicando que diferentes populações contribuem de forma distinta para a diversidade genética disponível. A caracterização desses padrões fornece informações relevantes para a definição de estratégias de conservação *in situ* e *ex situ*, manejo e utilização sustentável dos recursos genéticos de *Euterpe* na Amazônia.

**Palavras-chave:** diversidade genômica; estrutura populacional; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** Universidade de São Paulo, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Instituto Federal do Piauí, Capes e Fealq.

# RGV 471 - MONTAGEM E ANOTAÇÃO DO GENOMA DE REFERÊNCIA PARA A CEREJEIRA-DO-RIO-GRANDE (*Eugenia involucrata* DC.)

Sophia Cassol[1]*; Gabriel Menegusso Girardello[1]; Ingrid Lohani Degering Brand[1]; Yohan Fritsche[1]; Peggy Thalmayr[2]; Valdir Marcos Stefenon[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Universidad Nacional de Misiones.
*sophiacassol@gmail.com

A cerejeira-do-Rio-Grande (*Eugenia involucrata* DC.) é uma frutífera com alto potencial econômico, apesar de subexplorada. Assim como a maioria das Myrtaceae nativas, carece de um genoma de referência de alta qualidade. Ferramentas biotecnológicas como o sequenciamento de nova geração permitem ampliar o conhecimento da estrutura genômica e possibilitar avanços no melhoramento e conservação de recursos genéticos. Este trabalho apresenta a montagem e anotação do genoma nuclear de *E. involucrata*, gerando um recurso genômico inédito. A partir de folhas frescas de um indivíduo adulto, foi extraído o DNA total por CTAB 2% e sequenciado em plataforma Oxford Nanopore Mk1B. O genoma nuclear foi montado com Flye, polido com Medaka e organizado em scaffolds com RagTag. Um script próprio identificou e reposicionou as sequências teloméricas, resultando em 11 cromossomos. Todos apresentaram telômeros em pelo menos uma das extremidades, sendo que 5 deles foram completamente montados de ponta a ponta. A montagem final totalizou 431,9 Mb (N50 = 40,27 Mb), foi validada de forma independente por citometria de fluxo, que estimou o conteúdo nuclear 1C em 459,75 Mb. A completude gênica foi avaliada por BUSCO (eudicots_odb10), com 95,2% de ortólogos completos (93,8% em cópia única, 1,4% duplicados), 0,3% fragmentados e 4,5% faltantes. A anotação de elementos repetitivos *de novo* com EDTA identificou 49-51% do genoma como repetitivo, enquanto o RepeatMasker identificou 19,5% de repetição, utilizando uma biblioteca genérica. A predição gênica com BRAKER2 identificou 32.521 genes, dos quais 18.397 (56,6%) foram classificados como de alta confiança após filtragem por evidência (*hints*) e em critérios de qualidade estrutural. A anotação funcional integrada (EggNOG e InterProScan) permitiu a mineração dirigida de genes de interesse: cerca de 450 genes (~1,5% dos genes preditos) foram associados a rotas de metabolismo secundário de interesse bioativo (fenilpropanoides, flavonoides, terpenoides e estilbenoides), e mais de 2.000 genes (~7%) apresentaram domínios associados a resistência a patógenos, incluindo receptores NLR clássicos, evidenciando o potencial da espécie para bioprospecção de compostos nutracêuticos e para programas de melhoramento genético voltados à resistência a doenças. Esses resultados demonstram a viabilidade de montagens genômicas robustas para Myrtaceae subamostradas, ampliando a base genômica disponível para estudos filogenéticos, de diversidade genética e de conservação de recursos genéticos vegetais nativos.

**Palavras-chave:** Myrtaceae; cerejeira-do-mato; Nanopore.

**Agradecimentos:** À FAPESC e ao Centro Latino-Americano de Biotecnologia.

# RGV 472 - RESPOSTA *IN VITRO* DE DIFERENTES CULTIVARES DE BATATA À ADIÇÃO DE HIPOCLORITO DE SÓDIO AO MEIO DE CULTURA

Eryc Luan Dias[1]*; Daniela Krein[1]; Felipe Silveira[1]; Marilei Suzin[1]; Marilia Rodrigues de Silva[1]; Francisco Wilson Reichert Júnior[1]

[1] Universidade de Passo Fundo. *erycld13@gmail.com

A batateira (*Solanum tuberosum*) é um importante recurso genético vegetal para a segurança alimentar e economia. A manutenção de plantas de batata *in vitro* depende de culturas assépticas. Contaminações podem comprometer o desenvolvimento e causar perdas de material vegetal. Assim, métodos de esterilização de meios de cultura vêm sendo investigados para reduzir custos e contribuir para a conservação de recursos genéticos. Entre os agentes avaliados, o hipoclorito de sódio apresenta ação antimicrobiana de baixo custo e ampla disponibilidade, podendo ser incorporado ao meio em baixas concentrações para auxiliar no controle de contaminantes. Diferentes genótipos podem apresentar respostas distintas às condições *in vitro* e aos agentes químicos. O presente trabalho avaliou os efeitos da adição de hipoclorito de sódio ao meio de cultura sobre quatro cultivares de batata (Ágata, Potira, Baronesa e Atlantic). Para isso, 5 segmentos nodais das cultivares foram adicionados em dois meios: meio de cultura MS sem adição de hipoclorito e meio de cultura MS com adição de hipoclorito com 0,007% de cloro ativo. Cada tratamento contou com 5 repetições, mantidas em ambiente controlado por 30 dias. A unidade experimental foi o frasco com 5 explantes. Após isso, para cada planta foi verificado o comprimento da parte aérea (CPA), comprimento da raiz (CR) e número de segmentos nodais (NS). Os dados de CPA foram transformados por log(x). Os dados foram submetidos à análise de variância e teste de Duncan ($p < 0,05$). Não foram observadas variações estatisticamente significativas entre os meios de cultura em relação às variáveis avaliadas, o que sugere a ausência de fitotoxicidade do hipoclorito de sódio nos explantes. Em contrapartida, as cultivares apresentaram diferenças significativas entre si para todos os parâmetros analisados (com valores de p iguais a: CPA = 0,000406; CR = 0,0248; e NS = $2,65 \times 10^{-8}$), evidenciando a influência do genótipo sobre o desenvolvimento *in vitro*. A cultivar Potira se destacou das demais quanto ao CPA. Para NS, a cultivar Ágata expressou média significativamente maior que as demais, enquanto Potira e Baronesa manifestaram respostas intermediárias. Para o CR, Ágata apresentou a maior média, não diferindo de Potira. Conclui-se que o hipoclorito de sódio não apresentou efeito fitotóxico na concentração avaliada. As diferenças entre os genótipos reforçam que a resposta ao cultivo *in vitro* é dependente do genótipo, tornando sua seleção relevante conforme a finalidade da cultura.

**Palavras-chave:** Esterilização; NaClO; micropropagação.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES).

# RGV 473 - VIABILIDADE POLÍNICA DE GENÓTIPOS DIPLOIDES DE BANANEIRA (Musa spp.) AVALIADA POR GERMINAÇÃO *IN VITRO* EM CLIMA SUBTROPICAL

Grace Karina Kleber Romani[1]*; Ramon Felipe Scherer[2]; Ester Wickert[2]; João Carlos Bespalhok Filho[1]

[1]Universidade Federal do Paraná, UFPR. [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri). *grace.kromani@gmail.com

A banana é uma das frutas de maior importância econômica e social no mundo. O melhoramento genético por meio de cruzamentos é uma das principais metodologias quando se objetiva combinar as características comerciais das bananas apreciadas pelo mercado consumidor com as características de resistência a fatores bióticos (pragas e doenças) e fatores abióticos presentes nas variedades diploides melhoradas. De forma geral, as variedades comerciais são triploides e apresentam elevada esterilidade reprodutiva, assim, a alta viabilidade dos grãos de pólen é essencial para o aumento da eficiência reprodutiva de *Musa* spp. O estudo teve como objetivo avaliar a viabilidade de grãos de pólen de quatro genótipos diploides melhorados de bananeira (*Musa acuminata*) ao longo de 12 meses consecutivos, utilizando como parâmetros o comprimento do tubo polínico (CTP) e a porcentagem de germinação do pólen (PGP), obtidos por meio de germinação *in vitro*. O experimento foi conduzido no Laboratório de Cultura de Tecidos da Estação Experimental da Epagri de Itajaí (SC), utilizando flores masculinas de quatro variedades diploides melhoradas: 001016-01, 003037-02, 013018-01 e SH3263. As coletas foram realizadas em flores no estádio de antese, entre uma e quatro horas após o nascer do sol. Os grãos de pólen foram inoculados em meio de cultura composto por 150 g $L^{-1}$ de sacarose, 0,20 g $L^{-1}$ de $MgSO^4{\cdot}7H_2O$, 0,10 g $L^{-1}$ de $KNO^3$, 0,3 g $L^{-1}$ de Ca $(NO_3)^2$, 0,1 g $L^{-1}$ de $H_3BO_3$, 8 g $L^{-1}$ de ágar e com pH ajustado para 7,0 e incubados em ambiente controlado, no escuro, a 24 ± 2 °C, por 24 horas. Após esse período, as placas foram fotografadas com auxílio de telefone celular acoplado a estereomicroscópio, e as imagens analisadas no software ImageJ. Foram determinadas as variáveis comprimento dos tubos polínicos (CTP) e porcentagem de germinação de pólen (PGP). Os dados foram analisados por modelos lineares mistos, considerando genótipo e dia de avaliação como efeitos fixos e mês como efeito aleatório. Os resultados evidenciaram diferenças significativas entre os genótipos avaliados. Foram observadas diferenças significativas entre os genótipos quanto ao comprimento do tubo polínico ($p = 0,0144$), enquanto a porcentagem de germinação apresentou efeito significativo ($p < 0,0001$), demonstrando maior eficiência na discriminação dos genótipos. A análise dos componentes de variância revelou influência ambiental moderada para CTP (ICC = 23,2%) e elevada para PGP (ICC = 41,3%). Os genótipos apresentaram diferenças significativas na viabilidade dos grãos de pólen, destacando-se o genótipo 001016-01 pela maior viabilidade polínica. A PGP foi mais eficiente na discriminação dos genótipos, enquanto o CTP complementou a avaliação. Além disso, o efeito de mês influenciou principalmente a PGP, evidenciando a importância das condições ambientais sobre a viabilidade polínica.

**Palavras-chave:** *Musa acuminata*; Germinação de pólen; Melhoramento genético.

**Agradecimentos:** Aos funcionários da Epagri, Estação Experimental de Itajaí, pelo auxílio na condução do experimento, ao apoio da FAPESC (chamada pública 44/2025) e à CAPES.

# RGV 474 - CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE *PORTULACA OLERACEA* L. POR MARCADORES ISSR: SELEÇÃO DE PRIMERS PARA ESTUDOS DE DIVERSIDADE GENÉTICA

Maria Fernanda Leal Lacerda[1]*; Débora Ferreira de Souza[1]; Joana D'ark Nunes da Silva Lima[1]; Mickaelly Jordanya Guimarães Silva[1]; Izabela Cristina Pires Gomes[1]; Joseane Faria Silva[1]; Renata Aparecida Neres Faria[7]; Emerson Brito Ribeiro[1]; Demerson Arruda Sanglard[2]; Luciana Cardoso Nogueira Londe[1]

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (EPAMIG); [2]Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG). *lacerda.fernanda@hotmail.com

A beldroega (*Portulaca oleracea* L.) é uma planta alimentícia não convencional (PANC) de interesse devido ao seu potencial alimentício e nutricional, constituindo um importante recurso genético vegetal cuja diversidade genética deve ser conhecida e valorizada para subsidiar estratégias de conservação e uso sustentável. A caracterização molecular permite avaliar a variabilidade genética entre acessos e ampliar o conhecimento sobre os recursos genéticos vegetais. O objetivo deste estudo foi selecionar primers ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) e determinar condições adequadas de amplificação para subsidiar a caracterização da diversidade genética de acessos de beldroega. A pesquisa foi conduzida na EPAMIG Norte, Nova Porteirinha, MG, e na UFMG, campus Montes Claros, MG. Foram testados 24 primers da coleção oligonucleotídica desenvolvida pela University of British Columbia (UBC primer set #9, Vancouver, Canadá), utilizando amostras de tecido foliar. O DNA foi extraído e quantificado em espectrofotômetro. As reações de amplificação foram realizadas em termociclador na função gradiente, utilizando temperaturas de anelamento variando de 45 a 65 °C. Os produtos foram separados por eletroforese horizontal em gel de agarose a 1,4%, corados com GelRed® e visualizados sob luz ultravioleta. A eficiência das reações foi avaliada quanto à intensidade e nitidez das bandas. Observou-se variação na amplificação dos primers em função da temperatura de anelamento. Dos 24 primers avaliados, 12 apresentaram perfis de amplificação adequados, correspondendo a 50% dos primers testados: 815, 824, 828, 841, 842, 852, 859, 872, 874, 878, 888 e 900, com temperaturas de anelamento de 46,7; 46,7; 51,2; 45,5; 51,2; 48,6; 48,6; 46,7; 56,2; 58,8; 63,3 e 58,8 °C, respectivamente. A amplificação de 50% dos primers indica variação na eficiência das reações conforme as condições de PCR, especialmente a temperatura de anelamento. A otimização permite selecionar previamente os primers com melhor desempenho, reduzindo o tempo e o consumo de reagentes nas análises subsequentes. Os 12 primers selecionados constituem um conjunto inicial para avaliação de polimorfismo e caracterização da variabilidade genética entre os acessos.

**Palavras-chave:** Recursos genéticos; diversidade genética; ISSR.

**Agradecimentos:** À FAPEMIG, pela concessão da bolsa e pelo financiamento do projeto.

# RGV 475 - DIVERSIDADE GENÉTICA EM UM PLANTIO EXPERIMENTAL DE COPAÍBA NA AMAZÔNIA CENTRAL

Rayssa Gomes Vasconcelos[1]*; Moisés Teixeira Rolim[1]; Raquel da Silva Medeiros[1]; Kamylla Rosas Vieira Guedes[1]; Caroline Schmaedeck Lara[1]; Gloria Cecilia Macia Ruiz[1]; Paulo de Tarso Barbosa Sampaio[1]; Antonio Saulo Cunha-Machado[2]

[1]Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. [2]Centro de Bionegócios da Amazônia.
*engflor.rayssagomes@gmail.com

A copaíba (*Copaifera multijuga* Hayne) é uma espécie nativa da Amazônia, massivamente explorada para a obtenção de oleorresina. A caracterização genética de indivíduos em populações naturais e plantios é fundamental para subsidiar a avaliação de possíveis impactos do extrativismo predatório sobre os recursos genéticos da espécie. Neste estudo, avaliamos a diversidade genética em um plantio experimental de copaíba localizado na Estação Experimental de Silvicultura Tropical do INPA (Manaus, AM). Estabelecido em 1980, o plantio contava originalmente com 840 mudas em espaçamento 3 × 4 m, distribuídas em duas parcelas. Para o estudo populacional, coletamos amostras foliares de 178 árvores, que foram submetidas à extração de DNA pelo método CTAB. A genotipagem foi realizada em analisador ABI 3500xL Genetic Analyzer (Applied Biosystems), empregando seis locos microssatélites heterólogos desenvolvidos para *Copaifera langsdorffii* Desf.: CL01, CL02, CL06, CL20, CL32 e CL39. Foram estimados os seguintes parâmetros genéticos: número de alelos (A) e de alelos efetivos (Ae), heterozigosidade observada (Ho) e esperada (He), índice de fixação (*f*) e conteúdo de informação polimórfica (PIC). Com exceção do CL06 (PIC = 0,430), os locos foram altamente informativos, com valores de PIC variando de 0,606 (CL02) a 0,836 (CL32) e média geral de 0,668. Foram detectados 50 alelos, com médias gerais de $\overline{\mathrm{A}}$ = 8,33, $\overline{\mathrm{Ae}}$ = 3,95, $\overline{\mathrm{Ho}}$ = 0,720, $\overline{\mathrm{He}}$ = 0,704 e $\overline{f}$ = −0,018. Os valores médios de Ho e He foram próximos aos registrados para árvores adultas ($\overline{\mathrm{Ho}}$ = 0,742; $\overline{\mathrm{He}}$ = 0,743) e progênies ($\overline{\mathrm{Ho}}$ = 0,685; $\overline{\mathrm{He}}$ = 0,685) de *C. multijuga* na Reserva Florestal Adolpho Ducke (Manaus, AM) e compatíveis com aqueles observados em populações naturais de outras regiões amazonenses. Considerando que o plantio foi estabelecido a partir de sementes oriundas de matrizes da Reserva Ducke, esses resultados sugerem a retenção de níveis expressivos de diversidade genética no material mantido *ex situ*. A proximidade entre Ho e He, associada ao $\overline{f}$ ligeiramente negativo, não evidencia déficit geral de heterozigotos. O plantio, portanto, representa uma fonte relevante de recursos genéticos de *C. multijuga*, com potencial para subsidiar ações de conservação e melhoramento da espécie.

**Palavras-chave:** Recursos genéticos; Microssatélites; Conservação *ex situ*.

**Agradecimentos:** À CAPES, CNPq e FAPEAM pelo financiamento de projetos e bolsas de estudo, e ao Programa de Pós-Graduação em Ciências de Florestas Tropicais (PPG-CFT/INPA) pelo suporte institucional.

# RGV 476 - RESGATE DE REGENERAÇÃO NATURAL COMO ESTRATÉGIA PARA CONSERVAÇÃO *EX SITU* DE COPAÍBA

Rayssa Gomes Vasconcelos[1]*; Antonio Saulo Cunha-Machado[2]; Thiago da Silva Nascimento[1]; Kamylla Rosas Vieira Guedes[1]; Caroline Schmaedeck Lara[1]; Gloria Cecilia Macia Ruiz[1]; Paulo de Tarso Barbosa Sampaio[1]; Raquel da Silva Medeiros[1]

[1]Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. [2]Centro de Bionegócios da Amazônia.
*engflor.rayssagomes@gmail.com

A copaíba (*Copaifera multijuga* Hayne) apresenta, em geral, padrão bianual de produção de sementes, o que pode dificultar a obtenção regular desses propágulos para o estabelecimento de plantios. Nesse contexto, o resgate de plântulas da regeneração natural pode representar uma alternativa para a conservação *ex situ* dos recursos genéticos da espécie. Neste estudo, avaliamos o estabelecimento inicial de plântulas de copaíba resgatadas sob a projeção das copas de oito matrizes previamente selecionadas na Reserva Florestal Adolpho Ducke (Manaus, AM). As plântulas foram resgatadas com o torrão preservado e transplantadas para sacos de polietileno de 2 kg, contendo solo e serapilheira do local de origem. Após a correção e adubação do solo, foi realizado o plantio experimental de 150 plântulas em espaçamento 3 x 4 m, em área de floresta secundária (capoeira) previamente submetida a bosqueamento, na Estação Experimental de Fruticultura Tropical do INPA (Manaus, AM; 2°37'22,92" S e 60°2'32,35" W). No momento do plantio, foram mensurados altura da parte aérea (H), diâmetro do coleto (DC) e número de folhas (NF). O percentual de sobrevivência (SOB) foi avaliado aos 30 e 60 dias após o plantio. Para H, cerca de 43% dos indivíduos estavam na classe de 14,3 a 22,4 cm. O DC médio foi de 2,88 mm, com 63 plântulas na classe de 2,20 a 3,36 mm. O NF variou de 1 a 8, com média de 3,62, sendo que 50% das plântulas apresentavam entre 3 e 4 folhas. A SOB foi de 96% após o primeiro mês de plantio e de 95,33% aos 60 dias, com a mortalidade de apenas uma plântula entre as duas avaliações. A preservação do torrão e o uso de substrato oriundo da floresta podem ter contribuído para a manutenção do sistema radicular e a redução do estresse associado ao transplantio. Além disso, a implantação em sub-bosque é condizente com o comportamento ecológico da espécie, classificada como clímax. Em conjunto, os resultados sugerem a viabilidade do resgate da regeneração natural para o estabelecimento inicial de um plantio *ex situ* de copaíba. O plantio permite a caracterização genética dos acessos e o acompanhamento de seu desempenho ao longo do tempo, subsidiando ações de conservação e uso dos recursos genéticos da espécie.

**Palavras-chave:** *Copaifera multijuga* Hayne; plântulas; sobrevivência.

**Agradecimentos:** À CAPES, CNPq, FAPEAM e FUNBIO pelo financiamento de projetos e bolsas de estudo, e ao Programa de Pós-Graduação em Ciências de Florestas Tropicais (PPG-CFT/INPA) pelo suporte institucional.

# RGV 477 - PRÉ-EMBEBIÇÃO FAVORECE A GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE LICURI

Raquel Araujo Gomes[1]*; Jailton de Jesus Silva[2]; Jamille Cardeal da Silva[1]; Tânia Silva Santos[3]; Andressa Mirelle Santos Lourenço[2]; Bárbara França Dantas[2]

[1]Universidade Estadual de Feira de Santana, Departamento de Ciências Biológicas, Feira de Santana, BA, 44036-900, Brasil. [2]Embrapa Semiárido, Petrolina-PE, 56302-970, Brasil. [3]Universidade Federal do Vale do São Francisco, Departamento de Ciências Biológicas, Petrolina, PE,56.300-990, Brasil. *raquel.gomesbio18@gmail.com

O licuri [*Syagrus coronata* (Mart.) Becc.] é uma palmeira nativa do semiárido brasileiro, de importância ecológica e socioeconômica, utilizada na alimentação humana e animal e na produção de diversos produtos. Entretanto, sua germinação lenta e desuniforme dificulta a propagação da espécie. Assim, tratamentos pré-germinativos podem favorecer a germinação e contribuir para a produção de mudas, conservação e uso sustentável da espécie. O objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes tratamentos pré-germinativos para promover a germinação de sementes de licuri. Foram utilizadas quatro repetições de 20 pirênios (endocarpo + semente), distribuídos em três folhas de papel Germitest® umedecidas com volume de água destilada. Foram avaliados os seguintes tratamentos: controle sem nenhum pré-tratamento; pré-embebição em solução de ácido giberélico ($GA_3$) a 0,3 mM por 24 horas; pré-embebição em água destilada por 96 horas; e escarificação mecânica na região do poro germinativo com lixa de óxido de alumínio. Após os tratamentos, os pirênios foram semeados em rolos de papel, acondicionados em sacos plásticos e mantidos a 30 °C em câmara de demanda bioquímica de oxigênio, sob fotoperíodo de 12 horas. O teste de germinação foi conduzido por 91 dias, com avaliações semanais, considerando-se germinados os pirênios que apresentaram emissão do pecíolo cotiledonar de, no mínimo, 2 mm. Ao final do experimento, foram avaliados a porcentagem de germinação e o Índice de Velocidade de Germinação (IVG). Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA), e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Os tratamentos pré-germinativos influenciaram significativamente a germinação e o IVG dos pirênios de licuri. A pré-embebição em $GA_3$ ou água induziu maiores porcentagens de germinação (71,25 e 83,75%) e IVG (0,418 e 0,349), respectivamente, diferindo do controle (18,75%; 0,065) e dos pirênios lixados (13,75%; 0,058), mas não entre si. A eficiência dos tratamentos de embebição pode estar associada à hidratação dos tecidos e à ativação do metabolismo germinativo, enquanto o $GA_3$ pode ainda favorecer processos fisiológicos relacionados à germinação. Desse modo, a pré-embebição em água destaca-se como uma alternativa simples e de baixo custo para favorecer a germinação da espécie.

**Palavras-chave:** ácido giberélico; embebição; conservação; produção de mudas.

**Agradecimentos:** Embrapa Semiárido; PPGRGV/ UEFS; CAPES.

# RGV 478 - CONSERVAÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE PAU-ROSA POR AGRICULTORES FAMILIARES DA REGIÃO DA FLORESTA NACIONAL DE PAU-ROSA

Gloria Cecilia Macia Ruiz[1]*; Rayssa Gomes Vasconcelos[1]; Paulo de Tarso Barbosa Sampaio[1]; Ananda Virginia de Aguiar[2]; Caroline Schmaedeck Lara[1]

[1]Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. [2]Embrapa Florestas.
*gloria.maciaruiz@gmail.com

Pau-rosa (*Aniba* spp., Lauraceae) é um grupo de espécies florestal amazônica ameaçada de extinção, cuja exploração histórica reduziu suas populações naturais. Na região da Floresta Nacional de Pau-Rosa, agricultores familiares mantêm há mais de 50 anos plantios estabelecidos a partir de sementes de diferentes origens, que podem contribuir para a conservação e o uso dos recursos genéticos da espécie. Nesta pesquisa, avaliamos a diversidade genética conservada nesses plantios e sua contribuição para a manutenção dos recursos genéticos de pau-rosa. Amostras foliares de árvores cultivadas em diferentes propriedades foram submetidas à genotipagem por sequenciamento (GBS). O DNA foi extraído pelo método CTAB e as bibliotecas genômicas sequenciadas em plataforma Illumina NextSeq 2000. Após o controle de qualidade, polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) foram utilizados para estimar heterozigosidade observada e esperada, número e riqueza de alelos, alelos privados, índice de fixação e estrutura genética. Foram analisados 169 indivíduos, distribuídos em 21 plantios, a partir de 16.306 SNPs presentes em pelo menos 20 unidades amostradas. A heterozigosidade esperada variou aproximadamente entre 0,06 e 0,12 e a riqueza alélica entre 1,14 e 1,30, evidenciando variação na diversidade genética mantida entre os plantios. Alelos privados foram identificados em diferentes unidades, com valores superiores a 5.000 alelos exclusivos em um dos plantios, enquanto outros apresentaram poucos ou nenhum alelo privado. O índice de fixação variou aproximadamente de −0,10 a 0,30, indicando diferenças na proporção de heterozigotos em relação ao esperado. As análises de estrutura genética identificaram quatro grupos, com compartilhamento de componentes genéticos entre plantios e maior diferenciação de algumas procedências. Os resultados demonstram que os plantios mantidos por agricultores familiares conservam diversidade genética de pau-rosa e, sobretudo, que diferentes plantios mantêm componentes genéticos complementares. Essa diversidade constitui uma base importante para estratégias de conservação e uso da espécie, permitindo orientar a seleção de matrizes, a coleta de sementes e a produção de mudas geneticamente representativas.

**Palavras-chave:** *Aniba rosiodora* Ducke; GBS; SNPs.

**Agradecimentos:** À CAPES e FAPEAM pelo financiamento de projetos e bolsas de estudo, CNPq pela bolsa de produtividade - PQ2-CNPq 307064/2023-9 (AVA), e ao Programa de Pós-Graduação em Ciências de Florestas Tropicais (PPG-CFT/INPA) pelo suporte institucional.

# RGV 479 - O PLASTOMA DE PAU-ROSA É CONSERVADO AO LONGO DE SUA DISTRIBUIÇÃO NA AMAZÔNIA CENTRAL

Caroline Schmaedeck Lara[1]*; Flávio Magalhães Costa[1]; Santelmo Vasconcelos[2]; Gloria Cecilia Macia Ruiz[1]; Rayssa Gomes Vasconcelos[1]; Paulo de Tarso Barbosa Sampaio[1]; Alberto Vicentini[1]

[1]Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. [2]Instituto Tecnológico Vale.
*caroline.lara@inpa.gov.br

Pau-rosa é o nome atribuído a árvores aromáticas do complexo *Aniba panurensis* sensu lato (Lauraceae), historicamente exploradas para a produção de óleos essenciais. A similaridade morfológica e o conhecimento incipiente sobre a delimitação das espécies do complexo limitam sua caracterização e dificultam a definição de estratégias para o uso e a conservação desses recursos genéticos. Nesta pesquisa, caracterizamos os plastomas de seis espécimes identificados como *A. rosiodora*, espécie considerada ameaçada de extinção. As coletas foram realizadas em populações de Manaus, Maués, Parintins, Silves, São Sebastião do Uatumã e Urucará, regiões onde pau-rosa foi amplamente explorado, com a maioria das áreas amostradas associada ao uso por povos e comunidades tradicionais. O DNA foi extraído pelo método CTAB e sequenciado na plataforma Illumina NextSeq 2000, com bibliotecas de fragmentos de 300 pb e reads de 2 x 150 pb. Os plastomas foram montados *de novo* com NOVOPlasty v.4.3.1 e anotados no GeSeq, utilizando *Ocotea aciphylla* como referência. A estrutura e as anotações dos plastomas foram analisadas e revisadas no Geneious Prime v.2023.2.1. O tamanho dos plastomas variou apenas 66 pb entre as seis populações, de 152.767 a 152.833 pb. Essa baixa variação também se manteve nas principais regiões do genoma: a LSC variou de 93.758 a 93.814 pb, a SSC de 19.044 a 19.068 pb e as IRs permaneceram próximas de 20 kb. O conteúdo GC foi de aproximadamente 39% em todos os plastomas. Os 79 genes codificadores de proteínas foram compartilhados por todos os espécimes, sem diferenças no conjunto de genes identificados e com baixa variação nas regiões codificadoras. A baixa variação estrutural e gênica caracteriza um plastoma conservado entre as populações de pau-rosa amostradas. A ampliação da amostragem para outros táxons do complexo e a análise de regiões genômicas mais variáveis poderão ampliar o conhecimento sobre a delimitação e a história evolutiva de *Aniba panurensis* sensu lato, fornecendo novas bases para o manejo e a conservação desses recursos genéticos.

**Palavras-chave:** *Aniba rosiodora* Ducke; *Aniba panurensis* sensu lato; cpDNA.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Amazonas (FAPEAM) pelo financiamento dos projetos e bolsas, ao Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA) e ao Instituto Tecnológico Vale (ITV) pelo suporte institucional para execução da pesquisa.

# RGV 480 - RESISTOGRAFIA COMO FERRAMENTA DE FENOTIPAGEM NÃO DESTRUTIVA PARA CARACTERIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS FLORESTAIS CONSERVADOS *EX SITU*

Fernando Almeida Negrini[1]; Evellin Carolini Jacintho[2]; Ivan Venson[3]; Wanderley dos Santos[4]; Bruno Marchetti de Souza[5]; Ananda Virginia de Aguiar[6]*

[1,2]Engenharia Industrial Madeireira - UFPR; [3]Professor-pesquisador UFPR; [4]Pesquisador Autônomo; [5]UNESP - Campus Ilha Solteira; [6]Embrapa Florestas. *ananda.aguiar@embrapa.br

A caracterização fenotípica de materiais genéticos mantidos em Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) e coleções *ex situ* é fundamental para conhecer a variabilidade existente, orientar estratégias de conservação e ampliar as possibilidades de uso dos recursos genéticos florestais. Para espécies exóticas, cujas coleções representam importantes reservatórios de diversidade genética introduzida e adaptada às condições brasileiras, métodos rápidos e não destrutivos de caracterização são particularmente relevantes. A densidade básica da madeira constitui um caráter de interesse para a caracterização desses recursos genéticos, por apresentar variação entre indivíduos e materiais genéticos e estar relacionada às propriedades e aos usos da madeira. Entretanto, sua determinação convencional é relativamente demorada e envolve a retirada de amostras do tronco, dificultando avaliações em larga escala. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a resistografia como ferramenta indireta e não destrutiva para estimar a densidade básica da madeira e ampliar a caracterização fenotípica de recursos genéticos florestais conservados *ex situ*. Foram coletadas 84 amostras de madeira de *Pinus taeda*, cuja densidade básica foi determinada em laboratório, e realizadas 862 avaliações com resistógrafo em indivíduos de uma população conservada em campo. Os dados obtidos por resistografia foram processados por meio de rotina desenvolvida em Python, sendo utilizada a resistência média à penetração da agulha para o ajuste de um modelo de regressão linear. A relação entre a densidade básica determinada em laboratório e os valores estimados apresentou correlação de $r = 0,72$ e coeficiente de determinação de $R^2 = 0,52$. A partir do modelo ajustado, foi possível estimar a densidade básica para os 862 indivíduos avaliados, ampliando significativamente a caracterização do germoplasma sem a necessidade de amostragem destrutiva de todos os indivíduos. Os resultados demonstram o potencial da resistografia como ferramenta de fenotipagem não destrutiva para caracterização da variabilidade existente em coleções de recursos genéticos florestais, contribuindo para a identificação de materiais contrastantes, o manejo e a conservação de BAGs e a definição de estratégias de uso do germoplasma. A abordagem pode auxiliar na valorização e no uso sustentável das coleções de espécies florestais exóticas conservadas no Brasil e subsidiar, futuramente, programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** Resistografia; Caracterização não destrutiva; Genética florestal.

**Agradecimentos:** Bolsa produtividade - PQ2-CNPq 307064/2023-9 (AVA).

# RGV 481 - O EXCESSO ENANTIOMÉRICO DO LINALOL EM ÓLEO ESSENCIAL DE PAU-ROSA VARIA ENTRE MATERIAIS VEGETAIS E PROCEDÊNCIAS DE SEMENTES

Gloria Cecilia Macia Ruiz[1]*; Valdir Florêncio da Veiga Junior[2]; Monica Costa Padilha[3]; Rayssa Gomes Vasconcelos[1]; Paulo de Tarso Barbosa Sampaio[1]; Ananda Virginia de Aguiar[4]; Caroline Schmaedeck Lara[1]

[1]Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia. [2]Instituto Militar de Engenharia. [3]Universidade Federal do Rio de Janeiro. [4]Embrapa Florestas. *gloria.maciaruiz@gmail.com

A distribuição enantiomérica do linalol influencia diretamente o aroma dos óleos essenciais (OEs) de pau-rosa (*Aniba* spp., Lauraceae): o 3R-(−)-linalol apresenta aroma amadeirado e floral, enquanto o 3S-(+)-linalol apresenta aroma doce, herbáceo e cítrico. Por determinar características olfativas de interesse para a indústria de perfumaria, essa composição constitui um atributo relevante para a seleção de recursos genéticos. Neste estudo, avaliamos a variação na distribuição enantiomérica do linalol em OEs obtidos de folhas e galhos de 90 árvores, distribuídas em 19 plantios de agricultores familiares da região da Floresta Nacional de Pau-Rosa (Maués, AM), e sua relação com o material vegetal, procedência das sementes, plantio, incidência de luz, idade e estado fenológico. Os OEs foram obtidos separadamente de folhas e galhos por hidrodestilação em aparelho Clevenger, e a composição enantiomérica do linalol foi determinada por cromatografia gasosa quiral e confirmada por comparação dos tempos de retenção com padrão quiral de linalol. O excesso enantiomérico (EE) foi calculado a partir das proporções relativas dos enantiômeros, e os efeitos das variáveis foram avaliados por análise de variância (ANOVA). O 3S-(+)-linalol predominou nos óleos de folhas e galhos, com proporções médias de 84,2% e 74,3%, respectivamente, enquanto o 3R-(−)-linalol representou 15,8% nas folhas e 25,7% nos galhos. O EE diferiu entre folhas e galhos ($p<0,001$), entre procedências de sementes ($p<0,01$) e entre plantios ($p<0,01$), mas não apresentou diferenças em relação à incidência de luz, idade ou estado fenológico das árvores. A diferença na distribuição enantiomérica entre folhas e galhos indica características olfativas distintas entre os OEs obtidos desses materiais. A associação do EE com a procedência das sementes evidencia a importância da origem do material propagativo para a seleção de recursos genéticos de pau-rosa voltados à qualidade do óleo. Estudos complementares, integrando a composição enantiomérica a dados genéticos, poderão esclarecer a base dessa variação e subsidiar a seleção de materiais com características olfativas de interesse.

**Palavras-chave:** *Aniba rosiodora* Ducke*;* Lauraceae; Enantiômero.

**Agradecimentos:** À CAPES e à FAPEAM pelo fomento à pesquisa e às bolsas, ao Departamento de Engenharia Química do Instituto Militar de Engenharia (IME) e ao Programa de Pós-Graduação em Ciências de Florestas Tropicais (PPG-CFT/INPA) pelo apoio à pesquisa.

# RGV 483 - CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA DE GENÓTIPOS DE FEIJÃO FAVA SOB ESTRESSE TÉRMICO

Caio Petrick Monteiro da Cruz[1]; Regina Lucia Ferreira Gomes[1]*; Marcos Vinicius C. Castro[1]; Lyssandra Mhara Silva de Oliveira[1]; João Gilberto Soares Xavier[1]; João Vitor M. Sousa[1]; Luan Andrade Teixeira[1]; Renato Oliveira de Sousa[1]; Angela Celis de A. Lopes[1]; Verônica Brito da Silva[1]

[1]Universidade Federal do Piauí (UFPI). *rlfgomes@ufpi.edu.br

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) é uma leguminosa de grande importância cultural, social e econômica, sendo amplamente cultivada em regiões de climas tropicais e subtropicais. É uma cultura que possui uma faixa de temperatura ideal descrita entre os 20 - 30°C, embora, no Brasil, seja cultivada predominantemente em regiões de temperaturas acima da faixa ideal, concentrando-se na região Nordeste do país. Ademais, trata-se de uma pulse semi-domesticada cultivada sob regime de sequeiro com baixo manejo contra estresses bióticos e abióticos, promovendo redução nos índices produtivos da cultura. Nesse sentido, o experimento objetivou caracterizar 13 genótipos de feijão-fava em condição de telado quanto aos aspectos associados à manutenção da eficiência fisiológica por meio da aferição da assimilação de CO2 e eficiência quântica do fotossistema II, trocas gasosas com avaliação da transpiração, condutância estomática e concentrações internas e externas de CO2, assim como o teor dos pigmentos fotossintéticos durante a fase fenológica de florescimento em condições de altas temperaturas. O experimento foi conduzido na Universidade Federal do Piauí, utilizando o delineamento inteiramente casualizado com 4 repetições. Os dados foram submetidos à análise de variância e seus pressupostos, o teste de média utilizado foi o Scott-knott a 5% e para análise multivariada a análise de componentes principais. Os resultados obtidos demonstraram diferença significativa entre o comportamento dos genótipos, indicando que a presença de temperaturas máximas de 38 °C influenciaram no desempenho dos genótipos avaliados. Quanto ao teste de média realizado, o genótipo H25-59 apresentou comportamento superior para as variáveis de assimilação líquida de $CO_2$, transpiração e condutância estomática, indicando a preservação do seu maquinário de trocas gasosas. Ademais, foi observada a manutenção de valores elevados de pigmentos, indicando que este genótipo apresenta um sistema sofisticado de manutenção dos pigmentos avaliados. Outrossim, a análise de componentes principais indicou uma associação entre assimilação de $CO_2$ e a transpiração. A proximidade dos vetores sugere que maiores taxas de assimilação estiveram acompanhadas de maior perda de água, podendo ser um indicativo de uma estratégia de resfriamento foliar para a garantia de uma temperatura foliar em um limiar fisiológico adequado. Desse modo, o presente trabalho, além de ressaltar um genótipo promissor para condições de altas temperaturas, evidencia o impacto de variáveis como a eficiência do uso da água e a assimilação de $CO_2$ para a seleção de genótipos sob condições de estresse, ressaltando a importância de ensaios de prospecção para a caracterização da diversidade na cultura do feijão-fava.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus*; Termotolerância; Fotossistema.

**Agradecimentos:** Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI) e Universidade Federal do Piauí (UFPI).

# RGV 484 - ASSOCIAÇÃO DA TEMPERATURA E DA RADIAÇÃO SOLAR COM PEGAMENTOS DE FRUTOS EM HIBRIDAÇÕES DIRIGIDAS DE *CAPSICUM ANNUUM* L.

Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos[1]; Maria Luiza Gomes Carvalho[2]*; Maria Hérika da Silva Bastos[1]; Ana Luiza Cardoso de Araújo[1]; Gustavo Morais da Silva[2]; João Vitor Morais Sousa[1]; Lucas da Costa Oliveira[2]; Marcos Vinicius Carvalho de Castro[1]; Raissa Matos Monção[1]; Jardel Oliveira Santos[2]

[1]Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia.
[2]Universidade Federal do Piauí, Centro de Ciências da Natureza, Departamento de Biologia.
*malugomescvlh@gmail.com

A hibridação constitui uma estratégia importante para a geração de novas combinações genéticas em programas de melhoramento de *Capsicum annuum* L. Nesse processo, as condições ambientais durante a emasculação e a polinização podem influenciar no sucesso reprodutivo. Assim, objetivou-se comparar as condições de temperatura e radiação solar registradas durante hibridações dirigidas realizadas em dois períodos e verificar sua relação com o pegamento de frutos em *C. annuum* L. Foram realizados 332 cruzamentos em ambiente protegido no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, em Teresina-PI, no período de agosto a setembro de 2025 (124 cruzamentos) e março de 2026 (208 cruzamentos). O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com quatro genótipos e quatro repetições. As emasculações foram realizadas em botões florais em pré-antese no período da tarde, seguidas da proteção com canudos plásticos para evitar contaminação com pólen externo, e as polinizações controladas ocorreram na manhã seguinte, mantendo-se a proteção por aproximadamente 24 horas. Os dados de temperatura e radiação foram obtidos da estação meteorológica CCA-Fitotecnia (ITERES26). Em 2025, as emasculações ocorreram entre 16:25 e 17:24h, com médias de 35,8 °C e 65,25 W $m^{-2}$, enquanto as polinizações, realizadas entre 08:10 e 10:44h, apresentaram médias de 31,21 °C e 476,62 W/$m^{-2}$. Em março de 2026, as emasculações ocorreram entre 16:49 e 17:33h, com médias de 28,31 °C e 55,88 W/$m^{-2}$, enquanto as polinizações, realizadas entre 08:50 e 09:46h, apresentaram médias de 27,85 °C e 326,88 W/$m^{-2}$. O maior pegamento (82 frutos) acompanhou a redução das temperaturas médias entre os períodos e os menores valores de radiação durante a polinização. Conclui-se que o monitoramento das condições ambientais ocorridas, principalmente em março de 2026, pode auxiliar na escolha de períodos mais favoráveis às hibridações, contribuindo para o planejamento de cruzamentos e o uso da variabilidade genética de *C. annuum* em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** Melhoramento vegetal; Recursos genéticos.

**Agradecimentos:** À UFPI, FAPEPI, GENEAL e ao LAgroBio.

# RGV 485 - MARCADORES MOLECULARES ISSR CANDIDATOS PARA CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE *Feijoa sellowiana*

Levi Lemuel de Souza Costa[1]*; Gustavo Henrique Mozzer Regazolli[1]; Rita Carolina de Melo[1]; Kelen Haygert Lencina[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *levilemuel@gmail.com

*Feijoa sellowiana* (O. Berg) O. Berg, conhecida como goiabeira-serrana, é uma espécie frutífera nativa do sul do Brasil, valorizada pelo sabor único de seus frutos e pelo potencial de uso em sistemas agroflorestais. A caracterização da variabilidade genética dessa espécie é essencial para orientar programas de melhoramento genético e estratégias de conservação de recursos genéticos. Marcadores moleculares do tipo *Inter Simple Sequence Repeat* (ISSR) representam uma alternativa de baixo custo e alta eficiência para análise preliminar da diversidade genética, pois podem gerar múltiplos fragmentos polimórficos de DNA. Este estudo teve como objetivo identificar iniciadores ISSR promissores para caracterização genética de *F. sellowiana*. Para tanto, foram testados 30 iniciadores ISSR em três grupos de amostras, cada um composto por uma mistura equimolar de DNA de cinco acessos da coleção de germoplasma da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). O Grupo 1 consistiu em cinco plantas resultantes de cruzamentos de cultivares, enquanto os Grupos 2 e 3 foram formados por cinco acessos silvestres nativos cada. Cada iniciador foi submetido a reação de PCR com o DNA de cada grupo, e os produtos foram separados por eletroforese em gel de agarose e visualizados sob luz ultravioleta para análise qualitativa dos perfis de bandas. Como resultado, apenas o Grupo 3 apresentou amplificação detectável. Dos 30 iniciadores avaliados, três geraram perfis multilocus promissores (GAGAGAGAGAGAGAGAT, AGAGAGAGAGAGAGAGCA e AGAGAGAGAGAGAGAGT), cada um apresentando mais de cinco bandas distintas, claras e reprodutíveis. Esses resultados indicam o potencial desses iniciadores para detectar diversidade genética entre plantas nativas de goiabeira-serrana. Os Grupos 1 e 2 não apresentaram amplificação detectável com nenhum dos iniciadores testados. Os três iniciadores ISSR identificados são, portanto, candidatos promissores para estudos futuros de caracterização genética dessa espécie. A aplicação desses marcadores em análises adicionais com DNA isolado de cada acesso permitirá avaliar seu polimorfismo e confirmar sua utilidade na discriminação do germoplasma. Espera-se que esses marcadores moleculares informativos viabilizem a diferenciação genética dos genótipos de goiabeira-serrana, contribuindo para programas de conservação de recursos genéticos, melhoramento genético e seleção de germoplasma.

**Palavras-chave:** goiabeira-serrana; seleção de iniciadores; diversidade genética.

**Agradecimentos:** FAPESC TO2024TR002660 e CAPES pelo apoio financeiro e às equipes técnicas envolvidas no estudo.

# RGV 486 - ESTUDO DE OTIMIZAÇÃO METODOLÓGICA PARA OBTENÇÃO DE DNA DE *Feijoa sellowiana*

Levi Lemuel de Souza Costa[1]*; Gustavo Henrique Mozzer Regazolli[1]; João Antonio Rodrigues Santos[1]; Rita Carolina de Melo[1]; Kelen Haygert Lencina[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *levilemuel@gmail.com

*Feijoa sellowiana* (O. Berg) O. Berg (goiabeira-serrana) é uma planta nativa do sul do Brasil, apreciada por seus frutos de alto valor nutricional e compostos bioativos. Apesar do potencial agroindustrial e farmacológico, os recursos genéticos dessa espécie permanecem pouco conhecidos, reforçando a importância da sua caracterização molecular para orientar estratégias de conservação e melhoramento. A extração de DNA de folhas ricas em polifenóis é desafiadora devido à coprecipitação de compostos inibidores. Assim, este estudo teve por objetivo avaliar a eficiência de um protocolo modificado de extração por brometo de cetiltrimetilamônio (CTAB) para obtenção de DNA genômico de *F. sellowiana* a partir de folhas jovens, considerando rendimento, pureza e integridade. Foram coletadas folhas de 20 acessos da coleção da Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC) - Curitibanos (SC) e desidratadas em sílica gel por 48 h. Em laboratório, 100 mg de cada amostra foram macerados em nitrogênio líquido e incubados em 750 µL de tampão CTAB com 2% β-mercaptoetanol a 65 °C por 1 h. Realizou-se a extração com 750 µL de clorofórmio:álcool isoamílico (24:1, v/v) e precipitação do DNA com 500 µL de isopropanol a -20 °C. O precipitado foi lavado duas vezes em etanol 76% (v/v) com 10 mM de acetato de amônio, ressuspenso em 99 µL água ultrapura e tratado com 1 µL de RNase A (500 ng $\mu L^{-1}$) a 37 ºC por 1 h. A concentração e a pureza do DNA foram avaliadas por espectrofotometria (razões A260/A280 e A260/A230), e sua integridade foi verificada por eletroforese em gel de agarose. Foram calculados média, desvio-padrão (DP) e coeficiente de variação (CV%). O rendimento médio de DNA foi elevado (média±DP = 542,0±390,1 ng $\mu L^{-1}$; CV ≈ 72%), variando entre os acessos (147,8 a 1636,9 ng $\mu L^{-1}$). As razões espectrofotométricas médias foram 1,94 ± 0,11 (A260/A280) e 1,70 ± 0,25 (A260/A230). A260/A280 próximos de 2 indicam baixa contaminação por proteínas, enquanto A260/A230 abaixo de 2 sugere compostos orgânicos residuais (polifenóis, carboidratos). A eletroforese evidenciou DNA genômico predominantemente íntegro, com bandas de alta massa molecular, corroborando os resultados espectrofotométricos. Em geral, o protocolo de CTAB modificado revelou-se eficiente e reprodutível na obtenção de DNA de qualidade satisfatória. A quantidade e a pureza observadas são compatíveis com aplicações moleculares subsequentes, como marcadores genéticos para estudos de diversidade. A ampla variação na concentração sugere diferenças intrínsecas entre acessos ou pequenas variações no isolamento.

**Palavras-chave:** Goiabeira-serrana; extração de DNA; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** FAPESC TO2024TR002660 e CAPES.

# RGV 487 - TRIAGEM FENOTÍPICA RECORRENTE EM ESTABELECIMENTO DE PROGÊNIES COMO ESTRATÉGIA DE CARACTERIZAÇÃO DE VARIEDADES LOCAIS DE ABACATEIRO (*Persea americana* Mill.)

Loisiana F. dos Santos[1]*; Adriano E. Tokushima[1]; Roque J. S. Bellinaso[1]; Jonathan E. G. Mueller[1]; Carolina M. Zimmermann[1]; Michele B. T. Loss[1]; Isabele da Rosa Schadek[1]; Gabriela Woiczack de Arruda[1]; Alberto F. Brighenti[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Rod. Admar Gonzaga, 88034-000, Florianópolis - SC, Brasil. *loisiana@gmail.com

As variedades locais de abacateiro (*Persea americana* Mill.) mantidas na Grande Florianópolis representam um importante reservatório de variabilidade genética, porém sua utilização em programas de conservação e melhoramento depende de estratégias eficientes de caracterização que permitam priorizar materiais promissores. Tradicionalmente, grande parte das avaliações concentra-se em plantas adultas, demandando elevado investimento de tempo e recursos. Nesse contexto, a caracterização fenotípica durante o estabelecimento das progênies pode representar uma etapa inicial para priorização de famílias em programas de recursos genéticos. O trabalho objetivou avaliar essa abordagem por meio da caracterização recorrente de famílias de meios-irmãos provenientes de diferentes árvores matrizes da Grande Florianópolis. Foram avaliadas 54 famílias em dois ciclos consecutivos de produção de mudas, em 2024 e 2025, considerando vigor e desenvolvimento inicial, ocorrência de anormalidades morfológicas, sintomas compatíveis com patógenos de solo, adoecimento e sobrevivência das mudas. Observou-se ampla variabilidade fenotípica entre as famílias, com recorrência de comportamentos contrastantes entre os ciclos. O descarte das famílias esteve associado à ocorrência de sintomas compatíveis com patógenos de solo em 32% dos materiais, elevada mortalidade precoce em 10% e desenvolvimento desuniforme das plântulas quanto à altura e ao diâmetro do caule e/ou desenvolvimento anormal em 8%, com sobreposição entre essas ocorrências. A recorrência desses comportamentos permitiu discriminar famílias entre os ciclos. Das 54 famílias inicialmente acompanhadas, 27 permaneceram em observação, das quais 21 foram priorizadas para as etapas subsequentes de avaliação da tolerância a patógenos de solo por apresentarem menor ocorrência de sintomas de doenças e maior uniformidade das mudas quanto à altura e ao diâmetro do caule. A redução do conjunto inicial para famílias prioritárias indica o potencial da caracterização fenotípica precoce como ferramenta de pré-seleção, permitindo direcionar avaliações específicas, mais complexas e dispendiosas, aos materiais de maior interesse. Essa estratégia contribui para otimizar a caracterização de germoplasma, fortalecer ações de conservação pelo uso e ampliar o aproveitamento das variedades locais de abacateiro em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** caracterização de germoplasma; variabilidade fenotípica; progênies.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio concedido por meio de bolsa de pós-graduação.

# RGV 488 - MODELAGEM ESTOCÁSTICA MARKOVIANA DA DINÂMICA DO ÍNDICE DE ÁREA FOLIAR EM GENÓTIPOS DE ALFAFA

Davi Henrique de Souza Amâncio[1]*; Leonardo Talavera Campos[1]

[1]Instituto Federal Catarinense - Campus Camboriú. *davi.henrique2005@gmail.com

A caracterização da dinâmica de rebrota do dossel foliar é fundamental para a avaliação do potencial produtivo e resiliência de recursos genéticos forrageiros. A alfafa (*Medicago sativa* L.) destaca-se pelo elevado valor nutritivo, contudo sua recuperação vegetativa após cortes periódicos é governada por processos estocásticos sob flutuações microclimáticas. Este trabalho objetivou modelar a evolução temporal do Índice de Área Foliar (LAI) em cultivares de alfafa utilizando Cadeias de Markov a tempo discreto, visando fornecer bioindicadores probabilísticos para a fenotipagem quantitativa e conservação de germoplasma. Utilizaram-se 65 observações experimentais acopladas ao sistema DSSAT para os genótipos AGZG1219 e AGZG1501, segregadas em amostras de treino (2016) e teste fora da amostra (2017). O LAI foi discretizado em cinco regimes fenotípicos de desenvolvimento de dossel: Estado 1 (pós-corte, LAI < 1,0), Estado 2 (rebrota inicial, 1,0 <= LAI < 2,5), Estado 3 (crescimento intermediário, 2,5 <= LAI < 3,8), Estado 4 (fechamento de dossel, 3,8 <= LAI < 5,0) e Estado 5 (cobertura plena, LAI >= 5,0). As matrizes de transição estocásticas foram estimadas na fase de calibração e validadas no conjunto de teste. Os resultados demonstraram que o modelo markoviano discrimina de forma precisa os padrões fisiológicos das cultivares, apresentando uma Distância de Frobenius intergenotípica de 1,0650. A cultivar AGZG1219 exibiu maior arranque de rebrota pós-corte, com probabilidade de transição P12 = 0,600 do Estado 1 para o Estado 2. Em contrapartida, a cultivar AGZG1501 apresentou maior retenção e estabilidade de dossel em idades fisiológicas avançadas, com permanência P55 = 0,333 no Estado 5. A validação fora da amostra confirmou a estabilidade temporal das probabilidades estimadas. Conclui-se que a modelagem estocástica markoviana é um método consistente, de baixo custo computacional e com alto valor preditivo para a fenotipagem quantitativa de recursos genéticos vegetais, auxiliando na seleção de germoplasmas mais eficientes e resilientes.

**Palavras-chave:** Medicago sativa; Cadeias de Markov; Fenotipagem quantitativa.

**Agradecimentos:** Ao Instituto Federal Catarinense (IFC Campus Camboriú) pelo apoio institucional e suporte à pesquisa.

# RGV 489 - DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS FENOTIPICAMENTE SELECIONADOS DE ABACATEIRO (*Persea americana* Mill.) DA GRANDE FLORIANÓPOLIS

Loisiana F. dos Santos[1]*; Adriano Eidi Tokushima[1]; Roque Júnior Sartori Bellinaso[1]; Jonathan Eduardi Giehl Mueller[1]; Carolina Müller Zimmermann[1]; Michele Barbosa Teixeira Loss[1]; Isabele da Rosa Schadek[1]; Gabriel Meneguso Girardello[1]; Gabriela Woiczack de Arruda[1]; Alberto Fontanella Brighenti[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *loisiana@gmail.com

A conservação e utilização eficiente dos recursos genéticos vegetais requerem estratégias que conciliem a seleção de características agronômicas desejáveis com a manutenção da diversidade genética. Em espécies perenes e predominantemente alógamas, como o abacateiro (*Persea americana* Mill.), a seleção baseada exclusivamente no fenótipo pode priorizar materiais superiores sem necessariamente representar a diversidade molecular disponível. Este trabalho objetivou avaliar a diversidade genética presente em genótipos locais de abacateiro previamente selecionados por características agronômicas e de qualidade dos frutos. Foram avaliados 54 genótipos adultos provenientes de quintais e áreas urbanas da Grande Florianópolis, caracterizados por meio de 12 marcadores microssatélites (SSR). A coleção apresentou heterozigosidade esperada de 0,938, número efetivo de alelos de 16,64 e similaridade genética média de 94,07%. A caracterização fenotípica destacou os genótipos 20, 14, 24, 52 e 33, considerando conjuntamente atributos relacionados à produtividade, rendimento de polpa e qualidade dos frutos. Embora representem menos de 10% dos materiais avaliados, esses genótipos reuniram 32,3% da riqueza alélica multilocus observada e mantiveram polimorfismo nos 12 loci. A similaridade genética entre os materiais selecionados variou de 89,20 a 97,33%, indicando que a seleção fenotípica não resultou em completa redundância molecular. A integração de informações fenotípicas e moleculares permite incorporar a representatividade genética à priorização de materiais superiores, favorecendo a conservação de genótipos complementares e sua utilização como potenciais genitores. Conclui-se que a seleção fenotípica permitiu priorizar genótipos agronomicamente superiores mantendo parcela relevante da riqueza alélica e diferenciação genética entre os materiais, indicando que critérios fenotípicos e moleculares podem ser integrados na seleção e conservação desse germoplasma.

**Palavras-chave:** diversidade genética; germoplasma; marcadores SSR.

**Agradecimentos:** À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio concedido por meio de bolsa de pós-graduação.

# RGV 491 - DISCRIMINAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Capsicum annuum* L. POR DESCRITORES MORFOLÓGICOS

Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos[1]; Maria Luiza Gomes Carvalho[2]*; Maria Hérika da Silva Bastos[1]; Ana Luiza Cardoso de Araújo[1]; Gustavo Morais da Silva[2]; João Vitor Morais Sousa[1]; Lucas da Costa Oliveira[2]; Marcos Vinicius Carvalho de Castro[1]; Raissa Matos Monção[1]; Jardel Oliveira Santos[2]

[1]Universidade Federal do Piauí, Pós-Graduação em Agronomia. [2]Universidade Federal do Piauí, Departamento de Biologia. *malugomescvlh@gmail.com

A caracterização de recursos genéticos vegetais por meio de descritores morfológicos é fundamental para identificar a variabilidade fenotípica e subsidiar a conservação e o uso de germoplasma. Este trabalho objetivou avaliar a divergência genética entre quatro genótipos parentais de *Capsicum annuum* L., BAGC-UFPI 257, BAGC-UFPI 259, BAGC-UFPI 260 e GEN-168, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI) e do Banco de Germoplasma de Floriano-PI, com base em descritores qualitativos. O experimento foi conduzido no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, em Teresina-PI, em delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições por genótipo. Foram avaliados 26 descritores qualitativos multicategóricos, abrangendo características das fases de plântula, vegetativa e reprodutiva. A matriz de dissimilaridade foi utilizada no agrupamento hierárquico pelo método Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA). O ponto de corte de 53,93% de dissimilaridade genética permitiu a formação de três grupos de diversidade, apesar de todos os acessos pertencerem à mesma espécie. O Grupo I reuniu os acessos BAGC-UFPI 259 e BAGC-UFPI 260, enquanto o Grupo II foi formado pelo BAGC-UFPI 257 e o Grupo III pelo GEN-168. Embora o ponto de corte tenha separado o BAGC-UFPI 257 dos acessos BAGC-UFPI 259 e BAGC-UFPI 260, sua posição no dendrograma indicou maior proximidade genética com esses materiais do que com o GEN-168. A consistência do agrupamento foi confirmada pelo elevado coeficiente de correlação cofenética (CCC = 0,9763), associado à baixa distorção (0,3472%) e ao baixo estresse (5,8926%). Entre os descritores avaliados, a maior variabilidade foi observada na fase reprodutiva, destacando-se a coloração do fruto no estágio intermediário e a cor da antera, ambas com quatro classes fenotípicas, além da cor da corola e da coloração do fruto maduro, com três classes. O GEN-168 apresentou o maior número de estados fenotípicos exclusivos, permanecendo isolado no agrupamento e evidenciando maior divergência em relação aos demais genótipos. Os descritores qualitativos são eficientes na discriminação fenotípica dos acessos e evidenciam variabilidade para a caracterização e seleção de genitores em cruzamentos direcionados e programas de melhoramento de *C. annuum* L.

**Palavras-chave:** Recursos genéticos; Variabilidade fenotípica.

**Agradecimentos:** À UFPI, FAPEPI, GENEAL e ao LAgroBio.

# RGV 492 - AGRICULTURA FAMILIAR NA SELEÇÃO PARTICIPATIVA DE LINHAGENS AVANÇADAS DE FEIJÃO-FAVA

Regina Lucia Ferreira Gomes[1]*; João Vitor Morais Sousa[1]; Ângela Celis de Almeida Lopes[1]; Vanessa Gomes de Moura[2]; Bruna dos Santos Torres[1]; Raimundo Nonato Oliveira Silva[1]; Carlos Humberto Aires Matos Filho[1]; Jadel Oliveira Santos[1]; Verônica Brito da Silva[1]; Edmilson Gomes de Oliveira[2]

[1]Universidade Federal do Piauí. [2]Instituto Federal do Piauí. *rlfgomes@ufpi.edu.br

No Brasil, para o feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), leguminosa de importância socioeconômica como fonte de alimento e renda para agricultores familiares, há carência de cultivares, o que dificulta a obtenção de maiores produtividades. Assim, objetivou-se selecionar linhagens avançadas de feijão-fava tendo como referência os critérios estabelecidos por agricultores e agricultoras familiares. O diferencial dessa metodologia é a inclusão sistemática dos conhecimentos, habilidades, experiências, práticas e preferências dos agricultores, o que os torna também verdadeiros protagonistas de todo o processo, desde o planejamento até a avaliação final em busca de genótipos mais produtivos e adaptados. O trabalho consistiu na avaliação de 36 linhagens de feijão-fava nos municípios do Piauí, Tanque do Piauí e Várzea Grande, de janeiro a maio de 2024. No início do estádio reprodutivo das plantas, foram realizadas Oficinas de Seleção Participativa, sendo os integrantes divididos em quatro grupos, para avaliação, atribuindo os conceitos (ruim, médio e bom) para o desempenho de cada linhagem, justificando-os com determinados critérios. Em Tanque do Piauí, obteve-se predominância do conceito "Bom", destacando-se as linhagens 5, 6, 26, 27, 28 e 29 com 100% de aprovação. A atribuição desse conceito foi fortemente associada a critérios de floração abundante e precocidade (85% das justificativas), seguidos de vigor vegetativo (70%), presença de vagens (60%) e estande uniforme (50%). Por outro lado, o conceito "Ruim" foi atribuído às linhagens 32 e 36, em 100% dos relatos por desuniformidade e falha nas parcelas; e em 90%, pela escassez de flores e vagens. Em Várzea Grande, verificou-se maior rigor avaliativo, com frequência expressiva dos conceitos "Médio" e "Ruim". O conceito "Bom" prevaleceu para as linhagens 11, 12, 13, 19, 29, 33 e 34, justificado, principalmente, pelo desenvolvimento vegetativo robusto (85%), floração abundante (71%) e uniformidade foliar (57%). As linhagens com maior incidência do conceito "Ruim" (1, 8, 18, 21 e 32) foram rejeitadas devido ao baixo vigor vegetativo (100%), falhas na germinação (80%) e presença de doenças e ausência de flores (60%). As linhagens 13, 29 e 34 receberam o conceito "Bom" nos dois locais, demonstrando adaptabilidade e convergência com as preferências dos agricultores e agricultoras.

**Palavras-chave:** *Phaseolus lunatus* L.; avaliação agronômica; critérios de seleção.

**Agradecimentos:** UFPI, CAPES, Sindicato dos Agricultores de Tanque e Várzea Grande.

# RGV 493 - INVENTÁRIO DO BANCO DE GERMOPLASMA DE *Capsicum* DA UNIVERSIDADE FEDERAL DO PIAUÍ - CAMPUS TERESINA

Regina Lucia Ferreira Gomes[1]*; Júnia Mariza Alves Araújo[1]; Ana Luiza Cardoso de Araújo[1]; Mylla Ferreira Macedo[1]; Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos[1]; Marcos Vinicius de Oliveira Ribeiro[1]; Michelle da Costa Dantas[1]; Ângela Célis de Almeida Lopes[1]; Verônica Brito da Silva[1]

[1]Universidade Federal do Piauí. *rlfgomes@ufpi.edu.br

Os acessos de pimenteiras do gênero *Capsicum* inventariados estão conservados no Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BGC - UFPI), no Campus Ministro Petrônio Portela, situado no município de Teresina, Piauí. Objetivou-se realizar o levantamento no BCG - UFPI, sendo identificados 135 acessos obtidos em coletas e doações, alguns provenientes de outros estados como: Ceará, Maranhão, Pernambuco e Paraíba. Em relação às espécies, constam exemplares de *Capsicum annum* L., *Capsicum baccatum* L., *Capsicum chinense* Jacq. e *Capsicum frutenses* L. Na coleção, os acessos do BGC - UFPI estão armazenados em câmara fria, à temperatura de 10°C e umidade relativa de 40%, acondicionados em sacos de papel. Tais acessos têm sido utilizados em trabalhos de caracterização e avaliação agromorfológica e fisiológica, com vistas à identificação daqueles com potencial ornamental e tolerância a altas temperaturas. A prospecção realizada possibilitou constatar a existência de acessos termotolerantes, que serão utilizados como genitores em blocos de cruzamentos. Dos genótipos conservados, 25 são oriundos de cruzamentos intraespecíficos de *Capsicum annum* L., dentre os quais, nove híbridos estão sendo submetidos a autofecundação para a seleção de linhagens superiores com potencial ornamental, em busca do desenvolvimento de novas cultivares para o mercado brasileiro de floricultura e plantas ornamentais. Além disso, ciclos de seleção massal vêm sendo realizados em linhagens de um acesso coletado em quintal produtivo, com características raras em pimenteira ornamental, com a finalidade de purificar, para submeter a ensaios de valor de cultivo e uso, para fins de registro.

**Palavras-chave:** Pimenteiras, conservação *ex situ*, recursos genéticos.

**Agradecimentos:** UFPI; FAPEPI; CAPES; CNPQ.

# RGV 494 - PRODUÇÃO DE MUDAS CLONADAS DE CAFEEIRO

Marcelo Souza Rocha[1]*; Alessandra Ferreira Ribas[2]

[1]Universidade Federal do Paraná UFPR. *souzarocha@ufpr.br

O cafeeiro é uma planta de importância socioeconômica ímpar em todo o planeta, sobretudo para o sul global, e sua produção concentra-se em duas espécies: *Coffea arabica* e *Coffea canephora*. Diversos centros de pesquisa em melhoramento genético atuam no país mantendo e multiplicando materiais do gênero *Coffea*. Entretanto, um programa convencional de melhoramento pode levar até 30 anos, mas com o uso da biotecnologia esse processo pode ser reduzido e contribuir para manter os recursos genéticos da agricultura nacional. A Embriogênese Somática (ES), aplicada com a técnica de cultura de tecidos *in vitro*, permite a produção de variedades clonais tanto para estudos científicos quanto para produção massal de plantas em laboratório, viabilizado por ser um processo asséptico e com maior controle das condições ambientais. O objetivo do estudo foi de produzir mudas de cafeeiro por embriogênese somática, dos clones robusta IAC 05, IAC15 e IAC250 fornecidos pelo Instituto Agronômico de Campinas (IAC). Diferentes concentrações de reguladores de crescimento foram testadas em meio de cultura MS (Murashige; Skoog) onde foram avaliadas a resposta dos clones aos tratamentos na produção de massa embriogênica, passo fundamental para produzir embriões e plantas. No experimento, folhas jovens da planta foram lavadas e desinfectadas, explantes foliares de 1 $cm^2$ quadrado foram transferidos para tubos de ensaio contendo 5 mL de meio de cultura formulado com ¼ da concentração de macro e micronutrientes da solução original MS, adicionado de Sacarose a 30 g $L^{-1}$ e Agar a 6 g $L^{-1}$, com os reguladores Isopentiladenina (2-iP) e Benzilaminapurina (BA), nas concentrações (2,5 µM, 5,0 µM e 10 µM), previamente autoclavados. O experimento foi instalado para os três clones de C. canephora em três concentrações de dois reguladores de crescimento num esquema fatorial 3 x 3 x 2 com 20 repetições, totalizando 360 tubos de ensaio. Os tubos com os explantes foram mantidos no escuro por um período de 90 a 120 dias. O experimento avaliou a resposta na produção de massa embriogênica pela presença ou ausência de embriões nas bordas cicatriciais dos explantes em relação ao número inicial de explantes inoculados. O resultado não apresentou diferença significativa entre as concentrações das doses de regulador 2-ip e BA com 2,5 µM e 5,0 µM para os clones IAC 05 e IAC 15, porém foram significativamente menores para o clone IAC 250 nas três doses dos dois reguladores. O que demonstra a genótipo dependência da resposta a reguladores de crescimento em diferentes variedades clonais de *C. canephora*, assim como ficou evidenciado que doses de 2,5 µM já estimulam a embriogênese somática em cafeeiro.

**Palavras-chave:** Cultura de tecidos, embriogênese somática, reguladores de crescimento.

**Agradecimentos:** Instituto Araucária e Instituto Agronômico de Campinas.

# RGV 495 - MONTAGEM DO GENOMA DE *Anacardium humile* St. Hil. (CAJUZINHO-DO-CERRADO)

Renata de Oliveira Dias[1]; Héctor Antônio Assunção Romão[1]; Kássia Marques Corrêa Miranda[1]; Cintia Pelegrineti Targueta[1]; Alba Valéria Melo de Araújo[1]; Jefferson Fernando Naves Pinto[2]; Mariana Pires de Campos Telles[1]; Edésio Fialho dos Reis[2]; Thannya Nascimento Soares[1]

[1]Laboratório de Genética & Biodiversidade (LGBio), ICB, UFG, Goiânia, Goiás, Brasil.
[2]Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas, IB, UFJ, Jataí, Goiás, Brasil.

*Anacardium humile* (Anacardiaceae), popularmente conhecido como cajuzinho-do-cerrado, é um arbusto com amplo potencial de uso alimentício e medicinal, representando um importante recurso genético. Este trabalho teve como objetivo montar um primeiro rascunho do genoma de referência de *A. humile*. Folhas de um indivíduo foram coletadas para as extrações de DNA de alto peso molecular. O DNA extraído foi quantificado e avaliado quanto à integridade e pureza. As bibliotecas foram preparadas com os kits de sequenciamento de leitura longa e ultra longa. As bibliotecas foram sequenciadas em equipamento P2 solo PromethION (ONT). As leituras brutas foram filtradas para a remoção de adaptadores e de leituras com qualidade média < Q20 e comprimento < 10.000 pb (totalizando 1.937.028 reads, com comprimento médio de 25.776 pb e um total de 49,93 Gb). As sequências foram montadas com o software hifiasm. As montagens primárias foram submetidas a remoção de duplicação de haplótipos e avaliadas quanto à completude gênica, contiguidade e acurácia de base e completude de k-mers. Para os genomas organelares, os contigs montados foram identificados pela comparação com genomas de espécies próximas e anotados no servidor web GeSeq. A montagem do genoma nuclear resultou em 49 contigs, totalizando 362,7 Mb, com alta contiguidade (N50 = 17,2 Mb; L50 = 9; L90 = 18). A completude gênica estimada (BUSCO = 99,7%, sendo 87,4% em cópia única e 12,2% duplicados) foi superior à observada para *A. occidentale*. (BUSCO = 95,9%, com 82% e 13,9% em cópia única e duplicados, respectivamente) e acurácia de base (QV ≈ 60). O genoma cloroplastidial (151.705 pb, com estrutura quadripartida canônica) apresentou 92 genes codificadores de proteína (CDS), 38 tRNAs e 10 rRNAs preditos; o genoma mitocondrial (535.055 pb) apresentou 38 CDS, 21 tRNAs e 7 rRNAs. Esses dados obtidos permitiram a montagem de genomas organelares completos e um genoma nuclear próximo de uma escala cromossômica para a espécie. Esses recursos genômicos servirão como base para a orientação de estudos de conservação e uso sustentável da espécie, além de contribuir para a elucidação dos processos de diversificação do gênero.

**Palavras-chave:** Cerrado, Genoma de referência; Recursos Genômicos.

**Agradecimentos:** Rede de pesquisa e desenvolvimento da região Centro-Oeste (CAPES e FAPEG), INCT EECBio (proc. 409197/2024-6), Edital Universal (proc. 408094/2025-7) e Rede BioGenomas Neotropicais (proc. 444522/2024-7).

# RGV 496 - GENOMA DE REFERÊNCIA DE ALTA CONTIGUIDADE DA JABUTICABEIRA-DE-CABINHO, *Plinia trunciflora* (O. BERG) KAUSEL

Ingrid Lohani Degering Brand[1]*; Yohan Fritsche[1]; Sophia Cassol[1]; Ana Kelly de Sousa Silva[1]; Gustavo Pitta Reis de Azevedo[1]; Alexander Artero Floyd[1]; Gabriel Menegusso Girardello[1]; Qudsia Kanwal[1]; Ana Julia Poletto[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]

[1]Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV), Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *ingrid.brand@hotmail.com

*Plinia trunciflora* (O. Berg) Kausel, conhecida como jabuticaba-de-cabinho, é uma frutífera nativa da Mata Atlântica de interesse para conservação, caracterização e uso de recursos genéticos. Apesar de sua relevância, recursos genômicos para a espécie ainda são escassos. Este trabalho teve como objetivo obter e caracterizar uma montagem de referência do genoma nuclear *de P. trunciflora* utilizando leituras longas. O DNA genômico foi sequenciado na plataforma Oxford Nanopore Technologies, totalizando 11.093.509 leituras e 21,798 Gb de dados. As montagens *de novo* foram realizadas com Flye e Canu e avaliadas quanto à contiguidade e completude. Etapas posteriores de curadoria incluíram redução de sequências redundantes e haplotípicas, remoção de contaminantes com FCS e identificação de sequências organelares por similaridade com os genomas de cloroplasto de P. trunciflora e mitocôndria *de Syzygium samarangense*. Após a remoção dessas sequências, foi realizado *scaffolding* orientado por referência com RagTag, utilizando o genoma de *Psidium guajava*. *Scaffolds* menores que 25 kb foram posteriormente removidos. A montagem nuclear final apresentou 251 *scaffolds* e 401,67 Mb, com conteúdo GC de 39,58%, N50 de 31,318 Mb, L50 de 6 e maior *scaffold* de 47,1 Mb. A completude, avaliada com BUSCO utilizando o conjunto eudicots_odb10, foi de 94,0%, sendo 81,6% dos ortólogos completos e de cópia única, 12,4% duplicados, 1,0% fragmentados e 5,0% ausentes. A elevada contiguidade e completude obtidas estabelecem um recurso genômico de referência para *P. trunciflora*, com potencial para subsidiar estudos de diversidade genética, desenvolvimento de marcadores moleculares, investigação de genes de interesse e estratégias de conservação e uso sustentável de germoplasma de jabuticabeiras nativas.

**Palavras-chave:** Conservação genética; Myrtaceae; Oxford Nanopore Technologies.

**Agradecimentos:** CNPq, CAPES, PPGRGV, Núcleo de Biotecnologia Aplicada (NBA), LFDGV e UFSC.

# RGV 497 - CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA PARA CONSERVAÇÃO *EX SITU* DE *Pinus maximinoi* EM TESTES DE PROGÊNIES

Nayara Dorigon Rodrigues [1]*; Kethelyn Rafaela Sudário de Oliveira[1]; Talita Carvalho de Souza Santos [1]; José Arimatéia Rabelo Machado [2]; Helmut Schuckar[3]; Renata Ruiz Silva[3]; Osmar Vilas Boas[2]; Miguel Luiz Menezes Freitas[2]; Wanderley dos Santos[4]; Ananda Virginia Aguiar[5]

[1]Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, UNESP, São Paulo; [2]Instituto de Pesquisas Ambientais, São Paulo; [3]Schuckar Florestal LTDA, São Paulo; [4]Autônomo (Técnico do Funpinus); [5]Embrapa Florestas, Paraná. *nayara.dorigon@unesp.br

*Pinus maximinoi* apresenta potencial para produção de madeira no Brasil, destacando-se pelo rápido crescimento, produtividade volumétrica e forma do fuste. Caracterizações fenotípicas e genéticas em testes de progênies subsidiam estratégias de conservação dos recursos genéticos. Nesse contexto, objetivou-se estimar a variabilidade genética e caracterizar o potencial genético para crescimento em acessos de segunda geração de *P. maximinoi*. O ensaio foi instalado em Pederneiras-SP, em delineamento de blocos completos ao acaso, com 20 blocos, 28 progênies de meias-irmãs e uma planta por parcela. Avaliaram-se 560 acessos, no ano de 2026 sendo mensurados altura (ALT, m), diâmetro à altura do peito (DAP, cm) e volume cilíndrico estimado (VOL, $m^3$ árvore$^{-1}$). As análises utilizaram modelos lineares mistos no Selegen, com modelos univariados para estimar parâmetros genéticos e análise multivariada das associações entre caracteres. A análise de deviance, contudo, não evidenciou diferenças significativas entre progênies para os caracteres avaliados, cujas médias foram de DAP= 18,28 cm, ALT 24,04 m e VOL=1,22 $m^3$ árvore$^{-1}$. Foram estimados coeficiente de variação genética (CVgi) para DAP (CVgi = 0,91%), ALT (CVgi = 10,81%) e VOL (CVgi = 0,90%). A ALT apresentou o maior CVgi (10,81%), enquanto o VOL apresentou as maiores estimativas de herdabilidade da média de progênies ($h^2$mp = 0,32) e acurácia (Acprog = 0,57). A análise multivariada indicou correlação fenotípica entre DAP e VOL (r = 0,94). Há estimativas de variabilidade genética para os caracteres, mas a evidência de diferenciação entre progênies foi limitada nas condições e idade avaliadas. Em conjunto, os resultados fornecem informações quantitativas sobre os componentes genéticos dos caracteres de crescimento, contribuindo para a caracterização genética da população e fornecendo subsídios para sua conservação *ex situ* e para futuras avaliações do potencial de seleção em *P. maximinoi*.

**Palavras-chave:** conservação *ex situ*; recursos florestais; variabilidade genética.

**Agradecimentos**: Processo CNPq 300988/2025-7 (MLMF), CNPq 307064/2023-9(AVA), CNPq 130702/2025-0 (KRSO), ao José Odair de Sene Técnico APCT IPA e a Empresa Schuckar Florestal LTDA. Órgão financiador: AP 003/2022 - Processo SIMA: 055265/2021-02.

# RGV 498 - ESTABELECIMENTO DE LINHAGENS EMBRIOGÊNICAS DE *Coffea arabica* L. *IN VITRO*

Julia Aparecida Calixto[1]*; Eduardo Aragão Telmo de Carvalho[1]; Alessandra Ferreira Ribas[1]

[1]Universidade Federal do Paraná. *juliacalixto@ufpr.br

A embriogênese somática constitui uma importante ferramenta da cultura de tecidos vegetais, com aplicações na propagação clonal, regeneração de plantas, transformação genética e conservação de recursos genéticos vegetais, por possibilitar a multiplicação e manutenção de genótipos de interesse. O presente trabalho teve como objetivo avaliar o estabelecimento de calos primários e o desenvolvimento de calos embriogênicos em explantes foliares de *Coffea arabica* L., cultivar Catuaí Amarelo, submetidos a diferentes combinações de reguladores de crescimento vegetal. Folhas jovens obtidas de mudas mantidas em casa de vegetação foram submetidas ao processo de desinfestação em câmara de fluxo laminar com imersão em álcool 70% por 1 minuto, seguido de hipoclorito de sódio com Tween 20 por 10 minutos e tripla lavagem com água destilada autoclavada. Os explantes foliares foram seccionados e inoculados em Meio de Indução de Calos (MIC) testando quatro tratamentos com diferentes combinações de auxinas e citocininas: T1: meio padrão (Etienne, 2025) contendo 2,4-D (2,26 µM), AIB (4,92 µM) e 2-iP (9,84 µM); T2: 2,4-D (2,26 µM) + BAP (17,7 µM) + AIB (4,92 µM); T3: picloram (2,26 µM) + 2-iP (9,84 µM) + AIB (4,92 µM) e T4: picloram (2,26 µM) + BAP (17,7 µM) + AIB (4,92 µM). Os explantes foliares foram mantidos por 30 dias na sala de crescimento do Laboratório de Micropropagação da UFPR à 25ºC, dispostos em estantes e cobertos para que não tivessem contato com a luz. Após a fase de indução, os explantes com formação de calos primários foram transferidos para o meio de calos embriogênicos (MEC), suplementado com 2,4-D (4,52 µM) e BAP (17,7 µM), permanecendo em cultivo na sala de crescimento também no escuro, por aproximadamente três meses. Todos os tratamentos apresentaram formação de calos primários. A maior taxa de calogênese primária ocorreu no tratamento T2: 2,4-D + BAP + AIB (71,50%). Os calos primários caracterizaram-se predominantemente pela presença de calosidades de aspecto nodular e coloração branca/bege nas margens foliares. No entanto, após o cultivo no MEC, o Meio Padrão obteve a maior média de calos classificados como embriogênicos (18,05%), caracterizados pelo surgimento de massa amarelada/creme e, o aparecimento de alguns embriões somáticos, no estádio de torpedo (morfologia alongada e ápice proeminente). Os resultados indicam que uma maior taxa de formação inicial de calos primários não implica necessariamente em uma maior resposta embriogênica. Essa divergência ocorre porque a indução do calo e a aquisição da competência embriogênica constituem eventos fisiológicos distintos, desencadeados ainda na fase inicial de indução (MIC). Assim, embora todos os tecidos tenham sido posteriormente subcultivados em um meio de expressão (MEC) idêntico, os explantes provenientes do Meio Padrão apresentaram maior pré-sensibilização e reprogramação celular, sendo o meio padrão o mais promissor, entre os avaliados, para o estabelecimento de tecidos embriogênicos de *C. arabica* cultivar Catuaí Amarelo.

**Palavras-chave:** Calos; embriogênese, reguladores.

**Agradecimentos:** Universidade Federal do Paraná e Instituto Agronômico de Campinas.

# RGV 499 - AVALIAÇÃO FENOTÍPICA E POTENCIAL DE SELEÇÃO DE JABUTICABEIRAS NATIVAS DA SERRA DAS PIAS, ALAGOAS

Nicácio Silva Brito[1]; Semíramis Rabelo Ramalho Ramos[2]; Ricardo Elesbão Alves[2]*; João Gomes da Costa[2]

[1]Universidade Federal de Alagoas. [2]Embrapa Alimentos e Territórios.
*ricardo.alves@embrapa.br

A jabuticabeira (*Plinia* spp.) é uma frutífera nativa brasileira de elevado valor ecológico, nutricional e econômico, cuja variabilidade fenotípica em populações naturais permanece pouco identificada e documentada, sobretudo no Nordeste, representando uma lacuna relevante para a conservação in situ e amplo uso do germoplasma. Nesse contexto, este trabalho teve como objetivo avaliar fenotipicamente acessos de jabuticabeiras nativas da região da Serra das Pias, município de Palmeira dos Índios - AL, visando à identificação de matrizes com potencial agronômico e contribuindo para subsidiar ações de conservação, propagação e melhoramento genético. Foram selecionados e georreferenciados 94 indivíduos adultos, com altura superior a 2 metros, distribuídos em três propriedades rurais, dos quais foram coletados, entre fevereiro e março de 2025, 30 frutos maduros por planta, retirados da região dorsal-mediana do caule. Descritores vegetativos e físico-químicos foram aplicados em plantas e frutos, cujos dados foram submetidos à Análise de Componentes Principais (PCA), análise de agrupamento hierárquico e ANOVA bifatorial. As análises evidenciaram dois grupos fenotípicos distintos: plantas com frutos pilosos (CP), popularmente conhecidos como “Jabuticaba Peluda-de-Alagoas”, e plantas com frutos lisos, sem pilosidade (SP), popularmente denominados “Sabará”. Os dois primeiros componentes principais explicaram 56,5% da variância total, e, juntamente com a análise de agrupamento, corroboraram a distinção entre os grupos, evidenciando expressiva diferenciação fenotípica entre os acessos avaliados. A ANOVA bifatorial revelou diferenças significativas entre CP e SP para importantes características biométricas e de rendimento, com os indivíduos CP apresentando, em média, peso do fruto e rendimento de polpa 52,8 % e 56,1 % maiores, respectivamente. Em contraste, os sólidos solúveis totais e o pH não diferiram significativamente entre os grupos, sendo influenciados apenas pela propriedade de origem, indicando influência associada às condições específicas de cada local. Conclui-se que a população nativa da Serra das Pias apresenta expressiva diferenciação fenotípica e reúne acessos agronomicamente promissores, sobretudo entre os indivíduos CP, com potencial para seleção de matrizes e posterior avaliação por propagação vegetativa. Estudos moleculares complementares são necessários para esclarecer a identidade taxonômica dos materiais e subsidiar estratégias de conservação e uso dos recursos genéticos de jabuticabeira em Alagoas.

**Palavras-chave:** Conservação *in situ*; Variabilidade fenotípica; Melhoramento vegetal.

**Agradecimentos:** À CAPES, pelo apoio financeiro concedido para a realização desta pesquisa e à Embrapa, pelo apoio na elaboração e desenvolvimento deste trabalho.

# RGV 500 - PADRÕES GENÔMICOS ASSOCIADOS À DOMESTICAÇÃO DA PUPUNHA NA AMAZÔNIA

Ana Paula Jesus de Vasconcelos[1]*; Anielly Sarana da Silva[2]; Caroline Bertocco Garcia[3]; Doriane Batista Rodrigues[4]; Alessandro Alves Pereira[5]; Maria Imaculada Zucchi[6]

[1]Universidade Estadual de Campinas - UNICAMP. [2]Universidade Estadual de Campinas. [3]Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ-USP. [4]Universidade Federal do Amazonas - UFAM. [5]Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. [6]Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. *paulavasconcelos256@gmail.com

Entre as diversas espécies vegetais nativas da região Amazônica, a pupunha (*Bactris gasipaes*) é a única palmeira completamente domesticada dos Neotrópicos. Inicialmente domesticada para a utilização de sua madeira, a espécie é atualmente cultivada para a produção de frutos e extração de palmito, representando um importante recurso genético e uma fonte de renda em âmbito local, regional e nacional. A pupunha apresenta uma história evolutiva complexa devido à coexistência de populações silvestres e cultivadas, que apresentam elevada variabilidade morfológica e genética associada à adaptação a diferentes ambientes e estágios de domesticação. Apesar de sua importância, poucos estudos têm buscado realizar sua caracterização genômica. Nesse contexto, este estudo objetivou avaliar padrões de diversidade genética e estrutura populacional, bem como possíveis assinaturas de seleção associadas ao processo de domesticação. Foram analisados 125 indivíduos cultivados provenientes de 28 municípios ao longo dos principais sistemas fluviais da Amazônia (Branco, Negro, Solimões, Amazonas e Madeira), utilizando marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNPs) obtidos por genotipagem por sequenciamento (GBS). Adicionalmente, foram incorporados acessos de bancos de germoplasma provenientes de 5 localidades, incluindo populações silvestres e raças locais, possibilitando análises comparativas. Os resultados preliminares obtidos revelaram sequências de alta qualidade, com *Phred score* superior a 30. Amostras com baixo número de leituras (<200 mil) foram removidas. Após a filtragem, 5019 SNPs de alta qualidade foram obtidos em 144 indivíduos, sendo que 76 foram detectados como *outliers* em pelo menos dois dos três métodos empregados. O conjunto de SNPs neutros será utilizado para estimar parâmetros de diversidade genética, incluindo número de alelos, heterozigosidade observada e esperada e coeficiente de endogamia. Por sua vez, as sequências contendo os SNPs *outliers* serão recuperadas e comparadas ao banco de dados Swiss-Prot, com o objetivo de identificar possíveis funções moleculares, processos biológicos e componentes celulares associados a regiões genômicas potencialmente relacionadas à adaptação e ao processo de domesticação.

Espera-se que os resultados contribuam para a compreensão da dinâmica evolutiva da espécie e subsidiem o uso de seus recursos genéticos, fortalecendo estratégias de manejo, conservação e melhoramento.

**Palavras-chave:** Pupunha; domesticação; SNPs.

**Agradecimentos:** à UNICAMP, à ESALQ e à FAPESP pelos recursos oferecidos.

# RGV 503 - USO DA ESPECTROSCOPIA NIR PARA DETECÇÃO QUÍMICA E CARACTERIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS

Ricardo Giacomitti Noleto[1]*; Bruno Marchetti de Souza[1]; Talita Carvalho de Souza [2]; Alexandre Marques da Silva [2]; Cássia Ângela Pedrozo [3]; Willian Valdemar Cristo Mittmann[1]; Ananda Virginia de Aguiar[1]

[1]Embrapa Florestas. [2]Unesp - Faculdade de Engenharias de Ilha Solteira. [3]Embrapa Roraima.
*ricardognoleto@gmail.com

As análises de materiais utilizando a espectroscopia no infravermelho (NIR) podem gerar resultados inovadores e constituir uma estratégia promissora para a conservação *in situ* e *ex situ* de recursos genéticos. Trata-se de uma técnica de análise rápida e não destrutiva, que permite estimar propriedades químicas e físicas de materiais orgânicos, e quantificar, de forma mais ágil, a variabilidade dessas características. Neste estudo, objetivou-se avaliar a capacidade da espectroscopia NIR em prever a concentração de selênio em amêndoas de castanheira-da-amazônia (*Bertholletia excelsa*). Foram coletadas 10 sementes de oito matrizes, provenientes de duas regiões, Itan e Cujubim, no município de Caracaraí, Roraima. Foram avaliados 1.557 espectros de absorbância obtidos por espectroscopia no infravermelho próximo (NIR) em relação aos teores de selênio. Desses, 155 apresentaram correlações significativas ($p < 0,05$). As correlações positivas predominaram, com 142 associações e coeficientes de correlação que atingiram valores próximos de 0,57. Para as análises de predição, foram consideradas sete matrizes, sendo uma excluída por apresentar teor de selênio caracterizado como outlier. Foram ajustados modelos de regressão Random Forest com dados espectrais de NIR, avaliados por validação cruzada leave-one-out (LOOCV), que apresentaram capacidade preditiva moderada ($R^2 = 0,60$). Os resultados evidenciaram associações entre determinadas regiões espectrais do NIR e os teores de selênio. Assim, observamos o potencial da técnica para a caracterização e predição desse elemento em genótipos de interesse para a conservação e caracterização de recursos genéticos da castanheira-da-amazônia.

**Palavras-chave:** *Bertholletia excelsa,* conservação *in situ,* selênio.

**Agradecimentos:** Agradecemos a todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho, especialmente as instituições de ensino, aos orientadores e colaboradores, pelo apoio, incentivo e contribuições fundamentais para o desenvolvimento da pesquisa. Agradecemos também ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro concedido por meio do processo nº 307064/2023-9 (AVA).

# RGV 505 - VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE PROGÊNIES HÍBRIDAS DE PÍNUS COM BASE NO FLUXO DE RESINA

Gustavo Henrique de Souza Moreli[1]; Kethelyn Rafaela Sudário de Oliveira[1]; Nayara Dorigon Rodrigues[1]*; José Carlos de Oliveira Júnior[2]; Bruno Marchetti Souza[1]; Lorena Carolyne Pereira[1]; Wanderley dos Santos[3]; Ananda Virgínia de Aguiar[4]; Ricardo Noleto[4]; Talita Carvalho de Souza Santos[4]

[1]Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira, UNESP. [2]Faculdade de Ciências Agronômicas, UNESP. [3]Autônomo-Funpinus. [4]Embrapa Florestas. *nayara.dorigon@unesp.br

O híbrido entre *Pinus elliottii* var. *elliottii* (PEE) x *Pinus caribaea* var. *hondurensis* (PCH) constitui um relevante recurso genético florestal no Brasil, destacando-se pelo crescimento e pela adaptabilidade em regiões tropicais e subtropicais. A oleorresina atua na defesa contra insetos e patógenos, sendo seu fluxo modulado pelo ambiente, o que se associa a respostas a estresses e à resiliência diante das mudanças climáticas. Assim, caracterizar a variabilidade genética desses recursos é indispensável para subsidiar a conservação *ex situ* e evitar a erosão genética. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos do fluxo de resina entre indivíduos de um teste de progênies do híbrido PEE x PCH, localizado em Ribeirão Branco, SP. O plantio foi instalado em 2019 sob delineamento de blocos ao acaso, com 20 blocos, uma planta por parcela e 74 progênies híbridas de irmãos completos, meios-irmãos e de pais não aparentados. A coleta de resina foi realizada via microresinagem, medindo-se o fluxo de resina (FR) em 24h. Os dados foram analisados no software Selegen-REML/BLUP, obtendo-se estatísticas descritivas e a estimação de parâmetros genéticos. Os resultados indicaram fluxo de resina (FR) médio de 1,45 g, com valores variando de 0,03 a 14,64 g, evidenciando ampla variação fenotípica para o caráter. A herdabilidade individual estimada foi baixa ($h^2 = 0,12$), indicando reduzido controle genético de FR neste ciclo de avaliação. No nível de progênies, a acurácia de seleção de progênies foi elevada (0,92), demonstrando boa precisão na estimação dos valores genéticos. A análise por modelos lineares mistos indicou baixa contribuição do componente genético para a variação observada entre as progênies. Esses resultados sugerem que, neste ciclo de avaliação, a expressão do caráter foi predominantemente influenciada por componentes não genéticos, limitando a eficiência da seleção baseada exclusivamente em FR. Avaliações adicionais ao longo do tempo poderão contribuir para determinar a estabilidade do caráter e a magnitude do controle genético em diferentes ciclos de produção.

**Palavras-chave:** *Pinus*; Microresinagem; Variabilidade Genética.

**Agradecimentos:** CNPq 307064/2023-9 (AVA), CNPq 130702/2025-0 (KRSO), à CAPES - código de financiamento 001, à equipe técnica da EMBRAPA e a todas as empresas associadas à Funpinus.

# RGV 506 - DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS DE VARIEDADES LOCAIS DE *Talinum paniculatum* (Jacq.) Gaertn. E *Talinum fruticosum* (L.) Juss.

Jakson Moraes de Souza[1]; Marilene Santos de Lima[1]*; Matheus Matos do Nascimento[1]; Almecina Balbino Ferreira[1]; João Pedro dos Santos Silva Cavalcante[1]; Aldenice Santos de Lima[1]; Elivelton de Souza Lima[1]; Flávia Brilhante Florenciano[1]; Cristielen Montes Frota[1]

[1]Universidade Federal do Acre. *marilene.santos@ufac.br

As espécies de Major-gomes (*Talinum paniculatum* (Jacq.) Gaertn. e *Talinum fruticosum* (L.) Juss.) são Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANC) de importância nutricional e potencial agronômico. A caracterização de seu germoplasma permite identificar a variabilidade existente e genótipos de interesse, subsidiando estratégias de conservação, pesquisa e uso sustentável desses recursos genéticos. Assim, o objetivo foi avaliar os descritores morfológicos para duas espécies de Major-gomes, *Talinum paniculatum* (Jacq.) Gaertn. e *Talinum fruticosum* (L.) Juss., sob cultivo orgânico. O experimento foi realizado na área experimental do Horto PANC da Universidade Federal do Acre, em delineamento experimental em esquema fatorial 2 × 2, sendo duas espécies de Major-gomes e duas doses de esterco bovino (0 e 30 t $ha^{-1}$). Foram avaliados 13 descritores morfoagronômicos quantitativos (comprimento da raiz principal, diâmetro da raiz, número de raízes por planta, massas fresca e seca das raízes, diâmetro do caule, número de hastes no ramo principal, altura da primeira ramificação, comprimento e largura das folhas, altura da planta e massas fresca e seca da parte aérea) e seis descritores qualitativos (presença ou ausência de pigmentação no caule, presença ou ausência de pigmentação nas folhas, coloração da folha, formato da folha, margem do limbo e cor da flor, avaliados durante a floração). A adubação orgânica, na dose de 30 t $ha^{-1}$, proporcionou aumento no diâmetro da raiz, comprimento da raiz principal, massa seca da raiz e massa fresca da inflorescência (MFI). *Talinum fruticosum* apresentou caule com pigmentação verde, ausência de pigmentação nas folhas, coloração verde-clara, formato elíptico, margem do limbo lisa e flores de coloração rosada. *Talinum paniculatum* apresentou pigmentação roxa no caule, ausência de pigmentação foliar, coloração verde-escura, formato ovado, margem do limbo lisa e flores de coloração branca, além de folhas mais arredondadas e largas, flores dispostas em panículas e raízes mais espessas. Conclui-se que os materiais avaliados apresentam potencial como recursos genéticos, podendo subsidiar estratégias de conservação, valorização e seleção de genótipos para programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** Descritores mínimos; Major-gomes; PANC.

**Agradecimentos:** À Universidade Federal do Acre (UFAC) pela concessão da bolsa de Iniciação Científica (PIBIC /UFAC) ao discente Jakson Moraes de Souza.

# RGV 508 - PROSPECÇÃO E VALIDAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA CAMARINHA

Bianca Lanzoni Filter[1]*; Sophia Cassol[1]; Gabriel Menegusso Girardello[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]; Paulo Emílio Lovato[1]; Leonardo Khaoê Giovanetti[1]; Carolina Oliveira de Alcântara[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *bianca.filter23@gmail.com

A camarinha (*Gaylussacia brasiliensis* (Spreng.) Meisn.) é uma espécie nativa de ambientes de restinga da Mata Atlântica brasileira, com potencial alimentício, medicinal e ecológico, mas ainda pouco estudada em relação aos seus recursos genéticos. A obtenção de marcadores moleculares específicos para a espécie pode fornecer ferramentas para estudos de caracterização genética, conservação e, futuramente, para a domesticação e a seleção de materiais de interesse. Este trabalho tem como objetivo prospectar e validar marcadores microssatélites (SSR) para *G. brasiliensis*. O estudo está sendo realizado no Parque Municipal das Dunas da Lagoa da Conceição e no Parque Estadual da Serra do Tabuleiro, na Grande Florianópolis. Foram coletados 100 indivíduos em cinco locais de ocorrência, sendo dois no Parque Municipal das Dunas da Lagoa da Conceição e três no Parque Estadual da Serra do Tabuleiro, com 20 indivíduos amostrados por local. O DNA genômico foi extraído de amostras foliares e, a partir do genoma previamente sequenciado da espécie, foram identificadas regiões de microssatélites com auxílio do programa SSRdev, versão 3.2. Foram selecionados 20 pares de primers distribuídos entre os diferentes cromossomos de *G. brasiliensis*, a fim de representar diferentes regiões do genoma da espécie. Inicialmente, cada par de primers foi submetido à reação em cadeia da polimerase (PCR) em diferentes temperaturas de anelamento, com o objetivo de determinar a mais adequada para a amplificação de cada região. Após a definição dessas condições, foram realizadas as PCRs de validação utilizando o DNA dos 100 indivíduos amostrados, permitindo avaliar o desempenho dos primers entre indivíduos de diferentes locais de ocorrência. Os produtos das reações foram submetidos à eletroforese e avaliados quanto à presença, qualidade e consistência da amplificação dos fragmentos. Até o momento, 10 dos 20 marcadores testados apresentaram amplificação adequada. Para a genotipagem, os fragmentos serão analisados em sequenciador para determinação de seus tamanhos e obtenção dos genótipos dos indivíduos, utilizando a estratégia de M13 tailing. A validação desses marcadores disponibiliza ferramentas moleculares específicas para *G. brasiliensis* e constitui uma base para estudos futuros sobre seus recursos genéticos, podendo contribuir para estratégias de conservação e para pesquisas voltadas à domesticação e ao melhoramento da espécie.

**Palavras-chave:** Recursos genéticos; genotipagem.

**Agradecimentos:** UFSC, CNPq, NEPEA, LFDGV.

# RGV 509 - ENRAIZAMENTO DE MINIESTACAS DE ERVA-MATE PROVENIENTES DE MINIJARDIM CLONAL NA REGIÃO DO PLANALTO SERRANO DE SANTA CATARINA

Leonardo Ribeiro[1]*; João Antônio Rodrigues Santos[1]; Rafael Pereira Fontoura[1]; Arthur Rohden[1]; Cleiton Diego Prado[1]; Sofia Ribeiro[1]; Isabela Turatto[1]; Jussara Vezaro[1]; Rita Carolina de Melo[1]; Kelen Haygert Lencina[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Campus Curitibanos; [2]Embrapa Florestas.
*leo.sc.1313@gmail.com

A erva-mate (*Ilex paraguariensis*) possui relevância econômica, cultural e social na região Sul do Brasil. A propagação clonal constitui uma estratégia promissora para a fixação de genótipos superiores, embora enfrente desafios relacionados à capacidade de enraizamento e à adaptabilidade às condições locais. Com o objetivo de avaliar o potencial rizogênico de miniestacas de erva-mate, em setembro de 2025, foram implantadas 2 plantas de 13 clones da Embrapa Florestas (Colombo-PR): 01, 12, 60, 04, 82, 121, 100, 101, 43, 112, 84, 03 e 82. O minijardim passou por manejos diários de fertirrigação. As brotações foram coletadas em novembro de 2025 e em fevereiro de 2026 e seccionadas em estacas de 2 cm com gema única e 50% da área foliar. As estacas foram tratadas com ácido indolbutírico (AIB) na concentração de 2000 mg $L^{-1}$ por 10 s e alocadas em bandejas com substrato comercial Carolina Soil ® e vermiculita fina, mantidas sob câmara úmida. No momento da instalação do experimento foi contabilizado o número de miniestacas produzidas e aos 180 dias as estacas foram avaliadas quanto à sobrevivência e ao enraizamento. Na primeira coleta foram obtidas 154 estacas em 11 clones, variando de 1 (clone 4) a 33 (Clone 101). Já na segunda coleta foram obtidas 137 estacas em cinco clones, variando de 6 (clone 12) a 54 (clone 101). A maior sobrevivência foi observada no clone 60, com 9,7% aos 180 dias de avaliação, enquanto os clones 01 e 84 não apresentaram estacas vivas. Acredita-se que elevada mortalidade das estacas seja atribuída ao estresse térmico severo ocorrido no verão de 2026, o que pode ter influenciado também no baixo enraizamento. A porcentagem de enraizamento foi de 4,7% no mesmo período de avaliação. A origem dos materiais e as condições ambientais do planalto serrano catarinense podem ser fatores que contribuíram para o insucesso do enraizamento adventício das estacas. Conclui-se que os clones de erva-mate avaliados apresentam baixa capacidade de propagação vegetativa nas condições avaliadas no presente trabalho. Sugere-se o aprimoramento do manejo do minijardim e a seleção de genótipos com habilidade de enraizamento adventício, reforçando a importância de programas de melhoramento para essa característica.

**Palavras-chave:** Propagação vegetativa; melhoramento genético; mudas clonais.

**Agradecimentos:** À Universidade Federal de Santa Catarina e à Embrapa Florestas, em especial ao Ivar Wendling pelo suporte. Ao CNPq e à CAPES pelo financiamento e concessão de bolsas.

# RGV 510 - GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE AQUÊNIOS DE MORANGUEIRO (*Fragaria* × *ananassa*): EFEITO DE DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DE ÁCIDO GIBERÉLICO ($GA_3$) SOB ESCARIFICAÇÃO QUÍMICA

Eduarda Schönwald[1]*; Thiago Ornellas[1]; Rosete Pescador[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Fitotecnia. *eduarda.schonwald@gmail.com

Os recursos genéticos de morangueiro (*Fragaria* × *ananassa*) são fundamentais para o melhoramento genético, pois possibilitam a obtenção de novas combinações e o resgate de variabilidade, o que a propagação vegetativa comercial não permite. Como a germinação dos aquênios costuma ser limitada pela dormência tegumentar, é necessário aplicar tratamentos que favoreçam a retomada do crescimento embrionário. Este trabalho avaliou o efeito de diferentes concentrações de ácido giberélico ($GA_3$), associadas à escarificação química com ácido sulfúrico concentrado ($H_2SO_4$, 98%) por 10 minutos, sobre a germinação e o desenvolvimento inicial de plântulas de morangueiro *in vitro*. Após a escarificação e a desinfestação, os aquênios foram inoculados em meio MS a meia força contendo 0; 0,5; 1,0; 1,5 e 2,0 mg $L^{-1}$ de $GA_3$, com 18 repetições por tratamento, mantidos a 25 ± 2 °C, sob fotoperíodo de 16 h de luz e 8 h de escuro. Os valores médios de germinação, altura, massa fresca e massa seca, respectivamente, foram: T0 - 83,3%, 43,04 mm, 12,82 mg e 1,95 mg; T0,5 - 72,2%, 35,14 mm, 7,91 mg e 1,74 mg; T1,0 - 66,7%, 30,33 mm, 8,12 mg e 1,33 mg; T1,5 - 72,2%, 35,00 mm, 6,90 mg e 1,23 mg; e T2,0 - 100%, 31,06 mm, 7,13 mg e 1,48 mg. A maior germinação ocorreu na dose mais elevada, sem resposta linear ao gradiente; em contrapartida, o controle apresentou os maiores valores de altura e biomassa, e todas as doses de $GA_3$ reduziram esses parâmetros. As raízes também foram afetadas, com maior espessura nas doses intermediárias, coloração avermelhada nas concentrações mais altas e, em 2,0 mg $L^{-1}$, dificuldade de penetração no meio de cultura. Esses achados sugerem que o $GA_3$ favorece a retomada do crescimento do embrião e a mobilização de reservas na germinação, mas sua presença contínua interfere no equilíbrio entre parte aérea e sistema radicular, explicando por que a maior germinação não correspondeu ao melhor desenvolvimento das plântulas. Assim, tanto a concentração quanto o período de exposição ao $GA_3$ devem ser considerados na definição do protocolo: a dose de 2,0 mg $L^{-1}$ maximiza a germinação, mas sua manutenção contínua pode comprometer o vigor posterior. Como alternativa, a embebição prévia dos aquênios em $GA_3$ pode fornecer o estímulo necessário à superação da dormência sem manter o regulador em contato constante com o tecido em desenvolvimento. Para o melhoramento e a conservação de recursos genéticos, essa distinção é relevante: o objetivo não é apenas aumentar o número de aquênios germinados, mas obter plântulas vigorosas e com sistema radicular adequado.

**Palavras-chave:** ácido giberélico; germinação *in vitro*; recursos genéticos.

# RGV 511 - COMPARAÇÃO DE ESTRATÉGIAS PARA MONTAGEM E REFINAMENTO DO GENOMA DE *Plinia trunciflora* (O. Berg) Kausel

Ingrid Lohani Degering Brand[1]*; Alexander Artero Floyd[1]; Yohan Fritsche[1]; Sophia Cassol[1]; Suelen Martinez Guterres[1]; Gustavo Pitta Reis de Azevedo[1]; Gabriel Menegusso Girardello[1]; Emily Carvalho Da Silva[1]; Tiago Montagna[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]

[1]Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV), Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *ingrid.brand@hotmail.com

A construção de genomas de referência a partir de leituras longas envolve decisões metodológicas que podem influenciar a completude, a redundância e a representação das regiões genômicas. Para espécies nativas ainda pouco caracterizadas, a avaliação comparativa dessas estratégias é particularmente relevante para a geração de recursos genômicos confiáveis. Este trabalho teve como objetivo comparar abordagens de montagem e refinamento do genoma de *Plinia trunciflora* utilizando leituras obtidas por Oxford Nanopore Technologies. Montagens *de novo* foram produzidas independentemente com Flye e Canu, e estratégias de combinação entre montagens também foram avaliadas. A completude e a proporção de ortólogos duplicados foram examinadas com BUSCO, utilizando o conjunto eudicots_odb10. A montagem obtida com Flye apresentou 98,4% de ortólogos completos, sendo 90,6% de cópia única e 7,8% duplicados, enquanto a montagem obtida com Canu apresentou 97,8% de completude, com 85,3% de cópia única e 12,5% duplicados. As estratégias de combinação das montagens apresentaram entre 93,5 e 93,8% de ortólogos completos, indicando que o aumento da integração entre *assemblies* não resultou necessariamente em maior completude. A redundância genômica foi posteriormente avaliada e reduzida com purge_dups. Também foi testado polimento com Racon, que resultou em redução da completude estimada pelo BUSCO e, portanto, não foi incorporado à estratégia final. As análises demonstraram que valores elevados de completude isoladamente não são suficientes para a seleção de uma montagem, uma vez que a proporção de ortólogos duplicados e a redundância estrutural também devem ser consideradas. A comparação entre abordagens permitiu selecionar um fluxo de montagem e refinamento mais adequado para a representação do genoma nuclear de *P. trunciflora*, contribuindo para o desenvolvimento de recursos genômicos destinados à caracterização e conservação de espécies nativas.

**Palavras-chave:** Bioinformática; genômica de espécies nativas; NGS.

**Agradecimentos:** CNPq, CAPES, PPGRGV, Núcleo de Biotecnologia Aplicada (NBA), LFDGV e UFSC.

# RGV 512 - CARACTERIZAÇÃO DE ELEMENTOS REPETITIVOS E ANOTAÇÃO ESTRUTURAL DO GENOMA DA JABUTICABEIRA-DE-CABINHO, *Plinia trunciflora* (O. Berg) Kausel

Ingrid Lohani Degering Brand[1]*; Alexander Artero Floyd[1]; Yohan Fritsche[1]; Sophia Cassol[1]; Gustavo Pitta Reis de Azevedo[1]; Gabriel Menegusso Girardello[1]; Sol Anahí Quesnel Kiefl[1]; Danielle da Silva[1]; Tiago Montagna[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]

[1]Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV), Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *ingrid.brand@hotmail.com

A caracterização genômica de espécies nativas contribui para ampliar o conhecimento sobre recursos genéticos vegetais e fornece bases para sua conservação, uso e valorização. Nesse contexto, a identificação e o mascaramento de elementos repetitivos constituem etapas fundamentais da anotação estrutural, pois influenciam diretamente a predição de modelos gênicos e a interpretação da organização genômica. Este trabalho teve como objetivo caracterizar o conteúdo repetitivo do genoma de *Plinia trunciflora* e avaliar sua relação com a anotação estrutural da espécie. Os elementos repetitivos foram identificados com EDTA e mascarados com RepeatMasker, sendo comparadas duas condições de sensibilidade. A abordagem menos sensível resultou em 45,46% do genoma mascarado, enquanto a condição de maior sensibilidade identificou 46,08% de conteúdo repetitivo. Esta última foi selecionada para a anotação estrutural, por proporcionar maior cobertura das regiões repetitivas e reduzir a possibilidade de predição de modelos gênicos espúrios associados a essas sequências. A predição gênica foi realizada com BRAKER3 em abordagem orientada por proteínas, utilizando sequências proteicas de *Eucalyptus grandis*, *Syzygium oleosum*, *Psidium guajava* e *Arabidopsis thaliana* como evidências externas. A estratégia selecionada resultou na predição de 36.034 genes. A completude da anotação foi avaliada com BUSCO, utilizando o conjunto eudicots_odb10. Os resultados demonstram que quase metade do genoma de *P. trunciflora* é composta por sequências repetitivas e evidenciam a importância da definição adequada dos parâmetros de mascaramento para a obtenção de uma anotação estrutural mais conservadora. O conjunto de genes preditos amplia os recursos genômicos disponíveis para a jabuticabeira-de-cabinho e fornece suporte para estudos de diversidade, comparação entre espécies, prospecção de genes de interesse e estratégias de conservação e uso desse recurso genético nativo.

**Palavras-chave:** Anotação gênica; elementos transponíveis; predição gênica.

**Agradecimentos:** CNPq, CAPES, PPGRGV, Núcleo de Biotecnologia Aplicada (NBA), LFDGV e UFSC.

# RGV 515 - RESPOSTAS FISIOLÓGICAS E ANATÔMICAS DE *Guapira opposita* À SALINIDADE E MODULAÇÃO POR FUNGOS ECTOMICORRÍZICOS

Ana Júlia Poletto[1]*; Gabrielle Gonçalves[1]; Amanda Cristina Zanatta[1]; Kassiely Vitória de Matos Gnadt[1]; Maria Alice Neves[1,] Fernanda Maria Cordeiro de Oliveira[1]; Paulo Tamaso Mioto[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC, Brasil. *anajplttnd@gmail.com

A salinização dos solos é um dos estresses abióticos cuja intensidade tende a aumentar com o avanço das mudanças climáticas. A recuperação de áreas salinizadas depende de recursos genéticos vegetais nativos capazes não apenas de tolerar condições mais severas, mas também de favorecer o estabelecimento de outras espécies. *Guapira opposita* (Vell.) Reitz, espécie amplamente distribuída no território brasileiro e de reconhecida importância ecológica, associa-se a fungos ectomicorrízicos (ECM) e é apontada como espécie facilitadora. Avaliamos as respostas fisiológicas e anatômicas de *G. opposita* à salinidade e se a inoculação com fungos ECM as modula. Plantas de sementes coletadas em restinga foram inoculadas com ápices radiculares ectomicorrizados ou mantidas em substrato estéril (controle não micorrízico, NM) e, três meses após, submetidas a 0, 250 ou 500 mM de NaCl. Mensalmente, foram avaliados a eficiência quântica máxima do fotossistema II (Fv/Fm), o rendimento quântico efetivo (ΦPSII), a taxa de transporte de elétrons (ETR) e a absortância foliar; ao final, determinaram-se biomassa, pigmentos, teor de água dos tecidos e anatomia foliar. A atividade fotoquímica foi afetada apenas sob a condição salina mais severa e somente após dois meses de exposição. A salinidade aumentou a espessura do parênquima paliçádico e a razão paliçádico/lacunoso, além de reduzir a densidade estomática a 250 mM. A inoculação não proporcionou proteção fotoquímica adicional, mas aumentou a razão paliçádico/lacunoso independentemente da salinidade e antecipou, para 250 mM, os aumentos no teor de água foliar e na espessura do mesofilo observados nas plantas NM apenas a 500 mM. Esses resultados indicam elevada tolerância à salinidade em *G. opposita*, associada a atributos funcionais compatíveis com ambientes costeiros. A associação ectomicorrízica antecipou a expressão de atributos estruturais e hídricos associados à tolerância, o que sugere uma modulação mais sutil do que o resgate fotoquímico comumente relatado na literatura. Essa constatação sugere que as ectomicorrizas podem desempenhar um papel funcional relevante mesmo em plantas intrinsecamente tolerantes ao sal, ao mesmo tempo em que reforça o potencial de *G. opposita* enquanto recurso genético vegetal de interesse para aplicações na revegetação de restingas e áreas salinizadas.

**Palavras-chave**: restinga; ectomicorriza; estresse salino.

**Agradecimentos**: ao CNPq pela bolsa de mestrado e à UFSC pela infraestrutura de pesquisa.

**RGV 517 - CARACTERIZAÇÃO GENÔMICA DE *Gaylussacia brasiliensis* (Spreng.) Meissn.**

Gabriel Menegusso Girardello[1]*; Sophia Cassol[1]; Bianca Lanzoni Filter[1]; Ingrid Lohani Degering Brand[1]; Yohan Fritsche[1]; Leocir José Welter[1]; Miguel Pedro Guerra[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *gmgirardello@gmail.com

O gênero *Gaylussacia* (Ericaceae, Vaccinieae) tem no Brasil um dos seus principais centros de diversidade, reunindo espécies de relevância ecológica e econômica, entre as quais *G. brasiliensis* destaca-se pela produção de frutos ricos em compostos bioativos, semelhantes a mirtilos. Diferentemente de *Vaccinium*, gênero irmão com múltiplos genomas de referência, *Gaylussacia* não dispunha de nenhuma montagem nuclear, lacuna que limitava a caracterização da diversidade e o uso do germoplasma. Nesse contexto, o objetivo do presente trabalho foi caracterizar a primeira montagem nuclear do gênero. O tamanho do genoma foi estimado por citometria de fluxo com padrão interno (*Arabidopsis thaliana*, 2C = 0,32 pg). O DNA extraído de folhas jovens foi sequenciado em MinION R10.4.1 (três corridas, ~20 Gb, ~32×, basecalling HAC). Os adaptadores foram removidos com Porechop e as sequências geradas foram submetidas à montagem de novo com Flye, polimento com Medaka e redução de redundância haplotípica com Redundans. Após a remoção de sequências organelares por BLAST, a montagem foi ancorada com RagTag ao genoma de *Vaccinium duclouxii* e avaliada com QUAST e BUSCO (eudicots_odb10, n = 2.326). A citometria indicou 2C = 1,26 pg, equivalente a 1C = 615 Mb. A montagem nuclear ao nível de contigs reuniu 555,05 Mb em 5.719 contigs (maior contig 2,09 Mb; N50 238,7 kb; GC 38,52%), recuperando 90,2% do tamanho estimado por citometria. A ancoragem distribuiu as sequências em 12 contigs mais um conjunto não ancorado, totalizando 574,45 Mb. A completude gênica foi de 94,7% de ortólogos completos (87,9% em cópia única; 6,8% duplicados), com 0,9% fragmentados e 4,4% ausentes, indicando boa recuperação do espaço gênico e apresentando qualidade comparável à relatada para genomas de referência de *Vaccinium*. O conteúdo GC e o tamanho são compatíveis com os de Vaccinieae diploides, e a diferença em relação à estimativa gerada por citometria é atribuível à fração repetitiva não resolvida nesta cobertura. Esta primeira montagem nuclear de *G. brasiliensis* oferece base para desenvolvimento de marcadores moleculares voltados a caracterização da diversidade, apoiando o desenvolvimento de estratégias de conservação e uso sustentável da espécie.

**Palavras-chave:** Sequenciamento de nova geração; Ericaceae; Recursos Genéticos Vegetais.

**Agradecimentos:** CAPES e Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV - UFSC).

# RGV 519 - CARACTERIZAÇÃO FÍSICO-QUÍMICA DE MOSTO, MATURAÇÃO E VINHO DA UVA PIWI 'MERLOT KHORUS'

Rogério Sálvio Martins da Silva[1]*; Clodoaldo Leites Pinheiro [1,2]; Fábio Garske Fonseca[1]; Marcos Gabbardo[1]; Wellynthon Machado da Cunha[1]

[1]Universidade Federal do Pampa. [2]Embrapa Uva e Vinho.
*rogeriomartins.aluno@unipampa.edu.br

As uvas Pilzwiderstandsfähig (PIWI) resultam de cruzamentos convencionais (sem transgenia) entre *Vitis vinifera* (~95%, responsável pela qualidade enológica) e espécies silvestres (~5%, fonte da resistência a fungos). As cultivares PIWI atuais usam piramidação de múltiplos genes de resistência (Rpv1, Rpv3, Rpv12 contra míldio; Ren1, Run1 contra oídio). O vinhedo experimental da Universidade Federal do Pampa - UNIPAMPA está localizado em Dom Pedrito-RS, na região vitivinícola da Campanha Gaúcha, clima cfa (Köppen) e solo Luvissolo, Háplico, Pálico, Ebânico. O objetivo desse trabalho foi caracterizar a maturação, mosto e vinificação de uvas 'Merlot Khorus', safra 2026. Foram colhidas 100 bagas da cultivar para análise de atributos físico-químicos da maturação nas datas: 23/12, 30/12, 13/01, 19/01, 26/01, 03/02, 04/02 e 09/02; os atributos do mosto foram determinados no dia 12/02; e os atributos do vinho nas datas: 23/02, 02/03 e 20/03. As leituras foram realizadas via WineScan SO2 (Foss Analytics, Dinamarca). Os dados foram transformados por centralização e normalização, e analisados através de estatística descritiva multivariada por análise de coordenadas principais, utilizando a distância Euclidiana como medida de dissimilaridade. Os cálculos estatísticos foram feitos no aplicativo computacional Multiv do Laboratório de Ecologia Quantitativa (EcoQua) da Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS. A variância explicada através de eixos estáveis de ordenação ficou acima de 95% para a maturação e vinificação (95,294% e 97,09% respectivamente). O °Brix determinado na colheita foi de 27,0. O mosto apresentou 30,05±0,21 de °Brix no dia da prensagem, e resultou em vinho de 16,5% v/v. Foi observada perda acumulada de 8,62% no atributo de acidez total (g/L) e perda acumulada de 29,40% de açúcares redutores (g/L) durante a vinificação. Foi feita a adição de álcool vínico para atender os critérios legais. Conclui-se através dos resultados expostos que esta cultivar PIWI apresenta atributos para produção de "vinhos finos e vinhos licorosos" em concordância com a legislação brasileira e as diretrizes internacionais da Organização Internacional da Vinha e do Vinho - OIV.

**Palavras-chave:** Enologia; Recursos genéticos; vinhos licorosos.

**Agradecimentos:** Aos cursos de Graduação e Pós-graduação em Enologia da Universidade Federal do Pampa - UNIPAMPA.

# RGV 520 - DIVERSIDADE FENOTÍPICA PARA CARACTERÍSTICAS DE FRUTOS E SEMENTES DE PUPUNHEIRAS INERMES SELECIONADAS PARA PRODUÇÃO DE PALMITO

Caroline Bogo Rota[1]*; Wuengredes Vanessa Carvalho Silva[1]; Eduardo José Dias da Silva[1]; Cibelle Azamora dos Santos[1]; Erivan Souza de Lima[1]; Ricardo Lopes[2]

[1]Instituto Nacional de Pesquisa da Amazônia - INPA. [2]Embrapa Amazônia Ocidental.
*carolbogorota@gmail.com

O Brasil é o maior produtor e consumidor mundial de palmito de pupunha, sendo os plantios comerciais, destinados à produção de palmito, realizados com genótipos inermes. Um programa de melhoramento genético de pupunheira para produção de palmito é conduzido pela Embrapa, no qual progênies de melhor desempenho já foram selecionadas com o objetivo de gerar uma cultivar para a produção comercial de sementes. Como a seleção foi realizada exclusivamente com base em características relacionadas à produção de palmito, a variabilidade para características de frutos e sementes das matrizes selecionadas ainda é desconhecida. O objetivo deste estudo foi avaliar a variabilidade fenotípica para características morfológicas de frutos e sementes de matrizes de uma população melhorada de pupunheiras inermes selecionadas para a produção de palmito. Cachos com frutos maduros foram colhidos de 12 matrizes provenientes de diferentes progênies. De cada cacho, foram retiradas três amostras de 30 frutos, nas quais foram avaliadas as características: altura do fruto (AF), diâmetro do fruto (DF), peso do fruto (PF), comprimento da semente (CS), diâmetro da semente (DS), peso da semente (PS), relações AF/DF e CS/DS e proporção de polpa em relação ao peso do fruto (PPF). Os dados foram submetidos a análises de correlação e análises multivariadas, incluindo Distância de Mahalanobis, agrupamento pelos métodos UPGMA e Tocher e análise de componentes principais. As análises multivariadas confirmaram a existência de divergência fenotípica, com a formação de três grupos distintos de genótipos. Nenhum par de genótipos apresentou 100% de similaridade considerando as características avaliadas. As variáveis que mais contribuíram para divergência foram DS (35,4%), RADF (32,2%) e PS (32%). Os resultados indicam potencial para a exploração da variabilidade existente. A amostra de matrizes avaliada indica que a população selecionada para a produção de palmito apresenta variabilidade para características de frutos e sementes.

**Palavras-chave**: *Bactris gasipaes*; variabilidade morfológica; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** À Embrapa, à CAPES, ao INPA e ao Projeto Proap 2026 pelo apoio e suporte que possibilitaram a realização deste trabalho.

# RGV 521 - VARIAÇÃO GENÉTICA PARA BROTAÇÃO DE CEPA EM TESTE DE PROGÊNIES E PROCEDÊNCIAS DE *Dipteryx alata* Vogel

Thayna Sayuri Shinohara Alves[1]*; Daniela Silvia de Oliveira Canuto[1]; Alexandre Marques[1]; Marília Gabriela Pereira[1]; Alonso Ângelo da Silva[1]; Mario Luiz Teixeira de Moraes[1]; Vivian Nunes Sampaio[2]; Camila Regina Silva Baleroni Recco[2]; Miguel Luiz Menezes de Freitas[3]

[1]Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - FEIS/UNESP. [2]Fundação Educacional de Andradina - FEA. [3]Instituto de Pesquisa Agronômica - IPA. *thaynasshinohara@gmail.com

A capacidade de regeneração após intervenções constitui uma característica relevante para conciliar estratégias de conservação e melhoramento genético, principalmente em espécies nativas como o baru, *Dipteryx alata* Vogel, que apresenta potencial uso sustentável de sua diversidade genética e aproveitamento econômico em diversas áreas. O objetivo do trabalho foi avaliar a variação genética para brotação da espécie em um teste de progênies e procedências instalado em 2004 em Selvíria - MS, no delineamento de blocos casualizados, 5 repetições, no espaçamento de 3x3m e 6 plantas por parcela. O experimento é composto por 49 progênies de Campina Verde - MG, 17 de Itarumã - GO e 41 de Brasilândia - MS. Aos 11 anos de idade, foi realizado um desbaste seletivo, eliminando dois indivíduos por parcela. Em 2026, foi avaliado se houve brotação (B) e o número de brotos por cepa (NBC). Após a coleta dos dados, para estimar os parâmetros genéticos, foi feita uma análise individual por procedência via REML/BLUP e uma análise conjunta. O valor médio de NBC entre as progênies dentro de procedências variou de 1,67 a 1,78, evidenciando a possibilidade de condução da brotação como alternativa à realização de um novo plantio. A herdabilidade média de progênies ($\hat{h}^2_m$) variou entre 0,26 e 0,87, com destaque para Itarumã - GO (0,87), considerada de alta magnitude, evidenciando forte controle genético e a possibilidade de ganhos genéticos na população. O coeficiente de variação genética aditiva individual ($CV_{gi}$) foi alto para Brasilândia - MS (B=18,84 % e NBC=19,43%), Itarumã - GO (B=46,96% e NBC=66,73%) e Campina Verde - MG (NBC=51,33%), indicando potencial de seleção para os caracteres. Por meio do teste de razão de verossimilhança (LRT), houve variação significativa em nível de progênies a 1% para NBC (14,98) e em nível de progênies e procedências a 5% para B (4,48 e 5,22). Entretanto, para NBC em nível de procedência não houve significância. A existência de variabilidade genética no teste possibilita seu aproveitamento tanto para fins de conservação quanto de melhoramento genético, sendo a talhadia uma técnica de manejo favorável para a espécie.

**Palavras-chave:** conservação; melhoramento genético; regeneração.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP) Processo nº 2025/01752-3.

# RGV 522 - PARÂMETROS GENÉTICOS E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO NO PRIMEIRO TESTE DE SEGUNDA GERAÇÃO DE *Araucaria angustifolia* (Bertol.) Kuntze

Ananda Virginia de Aguiar[1]; Giovanna dos Anjos Bonachela de Carvalho[2]; Bruno Marchetti Souza[3]*; Fernanda Neves Lima[3]; Larissa Lührse[4]; Kelen Haygert Lencina[2]; Valéria Aparecida da Silva Reis[5]; Mario Dobner Jr.[2]; Gilmar C. M. Dalla Maria[6]; Valderês Aparecida de Sousa[1]

[1]Embrapa Florestas.[2]Universidade Federal de Santa Catarina.[3]Universidade Estadual Júlio Mesquita Filho. [4]Faculdade Pequeno Príncipe. [5]Universidade Federal do Paraná. [6]Epagri Curitibanos. *bm.souza@unesp.br

A emblemática conífera *Araucaria angustifolia* tem sofrido intensa pressão antrópica desde o século XIX, resultando na drástica redução de suas populações naturais. Nesse contexto, a conservação *ex situ* constitui uma estratégia importante para a preservação da espécie. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos em um teste de progênies de segunda geração, visando identificar estratégias de seleção que favoreçam a manutenção da variabilidade genética, subsidiando a conservação genética e a formação de populações representativas da diversidade da espécie. O teste foi estabelecido em 2011, em Curitibanos (SC), com 30 progênies de polinização aberta provenientes de diferentes populações naturais. Foram avaliados DAP, altura, volume individual e incremento médio anual em volume entre dois e nove anos, além da densidade da madeira, estimada por resistógrafo em 2024. Os parâmetros genéticos foram estimados por REML/BLUP, e diferentes estratégias de seleção foram avaliadas quanto à retenção da variabilidade genética. Também foram analisadas as distâncias de Mahalanobis, o agrupamento UPGMA e as correlações fenotípicas e genotípicas. As médias de altura e DAP variaram, respectivamente, de 0,4 m a 15,5 m e de 49,0 cm a 76,5 cm. As herdabilidades individuais e de progênies diminuíram com o avanço da idade, variando de 0,15 a 0,04 para DAP e de 0,23 a 0,10 para volume. Os efeitos genotípicos foram significativos para altura nos três primeiros anos, DAP até o sétimo ano e volume até o nono ano. Progênies de elevado desempenho apresentaram diferentes níveis de proximidade genética, evidenciando variabilidade relevante para conservação. As elevadas correlações entre as variáveis e idades semelhantes indicam potencial para avaliações precoces. As estratégias de seleção diferiram quanto à retenção da variabilidade, destacando o desbaste seletivo como alternativa promissora para a conservação *ex situ*, desde que priorize a representação de diferentes grupos genéticos e a manutenção da variabilidade da população, contribuindo para a conservação dos recursos genéticos de *A. angustifolia*.

**Palavras-chave:** conservação genética; teste de progênies; pinheiro-do-paraná.

**Agradecimentos:** À bolsa de produtividade CNPq 307064/2023-9 (AVA) e a todos os técnicos, estudantes e pesquisadores da Embrapa, UFSC e Epagri que colaboraram na execução deste experimento.

# RGV 523 - DETERMINAÇÃO DA DOSE LETAL 50 (DL50) DE ETIL METANOSSULFONATO (EMS) PARA MUTAGÊNESE INDUZIDA EM DUAS CULTIVARES DE ARROZ IRRIGADO (*Oryza sativa* L.)

Wolters, L. A. [1]; Guidolin, L. B. [1]*; Ribas, A. F. [1]

[1]Universidade Federal do Paraná (UFPR), Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal. *luizaguidolin@ufpr.br

A mutagênese induzida com agentes químicos constitui ferramenta importante para ampliar a variabilidade genética de cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.) já estabilizadas geneticamente, viabilizando a seleção de genótipos com características agronômicas de interesse. Entre os mutagênicos químicos, o etil metanossulfonato (EMS) destaca-se pela alta frequência de mutações pontuais induzidas e pela facilidade de aplicação em sementes. A determinação prévia da dose letal 50 (DL50) - concentração do mutagênico que reduz em 50% a sobrevivência das plântulas - é etapa indispensável à condução de programas de mutagênese, por equilibrar a densidade de mutações induzidas e a viabilidade da população mutante resultante. Este trabalho teve como objetivo determinar a DL50 de EMS para as cultivares de arroz irrigado BRS Pampa CL e Guri INTA CL. As sementes, previamente desinfestadas em hipoclorito de sódio a 2%, foram imersas em soluções de EMS por diferentes tempos de exposição (0, 12, 24 e 48 horas), em concentrações de 0,5; 1; 1,25; 1,5; 1,75 e 2% (v/v) para BRS Pampa CL, e de 0,5; 1; 1,5 e 2% (v/v) para Guri INTA CL, sendo então neutralizadas e semeadas em placas de Petri com papel-filtro umedecido, incubadas em germinador tipo BOD (Biochemical Oxygen Demand), a 25-30°C, com fotoperíodo de 12 horas, com quatro repetições de 25 sementes por unidade experimental. A porcentagem de morte das plântulas foi avaliada aos 14 dias, e a DL50 de cada cultivar estimada por análise de regressão probit (log10 da concentração versus probit da mortalidade). Para a cultivar BRS Pampa CL, a DL50 estimada para 24 horas de exposição foi de 1,69% de EMS; dados complementares obtidos nessa concentração, em 44 unidades experimentais, indicaram sobrevivência média de 59,3% das plântulas, valor próximo, ainda que superior, ao limiar teórico de 50%. Para a cultivar Guri INTA CL, a mesma análise de regressão determinou DL50 de 0,83% de EMS, também para 24 horas de exposição, cerca de metade do valor obtido para BRS Pampa CL, evidenciando sensibilidade ao mutagênico consideravelmente maior nessa cultivar. Conclui-se que as cultivares BRS Pampa CL e Guri INTA CL apresentam DL50 de EMS distintas, o que evidencia a necessidade de doses de trabalho específicas para cada uma nos programas de mutagênese induzida, com vistas à obtenção de populações mutantes M2 geneticamente diversas e viáveis para o melhoramento genético de arroz irrigado.

**Palavras-chave:** mutagênese induzida; etil metanossulfonato; dose letal 50; melhoramento genético; arroz irrigado.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

# RGV 524 - EFEITO DO MÉTODO DE PROPAGAÇÃO SOBRE O DESENVOLVIMENTO VEGETATIVO E PRODUTIVO DE CULTIVARES DE *Feijoa sellowiana* O. Berg

Gabriel Menegusso Girardello[1]*; Emanuel Scalfi Santos[1]; Sol Anahí Quesnel Kiefl[1]; Liane Bahr Thurow[2]; Maíra Maciel Tomazzoli Specht[2]; Loisiana Feuser dos Santos[1]; Jonathan Eduardo Giehl Mueller[1]; Miguel Pedro Guerra[1]; Alberto Brighenti[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Epagri - Estação experimental de São Joaquim.
*gmgirardello@gmail.com

A feijoa (*Feijoa sellowiana* O. Berg) é uma frutífera nativa do Sul do Brasil, cujo uso como recurso genético depende de métodos de propagação que mantenham as características dos genótipos selecionados. A escolha do método de propagação é determinante para a uniformidade, o vigor e a precocidade produtiva de espécies frutíferas, especialmente alógamas. Este trabalho avaliou o desempenho vegetativo (crescimento e copa, área foliar, índice de área foliar e interceptação de radiação), produtivo (produção e eficiência produtiva) e fisiológico (trocas gasosas) das cultivares SCS 411 Alcântara e SCS 412 Helena, propagadas por sementes e estaquia. O experimento foi conduzido na Estação Experimental da Epagri, em São Joaquim, SC, com seis plantas por combinação cultivar × método. Os dados foram submetidos à análise de variância e teste de Tukey ($p \leq 0,05$). A cv. Alcântara propagada por estaquia apresentou maior desenvolvimento vegetativo, com 1,63 m de altura, 1,44 m de largura e comprimento de copa, 1,83 $m^3$ de volume e 8,85 $cm^2$ de ASTT. Plantas propagadas por sementes apresentaram maior área foliar individual, mas não diferiram quanto ao índice de área foliar, indicando que diferenças na interceptação de radiação estiveram associadas principalmente à arquitetura e ao volume de copa. A cv. Helena propagada por estaquia apresentou maior produção (76 frutos) e eficiência produtiva (109 frutos.$cm^{-2}$), enquanto as plantas obtidas por sementes permaneceram improdutivas, compatível com a permanência em estádio juvenil. Não foram observadas diferenças nas trocas gasosas, indicando que as diferenças de crescimento e produção não foram explicadas pela capacidade fotossintética foliar. O contraste entre Alcântara-estaca, de maior vigor, e Helena-estaca, de maior produção, demonstra que vigor vegetativo e precocidade produtiva não são atributos necessariamente coincidentes. Conclui-se que o desempenho das cultivares depende da interação entre genótipo e método de propagação, aspecto a ser considerado na seleção e no uso de cultivares de feijoa como recurso genético nativo.

**Palavras-chave:** Ecofisiologia Vegetal; Eficiência produtiva; Interação Genótipo x Método de propagação.

**Agradecimentos:** CAPES e Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais (PPG RGV-UFSC).

# RGV 525 - CONSERVAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DA PRODUTIVIDADE DE *Pinus caribaea* var. *hondurensis*

Wanderley dos Santos[1]; Bruno Marchetti de Souza[2]*; Talita Carvalho de Souza Santos[2]; Thayná Sayuri Shinohara Alves[2]; Camila Regina Silva Baleroni Recco[3]; Gustavo Pavan Mateus[4]; José Cambuim[2]; Ananda Virginia de Aguiar[5]; Mario Luiz Teixeira de Moraes[2]

[1]Pesquisador Autônomo. [2]Unesp - Faculdade de Engenharias de Ilha Solteira - Ilha Solteira, SP. [3]Faculdades Integradas Stella Maris de Andradina - Andradina, SP. [4]Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios (APTA) - Andradina, SP. [5]Embrapa Florestas - Colombo, PR.
*bm.souza@unesp.br

A espécie *Pinus caribaea* apresenta ampla importância no setor florestal brasileiro, principalmente em regiões de clima mais quente e com baixa ocorrência de geadas. Entre as suas variedades botânicas, a variedade *hondurensis* destaca-se pelo maior interesse econômico, devido à sua adaptação, crescimento rápido, formação de fustes retilíneos e elevada capacidade de produção de resina. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a variabilidade fenotípica para caracteres de interesse em um teste de progênies de *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, visando à conservação da variabilidade genética da espécie. O teste foi instalado em 2015, no município de Andradina, SP. O experimento foi conduzido com 30 blocos completos casualizados, constituídos por 33 progênies e uma planta por parcela. Foram avaliadas a altura total dos indivíduos, diâmetro à altura do peito (DAP) e fluxo de resina por microresinagem. A resistência da madeira à perfuração foi obtida utilizando o aparelho resistógrafo-IML/PD-500. A população apresentou média de 11,13 m para altura total, 17,40 cm para DAP e 7,30 g para fluxo de resina. A avaliação da resistência da madeira à perfuração por resistografia apresentou amplitude média de 18,47 (CV = 16,72%), com leituras variando entre 8,85 e 32,11. Essa variação expressiva evidencia a manutenção da variabilidade fenotípica e genética para as características tecnológicas do lenho na população, reforçando o potencial do teste para a conservação genética. A avaliação conjunta desses caracteres permite identificar indivíduos com características de interesse, contribuindo para a caracterização e manutenção de materiais genéticos promissores. A conservação da população, associada à avaliação sistemática de seus caracteres fenotípicos e produtivos, constitui uma estratégia relevante para preservar a variabilidade genética da espécie e ampliar sua utilização em programas de melhoramento.

**Palavras-chave:** Conífera; Resina; Resistógrafo.

**Agradecimentos:** Embrapa florestas, Faculdades Integradas Stella Maris de Andradina, A UNESP/FEIS, Resineves Agroflorestal Ltda., e aos técnicos do Polo Regional Extremo Oeste - Andradina (APTA). Auxílio Financeiro através bolsa produtividade CAPES.

# RGV 526 - ESTUDO DE PADRÕES E TENDÊNCIAS FÍSICO-QUÍMICAS EM VINHOS FINOS DA CAMPANHA GAÚCHA E SERRA DO SUDESTE

Rogério Sálvio Martins da Silva[1]*; Clodoaldo Leites Pinheiro [1,2]; Ângela Rossi Marcon[1]

[1]Universidade Federal do Pampa. [2]Embrapa Uva e Vinho.
*rogeriomartins.aluno@unipampa.edu.br

A caracterização físico-química de vinhos sob diferentes sistemas de manejo e tecnologias enológicas é fundamental para entender o potencial qualitativo de recursos genéticos consolidados em novas fronteiras vitivinícolas, como a Campanha Gaúcha e a Serra do Sudeste no Rio Grande do Sul. O objetivo deste trabalho foi investigar padrões e tendências físico-químicas em vinhos tintos finos dessas regiões, utilizando como referência dados de vinhos da variedade 'Sangiovese' conduzidos sob manejo biodinâmico e orgânico. O marco teórico que fundamentou esta investigação concentrou-se no período pré-pandêmico da COVID19, baseando-se em estudos e diagnósticos estruturais publicados entre os anos de 2010 e 2015. A matriz de dados foi composta por tratamentos físico-químicos de trabalhos em Enologia desenvolvidos pela Universidade Federal do Pampa (UNIPAMPA) - Campus Dom Pedrito. Como critério de seleção, foram utilizadas variáveis na mesma escala e unidade de medida que apresentavam correspondência metodológica entre os estudos. Os dados foram submetidos à análise multivariada de coordenadas principais (PCoA), aplicando a transformação vetorial por normalização pela amplitude e utilizando a distância Euclidiana como medida de dissimilaridade entre as unidades amostrais, com auxílio do aplicativo computacional Multiv do Laboratório de Ecologia Quantitativa (EcoQua) da Universidade Federal do Rio Grande do Sul - UFRGS. A partir das coordenadas das variáveis e unidades amostrais, a análise revelou que os vinhos tintos finos estudados apresentaram um perfil físico-químico próximo ao de um vinho biodinâmico, com a ordenação explicando 87,868% da variabilidade dos dados e indicando tendências de redução no teor alcoólico e fenólicos totais, e aumento em açúcares redutores e pH. No estudo de tendências para as variedades da Campanha Gaúcha submetidas a diferentes tratamentos (desfolha, tempo de maceração e uso de insumos de carvalho), a explicação da variabilidade foi de 72,172%. Os resultados evidenciaram baixo teor alcoólico em 'Merlot', maior pH em 'Marselan', e maior intensidade de cor e açúcar redutor em 'Tannat'. Conclui-se que este estudo de padrões e tendências contribuiu para identificar potencialidades e fragilidades nestes vinhos tintos finos, evidenciando que este estudo já sinalizava a tendência do mercado pós-pandêmico da COVID19 de vinhos para produtos com teor reduzido de álcool.

**Palavras-chave:** Biodinâmico; COVID19; Orgânico.

**Agradecimentos:** Aos cursos de Graduação e Pós-graduação em Enologia da Universidade Federal do Pampa - UNIPAMPA.

# RGV 527 - IMPLANTAÇÃO E MANUTENÇÃO DE BANCO DE GERMOPLASMA DE SEMENTES CRIOULAS NO VALE DO CANINDÉ, PIAUÍ

Juçara Jordânia Nascimento Silva[1]*; Gabriela de Oliveira Belo[2]; Paulo Roberto Silveira Pimentel[3]; Marciel de Jesus Nunes Ribeiro[4]

[1]Instituto Federal de Educação do Piauí. [2]Universidade Estadual de Santa Cruz. [3]Universidade Estadual de Montes Claros. [4]Instituto Federal de Educação do Piauí.
*jucarajordanians@gmail.com

A conservação da diversidade genética de variedades tradicionalmente cultivadas requer estratégias de preservação dos materiais vegetais. No Vale do Canindé, sementes crioulas mantidas por agricultores familiares e guardiões integram o patrimônio genético agrícola regional. Bancos de germoplasma contribuem para o resgate, documentação, conservação, multiplicação e intercâmbio desses materiais. Objetivou-se implantar e manter um banco de germoplasma de sementes crioulas no Instituto Federal do Piauí (IFPI), Campus Oeiras, para conservação, multiplicação e intercâmbio de recursos genéticos vegetais do Vale do Canindé. O trabalho foi desenvolvido entre outubro de 2024 e setembro de 2025, sendo o banco implantado a partir de abril de 2025. Foram realizadas ações de mobilização junto a agricultores familiares e guardiões de sementes, com obtenção de materiais por doações e intercâmbios em comunidades rurais dos municípios de Oeiras, Picos, Tanque do Piauí e Várzea Grande, Piauí. As sementes foram selecionadas, identificadas e acondicionadas em recipientes vedados, mantidos em local arejado no Laboratório de Agricultura do IFPI campus Oeiras. Os materiais foram catalogados em fichas contendo nome popular, espécie, nome do produtor, comunidade de procedência e safra. Atualmente, o banco reúne 35 acessos crioulos, distribuídos entre cinco espécies agrícolas, sendo 12 de feijão, 10 de milho, 8 de fava, 4 de arroz e 1 de alface. Dentre os acessos, estão incluídas variedades reconhecidas localmente como milho roxo, vermelho, amarelo tardão, ligeiro e pipoca preto, arroz nenenzão, agulhinha e sete semanas, feijão vinagre, guandú, enxofre, rabo de peba, branco quebra-cadeira, verde, rabo de calango e preto-crioulo, e fava olho de ovelha, enrica homem, preta, branca e branca miúda. Parte das variedades de milho, feijão e fava foram multiplicadas em campo, com realização prévia de testes de germinação. Também foram realizados intercâmbios de sementes durante eventos, favorecendo a circulação dos materiais conservados. A implantação do banco permitiu reunir e documentar germoplasma proveniente de agricultores da região, associando a conservação *ex situ* à multiplicação e ao intercâmbio de sementes. Essas ações contribuem para a garantia da diversidade genética vegetal e para a valorização dos recursos genéticos crioulos mantidos no Vale do Canindé.

**Palavras-chave:** banco de germoplasma; recursos genéticos; manutenção.

**Agradecimentos:** À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI) pelo financiamento do projeto e concessão da bolsa de iniciação científica, e ao Instituto Federal de Educação do Piauí.

# RGV 528 - DIVERSIDADE FENOTÍPICA E SELEÇÃO DE PLANTAS NO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA DE *Acrocomia* spp. DO IAC

Murilo do Canto Batista Alves[1]*; Fabio Dias Melo Carvalho[1]; Danielle Velloso Moreira[1]; Brenda Gabriela Díaz Hernández[1]; Carlos Augusto Colombo[1]

[1]Instituto Agronômico. *murilo_bio@yahoo.com.br

A caracterização de germoplasma subsidia a conservação e o pré-melhoramento. Objetivou-se avaliar a diversidade fenotípica e identificar plantas promissoras no Banco Ativo de Germoplasma de *Acrocomia* spp. do Instituto Agronômico. Foram avaliadas 105 plantas de 58 acessos de famílias de meios-irmãos, sendo 49 de *Acrocomia aculeata* e 56 de *Acrocomia totai*. Utilizaram-se 19 descritores; espécies e procedências foram comparadas pelas médias dos acessos, e a diversidade foi avaliada por análise de componentes principais (PCA) e agrupamento UPGMA. A produção potencial de óleo foi estimada por seus componentes. As espécies diferiram em 17 características. *A. aculeata* apresentou maior diâmetro do estipe, frutos maiores e maiores massas dos componentes do fruto. Sua massa fresca média do fruto foi 39,83 g, ante 25,50 g em *A. totai*, e a massa seca do mesocarpo foi 9,20 e 5,62 g, respectivamente. O teor médio de óleo foi 39,01% em *A. aculeata* e 22,80% em *A. totai*, diferença confirmada por testes paramétricos e não paramétricos. *A. totai* apresentou mais folhas, cachos e frutos por cacho. Essa compensação explica a ausência de superioridade média robusta para produção potencial de óleo, estimada em 6,21 e 4,15 kg planta$^{-1}$, respectivamente. Os dois primeiros eixos da PCA explicaram 67,28% da variação. O primeiro (54,43%) representou dimensões e massas dos frutos; o segundo (12,85%), massa dos cachos e número de frutos. A massa fresca do cacho apresentou a maior correlação com a produção estimada (r=0,623), indicando utilidade potencial para seleção indireta. Houve diferenciação parcial entre espécies e sobreposição entre acessos, evidenciando diversidade intraespecífica. Em *A. aculeata*, os acessos de Minas Gerais apresentaram maiores massas de fruto e mesocarpo e teor médio de óleo de 49,66%, superior aos de São Paulo e Veracruz. Os caracteres produtivos separaram as plantas em dois grupos exploratórios, associados principalmente às espécies. O índice de seleção identificou nove plantas com altura de até 4,86 m e produção estimada de pelo menos 4,01 kg planta$^{-1}$. L8A13P4 liderou o ranking, com 48,60 kg planta$^{-1}$. Conclui-se que o banco conserva diversidade útil e fontes complementares de prolificidade, massa de mesocarpo e teor de óleo para conservação, cruzamentos e pré-melhoramento. Os candidatos devem ser avaliados em múltiplas safras e quanto à produção efetiva de óleo.

**Palavras-chave:** macaúba; recursos genéticos; pré-melhoramento.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001. Pelo apoio financeiro: ACELEN Renováveis.

# RGV 529 - CARACTERIZAÇÃO AGRONÔMICA DE VARIEDADES CRIOULAS DE FEIJÃO-CAUPI NO VALE DO CANINDÉ, PIAUÍ

Juçara Jordânia Nascimento Silva[1]*; Gabriela de Oliveira Belo[2]; Paulo Roberto Silveira Pimentel[3]; Marciel de Jesus Nunes Ribeiro[4]; Camila Sousa Gonçalves[5]; Lara Gabriele de Sousa Venancio[6]

[1]Instituto Federal de Educação do Piauí. [2]Universidade Estadual de Santa Cruz. [3]Universidade Estadual de Montes Claros. [4]Instituto Federal de Educação do Piauí. [5]Universidade Estadual do Piauí. [6]Instituto Federal de Educação do Piauí. *jucarajordanians@gmail.com

As sementes crioulas constituem importantes recursos genéticos vegetais, conservados ao longo das gerações por agricultores e comunidades rurais, contribuindo para a manutenção da agrobiodiversidade. A caracterização desses materiais permite conhecer sua variabilidade e gerar informações que auxiliem sua conservação e utilização. Objetivou-se caracterizar agronomicamente três variedades crioulas de feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) coletadas em comunidades rurais do Vale do Canindé, Piauí. O experimento foi conduzido de março a junho de 2025, na Unidade de Aulas Práticas e de Pesquisa (UAPP) do Instituto Federal do Piauí, Campus Oeiras. Foram avaliados Feijão Preto, Rabo de Calango e Rabo de Peba, em quatro repetições, com parcelas de 3 × 4 m, espaçamento de 0,50 m entre fileiras e 0,30 m entre covas e 130 plantas por parcela útil. Avaliou-se número e peso de vagens, comprimento médio de vagens, peso de 100 grãos, peso médio de grãos, número de vagens por planta e sementes por vagem. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Houve efeito significativo das variedades para número de vagens, comprimento médio de vagens, peso de 100 grãos, vagens por planta e sementes por vagem. Rabo de Calango apresentou maior número de vagens (622,75) e de vagens por planta (4,79) que Rabo de Peba (180,50 e 1,39, respectivamente), enquanto Feijão Preto apresentou comportamento intermediário. Para comprimento médio das vagens, as três variedades diferem entre si, com Feijão Preto (20,18 cm), Rabo de Calango (18,42 cm) e Rabo de Peba (13,63 cm). Feijão Preto apresentou maior número de sementes por vagem (15,88) que Rabo de Peba (12,78), enquanto Rabo de Calango foi intermediário (14,90). Embora tenha ocorrido efeito significativo para peso de 100 grãos na análise de variância, não houve separação das médias pelo teste de Tukey. Peso de vagens e peso de grãos não diferiram entre as variedades. Os resultados demonstram variabilidade agronômica entre os materiais crioulos avaliados, evidenciando características distintas entre esses recursos genéticos e reforçando a importância de sua caracterização e conservação para a agrobiodiversidade regional.

**Palavras-chave:** agrobiodiversidade; recursos genéticos; sementes crioulas.

**Agradecimentos:** À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI) pelo financiamento do projeto e concessão da bolsa de iniciação científica, e ao Instituto Federal de Educação do Piauí.

# RGV 530 - DIVERSIDADE TAXONÔMICA, FISIOLÓGICA E GENÉTICA DA ADAPTAÇÃO AO DÉFICIT HÍDRICO EM *Passiflora spp.*: DA PAISAGEM CIENCIOMÉTRICA À MOBILIZAÇÃO DE GERMOPLASMA TOLERANTE

Julia França Silva[1]; Eduardo Lima Bomfim[2]; Antonio Carlos de Oliveira[3]*

[1]UESB. [2]UESB. [3]UESB. *202510578@uesb.edu.br

As passifloras reúnem germoplasma cultivado e silvestre com potencial adaptativo à limitação hídrica, estratégico como recurso genético. Objetivou-se caracterizar cienciometricamente a produção acadêmica sobre adaptação ao déficit hídrico em *Passiflora* spp. nos eixos taxonômico, fisiológico e genético; identificar lacunas e verificar a mobilização de germoplasma tolerante em seleção, melhoramento, cultivares e porta-enxertos. A busca no OpenAlex combinou *Passiflora* a termos de seca e déficit hídrico em português, inglês e espanhol, recuperando 7.950 registros de 1990 a 2026. Dos 958 pré-selecionados, a triagem de títulos e de resumos identificou 72 candidatos, cuja leitura integral confirmou 53 deles elegíveis. Os três eixos de análise foram definidos metodologicamente e refinados pelo *corpus*; bem como foram analisadas coocorrências entre espécies e temas. Levantamento complementar em literatura e em fontes institucionais rastreou materiais tolerantes incorporados ao melhoramento. Dos 53 documentos elegíveis, classificados segundo a pergunta e o foco predominante de cada estudo, 26 (49,1%) integraram o eixo fisiológico-funcional, 19 (35,8%) o genético e oito (15,1%) o taxonômico. No eixo fisiológico-funcional, fotossíntese/eficiência fotoquímica (17) e regulação estomática/trocas gasosas (15) predominaram sobre raízes e uso da água (3 cada) e hidráulica do xilema (1). No eixo genético, 13 dos 19 documentos (68,4%) investigaram mecanismos moleculares da resposta ao déficit hídrico e seis (31,6%) abordaram variação e seleção de germoplasma, persistindo lacunas na validação funcional e na avaliação genética de germoplasma. A coocorrência entre espécies e entre temas colocou *P. edulis* Sims no centro do levantamento, enquanto o germoplasma silvestre foi menos representado, apesar de seu potencial para ampliar a base genética do melhoramento. Parte desse germoplasma silvestre já foi mobilizada em seleção, melhoramento e uso como porta-enxerto ou cultivar, destacando-se *P. cincinnata* Mast., associada à EMBRAPA 'BRS Sertão Forte' e *P. foetida* L., relacionada ao porta-enxerto UFERSA 'BRSRM 153'. O presente levantamento cienciométrico evidenciou o encadeamento dos três eixos: respostas fisiológico-funcionais expressam a adaptação resultante da interação entre genótipo e ambiente; a diversidade genética associada distribui-se entre espécies e materiais de *Passiflora* desigualmente estudados. A mobilização de germoplasma conecta essas dimensões, convertendo diversidade taxonômica e genética em materiais de interesse para seleção e melhoramento genético.

**Palavras-chave:** maracujá, déficit hídrico, germoplasma silvestre.

**Agradecimentos:** UESB.

# RGV 531 - CARACTERIZAÇÃO BROMATOLÓGICA DE GERMOPLASMA LOCAL DE *Talinum Paniculatum* (JACQ.) GAERTN. E *Talinum fruticosum* (L.) JUSS.

Marilene Santos de Lima[1]*; Jakson Moraes de Souza[1]; Aldenice Santos de Lima[1]; Matheus Matos do Nascimento[1]; Almecina Balbino Ferreira[1]; João Pedro dos Santos Silva Cavalcante[1]; Elivelton de Souza Lima[1]; Cristielen Montes Frota[1]; Francisca das Chagas dos Santos Fonseca[1]

[1]Universidade Federal do Acre. *marilene.santos@ufac.br

O *Talinum paniculatum* (Jacq.) Gaertn. e *Talinum fruticosum* (L.) Juss. conhecidos popularmente como Major-gomes, compreende espécies de Plantas Alimentícias Não Convencionais (PANC) com potencial alimentício e nutricional, destacando-se pela presença vitaminas A e C e minerais, como cálcio, ferro e potássio. Nesse contexto, a caracterização bromatológica de acessos de Major-gomes possibilita a identificação de materiais com características nutricionais superiores, contribuindo para a avaliação e o aproveitamento da variabilidade genética existente. Essas informações podem subsidiar estratégias de conservação e a seleção de materiais promissores para programas de melhoramento genético, especialmente aqueles voltados à biofortificação e à valorização de espécies alimentícias subutilizadas. O objetivo deste trabalho foi avaliar os teores de proteína, lipídios e cinzas (resíduos minerais fixos) em duas espécies de Major-gomes, *Talinum paniculatum* (Jacq.) Gaertn. e *Talinum fruticosum* (L.) Juss., sob cultivo orgânico. O experimento foi conduzido na área experimental do Horto PANC da Universidade Federal do Acre, em delineamento experimental em esquema fatorial 2 × 2, sendo duas espécies de Major-gomes e duas doses de esterco bovino (0 e 30 t $ha^{-1}$). Foram avaliados três descritores bromatológicos quantitativos (proteína, lipídios e resíduos minerais). Os resultados demonstraram que não houve efeito significativo ($P<0,05$) entre as espécies e as doses de esterco bovino sobre os teores de proteína bruta, lipídios e resíduos minerais, indicando que as diferenças observadas nesses atributos estão predominantemente associadas às características intrínsecas de cada espécie. As espécies *Talinum fruticosum* e *Talinum paniculatum* apresentaram elevados teores de resíduos minerais, correspondentes a 13,4% e 17,0%, respectivamente, evidenciando seu potencial como fonte de minerais na alimentação humana. Conclui-se que os materiais avaliados apresentam potencial como recursos genéticos de interesse nutricional, podendo subsidiar estratégias de conservação, valorização e seleção de genótipos para programas de pré-melhoramento e melhoramento genético, especialmente aqueles direcionados à biofortificação de minerais e à agregação de valor nutricional.

**Palavras-chave:** PANC; Major-gomes; minerais.

**Agradecimentos:** À Universidade Federal do Acre (UFAC) pela concessão da bolsa de Iniciação Científica (PIBIC /UFAC) ao discente Jakson Moraes de Souza.

# RGV 532 - DIVERSIDADE MORFOLÓGICA DE ACESSOS DE TARO CONSERVADOS NO BANCO DE GERMOPLASMA DO INCAPER

Rosenilda de Souza[1]*; Thalmaturgo Fernando Portes Cristo[1], Rafael Nunes de Almeida[1]; Jhonatan Marins Goulart[1]; Lana Bonfim da Silva[1]; Geís Ferreira Neves[1]; Igor Vasconcellos Pellegrini[1]; Wanessa Roxa Teixeira[1]; Rejane Siqueira Bernardes Masson[1]; Ivonaldo Lazaro Martins[1]

[1]Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural.
*rosenilda.souza@incaper.es.gov.br

O taro (*Colocasia esculenta* (L.) Schott) constitui importante recurso genético de relevância socioeconômica, contribuindo para a diversificação dos sistemas produtivos e a segurança alimentar das famílias agricultoras, especialmente no Espírito Santo, maior produtor nacional. Contudo, seu potencial é limitado pela reduzida disponibilidade de variedades adaptadas às condições brasileiras, reforçando a importância da caracterização da variabilidade conservada em bancos de germoplasma. Este trabalho teve como objetivo caracterizar a diversidade morfológica de acessos de taro conservados *ex situ* e *in vivo* no Banco de Germoplasma de Taro (BGT) do Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper). Foi conduzido experimento em Domingos Martins, ES, com 40 acessos, e avaliadas três plantas e duas folhas por planta. Foram avaliados caracteres quantitativas e qualitativas relacionadas à arquitetura e coloração da planta. Os dados foram submetidos à análise de agrupamento utilizando a distância de Gower e o método UPGMA, e à análise de componentes principais (PCA), com auxílio do programa R. O dendrograma apresentou coeficiente de correlação cofenética de 0,78, significativo a 1%, e permitiu a identificação de cinco grupos distintos. Os Grupos I e III foram compostos por 19 e 15 acessos, nesta ordem. Enquanto os Grupos III, V e I foram compostos por três, dois e um acesso, nesta ordem. Altura de plantas (13,1%), e os comprimentos de pecíolo (12,7%), folha (12,3%) e bainha (11,6%) apresentaram as maiores contribuições relativas para a diversidade. Os genótipos 6093 e 6092 destacaram-se pela maior altura e envergadura das plantas, enquanto os genótipos 5927, 6087 e 5926 apresentam maiores valores de largura e comprimento de folha. A PCA, considerando oito características após a exclusão de variáveis com menor contribuição ou elevada correlação, corroborou a diferenciação dos acessos no espaço multivariado. Os dois primeiros componentes explicaram, juntos, 79,6% da variação observada. Os resultados evidenciam ampla variabilidade morfológica entre os acessos, reforçando a importância do BGT do Incaper como estratégia de conservação de recursos genéticos e como fonte de materiais para estudos de caracterização, seleção e uso em programas de melhoramento e desenvolvimento de variedades de taro adaptadas às condições edafoclimáticas do Espírito Santo.

**Palavras-chave:** *Colocasia esculenta* (L.) Schott; inhame; conservação *ex situ*.

**Agradecimentos:** Ao Incaper, à Fapes e ao CNPq.

# RGV 535 - ÉPOCA DE COLHEITA E POTENCIAL FISIOLÓGICO DE SEMENTES DE FEIJÃO-DE-PORCO

Tuane Reis de Souza[1]*; Vanessa Galli[1]; Victor Augusto Forti[2]; Patrícia Marluci da Conceição[2]

[1]Universidade Federal de Pelotas; [2]Universidade Federal de São Carlos.
*tuaneresouza@gmail.com

O feijão-de-porco [*Canavalia ensiformis* (L.) DC.] é uma leguminosa utilizada como adubo verde no Brasil, tendo grande importância e potencial de uso. Porém, a baixa disponibilidade de sementes certificadas e seu alto custo são grandes entraves para sua difusão. Objetivou-se com este trabalho determinar o melhor ponto de colheita das sementes de feijão-de-porco, com base no marcador morfológico "coloração das vagens", realizando, também, a caracterização do processo de maturação das sementes. Para isso, foi instalado um campo para a produção de sementes em área experimental do Centro de Ciências Agrárias da Universidade Federal de São Carlos. Os tratamentos estabelecidos foram: vagens verdes (P1), amareladas (P2) e marrons (P3). Após as vagens atingirem os pontos correspondentes a cada tratamento, foram colhidas e avaliadas sua coloração (feito com auxílio de colorímetro), massa e comprimento. Em seguida, as sementes foram extraídas e encaminhadas para avaliação dos seus parâmetros biométricos (comprimento, largura e espessura) e dos parâmetros determinantes do seu potencial fisiológico, sendo eles: massa de 1000 sementes, teor de água, massa de matéria seca, germinação, emergência de plântula, índice de velocidade de emergência, comprimento de plântula, massa de matéria seca de raiz e parte aérea e condutividade elétrica. Não houve diferenças significativas nos parâmetros biométricos das sementes e no comprimento das vagens. Porém, observou-se uma diminuição progressiva da massa das vagens e no teor de água das sementes, ligado ao processo natural de perda de água na maturação. Ademais, as sementes oriundas das vagens amareladas obtiveram maior massa de matéria seca dentre os tratamentos. O acúmulo de MS em P2 pode ter somado na promoção do aumento da massa de mil sementes em relação a P1, uma vez que, possivelmente, P2 ainda não havia perdido água o suficiente a ponto de refletir em seu peso. Não houve germinação em P1, o que constata que as sementes não estavam com suas estruturas vitais completamente formadas, não apresentando um aparato morfológico, fisiológico e funcional necessários para a ocorrência da germinação. A maior porcentagem de germinação ocorreu em P2, assim como os melhores parâmetros de vigor. Conclui-se que o ponto de maturidade fisiológica em sementes de feijão-de-porco pode ser caracterizado morfologicamente pelas vagens amareladas. Contudo, devido ao teor de água da semente, o ponto indicado para colheita é, possivelmente, o ponto intermediário entre as vagens amareladas e marrons.

**Palavras-chave:** Marcador morfológico, potencial fisiológico, maturação.

**Agradecimentos:** UFPel, UFSCar, CNpQ e Capes.

# RGV 536 - DIVERSIDADE NA DINÂMICA DE MATURAÇÃO EM CANA-DE-AÇÚCAR VIA FENOTIPAGEM ESPECTRAL

Camila Barros Ataides[1]; Renato Gomide de Sousa[1]; Renato de Carvalho Menezes[2]; Alexandre Siqueira Guedes Coelho[2]; Marcela Pedroso Resende[2]; Miriam Suzane Vidotti[2]

[1]Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Universidade Federal de Goiás. Goiânia-GO, Brasil., [2]Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás. Goiânia - GO, Brasil. * camila.barros@discente.ufg.br

A análise da diversidade fenotípica existente nos ciclos de maturação dos genótipos é um componente estratégico para o melhoramento genético e manejo da exploração de germoplasma, além do manejo de safras das usinas sucroalcooleiras. Nesse estudo, o objetivo foi caracterizar a dinâmica temporal da maturação de 480 genótipos de cana-de-açúcar avaliados em quatro épocas (março, maio, julho e setembro), por meio de fenotipagem baseada em espectroscopia no infravermelho próximo (NIRS). Espectros de reflectância foram obtidos com espectrômetro NIR portátil mediante leituras na base e no topo dos colmos. Um modelo preditivo previamente desenvolvido e validado foi utilizado para predizer o teor de sólidos solúveis (°Brix). A partir dos valores preditos, calculou-se o índice de maturação (IM) como a razão entre o °Brix do topo e da base em cada época. Os genótipos foram classificados como imaturos, baixa maturação, maturação média, maduros e maturação ultrapassada. Para caracterizar as trajetórias individuais de maturação, foram obtidos seis descritores temporais: IM inicial, IM final, amplitude, desvio-padrão temporal, taxa global de variação e área sob a curva, os quais foram utilizados para a análise de agrupamento k-means. As transições entre as classes de maturação foram visualizadas por diagrama de Sankey. Houve ampla diversidade fenotípica quanto aos padrões de maturação ao longo das épocas de avaliação. Quatro padrões temporais contrastantes foram identificados. Dois grupos precoces demonstraram trajetórias opostas entre si, sendo um com IM elevado e estável de março a setembro, indicando maior flexibilidade na janela de colheita, enquanto outro atingiu IM elevado já em maio e julho, seguido de queda acentuada em setembro, caracterizando uma janela estreita de maturação. Um terceiro grupo evidenciou IM crescente até o final do ciclo, e um quarto grupo manteve IM mais baixo, porém estável ao longo das épocas. O germoplasma avaliado apresenta ampla diversidade fenotípica para a dinâmica de maturação, com padrões contrastantes quanto à precocidade, progressão e estabilidade do IM ao longo do ciclo. A identificação de genótipos com diferentes trajetórias de maturação evidencia o potencial para a seleção de genótipos com ciclos contrastantes, favorecendo o desenvolvimento de cultivares adaptadas a diferentes períodos de colheita.

**Palavras-chave:** Ciclo de maturação, *Saccharum* spp., espectroscopia de infravermelho próximo (NIRS).

**Agradecimentos:** Ridesa-UFG, PPGGMP, CNPq.

# RGV 537 - CONSERVAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Hevea brasiliensis* COM POTENCIAL PARA PRODUÇÃO DE MADEIRA

Thayna Sayuri Shinohara Alves[1]; Bruno Marchetti de Sousa[1]; Talita Carvalho de Souza Santos[1]; Júlia Araújo Petreca[1]; Alonso Ângelo da Silva[1]; José Cambuim[1]; Mario Luiz Teixeira de Moraes[1]; Wanderley dos Santos[2]; Vivian Nunes Sampaio[3]; Ananda Virgínia de Aguiar[4]

[1]Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira - FEIS/UNESP. [2]Pesquisador Autônomo. [3]Fundação Educacional de Andradina - FEA. [4]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA.
*thaynasshinohara@gmail.com

A *Hevea brasiliensis* destaca-se por sua importância econômica, principalmente pela produção de látex. Ao final do ciclo produtivo, entretanto, a madeira das árvores pode ser destinada ao aproveitamento industrial, tornando relevante a avaliação de suas propriedades tecnológicas e de sua integridade estrutural como subsídio aos programas de melhoramento genético. Nesse contexto, o objetivo deste estudo foi avaliar a resistência à perfuração da madeira de árvores pertencentes a diferentes progênies de *H. brasiliensis* por meio do uso do aparelho resistógrafo-IML/PD-500, a fim de subsidiar decisões de melhoramento e conservação genética da espécie, visando contribuir para a conservação de genótipos com características tecnológicas favoráveis ao aproveitamento da madeira pela indústria. Para isso, foi avaliado um teste de progênies instalado em 2006, no município de Selvíria-MS, constituído por 31 progênies de polinização aberta, provenientes do Instituto Agronômico de Campinas (IAC), conduzidas em delineamento experimental de blocos casualizados, 3 x 3 metros e 10 plantas por parcela. Aos 20 anos após o plantio, em relação aos caracteres de crescimento, as médias de altura e diâmetro altura do peito (DAP) foram 21,19 metros e 19,35 cm, respectivamente. A amplitude média de resistência à perfuração obtida pelo resistógrafo apresentou média geral de 18,33 (amplitude individual de 10,04 a 36,33 e CV de 25,40%). Entre as progênies avaliadas, a progênie 15 destacou-se com o maior valor médio de amplitude (20,39), enquanto a progênie 12 obteve a menor média (16,92), evidenciando a variabilidade fenotípica existente entre os materiais para as características tecnológicas de resistência da madeira. Esses resultados podem contribuir para programas de melhoramento e conservação genética da espécie, possibilitando a seleção de materiais que conciliem a produção de látex com características tecnológicas favoráveis ao aproveitamento da madeira ao final do ciclo produtivo.

**Palavras-chave:** conservação genética; densidade; resistógrafo.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

# RGV 540 - ENCAPSULAMENTO-DESIDRATAÇÃO DE ESPOROS DE *Cyathea atrovirens* PARA CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA VEGETAL

Iasmin Tassi Grott[1]*; Catiuscia Marcon[1]; Anna Tagarelli[2]; Claudia Ruta[2]; Ricardo Bittencourt[1]

[1]Universidade Regional de Blumenau - FURB, Blumenau, SC, Brasil. [2]Università degli Studi di Bari Aldo Moro, Bari, Itália. *igrott@gurb.br

A perda de habitats e as mudanças climáticas ameaçam a biodiversidade vegetal, reforçando a necessidade de estratégias para a conservação de recursos genéticos de espécies nativas. O encapsulamento-desidratação de esporos pode contribuir para a conservação *ex situ* de samambaias, permitindo a conservação e posterior regeneração. Objetivou-se avaliar diferentes condições de encapsulamento-desidratação e criopreservação de esporos de *Cyathea atrovirens*. Esporos provenientes do Brasil foram submetidos a diferentes tratamentos: T1 (não esterilizados, com e sem sacarose), T2 (esterilizados, com e sem sacarose), T3 (semente sintética), T4 (semente sintética + pré-cultura), T5 (T4 + desidratação em câmara de fluxo laminar), T6 (T5 + nitrogênio líquido), T7 (T4 + desidratação em sílica gel) e T8 (T7 + nitrogênio líquido). As sementes sintéticas foram produzidas com alginato de sódio 3% e cloreto de cálcio 100 mM; T4-T8 foram submetidos à pré-cultura em meio Murashige e Skoog (MS) ½ com sacarose 1,0 M por 24 h. A desidratação ocorreu por 3,5 h, e T6 e T8 foram expostos ao nitrogênio líquido por 1 h. Após os tratamentos, o material foi cultivado em MS ½, pH 5,8, a 23 ± 1 °C, 16 h de luz e após 60 dias de cultivo foi avaliado quanto à germinação. T1 e T2 foram avaliados em lâminas, enquanto T3 a T8 foram avaliados em duas esferas por frasco. A avaliação foi comprometida por elevada contaminação, principalmente nos tratamentos com sacarose (T1 e T2). Nos tratamentos sem sacarose, T1 e T2 apresentaram médias de 18,7 e 2,25 gametófitos por frasco, respectivamente, confirmando a viabilidade dos esporos. Entre as sementes sintéticas, T3, T4, T5, T6 e T7 apresentaram médias de 1,0; 0,37; 2,0; 0,1 e 0,25 gametófitos por frasco, respectivamente, enquanto T8 não apresentou germinação no período avaliado. A germinação foi tardia e alguns gametófitos apresentaram escurecimento após 60 dias. Conclui-se que os esporos de *C. atrovirens* permaneceram viáveis, porém a elevada contaminação e a baixa germinação após encapsulamento, desidratação e exposição ao nitrogênio líquido evidenciam a necessidade de aprimorar as condições de desidratação e osmoproteção para o estabelecimento de um protocolo eficiente de criopreservação. O estudo contribui para o desenvolvimento de estratégias de conservação *ex situ* de recursos genéticos de samambaias nativas brasileiras.

**Palavras-chave:** conservação *ex situ*; criopreservação; samambaias.

**Agradecimentos:** À Universidade Regional de Blumenau (FURB), à Università degli Studi di Bari Aldo Moro e Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina (FAPESC) (N.º 26/2025).

# RGV 544 - COMPONENTES DE PRODUÇÃO DE ACESSÕES DE FEIJÃO-CAUPI, VARIEDADE PYTÃ'I, COLETADAS NA REGIÃO NORTE DO PARAGUAI

Cipriano Ramón Enciso-Garay[1]*, Armando Rúben Santacruz[1]; Cirilo Tullo Arguello[1]; Valeriano Espínola[1]; Yanina Villalba Duarte[1]; Cinthia Cazal[2]; Guillermo Andrés Enciso-Maldonado[3]

[1]Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Asunción, Paraguay. [2]Centro Multidisciplinar de Investigaciones Tecnológicas, Universidad Nacional de Asunción. Paraguay. [3]Universidad Católica "Nuestra Señora de la Asunción", Unidad Pedagógica Hohenau, Laboratorio de Fitopatología, Itapúa, Paraguay. *cenciso@agr.una.py

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é uma das principais fontes de proteína, carboidratos, minerais e fibras de origem vegetal consumidas pelos paraguaios. O objetivo deste trabalho foi avaliar 19 acessões de feijão-caupi, variedade Pytã'i, coletadas em propriedades de produtores da região norte do Paraguai, que inclui os departamentos de San Pedro, Concepción e Amambay. As diferentes acessões coletadas foram semeadas no Campo Experimental da Facultad de Ciencias Agrarias (FCA), Filial Caazapá, Universidad Nacional de Asunción (UNA), no período compreendido entre outubro de 2025 e janeiro de 2026. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado. Foi utilizada a metodologia proposta pela Bioversity International para feijão-caupi para a caracterização. Foram avaliados o comprimento das vagens, o número de lóculos por vagem, o número de grãos por vagem, o número de vagens por planta e a massa de 100 sementes. Foram utilizadas 10 plantas para a avaliação do número de vagens por planta, 10 vagens para o comprimento das vagens, número de lóculos por vagem e número de grãos por vagem, e a massa de 100 sementes foi determinada em triplicado. Foi realizada análise de variância, e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). Os resultados demonstraram diferenças significativas para todas as variáveis avaliadas. A acessão FCA-055 apresentou o maior comprimento de vagens (20,35 cm) e a maior massa de 100 sementes (19,29 g); a FCA-012 apresentou o maior número de lóculos por vagem (16,90 unidades); a FCA-014 apresentou o maior número de grãos por vagem (16,50); e, para o número de vagens por planta, destacaram-se FCA-01 e FCA-027, ambas com média de 14 vagens por planta. Com base na diversidade genética observada, é possível iniciar um programa de melhoramento genético visando à obtenção de materiais genéticos promissores que possam atender à demanda de produtores e consumidores.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata* (L.) Walp.; diversidade genética; componentes de produção.

**Agradecimentos:** Ao Projeto PINV01-654, cofinanciado pelo Conselho Nacional de Ciência e Tecnologia (CONACYT) e pela FCA/UNA.

# RGV 545 - VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE FEIJÃO-CAUPI, VARIEDADE PYTÃ'I, COLETADOS NO SUL DO PARAGUAI

Cipriano Ramón Enciso-Garay[1]*; Cirilo Tullo Arguello[1]; Armando Rubén Santacruz[1]; María de los Ángeles Florentín Arce[1]; María Belinda González[1]; Guillermo Andrés Enciso-Maldonado[2]; Amalio Mendoza[3]

[1]Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay. [2]Universidad Católica "Nuestra Señora de la Asunción", Unidad Pedagógica Hohenau, Laboratorio de Fitopatología, Itapúa, Paraguay. [3]Instituto Paraguayo de Tecnología Agraria - IPTA. *cenciso@agr.una.py

O feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) é a leguminosa mais consumida no Paraguai, sendo amplamente cultivado pelos produtores da agricultura familiar e estando diretamente relacionado à segurança alimentar. Apresenta grande importância social, econômica e ambiental, sendo cultivado em sistema de monocultivo ou em associação com milho e mandioca. No país, existem numerosas variedades cultivadas pelos produtores, entretanto, a variedade Pytã'i, caracterizada por apresentar grãos de coloração vermelha, é a mais cultivada e apresenta maior aceitação pelos consumidores devido às suas características culinárias. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar sementes de 17 acessos coletados em propriedades de produtores do sul do Paraguai, contribuindo para a caracterização e utilização de recursos genéticos vegetais. A caracterização foi realizada com base na metodologia proposta pela *Bioversity International* para o feijão-caupi. Foram utilizadas 10 sementes por acesso para avaliação do comprimento, largura, relação comprimento/largura, espessura e a massa de 100 sementes foi determinado por triplicado. As avaliações foram realizadas no Laboratório do Campo Experimental da Área de Produção Agrícola da Faculdade de Ciências Agrárias (FCA) da Universidad Nacional de Asunción (UNA), Paraguai. Os dados foram submetidos à análise de variância e, quando foram encontradas diferenças estatisticamente significativas, as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade. Foram encontradas diferenças estatisticamente significativas entre os acessos, destacando-se o FCA-113 para comprimento e largura das sementes (9,03 e 6,72 mm, respectivamente), o FCA-124 para a relação comprimento/largura das sementes (1,43) e o FCA-129 para massa de 100 sementes (20 g). Os resultados demonstram a existência de variabilidade morfológica entre os acessos coletados, evidenciando seu potencial para conservação e utilização em programas de melhoramento genético.

**Palavras-chave:** *Vigna unguiculata* (L.) Walp.; grão vermelho; descritores morfoagronômicos.

**Agradecimentos:** Ao Projeto PINV01-654, cofinanciado pelo Conselho Nacional de Ciência e Tecnologia (CONACYT) e pela FCA/UNA.

# RGV 546 - ESTABELECIMENTO *IN VITRO* DE CULTIVARES DE *Feijoa sellowiana* VISANDO O REJUVENESCIMENTO ONTOGENÉTICO

Kelen Haygert Lencina[1]*; Matheus Ribeiro da Silva[1]; Levi Lemuel de Souza Costa[1]; Gustavo Henrique Mozzer Regazolli[1]; Yanka Gabryella de Souza Pinheiro[1]; Rubia Sara Jankoviski[1]; Isabella Turatto Becker[1]; Leocir José Welter[1]; Dilson Antônio Bisognin[2]; Rita Carolina de Melo[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Universidade Federal de Santa Maria.
*kelen.lencina@ufsc.br

*Feijoa sellowiana* é uma espécie arbórea frutífera de importância agronômica, gastronômica, nutracêutica e farmacológica. Contudo, a produção em escala comercial de seus cultivares registrados ainda é limitada devido à sua recalcitrância à propagação vegetativa. Assim, objetivou-se estudar métodos de desinfestação superficial para o estabelecimento *in vitro* de segmentos nodais e resgate de cultivares comerciais. Assim, foram coletados brotos jovens de plantas matrizes mantidas em casa de vegetação. Após a coleta, os brotos foram imersos em soluções aquosas de: i) Fungicida a base de oxicloreto de cobre (3 g $L^{-1}$) (F); ii) Fungicida (3 g $L^{-1}$) + Polivinilpirrolidona (PVP) (2 g $L^{-1}$) (FPVP); iii) Hipoclorito de sódio (1%) (H); iv) Hipoclorito de sódio (1%) + PVP (2 g $L^{-1}$) (HPVP) e; v) Controle (água destilada) (C). Os brotos foram mantidos nos tratamentos por 1, 2, 3, 4, 8 e 24 horas, em experimento fatorial (5 × 6) com 30 tratamentos e 5 repetições. Após, os brotos foram retirados das soluções, imersos em álcool 70% por 60 seg., lavados em água destilada e autoclavada. Os brotos foram seccionados em segmentos nodais, inoculados em tubos de ensaio contendo 5 ml de meio de cultura simples (30 g $L^{-1}$ de sacarose e 6 g $L^{-1}$ de agar) e mantidos em sala de crescimento com temperatura de 25 °C e fotoperíodo de 16h de luz. Foi avaliada a sobrevivência, a oxidação, a contaminação fúngica e bacteriana, formação de calo e de brotos. A análise estatística procedeu-se por meio de regressões logísticas com ajuste de Firth, comparando-se par a par as médias marginais estimadas. Houve interação entre os tipos de solução de desinfestação e o tempo de imersão para todas as variáveis avaliadas. Observaram-se altas taxas de sobrevivência para o tratamento HPVP. Em explantes que foram submersos em solução H observou-se um aumento na probabilidade de oxidação conforme o aumento do tempo de imersão. Para as soluções H e HPVP, tempos de imersão maiores que oito horas não apresentaram contaminação por fungos. Conclui-se que, a imersão em HPVP por, no mínimo, oito horas é o método mais promissor para introdução e o estabelecimento *in vitro* de explantes, permitindo que estratégias de resgate e rejuvenescimento ontogenético de cultivares comerciais de *Feijoa sellowiana* sejam aplicadas.

**Palavras-chave**: goiabeira-serrana; cultivo *in vitro*; desinfestação superficial.

**Agradecimentos**: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico - CNPq - Processo nº 406054/2025-8.

# RGV 547 - ESTRUTURA DIMENSIONAL E PROSPECÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE ERVA-MATE NO PLANALTO CATARINENSE

Kelen Haygert Lencina[1]*; João Antônio Rodrigues Santos[1]; Leonardo Ribeiro[1]; Rafael Fontoura[1]; Carolina Prado de Almeida[1]; Arthur Rohden Carvalho Ferreira[1]; Sofia Ribeiro da Silva[1]; Maria Luisa Zamboni da Rocha[1]; Dilson Antônio Bisognin[2]; Rita Carolina de Melo[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Universidade Federal de Santa Maria.
*kelen.lencina@ufsc.br

A erva-mate (*Ilex paraguariensis* A.St.-Hil.) é o principal produto florestal não madeireiro da região Sul do Brasil, desempenhando um papel estratégico na geração de renda e na conservação ecológica. Apesar de sua relevância, os plantios comerciais locais enfrentam desafios produtivos decorrentes da introdução de cultivares oriundas de outras regiões, as quais demonstram baixa adaptabilidade edafoclimática às condições. Assim, a identificação, avaliação e seleção de recursos genéticos nativos torna-se imprescindível para fomentar o cultivo da espécie. Assim, este estudo objetiva avaliar a estrutura dimensional de uma população de erva-mate localizada em fragmento de Floresta Ombrófila Mista localizado no Campus de Curitibanos da Universidade Federal de Santa Catarina e selecionar genótipos promissores quanto à produtividade e adaptabilidade. Para isso, plantas foram selecionadas quanto aos critérios de sanidade e formato de copa, respeitando distanciamento geográfico mínimo de 50 metros entre si, e avaliadas quanto ao diâmetro à altura do peito e altura. As plantas foram georreferenciadas e submetidas ao manejo de rebaixamento de copa a uma altura de 10 cm do solo. Nos locais de ocorrência da erva-mate, observou-se um elevado número de indivíduos geograficamente próximos, demonstrando um padrão de distribuição agregada na área. Os dados biométricos revelaram que a variável diâmetro apresentou média de 16,9 cm, com valores extremos variando de 11,4 cm (mínimo) a 25,5 cm (máximo), refletindo uma dispersão intermediária expressa pela variância de 16,5 e desvio padrão de 4,1 cm. Em contrapartida, a altura das plantas demonstrou maior homogeneidade, com média de 10,2 m, mínima de 6,8 m e máxima de 13,0 m (variância de 2,9 e desvio padrão de 1,7 m), o que sugere que os indivíduos ocupam o subdossel florestal de forma consolidada. A população natural avaliada em Curitibanos reúne recursos genéticos promissores em termos de produtividade e adaptabilidade às condições edafoclimáticas características do Planalto Serrano Catarinense. Salienta-se que o avanço desta pesquisa fornecerá o embasamento científico necessário para estruturar futuros programas de melhoramento genético regional, contribuindo diretamente para a ampliação de áreas produtivas e para a geração de renda na cadeia da erva-mate.

**Palavras-chave**: *Ilex paraguariensis* A.St.-Hil. recursos genéticos nativos; melhoramento genético regional.

**Agradecimentos**: Aos integrantes da Divisão de Atividades Agropecuárias - UFSC/Curitibanos. CNPq, CAPES, FAPESC e PPGEAN.

# RGV 548 - ENSAIOS PRELIMINARES PARA O DESENVOLVIMENTO DE PROTOCOLO DE CULTIVO *IN VITRO* DE *Ilex paraguariensis* PARA O PLANALTO CENTRAL CATARINENSE

Rafael Fontoura[1]; João Santos[1]; Leonardo Ribeiro[1]*; Rita Melo[1]; Kelen Lencina[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Campus Curitibanos.
*leo.sc.1313@gmail.com

A *Ilex paraguariensis*, pertencente à família Aquifoliaceae e popularmente conhecida como erva-mate, é uma espécie arbórea nativa da América do Sul, com presença marcante na Floresta Ombrófila Mista. É considerado o principal produto florestal não madeireiro da região Sul do Brasil, desempenhando um papel estratégico na geração de renda para a agricultura e na conservação ecológica. Além de sua relevância econômica, a espécie é valorizada pelos benefícios à saúde proporcionados por seus metabólitos secundários, como compostos fenólicos e alcaloides. Este trabalho tem como objetivo desenvolver protocolos de cultivo *in vitro* para cultivares de *Ilex paraguariensis* 02, 84 e 85 em Curitibanos/SC. Os ramos de 20 cm coletados no campus da UFSC - Curitibanos foram pré-tratados por 48 h em fungicidas (Fox Xpro®, Nativo® e Recop®) com PVP utilizando métodos de suspensão e imersão. Após assepsia com detergente neutro e NaOCl 2,5%, segmentos nodais (1-2 cm) foram inoculados em meio MS com 30 g/L de sacarose e 6 g/L de ágar. Para este experimento foi utilizado DIC como forma de analisar estatisticamente o experimento. A análise dos dados (n = 96) indicou média geral de 66,67% ± 4,81% EPM para sobrevivência e 25,0% ± 4,42% EPM para brotação, com presença fúngica de 92,71% ± 2,65% EPM e bacteriana de 58,33% ± 5,03% EPM. Os melhores resultados para o estabelecimento e indução ocorreram na variedade 85 (imersão com Recop) de 100,0% de sobrevivência e apenas 6,25% ± 6,05% EPM de contaminação bacteriana, e na variedade 84 (aplicação suspensa com Nativo) atingiu 100,00% de sobrevivência, 68,75% ± 11,59% EPM de brotação e zero oxidação. Propõe-se o ajuste do protocolo de desinfestação com o incremento de fungicidas sistêmicos e bactericidas de maior espectro, além da otimização do método de aplicação suspensa. O sucesso do estabelecimento *in vitro* dependerá da tolerância intrínseca dos genótipos de *Ilex paraguariensis* aos processos de assepsia e do aperfeiçoamento das técnicas de descontaminação, exigindo a resposta genotípica em programas de micropropagação.

**Palavras-chave:** Micropropagação; Cultivo *In vitro*; Protocolo de propagação.

**Agradecimentos:** À Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). Ao CNPq e à CAPES pelo financiamento e concessão de bolsas.

# RGV 551 - CONHECENDO O BIOMA PAMPA ATRAVÉS DA EDUCAÇÃO CIENTÍFICA: O PAPEL DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA E DO HERBÁRIO NO PROJETO EMBRAPA & ESCOLA

Ana Cristina Mazzocato[1]*; Eduarda Acosta Soares[1]; Gabriel Torma Aquere[1]; Marcos Vinicius Silva Meleiro[1]; Luis Felipe Ritta Gonçalves[1]; Daniela Garcia Collares[1]

[1]CPPSUL - Embrapa Pecuária Sul. *ana.mazzocato@embrapa.br

O Bioma Pampa constitui um importante patrimônio natural brasileiro; no entanto, ainda é pouco explorado no ambiente escolar com o auxílio de conteúdos técnico-científicos acessíveis. Neste contexto, a Embrapa Pecuária Sul, por meio da execução do projeto Embrapa & Escola, busca aproximar jovens estudantes da ciência e da conservação da biodiversidade. As coleções biológicas, como herbários e bancos de germoplasma (BAG), são essenciais para a base do conhecimento do Bioma Pampa por manterem materiais de referência que podem ser usados para diferentes finalidades. O objetivo deste trabalho foi apresentar, de forma lúdica e interativa, a importância do Herbário e do BAG na conservação da biodiversidade e na educação ambiental. A metodologia consistiu em visitas guiadas ao herbário e ao BAG, além da realização de oficinas conduzidas por pesquisadores e bolsistas, com demonstrações práticas e momentos de diálogo entre estudantes, professores e a equipe técnica da Embrapa. Em 2025, a Unidade recebeu cerca de 80 alunos de três escolas. Em 2026, participaram 60 alunos de uma escola particular, 25 alunos da APAE e 127 alunos de escolas municipais, no qual foram convidados alunos do 5º ano do ensino fundamental. Durante as visitas, foram comparadas plantas vivas e exsicatas da mesma espécie, destacando a importância da conservação em herbários. Com os alunos da APAE, foi desenvolvida uma prática de plantio de espécies semelhantes às nativas do Bioma Pampa, estimulando a aprendizagem por meio da experiência. Com as escolas do município, foram realizadas oficinas sobre a importância dos herbários para a conservação, incluindo sua utilização para registros e materiais de pesquisa sobre biomas. Além disso, foram demonstradas espécies nativas da região contidas no BAG, que também contribui para a conservação por meio de recursos genéticos de interesse ecológico e produtivo, incluindo aqueles destinados à alimentação animal e à proteção de espécies ameaçadas de extinção, sendo realizada a participação final montagem de maquetes baseadas no que foi visto e compreendido ao longo das visitas, para ser apresentando pelos alunos no ambiente escolas e 114º Expofeira de Bagé. As atividades demonstraram potencial para a formação de uma consciência ambiental e para aproximar os estudantes da pesquisa científica. Foi possível observar a participação ativa e a curiosidade dos alunos em relação ao Bioma Pampa durante as atividades realizadas na Embrapa Pecuária Sul. Além dos conhecimentos adquiridos, os estudantes colocaram em prática por meio da construção de materiais didáticos para auxiliar em seu aprendizado. Conclui-se que a integração entre pesquisa científica e práticas educativas fortalece a educação ambiental, valoriza as coleções biológicas e incentiva o reconhecimento da importância da conservação dos recursos naturais, contribuindo para a formação de cidadãos conscientes sobre a biodiversidade e a sustentabilidade.

**Palavras-chave:** Consciência ambiental; Divulgação científica; Ludicidade.

**Agradecimentos:** Empregados e colaboradores da Embrapa Pecuária Sul, APAE, SMED.

# RGV 552 - INFLUÊNCIA DA LUMINOSIDADE NA MORFOANATOMIA FOLIAR DE CLONES DE ERVA-MATE (*Ilex paraguariensis* A. St.-Hil.)

João Santos[1]*; Leonardo Ribeiro[1]; Rafael Fontana[1]; Kelen Lencina[1]; Carolina Almeida;[1] Levi de Souza Costa[1]; Gustavo Mozzer Regazolli[1]

[1]UFSC/Curitibanos. *santos.joaoars@gmail.com

A erva-mate possui capacidade de responder de maneira eficaz às diversas condições ambientais, incluindo a luminosidade. Explorar as diferenças anatômicas e compreender as adaptações e a contribuição dos componentes individuais da plasticidade fenotípica, como características morfoanatômicas, pode ajudar a prever o desempenho das plantas sob condições ambientais futuras. Este estudo foi conduzido em plantas de clones de erva-mate estabelecidos em teste clonal implantados em duas condições de luminosidade (pleno sol e sombreada). Foram selecionadas cinco plantas de seis clones e duas cultivares seminais por nível de luz. O delineamento do teste foi em blocos ao acaso. A caracterização da morfoanatomia de folhas de erva mate, foram avaliados 19 parâmetros: área foliar, área de copa, diâmetro altura do peito, altura, epiderme da nervura, espessura da nervura, xilema, espessura foliar total, mesófilo, parênquima paliçádico, parênquima esponjoso, epiderme e cutícula na face adaxial e abaxial, densidade estomática, comprimento e largura do poro estomático e o número de estomatos, seguido de MANOVA - Análise de Variância Multivariada para responder se os diferentes níveis de luminosidade (pleno sol e sombreado) alterou de forma significativa a morfoanatomia foliar, na sequência a Analise de Variância - ANOVA's individuais para confirmar o nível de significância das variáveis. A MANOVA indicou efeito significativo das condições de luminosidade sobre o conjunto das características avaliadas, posteriormente, as ANOVAs identificaram diferenças significativas em 10 dos 19 caracteres avaliados. Sob pleno sol, as plantas priorizam a proteção e o controle hídrico com maior espessura foliar (257,24 µm), cutículas mais espessas (adaxial 4,29 µm; abaxial 3,92 µm) e estômatos maiores (10,36 × 8,23 µm). Já o sombreamento estimula a captação de luz e a condução de seiva, elevando a área foliar (de 16,50 para 23,46 µm$^2$), a área do xilema (de 59.043,82 para 80.132,28 µm$^2$) e a espessura da nervura (de 606,11 para 638,69 µm). A resposta à luminosidade variou entre os materiais genéticos, com diferentes combinações de ajustes associados ao transporte hidráulico, proteção foliar, expansão da copa, controle estomático e crescimento. Esses resultados evidenciam que a luminosidade promove alterações na morfoanatomia foliar dos clones de erva-mate, indicando a ocorrência de plasticidade fenotípica em resposta às condições ambientais. As características avaliadas podem contribuir para a compreensão da capacidade adaptativa dos diferentes materiais genéticos e subsidiar estratégias de seleção e conservação de recursos genéticos da espécie.

**Palavras-chave:** Anatomia foliar; Luminosidade; Plasticidade fenotípica.

**Agradecimentos:** FAPESC - Fundação de Amparo à Pesquisa e Inovação do Estado de Santa Catarina.

# RGV 553 - PRODUÇÃO DE FRUTOS, SEMENTES E TEOR DE ÓLEO FIXO EM PROGÊNIES DE SACHA-INCHI (*Plukenetia volubilis* L.)

Cleber N. Correa[1]; Jhon P. M. Delgado[2]; Romildo T. Gama[3]; Maria Teresa G. Lopes[4]; Ricardo Lopes[5]; Nazareno de P. Braga[4]; Rodney A. F. Rodrigues[6]; Francisco C. M. Chaves[5]*

[1]Universidade Federal do Amazonas, Manaus; [2]Instituto Federal do Amazonas, Campus Coari; [3]Universidade Federal do Amazonas, Campus Itacoatiara, [4]Universidade Federal do Amazonas, Manaus, AM, [5]Embrapa Amazonia Ocidental, Manaus, [6]Universidade Estadual de Campinas, São Paulo. *celio.chaves@embrapa.br

*Plukenetia volubilis* L. conhecida popularmente como “sacha-inchi”, é uma espécie perene da família Euphorbiaceae. Tem como principal produto de interesse as sementes (54% de óleo e 27% de proteína), utilizadas para a extração de óleo fixo rico em ômegas 3, 6 e 9, natural. Este estudo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos e ganhos de seleção para caracteres de produção, caracterizar o teor e a composição do óleo das sementes e selecionar progênies superiores de sacha-inchi para programas de melhoramento genético. O trabalho foi conduzido no campo experimental da Embrapa Amazônia Ocidental. O delineamento experimental foi do tipo blocos ao acaso com 36 progênies e 16 repetições, com uma planta por parcela. A caracterização do óleo fixo em relação ao teor e composição dos ácidos graxos foi realizada por cromatografia gasosa e as estimativas dos parâmetros genéticos para os caracteres de produção foram obtidas por modelos mistos REML/BLUP. As plantas apresentaram emissão de floração aproximadamente 62 dias depois do plantio e maturação dos frutos 161 dias após o plantio. O teor de óleo das sementes variou de 43,55 a 52,34%, com média de 49,47% de rendimento de extração e 89,87% do total sendo composto por ácidos graxos insaturados. A herdabilidade no sentido restrito ($h^2a$) variou entre os caracteres, sendo considerada moderada a alta para número de frutos (0,504) e número de sementes (0,48). A acurácia da seleção foi alta para número de frutos (0,84) e número de sementes (0,83), indicando confiabilidade nas estimativas obtidas e potencial de sucesso com a seleção fenotípica. Os valores do coeficiente de variação relativa demonstram que o número de frutos (0,38) e o número de sementes (0,37) apresentam maior potencial para resposta à seleção. O potencial da população para fins de melhoramento foi observado por meio dos ganhos de 90% para produção média da população, 87% para produção de número de sementes e 58% para produção de sementes, por meio dos 20 genótipos superiores.

**Palavras-chave:** Melhoramento de plantas, produtividade, ácidos graxos.

**Agradecimentos**: Embrapa Amazonia Ocidental, Fapeam, Ufam, CNPq, Capes.

# RGV 555 - TEOR E CARACTERIZAÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE PAU-ROSA (*Aniba rosodora Ducke*)

Francisco C. M. Chaves[1]*; José C. R. Soares[1]; Edson B. Silva[1]; Humberto R. Bizzo[2]

[1]Embrapa Amazônia Ocidental, Manaus, AM. [2]Embrapa Agroindústria de Alimentos, Rio de Janeiro, RJ. *celio.chaves@embrapa.br

*Aniba rosodora* Ducke, árvore nativa da Amazônia, possui óleo essencial nas folhas e na madeira, caracterizado pelo elevado teor de linalol. A exploração predatória da madeira de populações naturais, ocorrida principalmente no século passado para a obtenção desse óleo, levou à imposição de restrições legais a sua extração. O objetivo deste trabalho foi avaliar o teor e a composição química do óleo essencial extraído de folhas e ramos jovens de uma população cultivada de *A. rosodora*. A população estudada é mantida há mais de 30 anos em uma propriedade localizada na rodovia AM-010, Km 100, que liga Manaus a Itacoatiara, Amazonas. Foram coletadas folhas e ramos jovens, posteriormente submetidos à secagem em galpão com laterais abertas, na Embrapa Amazônia Ocidental. Três amostras de 200 g de material vegetal seco foram submetidas à hidrodestilação em aparelho tipo Clevenger modificado. Após duas horas do início da produção do óleo essencial, o produto foi coletado em frascos de vidro âmbar, sendo posteriormente determinado o rendimento, expresso em percentagem com base na matéria seca do material vegetal. A análise da composição química foi realizada na Embrapa Agroindústria de Alimentos, por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (CG-EM), utilizando um equipamento em aparelho Agilent 5973N, equipado com coluna capilar HP-5MS (5% fenil-95% metilpolisiloxano; 30 m x 0,25 mm x 0,25 µm) e hélio como gás de arraste (1 mL $min^{-1}$). A temperatura do forno foi programada de 60 a 240 ºC, com taxa de aquecimento de 3 ºC $min^{-1}$. O espectrômetro de massa foi operado no modo de ionização por elétrons (70 eV). Foi injetado 1 mL de uma solução de óleo essencial a 1% em diclorometano, com temperatura do injetor de 250 ºC e razão de divisão de fluxo de 1:20. A quantificação relativa dos componentes foi realizada com base nas áreas percentuais dos picos cromatográficos, obtidas por detector de ionização em chama, operado a 280 ºC. A identificação dos compostos foi realizada por comparação dos espectros de massa com os da biblioteca Wiley (6ª edição) e dos índices de retenção com valores disponíveis na literatura, respectivamente. O teor médio de óleo essencial foi de 1,4%, sendo o linalol o componente predominante (86,9%), seguido pelos óxidos de linalol cis e trans (1,3% cada), espatulenol (1,1%) e óxido de cariofileno (1,1%). Os demais compostos identificados representaram, em conjunto, 4,8% da composição química do óleo essencial. Os resultados evidenciam o potencial da utilização de folhas e ramos jovens de *Aniba rosodora* provenientes de populações cultivadas como alternativa sustentável à exploração da madeira, contribuindo para a produção de óleo essencial rico em linalol e para a conservação das populações naturais da espécie.

**Palavras-chave:** Amazônia, cultivo, linalol.

**Agradecimentos:** Embrapa, CNPq, Capes.

# RGV 558 - DIVERSIDADE E ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE CAMBUIZEIRO (*Myrciaria floribunda*) EM SERGIPE: SUBSÍDIOS PARA CONSERVAÇÃO

Ana Veruska Cruz da Silva[1]*; Wallace Batista Nascimento[2]; Karolyne Wanessa de Jesus[2]; Ana da Silva Ledo[1]; Tássia Fernanda Santos Neri Soares[1]; Juliana Lopes Souza[3]

[1]Embrapa Tabuleiros Costeiros. [2]Universidade Federal de Sergipe. [3]Embrapa Recursos Genéticos. *ana.veruska@embrapa.br

O cambuizeiro [*Myrciaria floribunda* (H. West ex Willd.) O. Berg] é uma espécie nativa de áreas de restinga, com relevância ecológica e socioeconômica para comunidades locais. Seus frutos são consumidos in natura e utilizados para produção, principalmente de bebidas alcoólicas, geleia e sorvete. O presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a diversidade e a estrutura genética de sete populações naturais em Sergipe, como subsídio à conservação dos recursos genéticos da espécie. Foram realizadas quatro expedições de coleta, que resultou em 53 amostras dos municípios Itaporanga d'Ajuda, Estância, Barra dos Coqueiros, Pirambu, Pacatuba, Indiaroba e Aracaju. O DNA foi extraído pelo protocolo de Doyle e Doyle adaptado e amplificado com 20 marcadores ISSR. A diversidade foi estimada pela heterozigosidade esperada (He) e pelo índice de Shannon (I), e a estrutura, por AMOVA, agrupamento UPGMA, análise de coordenadas principais (PCoA) e análise bayesiana (STRUCTURE). Os marcadores geraram 178 loci, dos quais 175 foram polimórficos (98,3%). A He média foi de 0,272 e o I médio, de 0,396. Os indivíduos de Itaporanga d'Ajuda apresentaram a maior diversidade (He = 0,366; I = 0,533) e os de Pirambu, a menor (He = 0,174; I = 0,256). Foram observadas marcas moleculares exclusivas em Estância e Aracaju. A AMOVA indicou que 80% da variação ocorreu dentro das populações e 20% entre elas. O dendrograma (correlação cofenética de 0,878), a PCoA (28,2% da variação nos dois primeiros eixos) e a análise de estrutura (K = 2) indicaram que os indivíduos não se agruparam exclusivamente pela origem geográfica. Os resultados obtidos constituem uma etapa da caracterização dos recursos genéticos do cambuizeiro e poderão contribuir para o conhecimento da distribuição e da diversidade genética da espécie, subsidiando futuras ações de conservação e uso sustentável.

**Palavras-chave:** *Myrtaceae*; ISSR; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** CNPq (310328/2025-0) e Embrapa (10.25.10.012.00.02.003).

# RGV 559 - COLORAÇÃO E SECAGEM DAS VAGENS COMO INDICADORES DA MATURIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE MORINGA

Ana Veruska Cruz da Silva[1]*; Tássia Fernanda Santos Neri Soares[1]; Evandro Neves Muniz[1]; Wallace Batista Nascimento[2]; Karolyne Wanessa de Jesus[2]; Ana da Silva Ledo[1]

[1]Embrapa Tabuleiros Costeiros. [2]Universidade Federal de Sergipe. *ana.veruska@embrapa.br

A moringa (*Moringa oleifera* Lam.) é uma espécie arbórea que se destaca pelos seus múltiplos usos, cujas sementes apresentam elevado teor de óleo e propriedades coagulantes. A determinação do ponto ideal de colheita é essencial para a obtenção de sementes com elevada qualidade fisiológica e preservação dos recursos genéticos da espécie. Este trabalho foi desenvolvido com o objetivo de avaliar a influência da coloração e da secagem das vagens na qualidade fisiológica e composição química das sementes. As vagens foram coletadas no Banco Ativo de Germoplasma de Moringa da Embrapa Tabuleiros Costeiros, localizado no Campo Experimental Jorge do Prado Sobral, no município de Nossa Senhora das Dores, Sergipe. A classificação das vagens pela coloração foi: a) marrom seca (M-S); b) marrom-esverdeada seca (ME-S); c) esverdeadas não secas (ES-NS); d) verdes não secas (V-NS) e e) verdes secas por 30 dias a temperatura ambiente (V-S). As sementes de V-NS foram também classificadas pela cor do tegumento branco (B) e marrom (A). Avaliou-se biometria, teste de germinação e composição química. A massa das vagens e sementes reduziu significativamente com a secagem. O percentual de germinação e a protrusão radicular foram superiores e não diferiram entre ES-NS (96% e 98%), ME-S (95% e 99%) e M-S (91,2% e 94%), superando V-NS (B) (8% e 25%) e V-NS (A) (30% e 34%). A secagem pós-colheita por 30 dias (V-S) aumentou a germinação para 59% e o comprimento da parte aérea das plântulas de 2,03 cm para 4,93 cm. A matéria seca das sementes atingiu 90% em ES-NS e estabilizou-se. O extrato etéreo foi menor em V-S (16%) em relação aos demais tratamentos (26-30%). Concluiu-se que as vagens colhidas a partir do estádio de coloração esverdeada e não secas apresentam máxima qualidade fisiológica e acúmulo de matéria seca.

**Palavras-chave:** *Moringa oleifera*; Qualidade fisiológica; Germinação.

**Agradecimentos:** Embrapa Tabuleiros Costeiros e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsa de pós-doutorado (151366/2024-1).

CBRG

# IX Congresso Brasileiro de RECURSOS GENÉTICOS

Recursos Genéticos e Biotecnologia:
biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria

**10 a 13 de novembro de 2026**
Florianópolis - SC

## Resumos da ÁREA ANIMAL



## 7.2. Recursos genéticos da área animal

### RGA 001 - PAINÉIS GENÔMICOS CUSTO-EFFICIENTES PARA TESTE DE PATERNIDADE EM OVINOS E CAPRINOS BRASILEIROS

Camila Souza Rodrigues[1,2]*; Danielle Assis de Faria[1,2]; Samuel Rezende Paiva[2]; Concepta McManus[3]

[1]Universidade de Brasília; [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; [3]Universidade de São Paulo. *rodriguesscamila@outlook.com

A verificação genealógica precisa é requisito operacional crítico em programas de conservação e melhoramento genético de ovinos e caprinos. Embora painéis de SNPs (Polimorfismos de Nucleotídeo Único) permitam inferência confiável de parentesco, sua aplicação em pequenos ruminantes nativos permanece limitada pela ausência de conjuntos reduzidos de marcadores otimizados para essas raças, tornando inadequada a simples transferência de painéis desenvolvidos para raças europeias e comerciais. Adicionalmente, o custo e a infraestrutura exigidos por BeadChips de alta densidade inviabilizam sua adoção rotineira em programas de conservação. Este estudo desenvolveu e validou painéis reduzidos de SNPs para inferência de parentesco em ovinos e caprinos das principais raças brasileiras, a partir de genótipos de 439 ovinos e 197 caprinos genotipados com o EMBRAPA Multispecies 65K Illumina Infinium chip. Após controle de qualidade, os SNPs foram selecionados com base na frequência do alelo menor (MAF) estimada por raça e na probabilidade de exclusão combinada (PE), maximizando o poder discriminatório para inferência de parentesco nas raças-alvo. Os painéis resultantes apresentaram MAF médias de 0,39±0,038 e 0,39±0,028 em ovinos e caprinos, respectivamente. Notavelmente, apenas 71 SNPs foram suficientes para atingir PE ≥ 0,9999 em ambas as espécies; entretanto, 96 marcadores foram retidos em cada painel para aumentar a robustez analítica. Na etapa de validação dos painéis, realizada em 84 trios ovinos e 31 caprinos, número compatível com a limitada disponibilidade de registros genealógicos formais nas raças nativas brasileiras, todos os indivíduos foram corretamente atribuídos aos respectivos genitores, com taxa de incompatibilidade genotípica ≤1% por trio. Em comparação ao BeadChip completo e a painéis previamente publicados de 163 a 2.926 SNPs em ovinos e de 195 a 1.492 SNPs em caprinos, os conjuntos propostos atingiram maior poder discriminatório com apenas 96 marcadores, destacando a importância da otimização baseada na estrutura genética das raças locais para inferência confiável de parentesco. Os resultados demonstram que painéis ajustados à diversidade genética das raças-alvo constituem uma abordagem metodologicamente mais robusta e custo-efetiva para verificação genealógica em pequenos ruminantes brasileiros, com aplicação direta em programas de conservação e melhoramento genético.

**Palavras-chave:** recursos genéticos animais; pedigree; raças autóctones.

**Agradecimentos:** À Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, à Universidade de Brasília, à CAPES e ao CNPq.

# RGA 003 - DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA, ESTRUTURA POPULACIONAL E CONSERVAÇÃO DA RAÇA SINDI (*Bos taurus indicus*) NO BRASIL

Cleuza Samai Alves Souza[1]*; Michele Couto Machado[1]; Juliana Petrini[2]; Luiz Antônio Josahkian[3]; Henrique Torres Ventura[3]; Rafael Guimarães Vizoná[3]; Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto[2]

[1]Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG. [2]EMBRAPA Gado de Leite, Juiz de Fora, MG. [3]Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), Uberaba, MG.
*biokeu.samai@gmail.com

A raça Sindi é uma raça zebuína de dupla aptidão com um dos menores efetivos no Brasil: 4.232 animais distribuídos em 213 rebanhos, concentrados principalmente no Nordeste, Minas Gerais, Goiás e São Paulo. Ocupa três biomas — Caatinga, Cerrado e Pantanal — e sua capacidade adaptativa vem do ambiente de origem: o Vale do Rio Indo, no Paquistão, onde as condições são extremas (clima árido, precipitação abaixo de 100 mm/ano, temperaturas acima de 45 °C e solos pobres). A pelagem clara, pele pigmentada, glândulas sudoríparas funcionais e conformação robusta são heranças diretas desse ambiente seletivo. Análises genéticas com marcadores SNP identificaram seis subpopulações distintas na Sindi brasileira. Três são distribuídas entre os rebanhos, mas as outras três estão restritas a poucos animais — duas são exclusivas de um único rebanho isolado. A diferenciação genética entre esses grupos é de moderada a alta, indicando baixo fluxo gênico entre biomas. Essa fragmentação é preocupante: subpopulações isoladas estão vulneráveis à deriva genética e podem perder alelos ligados à tolerância ao calor, resistência a parasitas e eficiência reprodutiva. Quanto ao desempenho produtivo, a Sindi apresenta idade ao primeiro parto de 4,2 anos, produção média de 1.413 kg de leite por lactação e intervalo entre partos de 456 dias, em condições de manejo extensivo e restrição alimentar. São valores medianos comparados à Gir, mas obtidos em ambientes onde outras raças teriam dificuldade — o que reforça seu valor como recurso genético para cenários de mudanças climáticas. Para a conservação da raça, é essencial que programas de melhoramento incluam representantes de todas as seis subpopulações, com atenção especial aos rebanhos isolados na Caatinga, onde pressões seletivas únicas geram combinações alélicas valiosas para a adaptação futura.

**Palavras-chave**: Conservação genética; Estrutura populacional; Raça Sindi.

**Agradecimentos:** À Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais, à EMBRAPA Gado de Leite, e à Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ).

# RGA 004 - DISTRIBUIÇÃO DA RAÇA SINDI (*Bos taurus indicus*) NOS BIOMAS BRASILEIROS E SUAS CARACTERÍSTICAS ADAPTATIVAS

Michele Couto Machado[1]; Cleuza Samai Alves Souza[1]*; Juliana Petrini[2]; Luiz Antônio Josahkian[3]; Henrique Torres Ventura[3]; Rafael Guimarães Vizoná[3]; Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto[2]

[1]Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais, Belo Horizonte, MG. [2]EMBRAPA Gado de Leite, Juiz de Fora, MG. [3]Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ), Uberaba, MG.
*biokeu.samai@gmail.com

A raça Sindi foi introduzida no Brasil por meio de importações nas décadas de 1930 e 1950, com número reduzido de animais fundadores do Paquistão. Apesar do gargalo genético inicial, estabeleceu-se em rebanhos distribuídos principalmente no Nordeste e Sudeste, com presença também no Norte, Centro-Oeste e Sul. Atualmente ocupa quatro biomas brasileiros: Caatinga, Cerrado, Pantanal e áreas de transição da Mata Atlântica. A capacidade adaptativa da raça deriva diretamente de seu ambiente de origem — o Vale do Rio Indo, no Baluchistão (Paquistão) — onde as condições são extremas: clima continental árido a semiárido, precipitação abaixo de 100 mm anuais, temperaturas de verão superiores a 45 °C (podendo atingir 50 °C) e solos pobres e pedregosos. A escassez hídrica e a sazonalidade da oferta de forragem foram os principais filtros seletivos, fixando geneticamente características de alta eficiência metabólica e tolerância ao calor intenso. Essas adaptações se expressam de forma distinta em cada bioma. Na Caatinga, a pelagem vermelha clara, a pele pigmentada e as glândulas sudoríparas funcionais refletem a tolerância ao estresse térmico e hídrico, enquanto a capacidade de utilizar forragens de baixa qualidade é herança direta da escassez de pasto no Baluchistão. No Cerrado, a rusticidade se destaca pela resistência ao carrapato *Rhipicephalus microplus* e pela adaptação a pastagens extensivas com baixa disponibilidade de nutrientes. A conformação robusta e os membros fortes, desenvolvidos nas paisagens montanhosas de origem, facilitam o deslocamento em grandes áreas. No Pantanal, a raça demonstra capacidade de lidar com ciclos de cheia e seca, apresentando resistência a endoparasitas e boa eficiência reprodutiva, com a estrutura corporal compacta favorecendo a termorregulação em ambientes de alta umidade. A concentração da Sindi nos biomas de clima quente e seco não é coincidência — reflete diretamente as pressões seletivas impostas pelo ambiente árido de origem, resultando em um animal de dupla aptidão, rústico e adaptado às condições tropicais mais desafiadoras do Brasil.

**Palavras-chave:** Adaptação ambiental; Caatinga; *Bos taurus indicus*.

**Agradecimentos:** À Pontifícia Universidade Católica de Minas Gerais, à EMBRAPA Gado de Leite, à Associação Brasileira de Criadores de Zebu (ABCZ).

# RGA 020 - CORRELAÇÃO GENÉTICA ENTRE AS CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E DE CARCAÇA EM BOVINOS DA RAÇA CRIOULA LAGEANA

Ana Karla Alvarenga[1]*; Lucas Macedo Santos Basílio[1]; José Lindenberg Rocha Sarmento[2]; Alan Oliveira do Ó[2]; Geraldo Magela Cortes Carvalho[3]; Patricia Ianella[4]; Alexandre Floriani Ramos[4]

[1]Universidade de Brasília. [2]Universidade Federal do Piauí.[3]Embrapa Meio Norte. [4]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *anakarlaalvarenga123@gmail.com

A raça de bovinos Crioula Lageana é genuinamente brasileira, reconhecida pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA) em 2008. Os animais são conhecidos por serem resistentes a endo e ectoparasitas, pela diversidade de pelagens, pela presença de chifres longos na variedade aspada e pela adaptação às condições da Serra Catarinense, região de origem da raça. As medidas ultrassonográficas são capazes de predizer a uniformidade dos animais, determinar precocidade e produtividade. As correlações genéticas permitem identificar a associação entre os genes que influenciam diferentes características, auxiliando na seleção de animais superiores. Visando subsidiar o melhoramento genético para a raça Crioula Lageana, este estudo teve como objetivo determinar as correlações genéticas entre área de olho de lombo (AOL), área de olho de lombo por 450 quilos de peso vivo (AOL450), espessura de gordura subcutânea (EGS), espessura de gordura na garupa (EGP8), peso aos 365 dias de idade (P365) e peso aos 550 dias de idade (P550). As correlações genéticas foram estimadas por meio dos programas da família *BLUPF90+* utilizando dados fenotípicos e genotípicos coletados entre os anos de 2021 e 2025 de 976 animais da raça Crioula Lageana de ambas as variedades (mocha e aspada), localizados nos estados de Santa Catarina e Paraná. A correlação genética entre AOL e AOL450 foi alta e positiva (0,98), indicando forte associação genética entre as características. Já as correlações entre AOL e AOL450 com EGS foram negativas e moderadas (-0,45 e -0,42), sugerindo que a seleção para maior área muscular pode estar associada à redução da deposição de gordura subcutânea. A correlação entre EGS e EGP8 foi baixa (0,11), indicando pouca associação genética. A correlação genética entre P365 e P550 foi alta e positiva (0,73). As correlações entre P365 e P550 com AOL foram baixas a moderadas (0,21 e 0,36), enquanto com EGS foram moderadas (0,38 e 0,45). Para EGP8, as correlações entre P365 e P550 foram 0,28 e 0,84, respectivamente, destacando a forte associação entre P550 e EGP8. As correlações negativas entre AOL/AOL450 e EGS (-0,45 e -0,42) indicam que o maior desenvolvimento muscular está negativamente associado à maior precocidade de acabamento. A alta correlação genética entre os pesos permite a seleção de animais em idades mais precoces, antes do sobreano, podendo gerar impactos econômicos positivos. Os resultados demonstram que é possível realizar a seleção priorizando um número reduzido de características, devido aos graus de associação genética entre elas, permitindo ganhos indiretos em características geneticamente correlacionadas. Além disso, os resultados contribuem para a estruturação de um programa de melhoramento genético para a raça Crioula Lageana, auxiliando na valorização e conservação desse recurso genético brasileiro.

**Palavras-chave:** Área de olho de lombo; Melhoramento genético; Recurso genético brasileiro.

**Agradecimentos:** ABCCL e CAPES.

# RGA 023 - PAINEL REDUZIDO DE MARCADORES SNPs PARA ATRIBUIÇÃO RACIAL EM OVINOS BRASILEIROS LOCALMENTE ADAPTADOS

Camila Souza Rodrigues[1,2]; Danielle Assis de Faria[1,2]; Samuel Rezende Paiva[2]; Concepta McManus[3]

[1]Universidade de Brasília; [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; [3]Universidade de São Paulo. *rodriguesscamila@outlook.com

A rastreabilidade de produtos e a conservação de recursos genéticos de raças ovinas localmente adaptadas dependem da capacidade de atribuição racial precisa e economicamente viável. Entretanto, a ausência de painéis de polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) desenvolvidos especificamente para as raças autóctones brasileiras ainda representa uma importante lacuna. Este estudo desenvolveu e validou painéis reduzidos de SNPs para atribuição racial em ovinos brasileiros localmente adaptados, a partir de genótipos de 324 animais das cinco principais raças nacionais: Somalis Brasileira, Santa Inês, Morada Nova, Crioula e Pantaneira, genotipados com o EMBRAPA Multispecies 65K Illumina Infinium chip. Os indivíduos foram particionados em uma população de treinamento (80%), utilizada para a seleção dos marcadores informativos, e uma população de teste (20%), empregada para a validação dos painéis e avaliação da acurácia de atribuição racial. Foram desenvolvidos quatro painéis contendo 100, 150, 170 e 200 SNPs para cada um dos três critérios de seleção empregados: *Delta*, *FST par-a-par* e *Informativeness for Assignment,* utilizando o programa *Toolbox for Ranking and Evaluation of SNPs* (TRES). O painel de 170 SNPs selecionado pelo método *FST* atingiu acurácia média de atribuição de 99,12%, com todas as raças alcançando valores maiores que 98%, superando significativamente o painel completo (2.926 SNPs presentes no BeadChip), que apresentou acurácia média de 80,78% ($\chi^2$, $p < 0,001$). Apesar da baixa diferenciação genética observada entre as raças Crioula e Pantaneira ($F_{ST}$ = 0,143), o painel reduzido desenvolvido ainda foi preciso na discriminação entre elas. Notavelmente, o aumento de 170 para 200 marcadores reduziu a acurácia média de atribuição em todas as abordagens avaliadas. Esse resultado indica que a inclusão de SNPs menos informativos pode comprometer o desempenho do painel ao introduzir variação não discriminatória. Em conjunto, os resultados demonstram que a seleção direcionada de SNPs altamente informativos para diferenciação racial pode superar o desempenho de painéis de maior densidade, reforçando a importância da otimização baseada na informatividade genética para o desenvolvimento de ferramentas de rastreabilidade para raças ovinas localmente adaptadas com estrutura populacional complexa.

**Palavras-chave:** genômica populacional; rastreabilidade; recursos genéticos animais.

**Agradecimentos:** À Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, à Universidade de Brasília, à CAPES e ao CNPq.

# RGA 027 - ESTIMATIVA DA HERDABILIDADE DAS CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA DE BOVINOS DA RAÇA CRIOULA LAGEANA

Ana Karla Alvarenga[1]*; Lucas Macedo Santos Basílio[1]; José Lindenberg Rocha Sarmento[2]; Alan Oliveira do Ó[2]; Geraldo Magela Cortes Carvalho[3]; Patricia Ianella[4]; Alexandre Floriani Ramos[4]

[1]Universidade de Brasília. [2]Universidade Federal do Piauí.[3]Embrapa Meio Norte. [4]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *anakarlaalvarenga123@gmail.com

A Crioula Lageana é uma raça bovina brasileira originária do Planalto Catarinense, especialmente da região de Lages (SC), reconhecida como patrimônio genético regional e estadual. Os animais apresentam porte médio, resistência a endo e ectoparasitas, tolerância à babesiose e à anaplasmose, chifres característicos na variedade aspada e elevada adaptação às condições do Sul do Brasil. As medidas ultrassonográficas são capazes de predizer a uniformidade dos animais, determinar precocidade e produtividade. A estimativa de herdabilidade indica a proporção da variação fenotípica influenciada por fatores genéticos e ambientais, sendo importante para avaliar o potencial de resposta à seleção. Dessa forma, este estudo teve como objetivo estimar os componentes de variância e as herdabilidades das seguintes características: área de olho de lombo (AOL), área de olho de lombo por 450 quilogramas de peso vivo (AOL450), espessura de gordura subcutânea (EGS), espessura de gordura na garupa (EGP8), peso aos 365 dias de idade (P365) e peso aos 550 dias de idade (P550). Os componentes de variância foram estimados a partir dos programas da família *BLUPF90+* utilizando dados fenotípicos e genotípicos coletados no período de 2021 a 2025 de 976 animais da raça Crioula Lageana de ambas as variedades (mocha e aspada) localizados nos estados de Santa Catarina e Paraná. As estimativas de herdabilidade variaram de moderadas a altas. Foram observados valores moderados para AOL (0,33), AOL450 (0,31), EGS (0,35), EGP8 (0,35) e altos para P365 (0,51) e P550 (0,50). As maiores herdabilidades foram observadas para os pesos aos 365 e 550 dias, indicando maior potencial de resposta à seleção para características de crescimento. As características de carcaça e deposição de gordura apresentaram herdabilidades moderadas, demonstrando possibilidade de ganho genético por meio da seleção. Esses valores sugerem que características produtivas e de crescimento, quando utilizadas como critérios de seleção, podem proporcionar progresso genético no rebanho, sendo indicadas para a seleção de animais da raça Crioula Lageana. Além de subsidiar programas de melhoramento genético, os resultados podem contribuir para estratégias de conservação e uso sustentável da variabilidade genética da raça Crioula Lageana, importante patrimônio genético brasileiro.

**Palavras-chave:** Área de olho de lombo; Recurso genético brasileiro; Variabilidade genotípica.

**Agradecimentos:** ABCCL e CAPES.

# RGA 028 - NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DE GALINHAS DE OVOS BRANCOS DA RAÇA LEGORNE

José Victor Vieira Isola[1]*; Jane Peixoto de Oliveira[1]; Monica Correa Ledur[1]; Mariana Groke Marques[1]; Elsio Antonio Pereira de Figueiredo[1]

[1]Embrapa Suínos e Aves. *jose.isola@embrapa.br

O Núcleo de Conservação (NC) de galinhas de postura da raça Legorne Branca, mantido pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária/Embrapa Suínos e Aves, em Concórdia, Santa Catarina, constitui um ativo estratégico fundamental para a preservação de Recursos Genéticos (RG) animais no território brasileiro. Iniciado em 1989 e formalmente integrado ao programa de Recursos Genéticos (REGEN) da Embrapa em 2001, este núcleo desempenha um papel vital na manutenção da biodiversidade avícola, servindo como base para o desenvolvimento de linhagens de alta produtividade. A conservação *in situ* de aves *Gallus gallus* permite a salvaguarda de variabilidade genética essencial para enfrentar desafios sanitários e mudanças nas exigências do mercado consumidor. O manejo do NC de Legorne Branca visa preservar duas linhas puras (CC e DD), mantidas sob rigoroso controle sanitário e zootécnico na Granja de Suruvi. Estas linhas são utilizadas na produção da linhagem comercial Embrapa 011. A metodologia de manutenção envolve a avaliação contínua do desempenho das aves, monitorando variáveis como produção total de ovos, peso das aves, peso do ovo e qualidade da casca. O processo de seleção baseia-se no desempenho individual para as fêmeas e no desempenho familiar para os machos (mães e irmãs), visando o progresso genético equilibrado. Os melhores indivíduos são utilizados para produzir a geração subsequente, evitando-se endogamia. A reprodução é conduzida anualmente por meio de inseminação artificial, garantindo o controle genealógico e a integridade das linhas. Os resultados referentes à geração de 2024 evidenciam a estabilidade produtiva do plantel e refletem as diferentes pressões de seleção aplicadas: a linha CC tem sido mais selecionada para tamanho do ovo, e a linha DD mais para produção de ovos. Para a linha CC (n=392), registrou-se produção média de 172,3 ± 38,1 ovos até a 56ª semana de idade, com peso médio de 58,3 ± 3,3g e massa acumulada de 11,8 ± 2,6kg de ovos. A linha DD (n=392) produziu 186,7 ± 36,3 ovos com peso médio de 49,0 ± 8,0g e massa total de ovos de 10,9 ± 2,4kg no mesmo período. Estes dados reforçam a eficácia do programa em manter o vigor genético e a especialização produtiva das aves. Neste contexto, a manutenção destas linhas puras na Embrapa Suínos e Aves é imprescindível para garantir a soberania nacional e a variabilidade necessária a futuros programas de melhoramento, assegurando que o Brasil possua uma reserva genética estratégica de linhas de avicultura comercial para garantir a segurança alimentar e a inovação tecnológica no setor.

**Palavras-chave:** Galinha de postura; Melhoramento animal; Ovos brancos.

**Agradecimentos:** Financiamento Embrapa (10.25.10.008.00.07).

# RGA 029 - NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DE GALINHAS DAS RAÇAS RHODE ISLAND RED E PLYMOUTH ROCK BRANCA PARA O DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE POEDEIRAS SEXÁVEIS PELA COR DA PLUMAGEM

José Victor Vieira Isola[1]*; Jane Peixoto de Oliveira[1]; Monica Correa Ledur[1]; Mariana Groke Marques[1]; Elsio Antonio Pereira de Figueiredo[1]

[1]Embrapa Suínos e Aves. *jose.isola@embrapa.br

O Núcleo de Conservação (NC) de galinhas de postura das raças Rhode Island Red (RIR) e Plymouth Rock Branca (PRB), mantido pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa Suínos e Aves) em Concórdia, Santa Catarina, representa um pilar estratégico para a avicultura nacional. Iniciado em 1989 e formalmente integrado ao programa de Recursos Genéticos (REGEN) da Embrapa em 2001, este núcleo serve de base para o desenvolvimento de linhagens comerciais. O NC preserva linhas portadoras dos genes *gold* (RIR) e *silver* (PRB), ligados ao sexo e ferramentas valiosas para o desenvolvimento de linhagens de poedeiras sexáveis pela cor da plumagem ao nascimento. A manutenção desses recursos genéticos permite a salvaguarda de variabilidade necessária para a produção de ovos castanhos e serve como modelo experimental para estudos científicos. O núcleo está alojado na Granja de Suruvi, é composto por duas linhas puras RIR (GG e MM) e uma linha pura PRB (SS), que, ao serem cruzadas, originam linhagens Embrapa de poedeiras comerciais. A metodologia de conservação *in situ* envolve a avaliação zootécnica rigorosa, com monitoramento da produção, do peso da ave e do ovo, e da qualidade da casca dos ovos. A seleção das fêmeas é realizada com base no desempenho individual, enquanto os machos são selecionados pelo desempenho familiar (mães e irmãs). Os melhores indivíduos são utilizados para produzir a geração subsequente, evitando-se endogamia. A integridade genética e o controle genealógico são assegurados por meio de reprodução anual por inseminação artificial. Os dados da geração de 2024 demonstram a estabilidade e o potencial produtivo do plantel. A linha GG (n=802) apresentou produção média de 180,1 ± 29,4 ovos até a 56ª semana de idade, com peso de ovos de 54,9 ± 3,4g, e massa total de ovos de 11,4 ± 1,9 kg. A linha MM (n=607) produziu 173,1 ± 26,8 ovos, com peso de 54,5 ± 3,6 g e massa total de ovos de 11,0 ± 2,0 kg. A linha SS (n=789) produziu 178,2 ± 26,9 ovos, com peso de 53,1 ± 2,8 g e massa total de ovos de 10,9 ± 1,8 kg no mesmo período. Tais resultados confirmam a eficácia do manejo na preservação do vigor genético. A existência deste núcleo é importante para garantir a soberania brasileira, assegurando que o país mantenha uma reserva estratégica de linhagens comerciais de ovos castanhos, reduzindo a dependência externa e fortalecendo a segurança alimentar nacional.

**Palavras-chave:** Galinha de postura; Melhoramento animal; Ovos castanhos.

**Agradecimentos:** Financiamento Embrapa (10.25.10.008.00.07).

# RGA 032 - POLIMORFISMOS NO GENE GDF9 E ASSOCIAÇÕES COM CARACTERÍSTICAS DE PROLIFICIDADE EM OVELHAS DA RAÇA "ILE DE FRANCE" NA CABANHA SÃO GALVÃO (BOM RETIRO - SC)

Victória Manzan Sabino[1]*; Amanda Michelle Borges[1]; Victoria Teixeira Ryll[1]; Márcio Cinachi Pereira[1]; Sergio Augusto Ferreira de Quadros[1]; André Luís Ferreira Lima[1]

[1] Departamento de Zootecnia e Desenvolvimento Rural, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, SC, Brasil. *manzansvic@gmail.com

A prolificidade é uma característica multifatorial. O gene Fator de Diferenciação e Crescimento 9 (GDF9) é expresso nos oócitos e regula a taxa de ovulação. Polimorfismos de Nucleotídeo Único (SNPs) nesse gene estão associados a partos múltiplos. Avaliou-se a associação entre polimorfismos do GDF9 e prolificidade em 66 ovelhas Ile de France, com 268 registros reprodutivos (2019-2024) da Cabanha São Galvão (em Bom Retiro - Santa Catarina). A região do Éxon II foi amplificada por Reação em Cadeia da Polimerase (PCR) e genotipada por Polimorfismo no Comprimento de Fragmentos de Restrição (RFLP), após digestão com Hinf-I. As frequências genotípicas foram MM (42,4%), ML (47%) e LL (10,6%), e as alélicas p(M)=0,659 e q(L)=0,341. A heterozigosidade observada (Ho=0,47) foi ligeiramente superior à esperada (He=0,449). A população encontrava-se em Equilíbrio de Hardy-Weinberg ($\chi^2$=0,135; p>0,05). Não foi detectado efeito significativo do genótipo GDF9 sobre a prolificidade (p=0,5631), com médias ajustadas de 1,79±0,08 para MM, 1,71±0,15 para LL e 1,89±0,08 para ML. O ano de parto apresentou efeito significativo (p<0,0001), com ovelhas paridas em 2019 (1,26±0,07) apresentando desempenho reprodutivo inferior ao observado em 2020 (1,71±0,07), 2022 (1,75±0,10) e 2024 (1,76±0,15). A baixa repetibilidade estimada pelo modelo de Simetria Composta (CS=-0,00852) reforça a baixa herdabilidade do caráter. A caracterização das frequências genotípicas e alélicas do gene GDF9 contribui para o conhecimento da variabilidade genética presente na população avaliada, constituindo informação relevante para a caracterização e utilização dos recursos genéticos. Mesmo na ausência de associação significativa entre os genótipos estudados e a prolificidade, a identificação e monitoramento dessa diversidade podem subsidiar estratégias de seleção e acasalamento, evitando a redução da variabilidade genética e auxiliando na definição de critérios de melhoramento reprodutivo. Dessa forma, a avaliação de polimorfismos relacionados à reprodução permite integrar informações moleculares e produtivas, contribuindo para o uso racional e sustentável dos recursos genéticos animais em programas de melhoramento. Esses resultados contribuem para a caracterização genética do rebanho e fornecem subsídios para estratégias de conservação da diversidade e melhoramento reprodutivo de recursos genéticos ovinos.

**Palavras-chave:** PCR-RFLP; *Ovis aries*; variabilidade genética.

**Agradecimentos:** à Cabanha São Galvão e ao Engenheiro Agrônomo José Volni Costa.

# RGA 033 - CONTROLE DE QUALIDADE DO SÊMEN CONSERVADO NO BANCO BRASILEIRO DE GERMOPLASMA ANIMAL

Thyago Xavier Porto[1]*; Lhorranny de Castro Costa[2]; Samuel Rezende Paiva[3]; Alexandre Floriani Ramos[3]

[1]Universidade de Brasília. [2]Centro Universitário do Planalto Central Apparecido dos Santos. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *thyagoporto99@gmail.com

O Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA), localizado em Brasília- DF, faz parte das estratégias de conservação de recursos genéticos, através do armazenamento de sêmen, embriões, células somáticas, entre outros. Dentre as ações que envolvem boas práticas de conservação está a realização do controle de qualidade do material biológico conservado. Para isso, foi elaborado um protocolo de controle de qualidade que tem como objetivo avaliar as condições de acondicionamento das amostras e garantir que a qualidade do material conservado não está sendo perdida. De um total de 30 amostras de referência são sorteadas 12 amostras de sêmen para serem avaliadas a cada 2 anos. Neste estudo, 12 amostras de sêmen foram descongeladas e avaliadas quanto à cinética espermática, usando o equipamento Hamilton thorne, IVOS II, e integridade de membrana e de acrossoma, por microscopia de fluorescência (FITC-PNA+IP, cFDA+IP). Os resultados obtidos foram comparados com os da avaliação de referência dessas amostras realizada em 2023. Os dados foram testados quanto a normalidade pelo teste de Shapiro Wilk e as médias comparadas por meio do teste *t* pareado ($P<0,05$) utilizando o software R (versão 2026.05.1+225). Os resultados obtidos em 2023 e 2025, respectivamente, estão apresentados em média±desvio padrão: velocidade curvilinear - VCL (89,5±19,8 vs 70,3± 10,1 µm/s; P = 0,008), velocidade em trajetória média - VAP (44,2± 8,3 vs 42,6±8,5 µm/s; P = 0,615), velocidade em linha reta - VSL (15,2±2,5 vs 43,1±9,5 µm/s; P = 0,310), amplitude lateral de cabeça - ALH (4,8±0,4 vs 3,9±0,9 µm; P = 0,006), frequência de batimento de cauda - BCF (12,9±2,8; vs 13,4±5,7 Hz ($s^{-1}$); P = 0,812), motilidade total - MT (36,0±18,0% vs 53,35±18,0 %; P = 0,0008); motilidade progressiva - MP (21,91±9,9 vs 24,7±12,3%; P= 0,298), taxa de movimento oscilatório - WOB (15,2±2,5 vs 14,8±3,4 %; P = 0,675), espermatozoides com membrana íntegra - MI (38,1±19,2% vs 15,2±12,8%; P = 0,015), espermatozóides com membrana e acrossoma integros - MAI (36,2±17,3 vs 10,3±7,1%; P = 0,0005). Houve diferença significativa entre os resultados de MT, ALH, VCL, MI e MAI. Entretanto, analisando o conjunto das variáveis estudadas pode-se concluir que não houve prejuízo na qualidade do sêmen conservado no BBGA e que a variação em algumas das variáveis pode ocorrer em função do avaliador, da diluição adequada para avaliação da amostra e da calibração dos equipamentos utilizados.

**Palavras-chave:** Análise espermática; Conservação; Recursos genéticos.

**Agradecimentos:** à CAPES e ao CNPq pelas bolsas de estudo concedidas.

# RGA 062 - BIOMETRIA DE PORCOS DA RAÇA MOURA

Flávia e Silva Sieracki[1]*; Marson Bruck Warpechowski[2]; Juliana Sperotto Brum[3]

[1,2,3]Universidade Federal do Paraná. *flavia.sieracki@ufpr.br

A maior parte do rebanho de raças crioulas está espalhada em criações extensivas e semi-extensivas de porte micro, que normalmente não possuem balanças para pesagem dos animais. Assim, a biometria animal, ou seja, a mensuração de características corporais, como ferramenta de predição de peso se torna uma alternativa viável e de baixo custo. Já existem produtos que trabalham com esse conceito, como fitas métricas calculadas para suínos com base no perímetro torácico (PT). Porém cada raça, principalmente as crioulas, apresenta características corporais únicas, influenciando na compatibilidade de equações genéricas de predição de peso. O presente estudo foi realizado com medidas biométricas de porcos do Centro de Criação de Suínos da Raça Moura da UFPR, de maneira a avaliar modelos de predição já existentes e desenvolver novos. Com 112 pares de observações de peso vivo em jejum (PJV) e PT provenientes de 43 machos e 37 fêmeas de amplas faixas de peso (12-139 kg) e idade (64-582 dias), foram avaliadas três equações preditivas, uma desenvolvida para a raça Moura previamente na UFPR (E1), uma para a raça Piau (E2) e outra para suínos industriais (E3), sendo as duas últimas adquiridas por meio de uma fita métrica desenvolvida pelo IFSudeste em Rio Pomba, MG. As regressões lineares entre os pesos real e estimado dos três sistemas apresentaram coeficiente de determinação ($R^2$) maior que 0,95. Entretanto, ao se observar os indicadores de erro, nota-se grande diferença entre as equações. A E1 apresentou o maior erro médio (EM) (-10,06 kg), sendo este intermediário para a E2 (+7,78 kg) e menor para a E3 (-4,21 kg). Segundo o sinal do EM, é possível concluir que a E1 e E3 tendem a superestimar o peso real dos animais, enquanto a E2 o subestima. Em relação à geração de novos modelos, foi utilizado um banco de dados com medidas biométricas de 29 machos e 21 fêmeas, com pesos de 12 a 122 kg e idades de 64 a 562 dias, sem repetição de coleta por animal. Foram testadas regressões lineares simples e múltiplas com até cinco variáveis sendo estas PT, PT^2, comprimento do corpo, altura de cernelha (AC) e altura de garupa. A análise gráfica mostrou relação curvilinear entre o peso e as medidas biométricas, e o uso do termo quadrático PT^2 melhorou a capacidade preditiva. A melhor equação obtida foi PVJ (kg) = 0,0051*PT^2 + 1,3540*AC - 60,25, com R2 = 0,98 e, na validação, R2 = 0,97 e EM de +1,56 kg. Os resultados reforçam a importância do desenvolvimento de modelos específicos para raças crioulas para maior exatidão e precisão na estimativa de peso vivo.

**Palavras-chave:** avaliação preditiva; conservação racial; medidas zoométricas.

**Agradecimentos:** Agradeço ao PIBIC Tesouro Nacional UFPR pelo suporte financeiro por meio da concessão de bolsa de iniciação científica para o desenvolvimento desta pesquisa.

# RGA 065 - CLASSIFICAÇÃO DE REPRODUTORES PARA GANHO DE PESO E TOLERÂNCIA AO CARRAPATO EM BOVINOS CANCHIM

Mayne Barboza Sarti[1]*; Cinthia Riguetti Marcondes [2]; Geovana Menegão de Souza[1]; Bruna Gonçalves Santos da Costa[1]; Flávia Fernanda Carneiro Santana[1]; Larissa Wanderley Soares[3]; Anibal Eugênio Vercesi Filho[3]; Fernanda Moralez Leme Gomes[3];Francisco de Araujo Neto [4] Rodrigo Giglioti[1,3]

[1]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal/SP. [2]Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos/SP. [3]Instituto de Zootecnia, Nova Odessa/SP. [4]Instituto Federal Goiano, Campos Belos, Goiás, Brasil. *mayne.sarti@unesp.br

O carrapato bovino *Rhipicephalus microplus* é um dos principais entraves à bovinocultura em regiões tropicais, comprometendo o desempenho produtivo e causando perdas econômicas. A identificação de animais capazes de manter o desempenho sob desafio parasitário representa uma alternativa para programas de melhoramento. Este estudo teve como objetivo classificar reprodutores Canchim quanto ao potencial para ganho de peso e à tolerância às infestações por carrapatos utilizando modelo Bayesiano de norma de reação. Foram avaliados 222 bovinos Canchim (5/8 Charolês e 3/8 Zebu), de ambos os sexos, provenientes das safras 2023 e 2024, criados em sistema extensivo e submetidos a seis avaliações desde a desmama. Em cada avaliação foram registradas a contagem de fêmeas adultas de *R. microplus*, o escore de infestação e o ganho de peso. Um índice global de infestação foi obtido por análise de componentes principais e decomposto em componente crônico (média individual) e agudo (desvio em relação à média). Os dados foram analisados por modelos Bayesianos de norma de reação implementados no pacote MCMCglmm. Foram testados modelos com diferentes estruturas de efeitos aleatórios para intercepto e inclinação associados aos componentes crônico e agudo da infestação. O modelo contendo apenas os efeitos aleatórios dos pais para intercepto e inclinação apresentou o melhor ajuste, evidenciando variabilidade genética para a resposta ao desafio parasitário. O componente crônico da infestação apresentou efeito negativo sobre o ganho de peso, enquanto a resposta ao componente agudo variou ao longo das avaliações. A partir dos valores genéticos para ganho de peso e da inclinação das normas de reação, os reprodutores foram classificados por um índice composto por 70% do mérito para ganho de peso e 30% da tolerância. Foram identificados reprodutores superiores, caracterizados pela combinação entre elevado potencial produtivo e maior tolerância ao aumento da infestação. Os resultados demonstram variabilidade genética para tolerância ao carrapato em bovinos Canchim e indicam que modelos de norma de reação constituem uma ferramenta promissora para incorporar essa característica em programas de seleção genética.

**Palavras-chave:** *Rhipicephalus microplus*; tolerância; ganho de peso; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** UNESP, Instituto de Zootecnia e FAPESP.

# RGA 084 - CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DA PELAGEM DO ECÓTIPO JUMENTO NORDESTINO

Camilly L. R. Jesus[1]; Marcos F. M. G. Magalhães[1]*; Amanda V. A. Moreira[1]; Agatha R. O. C. Cruz[1]; Flávia B. C. Cordeiro[1]; Chiara A. A. Oliveira[1]

[1]Universidade Federal da Bahia. *camillylouise100@gmail.com

Os asininos apresentam fenótipos de pelagem pouco descritos quanto à nomenclatura e ao genótipo. A identificação desses padrões é fundamental para o estudo de populações autóctones, seleção e registro de recursos genéticos animais, sendo a descrição fenotípica e genotípica essencial para o registro racial. O objetivo foi avaliar a pelagem do jumento nordestino quanto às distinções de cores com base no padrão RGB (*red*, *green* e *blue*) e identificar padrões fenotípicos de pelagens de genes já descritos. Foram fotografados 139 jumentos nordestinos, com câmera digital (Canon SL3, lente 18-55mm) acoplada a tripé, sob luz natural. Utilizou-se cartão referência de cor preto e branco (P&B). Selecionou-se 42 imagens para análise da codificação RGB em quatro regiões anatômicas (pescoço, escápula, costado e garupa). As imagens foram tratadas (correção de P&B) no software Photoshop. Os animais foram agrupados nas pelagens preta, pelo de rato, rato ruanada e ruã. Os dados médios das variáveis RGB foram submetidos à Análise de Componentes Principais (PCA) no software Jamovi (v2.3). A PCA revelou que a variabilidade total pode ser explicada por um único componente. O PC1 foi responsável por 97,5% da variância total e o PC2 por 2,4%, acumulando juntos 99,9% da variação global da intensidade de cor. Foi evidente a separação do grupo de pelagem preta com valores baixos de RGB (R=21,92; G=6,58; B=2,75), caracterizando ausência quase total de reflectância cromática. Em contrapartida, houve sobreposição entre os grupos pelo de rato, ruã e rato ruanada. A pelagem ruã teve maior média no canal vermelho (R=134,27), seguido por pelo de rato ruanada (R=120,75) e pelo de rato (R=105,69). A proximidade e a amplitude dos desvios-padrão sugerem que as três pelagens compartilham base de reflectância similar no espaço RGB. Nas observações fenotípicas, identificaram-se pontos brancos ao redor dos olhos, focinho e ventre em todos os animais, característicos da ação do gene *ASIP*. O padrão *Dun* foi observado nas pelagens pelo de rato e ruã, exibindo faixa crucial, lista de burro e zebruras. Identificou-se ainda características de diluição não descritas, como membros claros (brancos ou creme) nas diversas pelagens. A análise digital de cores por meio do padrão RGB, associada à PCA, demonstra eficácia para discriminar pelagens extremas, mas revela alta similaridade de reflectância quantitativa entre os fenótipos mais claros e vermelhos. As observações fenotípicas confirmam a expressão generalizada de marcas características ligadas aos genes *ASIP* e *Dun* na população estudada, evidenciando o potencial dessa caracterização na definição de pelagens padrão de registro do jumento nordestino.

**Palavras-chave:** *Equus asinus*; Recursos genéticos; RGB.

**Agradecimentos:** Agradecimento a Pro Reitoria de Extensão da UFBA (PROEXT UFBA) pela bolsa de monitoria, com incentivo a pesquisa e extensão.

# RGA 088 - EFEITOS DA ENDOGAMIA EM CARACTERÍSTICAS REPRODUTIVAS DE FÊMEAS NELORE EM UM REBANHO FECHADO

Beatriz Aparecida Niimoto[1]*; Gabriel Costa Medeiros[1]; Elisangela Chicaroni de Mattos Oliveira[1]; Fernando Sebastian Rey Baldi[1]; José Bento Sterman Ferraz[1]

[1]Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brasil. *beatrizniimoto@usp.br

O Brasil é o maior exportador de carne bovina do mundo, sendo responsável por 21% do total comercializado e, do rebanho de corte nacional, 70% dos animais são da raça Nelore, cujo uma das linhagens fundadoras é a Lemgruber, originada em 1878. Há décadas, esse rebanho é fechado, com acasalamentos cujo material genético dos novos indivíduos é, em sua quase totalidade, oriundo da própria população. Assim, os efeitos da endogamia no desempenho reprodutivo torna-se um fato de grande relevância. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito da depressão endogâmica (DE) nas características reprodutivas nas fêmeas deste rebanho. Foram avaliadas 10.497 fêmeas da Linhagem Lemgruber para idade ao primeiro parto (IPP, em dias), intervalo entre partos (IEP, em dias), peso ao nascimento e a desmama da progênie (PNAS e PDES, em kg), sendo as três últimas, medidas repetidas. Os efeitos fixos considerados no modelo genético foram grupo de contemporâneos (para todas), idade da mãe (apenas para IPP), idade ao parto e touro (para IEP, PNAS e PDES), ordem de parição (para PNAS e PDES) e idade ao desmame do bezerro (apenas para PDES). As quatro análises unicaracterística foram realizadas utilizando o método de máxima verossimilhança restrita, e conduzidas nos programas da família BLUPF90+. Foi realizado um teste t de Student, por meio da razão entre o coeficiente de regressão da endogamia (β) e seu erro-padrão a fim de testar a significância do impacto endogâmico, com limiar de significância de $p < 0,05$. O β foi de 0,4290 ± 0,1820 para IPP; 0,5735 ± 0,3640 para IEP; -0,0064 ± 0,0095 para PNAS e -0,1858 ± 0,0598 para PDES. A DE para IEP e PNAS não demonstrou significância. Enquanto que para IPP e PDES, a DE apresenta significância quando considerado o limiar $p < 0,05$. Sendo assim, é possível inferir que o aumento da endogamia possui uma relação desfavorável com todas as características reprodutivas avaliadas, porém, apresentou diferença significativa com as de maior relevância, IPP e PDES. Dessa forma, o monitoramento e avaliação dos níveis de endogamia no rebanho demonstram-se indispensáveis para assegurar a preservação da linhagem, sem acarretar em prejuízos reprodutivos e aumento da expressão de alelos recessivos deletérios nos descendentes da população.

**Palavras-chave:** Bovinocultura, Depressão endogâmica, Matrizes zebuínas.

**Agradecimentos:** À FAPESP, processos: 2026/02624-1 e 2024/20474-1 e à CAPES.

# RGA 090 - EFEITOS DA ENDOGAMIA NO TEMPERAMENTO E DESEMPENHO DE BOVINOS NELORE EM UM REBANHO FECHADO

Beatriz Aparecida Niimoto[1]*; Gabriel Costa Medeiros[1]; Elisangela Chicaroni de Mattos Oliveira[1]; Fernando Sebastian Rey Baldi[1]; José Bento Sterman Ferraz[1]

[1]Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brasil. *beatrizniimoto@usp.br

Acasalamentos endogâmicos podem ser uma estratégia eficiente para promover a fixação de determinadas características e a melhor padronização do rebanho, como observado na linhagem Lemgruber, uma das fundadoras da raça Nelore. Contudo, quando trata-se de um rebanho fechado há muitos anos faz-se necessário investigar o aumento dos níveis de endogamia e os possíveis efeitos negativos que podem acarretar perdas econômicas. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito da depressão endogâmica (DE) no temperamento e em características de desempenho. Foram utilizados dados de 66.594 bovinos da raça Nelore, da Linhagem Lemgruber e avaliadas as características de temperamento (TEMP, escores de 1 a 5, com valores maiores representando maior docilidade), peso aos 18 meses (P18, em kg), ganho de peso pós-desmama (GDS, em kg) e conformação (CONF, em escore de 1 a 5). O modelo animal utilizado teve como efeitos fixos: grupo de contemporâneos (para todas), idade aos 18 meses (para TEMP, P18 e CONF), idade da mãe linear (para P18, GDS e CONF) e quadrática (apenas para CONF) e dias da desmama ao sobreano (apenas para GDS). As quatro análises unicaracterística foram realizadas utilizando o método de máxima verossimilhança restrita, e conduzidas nos programas da família BLUPF90+. Foi realizado um teste t de Student, calculado por meio da razão entre o coeficiente de regressão da endogamia (β) e seu erro-padrão a fim de testar a significância do impacto endogâmico, com um limiar de significância de $p < 0,001$. A DE foi de 0,0007 ± 0,0024 para TEMP; -1,3226 ± 0,0845 para P18; -0,9903 ± 0,0843 para GDS e -0,0289 ± 0,0031 para CONF. A DE não demonstrou significância ao limiar de $p < 0,001$ para TEMP; contudo, para P18, GDS e CONF houve diferença significativa quando considerado $p < 0,001$. Os resultados indicam que o aumento da endogamia não afeta o temperamento dos animais, mas possui um impacto negativo significativo nas características de desempenho dos bovinos. Sendo assim, nota-se a importância do controle dos níveis endogâmicos e da seleção neste rebanho, a fim de assegurar a conservação da linhagem, de maneira a otimizar a produtividade e reduzir a probabilidade de indivíduos homozigotos recessivos para alelos deletérios.

**Palavras-chave:** Bovinos de corte; Desempenho; Depressão endogâmica.

**Agradecimentos:**À FAPESP, processos: 2026/02624-1 e 2024/20474-1 e à CAPES.

# RGA 106 - CLASSIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUÍNOS COMERCIAIS E CRIOULOS PARAGUAIOS UTILIZANDO REDES NEURAIS ARTIFICIAIS SOBRE MARCADORES MICROSSATÉLITES

Roberto Martínez-López[1,2]; Liz Centurión[2,3]; Walter Pereira[4]

[1]Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay. [2]University Research Scholarship Program, Andrés Borgognon Montero, Asunción, Paraguay. [3]Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay. [4]Agricultural Sciences Center, Federal University of Paraíba, Areia, PB, Brazil.
investigacion@pubiabm.com.py

A caracterização e conservação dos recursos genéticos animais requerem ferramentas analíticas precisas para a classificação racial. No entanto, os estudos de campo frequentemente enfrentam o desafio metodológico de trabalhar com populações altamente desbalanceadas. As ferramentas convencionais tendem a perder poder preditivo sob essas condições, razão pela qual este estudo propõe a utilização de redes neurais artificiais como alternativa para a predição de genótipos suínos. Foram avaliados 96 indivíduos pertencentes a 8 grupos genéticos, incluindo raças comerciais, híbridos e o suíno crioulo paraguaio Kure Saite, caracterizados por meio de 14 marcadores genéticos microssatélites (SSR). Os dados genéticos foram processados mediante um perceptron multicamadas (MLPClassifier). A arquitetura da rede foi otimizada com três camadas ocultas (64-64-64), função de ativação ReLU e otimizador Adam. O modelo foi treinado com uma divisão de 60/40 para treinamento e teste, aplicando normalização padrão. Apesar do extremo desbalanceamento de classes presente no conjunto de dados original, o modelo de rede neural alcançou uma precisão preditiva global de 64,1%. A confiabilidade da classificação foi confirmada por meio de um coeficiente Kappa de Cohen de 0,515, evidenciando concordância moderada entre as predições do modelo e os valores fenotípicos reais. Adicionalmente, a análise de validação cruzada reportou uma pontuação geral de 0,544, o que ratifica a estabilidade do modelo e descarta o sobreajuste, demonstrando sua capacidade de generalização frente a dados não vistos. A aplicação de redes neurais multicamadas demonstra ser uma abordagem metodológica viável para o processamento de dados genéticos de marcadores SSR. O modelo apresenta potencial como ferramenta auxiliar para identificar padrões populacionais, abrindo caminho para sua utilização rotineira na gestão de recursos zoogenéticos.

**Palavras-chave:** suínos crioulos paraguaios; aprendizado de máquina; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** Conselho Nacional de Ciência e Tecnologia (CONACYT), Paraguai, pelo financiamento do Projeto PINV-15-645.

# RGA 107 - FERRAMENTAS DE APRENDIZADO DE MÁQUINA APLICADAS À SELEÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES DISCRIMINANTES PARA A RASTREABILIDADE GENÉTICA DO SUÍNO CRIOULO PARAGUAIO

Roberto Martínez-López[1,2]; Liz Centurión[2,3]; Walter Pereira[4]

[1]Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay. [2]University Research Scholarship Program, Andrés Borgognon Montero, Asunción, Paraguay. [3]Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad Nacional de Asunción, San Lorenzo, Paraguay. [4]Agricultural Sciences Center, Federal University of Paraíba, Areia, PB, Brazil.
investigacion@pubiabm.com.py

O suíno crioulo paraguaio, denominado localmente como Kure Saite, é um recurso zoogenético de interesse para a conservação. Para desenhar estratégias de conservação e resgate eficientes e de baixo custo, é necessário identificar um painel reduzido de marcadores genéticos que permita diferenciar com precisão esses indivíduos de outras populações exóticas. O estudo baseou-se na análise de 14 marcadores microssatélites (SSR) amplificados em 96 suínos provenientes de 10 propriedades rurais paraguaias, incluindo 34 indivíduos catalogados fenotipicamente como Kure Saite. Para isolar os marcadores mais relevantes, foi treinado um modelo preditivo baseado em redes neurais e, posteriormente, aplicou-se um algoritmo de importância de características por permutação, analisando o desempenho discriminatório específico de cada raça. A análise revelou diferenças na capacidade de agrupamento genético conforme o tipo de raça. A população crioula Kure Saite foi a linhagem melhor classificada em todo o estudo, alcançando 86,7% de precisão, o que confirma seu alto grau de diferenciação e isolamento genético em relação às linhagens exóticas estudadas (Landrace, Duroc, Large White). A análise de importância de variáveis demonstrou que um subconjunto de loci aportava poder discriminatório suficiente para a classificação. Entre eles, destacaram-se variantes alélicas específicas, sendo o alelo 142 do marcador SW857 (importância de 0,0385) e o alelo 100 do marcador SW240 (importância de 0,0308) os que apresentaram maior peso para a diferenciação racial. O suíno crioulo paraguaio possui uma estrutura genética altamente diferenciável. Os resultados sugerem que um subconjunto reduzido de marcadores altamente informativos é suficiente para distinguir o Kure Saite com altos níveis de certeza. A adoção desse painel reduzido pode contribuir para o desenvolvimento de ferramentas voltadas à viabilização de futuros programas nacionais de rastreabilidade e melhoramento genético da raça.

**Palavras-chave:** Kure Saite; recurso zoogenético; marcador microssatélite.

**Agradecimentos:** Conselho Nacional de Ciência e Tecnologia (CONACYT), Paraguai, pelo financiamento do Projeto PINV-15-645.

# RGA 110 - DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS COMPOSTO MONTANA

Gabriel Costa Medeiros[1]*; Beatriz Aparecida Niimoto[1]; Fernanda Hvala Figueiredo Fafarão[1]; Rafael Espigolan[1]; Joanir Pereira Eler[1]; Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira[1]; Luiz Fernando Brito[2]; José Bento Sterman Ferraz[1]

[1]Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo, Pirassununga, SP, Brasil. [2]Department of Animal Sciences, Purdue University, 47907, West Lafayette, IN, USA. *gabrielcostamedeiros@usp.br

Os recursos genéticos animais constituem a base da produção pecuária sustentável, e sua utilização em programas de melhoramento deve considerar a manutenção da variabilidade genética e o equilíbrio entre ganho genético e diversidade populacional. Nesse contexto, estratégias de cruzamento podem explorar a heterose e a complementaridade entre diferentes tipos biológicos, como ocorre no Composto Montana, desenvolvido a partir de animais N - zebuínos, A - taurinos adaptados, B - taurinos britânicos e C - taurinos continentais. Entretanto, a seleção e os acasalamentos realizados ao longo das gerações podem resultar no aumento da endogamia, potencialmente reduzindo o desempenho de características de interesse por meio da depressão endogâmica. Assim, o monitoramento da endogamia é relevante para o manejo dos recursos genéticos e para a sustentabilidade dos programas de melhoramento. Objetivou-se avaliar a ocorrência de depressão endogâmica (DE) em características de eficiência alimentar em bovinos Composto Montana. Foram utilizados dados de 1.471 animais avaliados entre 2018 e 2025 para ingestão de matéria seca (DMI), ganho de peso médio diário (GPM), consumo alimentar residual (RFI), ganho de peso residual (GPR) e eficiência alimentar (EFA). Foram identificados 1.269 indivíduos endogâmicos, com coeficientes de Wright variando de 0 a 0,2513 (média = 0,003), estimados a partir de um pedigree com 726.670 animais e 14 gerações. As análises foram realizadas por modelo animal unicaracterística via máxima verossimilhança restrita no BLUPF90+, incluindo grupo de contemporâneos, idade ao início da prova, idade da mãe ao parto, tipos biológicos, heterozigoses diretas, coeficiente de endogamia (F) e efeito genético aditivo direto. A significância do coeficiente de regressão associado a F foi avaliada pelo teste t de Student, com limiar de $P<0,001$. Os coeficientes de regressão de F foram de -1,4 ± 1,7 para DMI (P=0,408), -0,3 ± 0,4 para GPM (P=0,567), 1,9 ± 1,3 para RFI (P=0,160), 0,2 ± 0,4 para GPR (P=0,608) e -46,8 ± 71,2 para EFA (P=0,511), não sendo observados efeitos significativos de DE. Conclui-se que não foram detectados efeitos deletérios da endogamia sobre as características de eficiência alimentar. A recente seleção direta para essas características e a manutenção de elevados níveis de heterose ao longo da formação da população podem ter contribuído para esses resultados, embora o monitoramento contínuo da endogamia permaneça importante para preservar a variabilidade genética.

**Palavras-chave:** Bovinos de Corte, Endogamia, Cruzamento.

**Agradecimentos:** À FAPESP, processos: 2024/20474-1 e 2026/02624-1; à CAPES código de financiamento 001; à FAPERGS (24/2551-0000679-6).

# RGA 111 - DEPRESSÃO ENDOGÂMICA EM CARACTERÍSTICAS DE EFICIÊNCIA HÍDRICA EM BOVINOS COMPOSTO MONTANA

Gabriel Costa Medeiros[1]*; Beatriz Aparecida Niimoto[1]; Fernanda Hvala Figueiredo Fafarão[1]; Rafael Espigolan[1]; Joanir Pereira Eler[1]; Elisângela Chicaroni de Mattos Oliveira[1]; Luiz Fernando Brito[2]; José Bento Sterman Ferraz[1]

[1]Departamento de Medicina Veterinária, Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos, Universidade de São Paulo. [2]Department of Animal Sciences, Purdue University.
*gabrielcostamedeiros@usp.br

A sustentabilidade da bovinocultura de corte depende do uso eficiente dos recursos naturais, tornando a eficiência hídrica uma característica de crescente importância. A manutenção da variabilidade genética também é essencial para a sustentabilidade dos programas de melhoramento. O Composto Montana foi desenvolvido por meio de cruzamentos entre diferentes tipos biológicos: N - zebuínos, A - taurinos adaptados, B - taurinos britânicos e C - taurinos continentais. Após décadas de seleção e acasalamentos dentro da própria população, houve aumento dos níveis de endogamia. Objetivou-se avaliar a ocorrência de depressão endogâmica (DE) em características relacionadas à eficiência hídrica em bovinos Composto Montana. Foram utilizados dados de 1.350 animais avaliados entre 2018 e 2025 para consumo hídrico (CH), eficiência hídrica (EFH), consumo hídrico residual (RWI), consumo hídrico residual ajustado para ingestão de matéria seca (RWI_DMI) e peso metabólico (PM). Foram identificados 1.269 animais endogâmicos, com coeficientes de endogamia de Wright (F) variando de 0 a 0,251 (média = 0,003), estimados a partir de um pedigree com 726.670 indivíduos e 14 gerações. As análises foram realizadas por modelo animal unicaracterística via máxima verossimilhança restrita no BLUPF90+, incluindo grupo de contemporâneos, idade ao início da prova, idade da mãe ao parto, tipos biológicos, heterozigoses diretas, F e efeito genético aditivo direto. A significância do efeito de F foi avaliada pelo teste t de Student (P<0,001). Os coeficientes de regressão de F foram de -11,7 ± 8,9 para CH (P=0,19), 2,8 ± 20,6 para EFH (P=0,89), 6,4 ± 7,7 para RWI (P=0,40), 1,8 ± 7,2 para RWI_DMI (P=0,80) e -35,6 ± 9,7 para PM (P<0,001). Não foram observados efeitos significativos de DE para as características relacionadas ao uso de água, enquanto o peso metabólico apresentou redução significativa com o aumento da endogamia. Esses resultados sugerem que os efeitos deletérios da endogamia são mais evidentes em características associadas ao tamanho corporal. O monitoramento contínuo da endogamia é vital para preservar a variabilidade genética e evitar o aumento da frequência de alelos recessivos deletérios na população.

**Palavras-chave:** Endogamia, água, bovinos de corte.

**Agradecimentos:** À FAPESP, processos: 2024/20474-1 e 2026/02624-1; à CAPES código de financiamento 001; à FAPERGS (24/2551-0000679-6).

# RGA 122 - RESPOSTA DO PESO AO NASCIMENTO DE OVINOS BARRIGA NEGRA AO AMBIENTE TÉRMICO DA SAVANA AMAZÔNICA

José Teodoro de Paiva[1]*; Jhonathan Carvalho Senger[1]; Elizangela Zayana Lima D'suze[1]; Kayo Murilo Almeida de Souza Cruz Morais[1]; Ana Beatriz Mello de Souza[1]; Gabriel Gonçalves Moreira[1]; Danielle Almeida de Oliveira[1]; Eline Maria Finco[1]; Nilsa Duarte da Silva Lima[1]; Ramayana Menezes Braga[2]

[1]Universidade Federal de Roraima. [2]Embrapa Roraima. *jose.paiva@ufrr.br

A caracterização fenotípica de ovinos em ambientes tropicais subsidia estratégias de conservação, uso e seleção de recursos genéticos animais adaptados a regiões de elevada carga térmica. Objetivou-se avaliar o peso ao nascimento de cordeiros da raça Barriga Negra em função do sexo, da estação do ano e das classes do índice de temperatura e umidade (THI) em um núcleo de conservação localizado na savana amazônica. Foram utilizados 274 registros de peso ao nascimento, referentes ao período de 2012 a 2024, fornecidos pela Embrapa Roraima. A estação foi classificada em seca (setembro a março) e chuvosa (abril a agosto), e o THI foi agrupado em três classes: sem perigo (<75), perigo (75 a <79) e emergência (≥79). Foram obtidas estatísticas descritivas e, em seguida, foi ajustado modelo de regressão linear múltipla, considerando o peso ao nascimento como variável dependente e o THI contínuo, o sexo e a estação do ano como efeitos fixos. Adicionalmente, o peso ao nascimento foi comparado entre as classes de THI pelo teste de Kruskal-Wallis, seguido de comparações pareadas pelo teste de Mann-Whitney. Também foi ajustado modelo de regressão linear múltipla, incluindo THI como variável contínua e sexo e estação como efeitos fixos. O peso médio ao nascimento foi de 2,36±0,65 kg. O peso médio ao nascimento dos machos foi de 2,40±0,72 kg e das fêmeas foi de 2,33±0,60 kg, enquanto, entre estações, foram observadas médias de 2,43±0,65 kg na estação chuvosa e 2,27±0,65 kg na seca. No modelo de regressão linear múltipla, não foram observados efeitos significativos do sexo (p=0,37), da estação do ano (p=0,21) ou do THI contínuo (p=0,41) sobre o peso ao nascimento. Entretanto, quando o THI foi avaliado em classes de risco térmico, houve diferença significativa no peso ao nascimento entre as classes (p=0,03). A maior média foi observada na classe sem perigo (2,64 kg), seguida pela classe perigo (2,38 kg) e pela classe emergência (2,19 kg). A população de ovinos Barriga Negra avaliada apresentou relativa estabilidade fenotípica frente às condições ambientais avaliadas. Contudo, a redução do peso ao nascimento observada na classe de emergência térmica indica que condições de maior carga térmica podem representar risco ao desempenho inicial dos animais. A manutenção da raça Barriga Negra na savana amazônica contribui para a conservação desse recurso genético adaptado aos trópicos, favorecendo sistemas de produção ovina mais sustentáveis e resilientes diante dos desafios climáticos da região.

**Palavras-chave:** clima tropical; conservação; ovinocultura; peso corporal.

**Agradecimentos:** À Embrapa Roraima, ao Departamento de Zootecnia, ao Centro de Ciências Agrárias e à Universidade Federal de Roraima.

# RGA 125 - AVALIAÇÃO DA QUALIDADE SENSORIAL DA CARNE DE TAMBAQUI (*Colossoma macropomum*) E MATRINXÃ (*Brycon amazonicus*) CULTIVADOS NO EXTREMO NORTE

Eline Maria Finco[1]*; Pablo Alves de Magalhães[2]; José Teodoro de Paiva[3]

[1]Universidade Federal de Roraima. [2]Universidade Federal de Roraima. [3] Universidade Federal de Roraima. *eline.finco@ufrr.br

Os peixes nativos amazônicos representam importantes recursos genéticos para a aquicultura brasileira, destacando-se o tambaqui (*Colossoma macropomum*) e a matrinxã (*Brycon amazonicus*), espécies de elevado potencial produtivo e econômico na região amazônica. A caracterização da qualidade sensorial da carne dessas espécies contribui para a valorização de seus recursos genéticos, fornecendo informações que subsidiam estratégias de conservação, melhoramento, manejo e fortalecimento de sua cadeia produtiva. Nesse contexto, objetivou-se avaliar a qualidade sensorial da carne de tambaqui (*Colossoma macropomum*) e matrinxã (*Brycon amazonicus*) cultivados no estado de Roraima (RR). Os peixes foram obtidos em sistema de piscicultura localizado no município do Cantá - RR e transportados para o Laboratório de Tecnologias Zootécnicas (LABTZ) da Universidade Federal de Roraima (UFRR), onde foram realizadas as análises. Utilizoram-se seis exemplares, sendo três tambaquis e três matrinxãs, distribuídos em delineamento inteiramente casualizado (DIC). A avaliação da qualidade foi realizada pelo Método do Índice de Qualidade (MIQ), contemplando parâmetros relacionados à aparência geral, pele, muco superficial, olhos, brânquias, odor, abdômen, área anal e cavidade abdominal. Os peixes permaneceram armazenados sob refrigeração, (aproximadamente 4 °C), durante quatorze dias consecutivos, sendo avaliados diariamente. Houve diferenças significativas estatisticamente entre as espécies na aparência geral, pele, muco superficial, claridade dos olhos, firmeza abdominal, condição da área anal e presença de sangue na cavidade abdominal. Entretanto, nas escamas, rigidez, características das brânquias, odor, descoloração abdominal e presença de manchas na cavidade abdominal, não houve diferença significativa. De modo que conclui-se que as espécies diferem quanto aos atributos sensoriais da qualidade do pescado, sendo o tambaqui mais eficiente na manutenção de características relacionadas à qualidade e frescor durante o armazenamento refrigerado. Os resultados contribuem para o aprimoramento das práticas de manejo, conservação e comercialização de peixes amazônicos cultivados em tanques de piscicultura localizada no extremo Norte.

**Palavras-chave:** Conservação; piscicultura; qualidade de carne.

**Agradecimentos:** Agradecimento ao Departamento de Zootecnia, ao Programa de Pós-Graduação Bionorte e a Universidade Federal de Roraima que permitiu o desenvolvimento da pesquisa.

# RGA 129 - AVALIAÇÃO DO IMPACTO DO ARMAZENAMENTO A FRIO NA VIABILIDADE DE FIBROBLASTOS OBTIDOS DO FOLÍCULO DE PENAS DE AVES PARA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS

Giovanna Dumere Esteves dos Santos[1]*, Daniele dos Santos Martins[1]

[1]Faculdade de Zootecnia e Engenharia de Alimentos (FZEA/USP), Pirassununga, SP, Brasil.
*dumere@usp.br

A conservação de recursos genéticos tem assumido papel estratégico frente à crescente perda da biodiversidade, tornando os criobancos importantes ferramentas para a preservação do patrimônio genético de espécies ameaçadas. Em aves, entretanto, ainda existem lacunas relacionadas à padronização de protocolos para obtenção e armazenamento de células somáticas viáveis. Nesse contexto, o presente estudo avaliou, de forma preliminar, o impacto do tempo de armazenamento refrigerado de folículos de penas sobre o estabelecimento e a expansão de culturas primárias de fibroblastos, visando subsidiar protocolos aplicáveis à conservação de recursos genéticos aviários. Foram utilizadas penas em crescimento (rêmiges) de *Gallus gallus domesticus* como modelo experimental. Os folículos foram armazenados em meio de cultivo suplementado sob refrigeração por diferentes períodos (controle, 6, 12, 24, 48 e 72 horas) antes do processamento para cultivo celular. Após isolamento da polpa da pena, as células foram cultivadas em meio DMEM suplementado e avaliadas quanto à capacidade de adesão, proliferação, morfologia, tempo de duplicação celular e expressão de marcadores celulares. Todos os grupos estabeleceram culturas primárias com rápida expansão celular, atingindo elevada confluência. A análise de doubling time dos grupos controle, 6h e 12h demonstrou aumento significativo da proliferação entre os dias 5 e 7 de cultivo, seguido de tendência de redução nas passagens posteriores, comportamento compatível com culturas celulares primárias. Adicionalmente, a imunocitoquímica do grupo controle revelou expressão positiva para vimentina, F-actina e SOX2, confirmando a identidade fibroblástica, a manutenção da arquitetura do citoesqueleto e a presença de características associadas ao potencial de reprogramação celular. Os resultados preliminares indicam que o armazenamento refrigerado de folículos de penas por até 72 horas preserva a capacidade de estabelecimento de culturas de fibroblastos, demonstrando potencial para aplicação em protocolos de coleta de material biológico destinados à conservação de recursos genéticos de aves. As análises atualmente em andamento, incluindo os grupos experimentais completos e a avaliação da expressão gênica, permitirão definir com maior precisão os limites temporais para obtenção de amostras viáveis destinadas à formação de criobancos.

**Legal Authorizations:** CEUA/FZEA-USP: 6378040618.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001 e com o apoio da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPES) - Código de Financiamento 2025/14052-0.

# RGA 132 - ANÁLISE SENSORIAL DE LINGUIÇA SUÍNA ARTESANAL NO MUNICÍPIO DE BOA VISTA, RORAIMA

Eline Maria Finco[1]*; Maria Vitória Elias de Araújo[2]; José Teodoro de Paiva[3]

[1]Universidade Federal de Roraima. [2]Universidade Federal de Roraima. [3] Universidade Federal de Roraima. *eline.finco@ufrr.br

Os recursos genéticos suínos desempenham papel estratégico na produção de alimentos de alto valor nutricional, contribuindo para a segurança alimentar e o desenvolvimento da cadeia produtiva da carne. A aplicação de biotecnologias e de tecnologias de processamento, como diferentes métodos de defumação, possibilita a agregação de valor aos produtos cárneos, a melhoria de suas características sensoriais e o desenvolvimento de alternativas inovadoras para a agroindústria. Nesse contexto, a avaliação da aceitação sensorial de produtos elaborados com diferentes tecnologias fornece informações relevantes para o aproveitamento sustentável dos recursos genéticos suínos e para o desenvolvimento de processos biotecnológicos aplicados à produção de alimentos. Assim, o objetivo deste estudo foi elaborar linguiças suínas artesanais e realizar uma análise sensorial comparativa entre três tipos de linguiças produzidas por diferentes métodos: sem defumação, defumação com fumaça líquida e defumação em câmara de defumação. Para a produção, utilizou-se carne suína adquirida de produtor local e de estabelecimento comercial, com a inclusão de condimentos específicos para a preparação. A análise sensorial foi realizada com 60 provadores, utilizando um teste de aceitação nos atributos sabor, cor, aroma, textura, intenção de compra e aceitação global nas três amostras que passaram diferentes processamentos: amostra 1 (sem defumação), amostra 2 (defumação em fumaça líquida) e amostra 3 (defumação em defumador). Os resultados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e as médias comparadas entre si pelo Teste de Tukey ao nível de 5 % de significância utilizando o programa estatístico RStudio. O estudo proporcionou variância estatística no atributo sabor, fornecendo insights sobre a influência dos diferentes processos de defumação na qualidade sensorial das linguiças suínas e na aceitação do consumidor. Deste modo, conclui-se que o processo da linguiça suína artesanal sem defumação e com o uso de fumaça líquida influenciaram de forma positiva e similar sobre o atributo sabor. Contudo, o processo de defumação tradicional e líquida não influenciaram nos atributos textura, cor e aroma. A análise sensorial também mostrou que a defumação, tanto tradicional quanto a líquida, não alteraram a aceitação global e a intenção de compra dos consumidores. Os resultados sugerem que a adoção de tecnologias como o processo de defumação pode ser uma estratégia vantajosa para a produção de linguiças suínas artesanais no município de Boa Vista, Roraima, atendendo à demanda do consumidor com relação ao sabor do produto e impactando diretamente no desenvolvimento de produtos artesanais e regionais de alta aceitação pelo consumidor.

**Palavras-chave:** Carne suína; defumação; desenvolvimento de produtos.

**Agradecimentos:** Agradecimento ao Departamento de Zootecnia, ao Programa de Pós-Graduação Bionorte e a Universidade Federal de Roraima que permitiu o desenvolvimento da pesquisa.

# RGA 136 - DESEMPENHO PONDERAL DE BOVINOS NELORE SOB ELEVADA CARGA TÉRMICA NO EXTREMO NORTE BRASILEIRO

José Teodoro de Paiva[1]*; Raynara Ellen da Silva Macedo[1]; Elizangela Zayana Lima D'suze[1]; Jhonathan Carvalho Senger[1]; Eline Maria Finco[1]; Nilsa Duarte da Silva Lima[1]; Jalison Lopes[1]; Henrique Torres Ventura[2]; Danielle Almeida de Oliveira[1]

[1]Universidade Federal de Roraima. [2]Associação Brasileira dos Criadores de Zebu.
*jose.paiva@ufrr.br

A caracterização de recursos genéticos animais adaptados a ambientes tropicais é essencial para orientar estratégias de seleção e uso sustentável em regiões de elevada carga térmica. Objetivou-se avaliar a relação entre o índice de temperatura de globo e umidade (ITGU) e os pesos corporais de bovinos Nelore machos criados no estado de Roraima. Foram utilizados registros fenotípicos e genealógicos de animais pertencentes a 15 rebanhos integrantes do Programa de Melhoramento Genético de Zebuínos (ABCZ), nascidos entre 2017 e 2023. As características avaliadas foram peso ao desmame (PD), peso ao ano (PA) e peso ao sobreano (PS), ajustados, respectivamente, aos 210, 365 e 450 dias de idade. Os dados climáticos foram obtidos da plataforma NASA POWER e utilizados para o cálculo do ITGU no dia de registro. A associação entre o ITGU e os pesos corporais foi avaliada por regressão linear simples, e os pesos foram comparados entre classes de estresse térmico. As médias de PD, PA e PS foram, respectivamente, 196,63 ± 33,69 kg, 264,74 ± 39,69 kg e 301,90 ± 41,82 kg. Os valores médios de ITGU associados às mesmas fases foram 86,20 ± 3,88, 87,25 ± 4,46 e 87,15 ± 4,19, indicando exposição predominante a condições classificadas como "Perigo" e "Emergência", sem registros representativos em condição de conforto térmico. Não foi detectada associação linear significativa ($p < 0,05$) entre ITGU e os pesos corporais avaliados. Além disso, os pesos nas classes "Perigo" e "Emergência" foram semelhantes para as três fases produtivas, embora o peso ao sobreano tenha apresentado maior dispersão, sugerindo maior influência de fatores ambientais e de manejo em idades mais avançadas. A ausência de redução expressiva do desempenho ponderal sob elevados valores de ITGU sugere que bovinos Nelore criados no extremo norte brasileiro apresentam capacidade de manutenção do crescimento em ambiente quente e úmido. Entretanto, a falta de contraste com condições de conforto térmico limita inferências mais amplas sobre tolerância ao calor. Conclui-se que o ITGU, dentro da amplitude ambiental observada, não explicou de forma consistente a variação dos pesos corporais, reforçando a importância da raça Nelore como recurso genético adaptado aos desafios impostos pela elevada carga térmica nos sistemas de produção do extremo norte brasileiro.

**Palavras-chave:** estresse térmico; pecuária; peso corporal; zebuínos.

**Agradecimentos:** À Associação Brasileira dos Criadores de Zebu (ABCZ), ao Departamento de Zootecnia, ao Centro de Ciências Agrárias e à Universidade Federal de Roraima.

# RGA 155 - PROTOCOLO DE AMOSTRAGEM PARA DETERMINAÇÃO DO TEOR DE GORDURA NO LEITE DE BOVINOS DA RAÇA CRIOULO PANTANEIRO

Dirce Ferreira Luz[1]*; Vitória Soares[2]; Marcus Vinicius Morais de Oliveira[3]

[1]Universidade Federal de Mato Grosso do Sul. [2,3]Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul.
*dirce.ferreira@ufms.br

O bovino Crioulo Pantaneiro é uma raça autóctone magnificamente adaptada às condições ambientais do Pantanal. Sua menor produção leiteira, quando comparada à de raças especializadas, representa um desafio, especialmente ao se buscar obter amostras representativas para a avaliação da composição nutricional do leite desses animais. Nesse contexto, este trabalho objetivou avaliar a variação da concentração de gordura em função do momento da ordenha (início e final da ejeção do leite, além de uma amostra representativa da ordenha completa, coletada após a homogeneização do volume total ordenhado), do período de ordenha (matutino ou vespertino) e da fase da lactação (início, meio e final), fornecendo subsídios para o estabelecimento de um protocolo de amostragem representativo para a avaliação da composição físico-química do leite dessa raça. As vacas multíparas foram mantidas exclusivamente em regime de pastoreio e submetidas a ordenhas diárias, com coletas quinzenais ao longo de 180 dias de lactação. Em cada ordenha, as amostras de leite foram obtidas em quadruplicata, acondicionadas em frascos plásticos identificados e mantidas refrigeradas durante o transporte até o Laboratório de Qualidade do Leite da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS), Campus de Aquidauana, onde as análises foram realizadas imediatamente após a chegada do leite. O teor de gordura foi determinado pelo método de Gerber, e os dados foram analisados por regressão linear simples. A concentração de gordura foi inferior no início da ordenha (1,7%), aumentou significativamente ao final (4,5%) e apresentou valor intermediário na amostra da ordenha completa (3,7%). O leite obtido no período vespertino apresentou maior teor de gordura (4,0%) do que o coletado no período matutino (3,3%). Também foi observado um aumento progressivo da concentração de gordura ao longo da lactação, com médias de 3,0%, 3,7% e 4,3% no início, meio e final da lactação, respectivamente. Conclui-se que a concentração de gordura no leite de vacas da raça bovina Crioulo Pantaneiro varia durante a ordenha, entre as ordenhas e ao longo da curva de lactação. Dessa forma, recomenda-se que as amostras destinadas à determinação da composição nutricional do leite sejam coletadas após a homogeneização do volume total ordenhado, com padronização do período de ordenha (matutino ou vespertino) e do estágio lactacional das vacas, a fim de garantir maior representatividade e confiabilidade das análises.

**Palavras-chave:** Autóctone, Composição nutricional, Pantanal.

**Agradecimentos:** Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS) e Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS).

# RGA 160 - ESTUDO ZOOMETRICO E TERMOGRÁFICO DO CASCO DE PÔNEIS DA RAÇA PÔNEI BRASILEIRO

Celia Raquel Quirino[1]*; Luiza M. Feitosa Ribeiro[1]; João Mateus Ferreira Ribeiro[1]; Ítalo dos Santos Coutinho[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - CNE FAPERJ. *crq@uenf.br

A termografia permite a detecção precoce de alterações em equinos como inflamações, abscessos e fraturas, além de possibilitar a determinação da temperatura superficial dos cascos. É um exame de imagem complementar, não invasivo e indolor, que utiliza câmeras térmicas para mapear a distribuição de calor nos cascos de equinos. O objetivo do presente estudo foi caracterizar morfológica e termograficamente os cascos de equinos da raça Pônei Brasileiro. Foram realizadas mensurações morfométricas e exames termográficos nos cascos em 30 machos adultos da raça Pônei Brasileiro, durante um dia em março, num haras de Campos dos Goytacazes/RJ. Nesse dia do mês (13/03) a temperatura máxima foi de 31°C e a mínima foi de 23°C. Os pôneis foram levados do piquete até as cocheiras, onde permaneceram por 30 minutos para aclimatação, antes de serem feitas as primeiras imagens com o termógrafo infravermelho a uma distância padronizada, sobre piso de cimento. As variáveis mensuradas incluíram: comprimento da pinça, comprimento do talão, altura do talão, largura e comprimento da ranilha, comprimento do casco e largura do casco, em ambos os antímeros dos membros torácicos e pélvicos. Foi realizada a análise estatística para testar se o lado (direito ou esquerdo) influenciou os resultados das medições. Não foram observadas diferenças entre os lados direito e esquerdo. Portanto se apresentam os resultados da média geral das medidas dos cascos, sendo de 54,5 ± 4,0 mm para o comprimento da pinça da mão; 55,3 ± 3,1 mm para o comprimento da pinça do pé; 40,0 ± 5,0 mm para o comprimento do talão da mão; 32,7 ± 3,3 mm para o comprimento do talão do pé; 23,0 ± 2,3 mm para a altura do talão do pé; 32,9 ± 4,0 mm para a largura da ranilha da mão; 33,2 ± 4,5 mm para a largura da ranilha do pé; 41,9 ± 7,3 mm para o comprimento da ranilha da mão; 42,6 ± 4,4 mm para o comprimento da ranilha do pé; 75,9 ± 6,1 mm para o comprimento do casco da mão; 73,5 ± 6,3 mm para o comprimento do casco do pé; 78,2 ± 4,7 mm para a largura do casco da mão; e 74,4 ± 1,9 mm para a largura do casco do pé. A temperatura superficial dos cascos variou entre 26 °C e 30 °C, observou-se que esta temperatura não afeta a saúde dos cascos dos pôneis. Como primeiro estudo de medidas dos cascos e sua avaliação por termografia, conclui-se que a avaliação morfométrica dos cascos, associada à termografia em pônei, no período estudado pode ser uma ferramenta importante para complementar o conhecimento sobre o equilíbrio podal e a saúde dos cascos desses animais.

**Palavras-chave:** Mini cavalo, cascos, temperatura.

**Agradecimentos:** FAPERJ, Rancho Jacyntho, UENF.

# RGA 161 - DIVERSIDADE GENÉTICA EM EQUINOS DA RAÇA PÔNEI BRASILEIRO

Celia Raquel Quirino[1]*; Bárbara do Carmo Malta[1]; Aylton Bartholazzi Júnior[1]

[1]Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF. *crq@uenf.br

O objetivo deste estudo foi estimar a endogamia e distâncias genéticas por marcadores microssatélites e avaliar o efeito da endogamia sobre a morfometria da raça Pônei Brasileiro. Foram utilizados 66 cavalos adultos da Raça Pônei Brasileiro, sendo 16 garanhões e 50 éguas, pertencentes a um rebanho do estado do Rio de Janeiro. Foram avaliadas 14 medidas morfométricas e coletadas amostras de pêlo dos animais para extração do DNA. Os animais foram genotipados com 27 locos microssatélites. Foram realizadas as estatísticas descritivas das 14 medidas morfométricas. Com base nos alelos identificados dos marcadores microssatélites, foram realizadas as estatísticas descritivas básicas do rebanho. A distância genética de Nei foi calculada e utilizada para a análise da endogamia individual dos animais. Os animais foram classificados de acordo com o índice de fixação em cinco categorias e realizada a análise de variância e teste de médias. Foi realizada ainda a análise da endogamia através da regressão linear múltipla para cada medida morfológica em relação ao sexo e índice de fixação. O índice de fixação médio da população foi de 0,04, sendo observados valores entre -0,12 a 0,41. Dos 66 animais, 12 (18%) apresentaram índice de fixação acima de 10%. Foram observadas diferenças (P< 0,05) no comprimento de garupa dos equinos da raça Pônei Brasileiro entre o grupo com índice de fixação (IF) de 0,00 a 0,049 e o grupo com IF >0,20. O coeficiente de regressão do índice de fixação não foi significativo (P> 0,05) na análise de regressão linear múltipla nas medidas morfométricas analisadas, mas as medidas de comprimento do crânio, altura do tórax, diâmetro do tórax, comprimento da garupa e largura da garupa apresentaram coeficiente linear de regressão negativo indicando tendência de diminuição destas medidas. O número médio de alelos foi de 8,778 ± 0,46, a heterozigosidade observada (0,741) foi levemente inferior à heterozigosidade esperada (0,781), indicando uma leve perda de heterozigosidade e diversidade moderada. A distância genética apresentou média de 0,46 para todos os animais do estudo, com valores máximos e mínimos de 0,05 e 0,72, respectivamente. Os animais estudados da raça Pônei Brasileiro apresentam perda de heterozigosidade e diversidade genética moderada e o nível da endogamia não afetou as medidas morfométricas dos animais estudados da raça Pônei Brasileiro.

**Palavras-chave:** Equinos pônei, Endogamia, Marcadores microssatélites.

**Agradecimentos:** Rancho Jorge Jacyntho, FAPERJ, UENF.

# RGA 166 - VALIDAÇÃO DE MARCADORES SNP PARA IDENTIFICAÇÃO DE HÍBRIDOS ENTRE JAVALIS E SUÍNOS DOMÉSTICOS

Diogo Gonçalves de Sousa Costa[1]*; Mônica Corrêa Ledur[2]; Maurício Egídio Cantão[2]; Jane de Oliveira Peixoto[2]; Virgínia Santiago Silva[2]; Camila Souza Rodrigues[1]; Danielle Assis de Faria[3]; Samuel Rezende Paiva[3]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Suínos e Aves. [3]Embrpa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *diogocosta.zootec@gmail.com

Os suínos domésticos são descendentes diretos de antigas populações de javalis que foram domesticadas há cerca de 10 mil anos. A expansão das populações de javalis representa uma ameaça à agricultura e à pecuária em vários países. Um dos seus impactos é a ocorrência de hibridação com suínos domésticos, resultando na formação dos chamados "javaporcos". O estudo teve como objetivo validar um painel de marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) capazes de identificar híbridos entre javalis e suínos domésticos. Foram genotipadas 271 amostras de seis raças de suínos domésticos, Duroc (DU), Landrace (LD), Large White (LW), Moura (MO), MS115-62 (MS), Pietran (PT), e javali (JV) usando *Beadchip* customizado da Embrapa (EMBRAPA - MULTI 60k CHIP), que contém 1492 SNPs para a espécie suína. Após o controle de qualidade, permaneceram 175 amostras (16 DU, 13 LD, 15 LW, 33 MO, 55 MS, 7 PT e 36 JV) e 1485 SNPs para as análises de estrutura populacional, distância e diversidade genética. As amostras de javali foram coletadas em campo, a partir de animais de vida livre, não provenientes de granjas especializadas. Na análise de distância genética por meio da matriz de FST (índice de fixação) todas as comparações par a par foram significativas ($p<0,05$), variando de 0,048 (MS × PT) a 0,215 (JV × PT), indicando maior distância genética entre javalis e suínos domésticos com média de 0,176. A maioria das demais populações apresentou uma diferenciação de moderada a alta (FST entre 0,08 e 0,19). Em comparação com os suínos domésticos, o javali apresentou o maior coeficiente de endogamia (FIS = 0,171), associado à menor heterozigosidade esperada (He = 0,30) e à menor heterozigosidade observada (Ho = 0,25), indicando menor diversidade genética. A análise de estrutura genética evidenciou a clara diferenciação entre o javali e os suínos domésticos (K=2). Na amostragem de javalis, 14 indivíduos apresentaram cerca de 20% da composição do seu genoma igual ao dos suínos domésticos. Os resultados demonstram que o painel inicial de SNPs avaliados foi eficiente na identificação de animais miscigenados entre javalis e suínos domésticos, independentemente do fenótipo do animal. Isto indica seu potencial para aplicação no monitoramento da hibridação, conservação dos recursos genéticos e manejo da suinocultura.

**Palavras-chave**: Conservação genética; Estrutura populacional; Recursos genéticos animais.

**Agradecimentos**: CAPES, CNPq.

# RGA 167 - CRIOULO LAGEANO E CARACU: DESEMPENHO A PASTO DE BOVINOS MESTIÇOS SOB CONDIÇÕES TROPICAIS

Lucas Macêdo Santos Basílio[1]*; Geraldo Magela Côrtes Carvalho[2]; Alexandre Floriani Ramos[3]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Meio-Norte. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *lucas099macedo@gmail.com

O desempenho está diretamente relacionado à adaptabilidade do genótipo ao ambiente. Nesse contexto, a escolha de componentes genéticos adaptados é fundamental para a produção de carne em condições tropicais. O objetivo deste trabalho foi avaliar o peso e o ganho médio diário (GMD) em diferentes épocas do ano de bovinos mestiços das raças Crioula Lageana e Caracu, criados em sistema de pastejo na região do MATOPIBA. Foram utilizados bovinos machos F1-CL (½ Crioulo Lageano x ½ Nelore), F1-CA (½ Caracu x ½ Nelore), F2-CL (¾ Crioulo Lageano x ¼ Nelore), F2-CA (½ Caracu x ¼ Crioulo Lageano x ¼ Nelore) e Nelore (Nel), sendo oito animais por grupo genético (GG). Os animais foram mensalmente avaliados quanto ao peso vivo (PV), e após o desmame (7,6 ± 0,6 meses de idade), mantidos em pastejo com suplementação proteico-energética de 0,2% do PV/dia nos períodos seco (PS; junho a setembro) e chuvoso (PC, novembro a junho), e de 0,4% no período de transição (PT; setembro a novembro). Foram estimados os pesos ajustados (kg) aos quatro (PA4), oito (PA8), 12 (PA12), 15 (PA15), 18 (PA18) e 20 (PA20) meses de idade, além do GMD para os diferentes períodos (PS, PT e PC). Os resultados obtidos foram analisados quanto à normalidade e à homocedasticidade, e as médias foram comparadas pelos testes de Tukey (SAS®; P <0,05). Para o PA8 e PA12, o GG F1-CL apresentou maiores médias de peso (241,7 ± 17,8 e 299,0 ± 21,8) que os GG F2-CA (207,5 ± 14,5 e 265,1 ± 16,9) e F2-CL (216,0 ± 14,3 e 247,0 ± 18,6). O grupo F1-CA apresentou maior peso nas avaliações PA15 (374,6 ± 23,3), PA18 (434,0 ± 19,0) e PA20 (496,3 ± 15,3), e, respectivamente, nos mesmos períodos, tiveram os menores pesos os grupos Nel (341,5 ± 22,2) e F2-CL (382,4 ± 20,7 e 443,4 ± 24,0). Todos os GG apresentaram desempenho similar quanto ao PA4 e GMD no PS. O GG F1-CA apresentou GMD superior ao Nel no PT (0,28 ± 0,13 vs 0,02 ± 0,08), e que Nel e F2-CL no PC (0,99 ± 0,06 vs 0,78 ± 0,07 e 0,85 ± 0,09, respectivamente). O melhor desempenho dos grupos mestiços evidencia sua adaptação às condições ambientais, especialmente nos períodos de menor oferta e qualidade de forragem, destacando-se o grupo F1-CL com algumas das maiores médias durante todas as avaliações (desempenho similar ao GG F1-CA em PA15, PA18 e PA20). Assim, conclui-se que os grupos mestiços com composição genética Crioulo Lageano e Caracu são promissores para a produção de carne em regiões tropicais.

**Palavras-chave:** Cruzamento Industrial; Carne; Recursos Genéticos.

**Agradecimentos:** CAPES, NRD Agropecuária e ABCCL.

# RGA 168 - PRECOCIDADE SEXUAL DE FÊMEAS BOVINAS MESTIÇAS DE GENÉTICA CRIOULA LAGEANA E CARACU

Lucas Macêdo Santos Basílio[1]*; Geraldo Magela Côrtes Carvalho[2]; Alexandre Floriani Ramos[3]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Meio-Norte. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *lucas099macedo@gmail.com

As características genéticas influenciam diretamente a precocidade sexual, sendo esse um aspecto importante para a eficiência reprodutiva, idade ao primeiro parto e a produtividade em sistemas de corte. O objetivo deste trabalho foi avaliar a precocidade sexual de fêmeas bovinas mestiças de composição genética das raças Crioulo Lageano e Caracu, criadas na região do MATOPIBA. Foram utilizadas fêmeas dos grupos genéticos (GG) F1-CA (½ Caracu x ½ Nelore; n = 31), F1-CL (½ Crioulo Lageano x ½ Nelore; n = 33), F2-CL (¾ Crioulo Lageano x ¼ Nelore; n = 10) e Nelore (n = 18), que foram submetidas a pesagens e exames ginecológicos por ultrassonografia realizados a cada 28 dias (± 1,5 dias) dos 15 aos 19 (± 0,28) meses de idade (m), para avaliação de puberdade. A condição de púbere foi definida pela primeira identificação de um ou mais corpos lúteos nos ovários. Os dados de idade e peso corporal correspondentes aos momentos em que os GG atingiram percentuais de puberdade próximos a 50%, e iguais ou superiores a 70% e 90% foram comparados pelo teste de Tukey-Kramer ($P < 0,05$), após análise de normalidade e homocedasticidade (SAS®). A idade em que 50% das fêmeas alcançaram a puberdade foi menor nos GG F1-CA (15,2 ± 0,3 m; 317,7 ± 24,6 kg; 52,6%), F1-CL (15,1 ± 0,2 m; 326,6 ± 28,2 kg; 62,5%) e F2-CL (15,1 ± 0,3 m; 288,1 ± 24,7 kg; 50,0%) em relação às fêmeas Nelore (18,9 ± 0,3 m; 355,2 ± 28,9 kg; 41,7%), mesmo com as fêmeas mestiças apresentando menor peso corporal. Nenhuma fêmea Nelore estava púbere aos 15 meses (283,8 ± 17,7 kg). Para alcançar 70% ou mais das fêmeas púberes, o grupo F1-CL (16,1 ± 0,2 m; 338,6 ± 25,7 kg; 76,9%) necessitou de menor idade em relação aos GG F1-CA (17,1 ± 0,3 m; 340,7 ± 27,6 kg; 80,6%) e F2-CL (17,9 ± 0,3 m; 322,9 ± 31,2 kg; 70,0%), sendo essa tendência mantida na avaliação de puberdade igual ou superior a 90% (F1-CL:17,0 ± 0,2 m; 354,3 ± 28,0 kg; 93,8%; e F1-CA: 17,9 ± 0,3 m; 368,2 ± 29,4 kg; 90,3%). Até os 18 meses de idade, o GG F2-CL não alcançou percentual igual ou superior a 90% de animais púberes, enquanto o GG Nelore não alcançou o percentual de 70% de animais púberes até os 19 meses de idade. O grupo genético influenciou diretamente na idade à puberdade, sendo os grupos genéticos mestiços mais precoces que o Nelore, especialmente o F1-CL, em que todos os animais estavam púberes aos 18 meses, e F1-CA, com 97% dos animais púberes aos 19 meses.

**Palavras-chave:** Cruzamentos; Reprodução; Recursos Genéticos.

**Agradecimentos:** CAPES, NRD Agropecuária, ABCCL.

# RGA 172 - GENES ASSOCIADOS AO TAMANHO CORPORAL EM EQUINOS DO LAVRADO DE RORAIMA

Katherine Victoria Valadares Inglis[1,2]*; Danielle Assis de Faria[1,2]; Camila Souza Rodrigues[1,2]; Ramayana Menezes Braga[3]; Samuel Rezende Paiva[1]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [2]Universidade de Brasília. [3]Embrapa Roraima.
*katherinevvinglis@gmail.com

Os equinos do grupo genético Lavradeiro são conhecidos por apresentarem porte reduzido, com altura variando entre 1,20 m e 1,50 m, característica possivelmente associada à adaptação às condições ambientais do Lavrado, em Roraima. O presente estudo teve como objetivo analisar a frequência alélica de marcadores em genes candidatos associados ao fenótipo de tamanho corporal em 48 equinos do grupo genético Lavradeiro a partir da genotipagem com a ferramenta Illumina GGP Equine SNP70 BeadChip. A filtragem dos SNPs (polimorfismos de base única) foi realizada no software PLINK e, posteriormente, as análises de frequências alélicas e genotípicas foram conduzidas no ambiente de computação R. Quatro SNPs previamente associados ao tamanho corporal nos genes LCORL (rs68603064, ECA3), HMGA2 (rs68671073, ECA6), ZFAT (rs68750453, ECA9) e LASP1 (rs68876319, ECA11) foram avaliados. No gene LCORL, o alelo T, associado à menor altura de cernelha, apresentou frequência de 90,43%, com 80,85% dos indivíduos homozigotos TT e nenhum indivíduo homozigoto CC, genótipo associado ao maior tamanho corporal. No gene HMGA2, observou-se a fixação do alelo T, indicando ausência do alelo C, responsável pela menor altura em pôneis e raças miniatura. Para o gene ZFAT, o alelo C, relacionado à menor altura de cernelha, foi predominante, com 39 homozigotos CC, oito heterozigotos TC e apenas um homozigoto TT. O gene LASP1 apresentou maior equilíbrio alélico, com frequência de 58,33% para o alelo G (menor porte) e de 41,67% para o alelo A (maior porte). A distribuição genotípica foi de 33,33% GG, 50,00% AG e 16,67% AA. Os resultados indicam que a população de equinos Lavradeiro estudada apresenta perfil genético predominantemente associado ao pequeno porte corporal, evidenciado pela elevada frequência do alelo variante nos loci LCORL e ZFAT. A variabilidade observada no gene LASP1 sugere que essa característica é influenciada por múltiplos genes e que estudos adicionais são necessários para verificar a ocorrência de interações epistáticas entre eles. Apesar do pequeno porte, a fixação do genótipo TT no gene HMGA2 indica que os Lavradeiros não apresentam o perfil genético típico de pôneis ou cavalos miniatura. As frequências alélicas elevadas dos alelos mutantes são consistentes com a baixa estatura característica dos equinos Lavradeiros e reforçam a hipótese de que a seleção natural tenha favorecido esses alelos na população.

**Palavras-chave**: Lavradeiro; *Equus caballus*; marcadores moleculares.

**Agradecimentos**: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Universidade de Brasília (UnB).

# RGA 173 - GENES RELACIONADOS A DOENÇAS GENÉTICAS EM EQUINOS DO LAVRADO EM RORAIMA

Katherine Victoria Valadares Inglis[1,2]; Danielle Assis de Faria[1,2]; Camila Souza Rodrigues[1,2]; Ramayana Menezes Braga[3]; Samuel Rezende Paiva[1]

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [2]Universidade de Brasília. [3]Embrapa Roraima.
*katherinevvinglis@gmail.com

Os equinos do grupo genético Lavradeiro destacam-se por sua rusticidade e adaptação às condições do ecossistema do lavrado. O presente estudo teve como objetivo estimar as frequências alélicas de marcadores associados a doenças genéticas em 48 equinos Lavradeiros genotipados com o *Illumina GGP Equine SNP70 BeadChip*. Após a filtragem dos marcadores SNPs (polimorfismos de base única) no *software PLINK*, as frequências alélicas e genotípicas dos SNPs de interesse foram estimadas por meio do *software R*. Foram avaliados 10 SNPs previamente associados a doenças genéticas nos genes *TRERF1* (rs69177452 e rs69177463) e *CNPY3* (rs69178807 e rs69135941), relacionados à lordose; *PLEKHM3* (rs69153261) e *IL17A* (rs69130797), associados à uveíte recorrente equina (ERU); *FKBP6* (rs397316122 e rs69101140), associado à infertilidade adquirida em garanhões (IAS); *PKHD1* (rs1145365537), relacionado à fibrose hepática congênita (CHF); *MYH2* (rs3435577028), associado à miopatia imunomediada (MYHM). Os marcadores associados à lordose apresentaram frequências alélicas de risco moderadas (0,281 - 0,479), com o haplótipo de risco (TGTG) identificado em 25% dos animais. Os alelos de suscetibilidade A e G nos marcadores rs69153261 e rs69130797 para ERU e o alelo T para CHF apresentaram frequência de 0,125. Em contraste, o alelo T associado à miopatia apresentou frequência muito baixa (0,010) e foi encontrado apenas em heterozigose. Nos marcadores no gene *FKBP6*, relacionados à IAS, os alelos de suscetibilidade (A e A) apresentaram alta frequência (0,323), e o haplótipo de risco (AA) foi observado em 8,3% dos animais. Os resultados indicam uma frequência moderada a alta de alelos associados a doenças hereditárias. Porém, devido à natureza dominante dos alelos, apenas o SNP rs69153261, associado à uveíte, apresentou frequência de 4% no rebanho. Os demais, como o segundo SNP associado à ERU, e aqueles relacionados à fibrose hepática e à miopatia apresentaram-se apenas acompanhados do alelo selvagem que confere resistência. O conhecimento das frequências alélicas dos genes estudados representa um passo a mais no manejo do rebanho, sendo útil para orientar cruzamentos e reduzir a frequência de portadores de alelos suscetíveis a doenças hereditárias.

**Palavras-chave**: *Equus caballus*; Lavradeiro; marcadores moleculares.

**Agradecimentos**: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Universidade de Brasília (UnB).

# RGA 176 - GERMOPLASMA OVINO CONSERVADO NO BANCO GENÉTICO DA EMBRAPA: QUANTITATIVO ATÉ 2026

Júlia Nunes Fernandes de Oliveira[1]*; Samuel Rezende Paiva[2]; Alexandre Floriani Ramos[2]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
*julia1002oliveira@gmail.com

O Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA) criado em 1983 e localizado no Banco Genético da Embrapa, nas dependências da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília, DF, armazena germoplasma de raças brasileiras, sendo algumas delas ameaçadas de extinção. Dentre os objetivos do BBGA estão fornecer insumos para a reintrodução de uma raça extinta, para a formação de novos grupamentos genéticos, para o manejo genético de rebanhos em conservação e para a pesquisa. O inventário levantado em junho de 2026 quantificou as doses de sêmen e os embriões de ovinos estocados no BBGA até aquela data, totalizando 32.993 amostras de sêmen de 169 indivíduos e 516 embriões oriundos de 75 casais. Em uma divisão por raças, o BBGA possui conservado 1.098 doses de sêmen de 4 carneiros Bergamácia Brasileira; 278 doses de sêmen de um carneiro Cabugi; 307 doses de sêmen de um carneiro Cariri; 97 amostras de sêmen de um carneiro Cocorobó; 4.778 doses de sêmen de 38 carneiros da raça Crioula; 416 doses de sêmen de 2 carneiros Dorper; 147 doses de sêmen de dois carneiros Hampshire; 8.547 doses de sêmen de 52 carneiros Morada Nova; 718 doses de sêmen de três carneiros Rabo Largo; 12.669 doses de sêmen de 49 carneiros Santa Inês; 3.729 doses de sêmen de 13 carneiros Somalis Brasileira e 209 doses de sêmen de 13 carneiros Texel. Somente 4 raças ovinas possuem embrião conservado no BBGA sendo 28 embriões de 9 casais Bergamácia Brasileira; 126 embriões de 16 casais Morada Nova; 256 embriões de 31 casais Santa Inês e 106 embriões de 19 casais Somalis Brasileira. As raças que possuem maior quantidade de material genético no BBGA são Santa Inês, Morada Nova, Crioula e Somalis Brasileira. Para a curadoria e gestão do germoplasma animal apresentado, o BBGA conta com uma base de dados denominada Alelo Animal (https://alelo.cenargen.embrapa.br), na qual estão disponíveis informações sobre a quantidade do germoplasma conservado e alguns descritores fenotípicos dos doadores. Além disso, o banco de germoplasma possui um sistema de qualidade baseado nos requisitos da Embrapa e de biobancos, com o objetivo de adequar a conservação do seu acervo genético às normas internacionais de qualidade. A conservação adequada da diversidade genética de animais é a base para uma pecuária sustentável. O BBGA, aliado aos demais bancos e núcleos de conservação mantidos pela Embrapa e por parceiros no Brasil, não apenas guarda o passado da pecuária brasileira, mas também desempenha um papel estratégico no desenvolvimento de sistemas de produção do futuro voltados à sustentabilidade do agronegócio brasileiro.

**Palavras-chave:** conservação; embrião; recursos genéticos; sêmen.

**Agradecimentos:** à Capes pela bolsa concedida.

# RGA 182 - HERDABILIDADES E CORRELAÇÕES GENÉTICAS PARA CARACTERÍSTICAS DE CARCAÇA E REPRODUÇÃO NA RAÇA SANTA GERTRUDIS

Cassia Maria Brito Araújo[1]*; Felipe Willean Calazans Guimarães Lopes[1]; Gabrielle Lemes[3]; Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes[2,3]; Ivan Carvalho Filho[2]; João Victor Sartori de Souza[3]; Laura Ortega Pereira[3]; Pedro Batista Rosa de Brito[1]; Yasmin Feitosa[1]; Susana Amaral Teixeira Manso[1,3]

[1]Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS). [2]Embrapa Gado de Corte - Programa Embrapa Geneplus. [3]Programa de Pós-Graduação em Ciência Animal UFMS.
*cassia.brito@ufms.br

A raça Santa Gertrudis é um importante recurso genético para a pecuária de corte, devido à boa adaptabilidade, precocidade reprodutiva e de acabamento de carcaça. A obtenção de estimativas das herdabilidades ($h^2$) e correlações genéticas (rg) entre características de interesse produtivo e reprodutivo é fundamental para subsidiar estratégias de seleção e acasalamento, promovendo o progresso genético e ampliando a utilização da raça na bovinocultura de corte. Neste estudo, foram analisados dados de 4.113 animais (1.579 machos e 2.534 fêmeas) de 28 fazendas para características mensuradas ao sobreno. Os dados foram coletados, cedidos e analisados em parceria com o Programa Embrapa Geneplus. Os grupos de contemporâneos (GCs) foram formados combinando-se os efeitos fixos de safra, fazendas de nascimento e coleta, regime alimentar, data de coleta, sexo (exceto para perímetro escrotal) e os diferentes graus de composição racial. As características avaliadas ao sobreano e o número de registros (n) foram, respectivamente: perímetro escrotal (PES; n=782), área de olho de lombo (AOL; n=1.349), espessura de gordura subcutânea (EGS; n=1.324), marmoreio (MAR; n=1.272). Os parâmetros genéticos foram estimados via análises multicaracterísticas sob modelo animal linear, utilizando a metodologia REML no software BLUPF90. As estimativas de $h^2$ para MAR (0,37) e AOL (0,28) indicaram variabilidade genética aditiva de moderada magnitude, revelando bons indicativos de progresso genético por seleção direta. Contudo, as estimativas de $h^2$ para EGS (0,18) e PES (0,07) foram de baixa magnitude, sugerindo maior influência de efeitos ambientais não controlados. Em particular, a baixa $h^2$ estimada para PES pode indicar uma limitação da modelagem devido ao restrito número de registros. A magnitude das rg variou de baixa a moderada: PES e MAR (rg=0,43), MAR e EGS (rg=0,53) e AOL e PES (rg=0,62). Os resultados indicam que é possível obter ganhos genéticos por respostas correlacionadas na raça Santa Gertrudis. Conclui-se que a raça apresenta variabilidade genética suficiente para seleção direta e indireta, reforçando seu potencial como recurso genético para o aumento da eficiência produtiva e reprodutiva dos rebanhos de corte.

**Palavras-chave:** Herdabilidade; Pecuária de Corte; Variabilidade Genética.

**Agradecimentos**: Programa Embrapa Geneplus, Programa de Pós-graduação em Ciência Animal e UFMS.

# RGA 195 - AVALIAÇÃO DE POLIMORFISMOS EM REGIÕES PROMOTORA E CODIFICANTE DO GENE *IL-13* EM CAPRINOS

Caio Victor Damasceno Carvalho[1]*; Mariana Martins Rêgo Jesus[1]; Beatriz Senes[1]; Silel Vinícius[1]; Ingrid Pitta[1]; Sabrina Lambert[2]; Raphael Bermal Costa[1]; Gregório Miguel Ferreira de Camargo[1]; Jackeline Alves de Oliveira[1]

[1]Universidade Federal da Bahia - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia; [2]Universidade Federal da Bahia - Laboratório de Biologia Celular e Molecular (LBCM). *caio.victor@ufba.br

A caprinocultura consolida-se como atividade de relevância na segurança alimentar global, sendo fortemente impactada por infecções parasitárias, destacando o *Haemonchus contortus*. Devido à resistência anti-helmíntica, a seleção de animais geneticamente resistentes surge como uma estratégia sustentável. Essa resistência poligênica envolve o gene da Interleucina-13 (*IL-13*), essencial no mecanismo *weep and sweep*, que dificulta a adesão e promove a expulsão do parasita. O estudo objetiva identificar polimorfismos no gene *IL-13* associados à resistência parasitária em caprinos Saanen. Extraiu-se DNA de bulbos pilosos de 40 animais. A amplificação por PCR utilizou *primers* específicos baseados na sequência do gene *IL-13* (GenBank/NCBI). O sequenciamento foi analisado via BLAST e BioEdit 7.2. O impacto de mutações na região promotora foi avaliado no JASPAR. Modificações exônicas foram verificadas no ExPASy e SnapGene®, enquanto os impactos estrutural e funcional na proteína foram preditos pelo I-Mutant 2.0 e PredictSNP. Na região promotora do gene *IL-13*, identificou-se a substituição 249A>T em um animal. A análise na indicou que o SNP alterou a interação entre fatores de transcrição (TF) e seus sítios de ligação (TFBS), com aumento de sítios preditos de 488 (sequência selvagem) para 520 (mutante). Como polimorfismos promotores reconfiguram o complexo de pré-iniciação, a velocidade de transcrição e estabilidade do transcrito, essas mudanças regulatórias podem impactar diretamente a eficiência da expressão gênica. No éxon 1 do gene *IL-13*, identificou-se um SNP 436G>C, resultando na substituição não-sinônima de Glutamina por Histidina na posição 55 (Q55H). A predição de estabilidade indicou um ΔΔG negativo (-1,29 Kcal/mol), sugerindo menor estabilidade da proteína mutante. Para a análise funcional, o PredictSNP apontou 63% de neutralidade, indicando que a função biológica da proteína foi preservada. Após consulta à UniProt, revelou-se o ineditismo da alteração na espécie, não sendo possível associá-la diretamente à ocorrência de resistência parasitária. Embora os achados não permitam demonstrar um papel definitivo na resistência parasitária, eles reforçam a importância de estudos em regiões regulatórias e codificantes do gene *IL-13* na busca por marcadores capazes de modular a resposta imune frente a infecções parasitárias em caprinos.

**Palavras-chave:** Gene candidato; SNP; Adaptação.

**Agradecimentos:** CNPq e Projeto Incite - Semiárido, financiado pela FAPESB por meio do edital Nº005/2022.

# RGA 196 - AVALIAÇÃO DE POLIMORFISMOS EM REGIÕES INTRÔNICAS DO GENE *IL-13* EM CAPRINOS E SUAS IMPLICAÇÕES NA CONSERVAÇÃO DA VARIABILIDADE GENÉTICA

Caio Victor Damasceno Carvalho[1]*; Mariana Martins Rêgo Jesus[1]; Beatriz Senes[1]; Silel Vinícius[1]; Ingrid Pitta[1]; Sabrina Lambert[2]; Raphael Bermal Costa[1]; Gregório Miguel Ferreira de Camargo[1]; Jackeline Alves de Oliveira[1]; Kezia dos Santos Souza[3]

[1]Universidade Federal da Bahia - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia; [2]Universidade Federal da Bahia - Laboratório de Biologia Celular e Molecular (LBCM). [3]Universidade Federal da Bahia - Bolsista de Iniciação Científica. *caio.victor@ufba.br

A caprinocultura atua de forma relevante na segurança alimentar de vários países e, na agricultura familiar, raças localmente adaptadas como a Moxotó garantem eficiência e menores riscos produtivos. Estudos alertam para uma erosão genética nessas populações, evidenciada por gargalos populacionais. Além da necessidade de conservação, a atividade é fortemente impactada por infecções de endoparasitas, como o *Haemonchus contortus*. Frente à resistência anti-helmíntica, a seleção de animais resistentes surge como uma estratégia sustentável, destacando-se o gene da Interleucina-13 (*IL-13*), participante do mecanismo *weep and sweep*, que dificulta a adesão e promove a expulsão do parasita do abomaso dos animais. O estudo objetiva identificar polimorfismos no gene *IL-13* associados à resistência parasitária em caprinos da raça Moxotó. Extraiu-se DNA de bulbos pilosos de 40 animais. A amplificação por PCR utilizou *primers* específicos baseados na sequência do gene *IL-13* (GenBank/NCBI). O sequenciamento foi analisado via BLAST e BioEdit 7.2. A análise genômica revelou quatro variantes intrônicas no gene *IL-13* em quatro diferentes indivíduos da raça Moxotó. No íntron 1, identificaram-se os SNPs 498G>T e 1355C>T; no íntron 2, detectou-se o SNP 1613T>C e uma inserção de timina (1684_1685insT), destacando-se o SNP 1355C>T, onde o alelo mutante (T) foi anteriormente associado a menores valores de contagem de ovos por grama de fezes (OPG), sugerindo relação direta com a resistência a endoparasitas. Alterações intrônicas podem comprometer o reconhecimento pelo spliceossomo e induzir eventos aberrantes, como a retenção de íntrons ou exclusão de éxons, resultando em proteínas não funcionais. Por influenciarem o *splicing* alternativo e mecanismos pós-transcricionais, tais variações podem desencadear desregulação gênica em cascata. Embora não confirmem o papel definitivo do gene *IL-13* na resistência parasitária, esses achados evidenciam a importância funcional das regiões não codificantes e reforçam a necessidade de estudos integrados em maiores amostras para validar o impacto dessas variantes na resistência de caprinos adaptados ao semiárido.

**Palavras-chave:** SNP, Endoparasitoses, Conservação de raças localmente adaptadas.

**Agradecimentos:** CNPq e Projeto Incite - Semiárido, financiado pela FAPESB por meio do edital Nº005/2022.

## RGA 215 - EFEITO DA TOLERÂNCIA À ANAPLASMOSE EM BOVINOS CANCHIM

Geovana Menegão de Souza[1]*; Cinthia Riguetti Marcondes[2]; Mayne Barbosa Sarti[1]; Bruna Gonçalves Santos da Costa[1]; Flávia Fernanda Carneiro Santana[1]; Larissa Wanderley Soares[3]; Anibal Eugênio Vercesi Filho[3]; Francisco Araújo Neto[4]; Livia Castelani[3]; Rodrigo Giglioti[1;3]

[1]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Jaboticabal/SP, Brasil. [2]Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos/SP, Brasil. [3]Instituto de Zootecnia, Nova Odessa/SP, Brasil. [4]Instituto Federal Goiano, Campos Belos, Goiás, Brasil. *geovanasouza@unesp.br

As infecções por *Anaplasma marginale*, agente etiológico da anaplasmose bovina, representam importante fonte de prejuízos à pecuária brasileira. Este estudo avaliou os efeitos da infecção por *A. marginale* sobre o desempenho e parâmetros de saúde de bezerros Canchim. Durante 12 meses, foram monitorados 131 bovinos da raça Canchim (58 machos e 73 fêmeas), com uma avaliação a cada 60 dias (n=6), realizadas pesagens e coleta de sangue para determinação do volume globular (VG) e extração de DNA. As amostras de DNA foram submetidas para quantificação do número de cópias do DNA de *A. marginale* por qPCR. A tolerância à anaplasmose foi avaliada por meio de modelagem Bayesiana de normas de reação, utilizando o número de cópias do DNA de *A. marginale* (NCANA) como gradiente de desafio sanitário. Os modelos estimaram simultaneamente o intercepto genético (desempenho médio esperado) e a inclinação genética (sensibilidade às variações na carga de infecção). Os efeitos fixos associados ao sexo, às avaliações e ao volume globular no modelo utilizando NCANA como gradiente mostraram que machos apresentaram maior ganho de peso ($\beta = 0,062$; $P = 0,023$) e o volume globular manteve associação positiva com o ganho de peso ($\beta = 0,018$; $P < 0,001$). Entretanto, nem a média individual da infecção ($P = 0,693$) nem os desvios temporários ($\Delta$NC; $P = 0,918$) apresentaram associação significativa com o ganho de peso, indicando que a variação na carga de *A. marginale* exerceu impacto limitado sobre o desempenho dos animais nas condições avaliadas. A única exceção foi a interação entre a quarta avaliação e $\Delta$NC ($\beta = -0,151$; $P = 0,001$), sugerindo um efeito negativo pontual. Esses resultados sugerem que, na ausência de variação genética expressiva para tolerância direta ao *A. marginale*, o manejo nutricional e sanitário voltado à preservação do volume globular pode contribuir para mitigar os impactos produtivos da anaplasmose em bovinos Canchim. Mais estudos serão necessários para esclarecer os mecanismos envolvidos na resposta dos bovinos à infecção por *A. marginale* e sua relação com o desempenho produtivo.

**Palavras-chave:** bovino, carrapato, anaplasmose, resistência, tolerância.

**Agradecimentos:** Agradeço à UNESP pelo suporte acadêmico e institucional e à FAPESP pela concessão da bolsa de estudos e pelo apoio financeiro para a realização desta pesquisa.

# RGA 216 - GENOTIPAGEM DA KAPPA-CASEÍNA (*CSN3*) EM BÚFALOS POR MEIO DE SONDA LNA

Flávia Fernanda Carneiro Santana[1]*; Rodrigo Giglioti [1,2]; Geovana Menegão de Souza[1]; Mayne Barboza Sarti[1]; Fernanda Moralez Leme Gomes[2]; Lívia Castelani[2]; Laíza Ramos Soares[2]; Isabelle Cristina Rodrigues da Silva Fernandes[2]; Jader Rogério Cappi Moraes[3]; Anibal Eugênio Vercesi Filho[2]

[1]Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho, Jaboticabal, São Paulo, Brasil. [2]Secretaria de Abastecimento e Agricultura do Estado de São Paulo, Instituto de Zootecnia-IZ, Nova Odessa, São Paulo, Brasil. [3]Defesa Agropecuária - Secretaria da Agriculra e Abastecimento do Estado de São Paulo, Brasil. *flavia.santana@unesp.br

O leite de búfala possui elevado valor comercial e rendimento industrial, características influenciadas diretamente pela composição proteica. Entre as frações proteicas, a kappa-caseína, codificada pelo gene *CSN3*, destaca-se pela estabilização das micelas de caseína e pelo controle da coagulação láctea. Em bubalinos, os alelos A e B, diferenciados por SNPs, são os mais frequentes, sendo o alelo B associado a um incremento de 8% a 10% no rendimento de queijos. O objetivo deste estudo preliminar foi desenvolver e padronizar um ensaio de genotipagem baseado em sondas de hidrólise LNA (*Locked Nucleic Acid*) para os alelos do gene *CSN3* em bubalinos. Foram genotipados 77 animais bubalinos (66 fêmeas e 11 machos) provenientes de seis propriedades do Estado de São Paulo. Para validação do método, todas as amostras foram previamente genotipadas por sequenciamento Sanger, servindo como controle de referência, e avaliadas como comparativo por HRM (*High Resolution Melting*), método já estabelecido na literatura. Os resultados demonstraram que o alelo A foi o mais prevalente na população. As frequências alélicas foram 0,73 para o alelo A (n=113) e 0,27 para o alelo B (n=41). As frequências genotípicas observadas foram: 54,55% para AA (n=42), 37,66% para AB (n=29) e 7,79% para BB (n=6). A técnica de sondas de hidrólise LNA mostrou-se robusta e eficiente para a genotipagem em larga escala, fornecendo subsídios para o melhoramento genético direcionado à eficiência industrial da bubalinocultura leiteira no estado de São Paulo, Brasil.

**Palavras-chave:** Bubalinocultura Leiteira; Melhoramento Genético; PCR em tempo real.

**Agradecimentos:** Instituto de Zootecnia do Estado de São Paulo (IZ), Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP) campus Jaboticabal, Associação Brasileira de Criadores de Búfalos (ABCB).

# RGA 229 - ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DO CAMARÃO-GIGANTE-DA-MALÁSIA (*Macrobrachium rosenbergii*) NO BRASIL

Fernanda Cortez Roriz Pontes[1]; Orzenil Bonfim da Silva Junior[2]; Eduardo Luis Cupertino Ballester[3]; Alexandre Rodrigues Caetano[2]; Patrícia Ianella[2]*

[1]Programa de Pós-Graduação em Ciências Animais, Faculdade de Agronomia e Veterinária, Universidade de Brasília, Brazil. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brazil. [3]Programa de Pós-Graduação em Aquicultura e Desenvolvimento Sustentável, Universidade Federal do Paraná, Brazil. *patricia.ianella@embrapa.br

O camarão-gigante-da-malásia (*Macrobrachium rosenbergii*) é uma espécie de grande importância para a aquicultura mundial e, embora sua produção no Brasil apresente elevado potencial, em função das condições climáticas favoráveis e da disponibilidade de recursos naturais, ainda permanece pouco desenvolvida. Nesse contexto, o manejo adequado do germoplasma de plantéis de reprodutores em cativeiro e de populações selvagens é fundamental para o desenvolvimento de programas de melhoramento genético e para a retomada do interesse na espécie. Este estudo caracterizou a diversidade e a estrutura genética de quatro plantéis de reprodutores brasileiros de cativeiro, uma população brasileira feral e uma população peruana de cativeiro, utilizando dados do gene Citocromo C Oxidase Subunidade 1 (COI) e de um conjunto de baixa densidade de SNP nucleares. As análises mitocondriais revelaram três linhagens ancestrais distintas, separando as populações em: (i) plantéis brasileiros de cativeiro, (ii) população feral brasileira e (iii) população de cativeiro peruana. O painel validado de 96 SNPs nucleares apresentou maior poder de resolução para a avaliação da estrutura e da variabilidade genética. As análises das populações evidenciaram a estruturação das linhagens brasileira e peruana com sinais de mistura genética na população feral, e subestruturação significativa entre os plantéis brasileiros. Esse padrão foi corroborado pelas estimativas de FST par a par (0,009-0,545) e pela análise de componentes principais (PCA). De forma geral, esses padrões de diferenciação provavelmente refletem tanto processos de deriva genética após a separação das populações quanto a forte influência de efeitos fundadores. As médias de heterozigosidade observada e esperada foram de 0,342 e 0,347, respectivamente. A análise de parentesco indicou predominância de indivíduos não aparentados. A abordagem integrada demonstrou que o COI foi eficiente na inferência de linhagens ancestrais, enquanto o painel de SNPs desenvolvido e validado foi essencial para resolver a estrutura genética em diferentes níveis hierárquicos, fornecendo subsídios para o manejo genético, conservação de recursos genéticos e desenvolvimento sustentável da carcinocultura de *M. rosenbergii* no Brasil.

**Palavras-chave:** Carcinocultura; COI; Marcadores moleculares; SNPs.

**Agradecimentos:** à Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

# RGA 230 - ANÁLISE DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DE DUAS RAÇAS BOVINAS BRASILEIRAS COM USO DE PAINÉIS DE SNPS DE ALTA DENSIDADE

Noeliton Teixera de Araújo Júnior[1], Alexandre Floriani Ramos[1], Luidy Carlo de Azevedo Lima[1]; Maysa de Sousa Dias[1]; Alan Oliveira do Ó[2]; José Lindenberg Rocha Sarmento[2]; Geraldo Magela Côrtes Carvalho[3]; Patrícia Ianella[1]*

[1]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, [2]Universidade Federal do Piauí (UFPI). [3]Embrapa Meio-Norte. *patrícia.ianella@embrapa.br

A produção de carne bovina é estratégica para a economia brasileira, porém a intensificação da pecuária e a predominância de raças exóticas têm reduzido a diversidade genética dos rebanhos. Nesse contexto, as raças naturalizadas Curraleiro Pé-Duro e Crioulo Lageano representam importantes recursos genéticos adaptados. Este trabalho analisou a estrutura populacional e a diversidade genética dessas duas raças por meio de painéis de SNPs de média densidade. Foram genotipados 1.886 animais Curraleiro Pé-Duro, provenientes de 29 fazendas das regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste e do Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA), e 951 animais Crioulo Lageano (variedades mocha e aspada), de nove fazendas da região Sul e do BBGA. O DNA foi analisado com os painéis GGP Bovine 100K e Illumina Bovine SNP50. Após controle de qualidade, permaneceram 15.041 marcadores para Curraleiro, 19.724 para Crioulo Mocho e 17.510 para Crioulo Aspado. A diversidade genética foi estimada pelos índices de heterozigosidade observada (Ho) e esperada (He), coeficiente de endogamia (Fis) e índice de fixação (Fst), enquanto a estrutura populacional foi avaliada por ADMIXTURE, PCA e árvores UPGMA. Os resultados evidenciaram elevada diversidade genética, com Ho variando de 0,356 a 0,430 no Curraleiro e de 0,370 a 0,601 no Crioulo. O Fis foi predominantemente negativo, indicando excesso de heterozigotos e ausência de endogamia significativa. A AMOVA mostrou que mais de 98% da variação genética ocorre dentro dos indivíduos, com baixa diferenciação entre populações (FST = 0,043 para Curraleiro; 0,024 para Crioulo Mocho; 0,019 para Crioulo Aspado), sugerindo intenso fluxo gênico. As análises UPGMA e PCA confirmaram ampla sobreposição genética entre os rebanhos, com poucas populações mais divergentes e de baixa representatividade amostral. A análise de Structure indicou K=3 para o Curraleiro e K=2 para o Crioulo, com elevada ancestralidade compartilhada. Os resultados demonstram que ambas as raças mantêm elevada variabilidade genética, reforçando sua importância para programas de conservação e seu potencial como fonte de diversidade para a pecuária brasileira.

**Palavras-chave:** Crioulo Lageano; Curraleiro Pé-Duro; Diversidade genética.

**Agradecimentos:** Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Curraleiro Pé-Duro; Associação Brasileira de Criadores de Bovinos da raça Crioula Lageana.

# RGA 231 - CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DO BANCO BRASILEIRO DE GERMOPLASMA DO BOVINO CURRALEIRO PÉ-DURO UTILIZANDO MARCADORES SNP

Maysa Dias Sousa[1]*; Stefany Ferreira Silva[1]; Luidy Carlo de Azevedo Lima[2]; Noeliton Teixeira de Araújo Júnior[2]; Alan Oliveira do Ó[3]; José Lindenberg Rocha Sarmento[4]; Geraldo Magela Côrtes Carvalho[4]; Alexandre Floriani Ramos[2]; Patricia Ianella[2]

[1]Universidade de Brasília (UnB). [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [3]Universidade Federal do Piauí (UFPI). [4]Embrapa Meio-Norte. *maysa.sousa@colaborador.embrapa.br

A raça bovina Curraleiro Pé-Duro (*Bos taurus taurus*) constitui um importante recurso genético brasileiro devido à sua rusticidade, adaptação a ambientes adversos e potencial para sistemas sustentáveis. Entretanto, a redução populacional e a substituição por raças comerciais tornam necessária a adoção de estratégias para conservação da variabilidade genética, evidenciando a importância deste estudo para a área de Recursos Genéticos. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar variantes gênicas de alguns genes de interesse econômico. Foram avaliados dados de 1.342 animais provenientes de 27 fazendas das regiões Norte, Nordeste e Centro-Oeste. Após controle de qualidade, os dados foram analisados no *software SNP & Variation Suite* (SVS®), sendo realizadas análises de componentes principais (PCA), identidade por descendência (IBD) e estimativas das frequências alélicas e genotípicas de marcadores dos genes CSN2, SLICK2, CAPN1, CAST e MSTN F94L. Os resultados evidenciaram variabilidade genética significativa e a manutenção de alelos favoráveis relacionados à adaptação e às características produtivas. O marcador SLICK2 apresentou ampla disseminação do alelo associado à tolerância ao calor, com frequências alélicas de 31% (C) e 69% (T). Para o gene CSN2, associado à produção de leite A2, observaram-se frequências de 33% (A) e 67% (C). CAPN1 apresentou elevada frequência do alelo G (97%), enquanto CAST mostrou predominância do alelo A (67%), indicando potencial para melhoria da maciez da carne. O marcador MSTN F94L foi monomórfico para o alelo C. Esses resultados indicam potencial para seleção de características relacionadas à termotolerância, qualidade da carne e perfil de beta-caseína A2, sem comprometer a diversidade genética da raça. Conclui-se que o Curraleiro Pé-Duro apresenta elevado potencial para programas de melhoramento genético assistido por marcadores, reforçando a importância da conservação e do uso sustentável desse recurso genético nacional.

**Palavras-chave:** conservação genética; polimorfismos genéticos; SNP.

**Agradecimentos:** À Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, à Universidade de Brasília (UnB) e ao Programa Institucional de Bolsas de Iniciação Científica (PIBIC/CNPq) pelo apoio ao desenvolvimento deste trabalho.

# RGA 232 - NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DE SUÍNOS DA RAÇA MOURA

Elsio Antonio Pereira de Figueiredo[1]*; Mônica Corrêa Ledur[1]; Jane de Oliveira Peixoto [1]; Mariana Groke Marques[1]

[1]Embrapa Suínos e Aves. *elsio.figueiredo@embrapa.br

A Embrapa Suínos e Aves mantém um Núcleo de Conservação (NC) de suínos da raça Moura, em Concórdia, SC, alojado em granja GRSC e comercializa reprodutores registrados na Associação Brasileira de Criadores de Suínos-ABCS para todo o Brasil. A formação do mesmo se deu com a recuperação do NC existente na Universidade Federal do Paraná - UFPR e inserção desses animais no Programa de Recursos Genéticos da Embrapa, liderado pelo Cenargen. A raça caracteriza-se por apresentar elevada rusticidade e excelente qualidade da carne. O objetivo é manter a raça conservada garantindo sua variabilidade genética. Atualmente, o NC conta com 5 famílias de fêmeas (FRIGA, FELICIDADE, BARBOZA, RODE e TEUTONIA) e 9 famílias de machos (CAMARGO, CAPÃO, GEDOZ, RACO, ROCA, FIUZA, CRISTANI, CANDELÁRIA e VANDERLINDE) e vem sendo caracterizado fenotipicamente. O interesse por reprodutores dessa raça entre criadores de criações alternativas de suínos tem aumentado no Paraná e Santa Catarina, o que favoreceu a formação de um novo plantel em granja GRSC (Granja Biriba's, de Cascavel-PR) que tem contribuído no resgate da raça, adquirindo, em outros locais, machos e fêmeas de famílias diferentes daquelas que já estão nos NC da Embrapa e registrando-os na ABCS. O núcleo de raça pura da Granja Biriba's possui 10 famílias de fêmeas (CONTESTADA, BOEGER, FELOMENA, EMBOQUE OU WENGLA, GRISA OU SERRANA, HOCH, UVARANA, ROERS, PUCA e COLORADA) e 10 famílias de machos (CAMARGO, CAPÃO, GEDOZ, RACO, ROCA, FIUZA, CRISTANI, CANDELÁRIA, VANDERLINDE e CANGUIRI). Os indicadores médios da raça são: peso (kg) ao parto 187,8±6,5; leitões nascidos 8,6±0,9; peso da leitegada ao nascer 10,71±1,2; leitões desmamados 6,9±0,8; peso da leitegada desmamada 39,7±4,5; peso dos terminados 81,402±1,8; idade dos terminados 171,7±1,06 dias; conversão alimentar 3,124±0,06; espessura de toucinho, 24,2 mm; peso de carcaça 71,115±0,4; rendimento de carcaça, % 68,7±0,5. Como importante avanço na atividade de recuperação/conservação desse recurso genético, a Assembleia Legislativa do Paraná, aprovou em audiência pública em 06/08/2024, o projeto de lei que reconhece a raça de Porco Moura como patrimônio imaterial do Estado do Paraná, com a presença de todos os órgãos públicos do estado para o alinhamento no cumprimento das ações que visem garantir o desenvolvimento de sistemas produtivos relacionados com a cultura daquele estado.

**Palavras-chave:** Carne suína; rusticidade; qualidade.

**Agradecimentos:** Embrapa (01.06.01.006.05.00, 11.15.02.003.05.00, 10.25.10.008.00.00).

# RGA 233 - NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DAS RAÇAS PLYMOUTH ROCK BRANCA E RHODE ISLAND RED PARA O DESENVOLVIMENTO DE LINHAGENS DE FRANGOS DE CORTE INDUSTRIAL E COLONIAL

Elsio Antonio Pereira de Figueiredo[1]*; José Victor Vieira Isola[1]; Jane Peixoto de Oliveira[1]; Mariana Groke Marques[1]; Marcio Gilberto Saatkamp[1]; Mônica Corrêa Ledur[1]

[1]Embrapa Suínos e Aves. *elsio.figueiredo@embrapa.br

O Núcleo de Conservação (NC) de galinhas das raças Plymouth Rock Branca (PRB) e Rhode Island Red (RIR) especializadas para corte, mantido na Embrapa Suínos e Aves em Concórdia-SC, representa um pilar estratégico para a avicultura nacional. O NC preserva linhas puras essenciais para o desenvolvimento de frangos de corte sexáveis pelo tipo de empenamento ao nascimento, atendendo tanto ao segmento industrial quanto ao colonial. O NC foi iniciado em 1989 e formalmente integrado ao programa de Recursos Genéticos (REGEN) da Embrapa em 2001. A manutenção desses Recursos Genéticos (RG) permite a salvaguarda de variabilidade necessária para a produção de carne e serve como modelo experimental para estudos científicos. O núcleo, alojado na Granja de Suruvi, é composto por três linhas puras PRB (TT, KK e PP, selecionadas para maior deposição de carne, sendo a PP portadora do gene de empenamento lento) e uma linha pura RIR (GGp). O cruzamento entre as linhas PRB origina o frango Embrapa 021, e a inclusão da linha GGp possibilita a produção do frango colonial Embrapa 041. A metodologia de conservação *in situ* envolve a avaliação de peso corporal (PC), comprimento (CP), largura maior (LMa) e largura menor (LMe) do peito, aos 35 dias. Nas fêmeas também se avalia o total de ovos (TO) até as 64 semanas de idade. Os melhores indivíduos dessa avaliação produzem a próxima geração das linhas puras. A integridade genética e o controle genealógico são assegurados por reprodução anual via inseminação artificial. Os dados referentes à geração de 2024 evidenciam a estabilidade produtiva do plantel. As médias para as linhas PRB foram: na linha KK (n=257) PC aos 35 dias de idade 1450,1 ± 168,1g, CP 122,8 ± 6,0mm, LMa 75,0 ± 5,3mm e LMe 48,5 ± 4,6mm, e TO de 119,5 ± 35,2 ovos. Na linha TT (n=492) PC de 1488,3 ± 154,8g, CP 122,3 ± 5,7mm, LMa 75,8 ± 5,4mm; LMe 50,8 ± 5,1mm e TO de 91,9 ± 53,5 ovos. Na linha PP (n=327) PC 1341,8 ± 144,4g, CP 121,1 ± 5,6mm, LMa 70,5 ± 4,7mm, LMe 46,3 ± 5,0mm, e TO de 132,1 ± 36,0 ovos. As médias da linha RIR GGp (n=278), selecionada para crescimento mais lento, apresentou aos 56 dias de idade PC de 1253,6 ± 100,3g, CP 109,1 ± 4,7mm, LMa 51,7 ± 3,9mm, LMe 32,8 ± 4,7mm, e TO foi de 178,6 ± 44,1 ovos. Tais procedimentos confirmam a eficácia na preservação do vigor genético e na especialização das linhas puras. Os frangos Embrapa 021 e Embrapa 041 continuam em desenvolvimento em projeto de inovação aberta em cooperação técnica com a empresa West Aves.

**Palavras-chave:** Aves de corte, Conversão alimentar; Melhoramento animal.

**Agradecimentos:** Financiamento Embrapa (Projetos 10.25.10.008.00.07; 30.22.90.002.00.01 10.25.10.008.00.00).

# RGA 236 - AVALIAÇÃO DO MÉRITO GENÉTICO GENÔMICO DE UM REBANHO DE BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO DA FAZENDA SOL POSTO

Geraldo Magela Cortes Carvalho[1]*; Sebastiana Arielly do Nascimento Silva[2]; José Lindenberg Rocha Sarmento[2]; Alan Oliveira do Ó[2]; Alexandre Floriani Ramos[3]; Patrícia Ianella[3]

[1]Embrapa Meio-Norte. [2]Universidade Federal do Piauí. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *geraldo.carvalho@embrapa.br

A raça Curraleiro Pé-Duro constitui importante recurso genético animal brasileiro, apresentando características de adaptação aos sistemas pecuários tropicais, como rusticidade, termotolerância, resistência a parasitas e fertilidade. A conservação e o uso sustentável desse recurso dependem da identificação de animais geneticamente superiores, diante da limitada disponibilidade histórica de registros genealógicos completos. Nesse contexto, a avaliação genômica contribui para o conhecimento da variabilidade genética e para o direcionamento de estratégias de melhoramento e conservação. O objetivo deste trabalho foi caracterizar o mérito genético genômico do rebanho Curraleiro Pé-Duro da Fazenda Sol Posto, pertencente à Embrapa Meio-Norte, e comparar seus animais com a população nacional da raça (2.895 animais com informações fenotípicas, dos quais 1.889 foram genotipados com o painel GGP Bovine 100K). A avaliação genética foi realizada pelo método de Melhor Predição Linear Não Viesada Genômica (GBLUP), utilizando modelo animal multicaracterístico e matriz de parentesco genômico baseada em marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único (SNP). Foram consideradas as características peso adulto, circunferência torácica, relação entre profundidade torácica e altura de cernelha, área de olho de lombo ajustada para 100 kg de peso vivo e espessura de gordura subcutânea. O mérito genético foi representado pelo Índice Geral da Raça Curraleiro Pé-Duro (ICPD), com classificação dos animais em dez estratos de mérito genético (DECA). Foram identificados indivíduos de elevado mérito genético, com dois machos classificados no DECA 1 e cinco no DECA 2. Entre as fêmeas, uma foi classificada no DECA 1 e oito no DECA 2. Destacaram-se o reprodutor Brinco1391, com ICPD de 1,56 e sexta posição no ranking nacional, e a fêmea Brinco94, com ICPD de 1,06 e 97ª posição. Entretanto, também foi observada elevada proporção de animais nos estratos inferiores, especialmente entre os machos, dos quais 29,9% foram classificados nos DECAs 9 e 10. Esses resultados evidenciam variabilidade genética no rebanho e demonstram a existência de animais superiores com potencial para contribuir para programas de seleção. Conclui-se que a avaliação genômica é uma ferramenta relevante para o manejo da variabilidade genética do Curraleiro Pé-Duro, possibilitando orientar a seleção de animais de maior mérito e, simultaneamente, apoiar ações de conservação e uso sustentável desse recurso genético.

**Palavras-chave:** Recursos genéticos animais; bovinos nativos; avaliação genômica.

**Agradecimentos:** Associação Brasileira de Criadores de Curraleiro Pé-Duro.

# RGA 237 - GESTÃO DO PARENTESCO GENÔMICO PARA CONCILIAR MELHORAMENTO E CONSERVAÇÃO EM BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO

Geraldo Magela Cortes Carvalho[1]*; Sebastiana Arielly do Nascimento Silva[2]; José Lindenberg Rocha Sarmento[2]; Alan Oliveira do Ó[2]; Alexandre Floriani Ramos[3]; Patrícia Ianella[3]

[1]Embrapa Meio-Norte. [2]Universidade Federal do Piauí. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologias. *geraldo.carvalho@embrapa.br

A conservação de raças bovinas localmente adaptadas constitui importante estratégia para a manutenção da diversidade dos recursos genéticos animais, especialmente diante da necessidade de conciliar a preservação da variabilidade genética com o progresso do melhoramento. O uso de informações genômicas permite ampliar a precisão das decisões de seleção e, simultaneamente, auxiliar no controle do parentesco entre os animais. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial de utilização das informações de parentesco genômico no planejamento de acasalamentos do rebanho Curraleiro Pé-Duro da Fazenda Sol Posto, pertencente à Embrapa Meio-Norte. Foram utilizados dados de 1.889 animais genotipados com o painel GGP Bovine 100K. A avaliação genética foi realizada utilizando matriz de parentesco genômico e a metodologia de Melhor Predição Linear Não Viesada Genômica (GBLUP). O mérito genético foi sintetizado pelo Índice Geral da Raça Curraleiro Pé-Duro (ICPD), e a estrutura do rebanho foi avaliada pela distribuição dos animais nos dez estratos do ranking nacional e pelas relações de parentesco entre reprodutores e matrizes. Foram identificados dois machos classificados no DECA 1 e cinco no DECA 2, enquanto entre as fêmeas uma foi classificada no DECA 1 e oito no DECA 2. Observou-se ainda que 29,9% dos machos estavam classificados nos DECAs 9 e 10 e 53,0% das fêmeas encontravam-se nos estratos 6 a 10. Os resultados demonstram oportunidade para intensificação da seleção, porém a aplicação indiscriminada de alta intensidade seletiva pode elevar o risco de aumento da endogamia e de redução da variabilidade genética. Nesse contexto, o sistema PureBreed, associado às informações de parentesco genômico, possibilita avaliar as relações entre reprodutores e matrizes, identificar combinações com menor proximidade genética e auxiliar na busca de animais geneticamente menos relacionados em outros rebanhos. A integração do Índice Geral da Raça Curraleiro Pé-Duro, das Diferenças Esperadas na Progênie (DEPs) e das informações de parentesco permite estabelecer estratégias de seleção de baixa intensidade e direcionar os acasalamentos de forma a reduzir a formação de combinações geneticamente próximas. Conclui-se que a gestão do parentesco genômico constitui ferramenta estratégica para conciliar o melhoramento e a conservação do Curraleiro Pé-Duro, favorecendo o uso sustentável da variabilidade genética e contribuindo para a continuidade dos programas de conservação e melhoramento da raça.

**Palavras-chave:** Curraleiro Pé-Duro; parentesco genômico; diversidade genética.

**Agradecimentos:** À Associação Brasileira de Criadores de Curraleiro Pé-Duro.

# RGA 252 - SNPS RELACIONADOS A COR DA PELAGEM EM BOVINOS DA RAÇA CRIOULO LAGEANO

Laura de Moraes Guazzelli[1]*; Danielle Assis de Faria[2]; Samuel Rezende Paiva[2]; Alexandre Floriani Ramos[2]

[1]Universidade de Brasília. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.
*lauraguazzelli.12@gmail.com

O Crioulo Lageano é uma raça brasileira adaptada ao Sul do Brasil, que apresenta tolerância ao estresse térmico e pelagem variadas. Este estudo teve como objetivo estimar as frequências alélicas e genotípicas de quatro polimorfismos de base única (SNP) no gene *MC1R*, que apresenta variantes relacionadas à regulação da produção de eumelanina e feomelanina, pigmentos essenciais na coloração da pelagem em bovinos. Foram genotipados 814 animais com o *GGP Bovine SNP 100K BeadChip*, mas 9 foram excluídos no controle de qualidade realizado no software PLINK, restando 805 animais (98,89%). Entre os marcadores analisados, o MC1R358_1 (rs109688013) e o MC1R373_D (rs110710422) são os que identificam os alelos $E^D$, $E^+$ e *e*. O primeiro identifica o alelo $E^D$, associado à cor de base preta dominante, enquanto o segundo permite diferenciar, na ausência de $E^D$, os alelos $E^+$ e *e*. Esses alelos apresentam hierarquia de dominância $E^D > E^+ > e$, de modo que o alelo $E^+$ manifesta o padrão selvagem e *e* determina a cor de base vermelha em homozigose. Os marcadores MC1R346 (rs379325326) e MC1R373_E (rs444297364) encontram-se em desequilíbrio de ligação com o MC1R358_1 e MC1R373_D, respectivamente, podendo auxiliar na inferência dos alelos principais em caso de falhas e inconsistências na genotipagem. As frequências alélicas e genotípicas foram estimadas em seguida, utilizando o software R. O alelo *e* apresentou a maior frequência alélica (75,34%), seguido por $E^+$ (20,93%) e $E^D$ (3,73%). O genótipo *e/e* apresentou a maior frequência genotípica (57,64%), seguido por $E^+/e$ (30,56%), $E^D/e$ (4,84%), $E^+/E^+$ (4,35%) e $E^D/E^+$ (2,61%). Dessa forma, 57,64% dos animais apresentaram genótipo associado à cor de base vermelha, 34,91% apresentaram genótipos do tipo selvagem e 7,45% possuíam pelo menos uma cópia do alelo $E^D$. Foi esperada a maior frequência dos alelos *e* e $E^+$ (96,27%) na população em razão da grande diversidade de padrões de pelagem oficialmente reconhecidos pela Associação de Criadores da raça (16 tipos). Embora o *MC1R* esteja relacionado à determinação da cor de base, o efeito de suas variantes sobre o fenótipo final da pelagem depende de interações epistáticas com outros genes relacionados à pigmentação, que serão avaliados posteriormente nesta mesma população. O conhecimento das frequências alélicas de genes relacionados à pelagem irá auxiliar no manejo genético dos rebanhos de acordo com a preferência dos produtores, bem como auxiliará na certificação de animais em programas de cruzamentos.

**Palavras-chave**: Diversidade genética; frequência alélica; gene MC1R.

**Agradecimentos**: Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

# RGA 266 - AVALIAÇÃO QUANTIQUALITATIVA DA CARCAÇA DE SUÍNOS DA RAÇA MOURA PROVENIENTES DE DIFERENTES PROPRIEDADES DO PARANÁ

Fabián Domingues[1]; Ester Otto de França[1]; Marson Bruck Warpechowski[1]*; Charles Ortiz Novinski[2]; Fabiana Alves de Almeida[1]

[1]Universidade Federal do Paraná, Curitiba. [2]CR Agro Consultoria Agropecuária.
*marson@ufpr.br

Os suínos da raça Moura são conhecidos pela rusticidade, prolificidade, e carne com aparência, sabor e textura característicos. Com o fomento da criação de raças nativas brasileiras, a demanda comercial dos produtos cárneos da raça Moura tem aumentado gradualmente. O estado do Paraná (PR) tem se destacado na produção e comercialização destes produtos. Porém, são escassos os trabalhos que avaliaram a qualidade da carcaça dos animais abatidos no estado. Assim, o objetivo deste estudo foi avaliar quantitativamente e qualitativamente as carcaças de suínos Moura com rastreabilidade, provenientes de diferentes propriedades do Paraná. Para isto, foram avaliadas 20 carcaças de animais de criação ao ar livre dos municípios de Bocaiuva do Sul, Pinhais, Tibagi e Cascavel, entre os meses de agosto e outubro de 2025. Os animais foram abatidos em diferentes abatedouros e posteriormente as carcaças foram trazidas ao frigorífico Ganchinho - Curitiba, PR, para avaliação e processamento. As avaliações quantitativas e qualitativas foram realizadas na meia carcaça esquerda entre a última vértebra torácica e a primeira vértebra lombar no músculo *Longissimus lumborum* (LL). A Área de olho de lombo (AOL) foi medida com auxílio de fita métrica utilizando a fórmula (A/2×B/2)*π, onde: A é o comprimento maior (cm) e B é a largura maior do LL. A espessura de toucinho (ET) foi medida com auxílio de um paquímetro à 6,5 centímetros da linha média do LL e a cor e o marmoreio foram avaliados utilizando o cartão PORK QUALITY STANDARDS®. O peso corporal dos animais variou de 90,5 a 150,0 kg e o peso de carcaça fria (PCF) sem a cabeça de 65 a 118 kg. O maior rendimento de cortes foi observado nas carcaças que apresentaram PCF entre 70 e 80 kg, sendo que os cortes de maior rendimento foram em ordem decrescente: pernil, copa, prime rib, costela, joelho, raquete, T-bone e panceta. A AOL apresentou variação média de 23,02 $cm^2$ a 44,83 $cm^2$, a ET de 26,00 mm a 35,5 mm, o marmoreio de 1 a 4,80 (escala de 1 a 10) e a cor variou entre 3,30 e 4,25 (escala de 1 a 6). Apesar da grande variação, os resultados confirmam a expectativa para a raça estudada, de carcaças com alta ET, carne vermelha mais escura e alto marmoreio. Conclui-se que não há no momento uma padronização no peso ao abate dos suínos da raça Moura no estado do Paraná, e que as características de carne e carcaça variam com o criador e o peso de abate. Entretanto, as carcaças avaliadas eram parte de fluxo comercial vigente, e foram absorvidas normalmente pelo mercado local, atendendo diferentes nichos de alto valor agregado, como a charcutaria artesanal e a culinária de alta gastronomia, tanto domiciliar quanto em restaurantes especializados.

**Palavras-chave:** Cortes nobres; Qualidade; Raça Nativa.

# RGA 268 - FREQUÊNCIAS GENOTÍPICAS E ALÉLICAS DO POLIMORFISMO A1/A2 DO GENE *CSN2* EM BOVINOS SINDI NO BRASIL

Maria Gabriela Rossetti Rogerio[1]*; Alexsandro da Silva Siqueira[1]; Maxsueli Machado[2]; Yuri Porto[2]; Douglas Caixeta Nunes[3]; Eduardo Figueiredo[1,2]

[1]Programa de Pós-graduação em Ciência Animal (PPGCA). Universidade Federal de Mato Grosso. [2]Programa de Pós-graduação em Nutrição, Alimentos e Metabolismo (PPGNAM). Universidade Federal de Mato Grosso. [3]Laboratório Geneal Diagnóstico Ltda.
*marirossetti.vet@gmail.com

O leite bovino apresenta elevado valor nutricional, e entre suas proteínas destaca-se a beta-caseína, codificada pelo gene CSN2, cujas variantes A1 e A2 diferem quanto ao aminoácido presente na posição 67 da cadeia da proteína. A variante A2 apresenta prolina nessa posição, enquanto a A1 apresenta histidina, diferença relacionada à liberação de beta-casomorfina-7 durante a digestão da beta-caseína A1. A elevada frequência da variante A2 em determinadas raças zebuínas, como a Sindi, pode favorecer estratégias de seleção genética direcionadas à produção de leite A2 e à agregação de valor à cadeia produtiva. Objetivou-se determinar as frequências do genótipo A2A2 e do alelo A2 do gene CSN2 em bovinos da raça Sindi provenientes de diferentes regiões do Brasil. Foram analisados 3.072 bovinos genotipados entre 2019 e 2025 em laboratório credenciado. Os dados foram estratificados por estado, e as frequências genotípicas foram calculadas pela razão entre o número de indivíduos de cada genótipo e o total de animais avaliados. As frequências alélicas foram estimadas a partir das contagens dos genótipos A1A1, A1A2 e A2A2. A aderência ao Equilíbrio de Hardy-Weinberg foi avaliada pelo teste do qui-quadrado, adotando-se nível de significância de 5%, no software R. Em nenhum dos estados avaliados foram observados desvios significativos do Equilíbrio de Hardy-Weinberg. Em relação à frequência alélica A2, a menor frequência foi no Paraná com 0,86 (22 bovinos) e a maior na Bahia com 0,98 (329. Ao analisar a frequência genotípica A2A2, no Norte, Rondônia, apresentou frequência de 0,83 em 23 bovinos. Na região Nordeste, com 747 bovinos, a frequência variou de 0,89, no Rio Grande do Norte, 0,98 no Ceará, 0,99 na Bahia e 1,00 na Paraíba. No Centro-Oeste, em 930 bovinos, observaram-se frequências de 0,94 em Mato Grosso do Sul, 0,89 em Goiás, 0,79 no Distrito Federal e 0,76 em Mato Grosso. No Sudeste (1350 bovinos), os valores variaram entre 0,86 em Minas Gerais e 0,91 em São Paulo, enquanto no Sul com 22 animais, foi observada frequência de 0,73 no Paraná. Os resultados evidenciam elevada frequência do genótipo A2A2 e do alelo A2 em bovinos Sindi nos estados avaliados, indicando potencial da raça como recurso genético para programas de seleção genética voltados à produção de leite A2.

**Palavras-chave:** A2A2; beta-caseína; genotipagem.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), códigos 001, 88887.999872/2024-00, e PDPGCENTROESTE3084571P.

# RGA 287 - FREQUÊNCIA DO GENÓTIPO A2A2 DO GENE DA BETA-CASEÍNA (*CSN2*) EM BOVINOS LEITEIROS NO CENTRO-OESTE BRASILEIRO

Maria Gabriela Rossetti Rogerio[1]*; Alexsandro da Silva Siqueira[1]; Maxsueli Machado[2]; Yuri Porto[2]; Douglas Caixeta Nunes[3]; Eduardo Figueiredo[1,2]

[1]Programa de Pós-graduação em Ciência Animal (PPGCA). Universidade Federal de Mato Grosso. [2]Programa de Pós-graduação em Nutrição, Alimentos e Metabolismo (PPGNAM). Universidade Federal de Mato Grosso. [3]Laboratório Geneal Diagnóstico Ltda.
*marirossetti.vet@gmail.com

A crescente demanda por produtos lácteos diferenciados tem impulsionado a seleção de bovinos portadores do genótipo A2A2 do gene da beta-caseína (CSN2). A variante A2 tem despertado interesse comercial e científico por apresentar diferenças na digestão da beta-caseína em relação à variante A1, particularmente quanto à liberação do peptídeo beta-casomorfina-7. Nesse contexto, a caracterização das frequências genotípicas do CSN2 pode subsidiar estratégias de seleção de rebanhos destinados à produção de leite A2. Objetivou-se determinar a frequência do genótipo A2A2 em diferentes raças leiteiras e cruzamentos no Centro-Oeste brasileiro. Foram analisados dados genéticos de 3.511 bovinos das raças Gir, Girolando, Sindi e Holandesa, além de animais cruzados, genotipados entre 2019 e 2025 em diferentes unidades federativas da região Centro-Oeste. Os dados foram estratificados por estado e raça, sendo calculadas as frequências genotípicas. O Equilíbrio de Hardy-Weinberg foi avaliado pelo teste do qui-quadrado, adotando-se nível de significância de 5%, utilizando o software R. As populações avaliadas não apresentaram desvios significativos do Equilíbrio de Hardy-Weinberg. No Distrito Federal, em 488 bovinos, a maior frequência de A2A2 foi observada na raça Gir (0,91), seguida por Sindi (0,79), Girolando (0,71) e animais cruzados (0,71). Em Goiás (2221 bovinos), os 16 bovinos cruzados apresentaram frequência de 1,00, seguidos por Sindi (0,89), Gir (0,81) e Girolando (0,78). No Mato Grosso, as frequências observadas entre os 715 bovinos foram inferiores às observadas nas demais localidades, com valores de 0,76 para Sindi, 0,62 para Girolando e 0,46 para Gir. Em Mato Grosso do Sul, 86 animais da raça Sindi apresentaram frequência de 0,94. Os resultados evidenciam elevada frequência do genótipo A2A2 em diferentes populações bovinas do Centro-Oeste, especialmente nas raças Gir, Sindi e Girolando, indicando potencial para utilização desses recursos genéticos em programas de seleção direcionados à produção de leite A2 e ao desenvolvimento desse mercado.

**Palavras-chave:** genotipagem; leite A2; caseína.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), códigos 001, 88887.999872/2024-00, e PDPGCENTROEvSTE3084571P.

# RGA 288 - AVALIAÇÃO DO PESO AO NASCER DE BEZERROS DO REBANHO SINDI DA EMBRAPA SEMIÁRIDO, BRASIL

Débora Araújo de Carvalho [1]*; Joilson Ferreira Batista[1]; Daniela Oliveira Brandão[1]; Alana Maria Menezes Di Calaca[1]; Maria del Pilar Rodriguez-Rodriguez[2]; Rafael Dantas dos Santos[1]

[1]Embrapa Semiárido (CPATSA). [2]Instituto de Zootecnia (IZ).
*debora-araujo.carvalho@embrapa.br

A caracterização fenotípica é fundamental para o conhecimento e a conservação dos recursos genéticos animais, especialmente em rebanhos mantidos sob estratégias de conservação. A raça Sindi apresenta características de rusticidade e adaptação às condições do Semiárido brasileiro, sendo importante o monitoramento de seus parâmetros produtivos e reprodutivos. Objetivou-se avaliar a frequência de nascimento por sexo e a média de peso ao nascer dos bezerros do rebanho de conservação da raça Sindi da Embrapa Semiárido, Brasil. Foram avaliados 68 animais nascidos entre 2019 e 2026, no Campo Experimental da Caatinga, em Petrolina, PE. Foram realizadas análises descritivas para determinar o percentual de nascimentos por sexo e estimar os valores médio, máximo e mínimo do peso ao nascer dos bezerros. Dos animais nascidos no período estudado, 65% eram machos e 35% eram fêmeas. Essa predominância de machos é uma informação relevante para o acompanhamento do histórico reprodutivo do rebanho e para futuras decisões de manejo, incluindo a avaliação dos touros utilizados nas coberturas das matrizes. Quanto ao peso ao nascer, os valores médio, máximo e mínimo foram, respectivamente, 18, 25 e 15 kg para as fêmeas e 19, 25 e 15 kg para os machos. Os pesos observados são compatíveis com o padrão de animais de menor porte característico da raça Sindi. Ressalta-se que esse é um rebanho fechado, oriundo da importação oficial da raça no Brasil, ocorrida em 1952. A ocorrência de pesos mínimos de 15 kg e máximos de 25 kg em ambos os sexos evidencia variabilidade fenotípica no peso ao nascer, que pode estar associada a fatores como idade das matrizes, condições nutricionais e época de nascimento, considerando a ocorrência de partos tanto no período seco quanto no período chuvoso. A ausência de seleção direcionada especificamente ao peso ao nascer também deve ser considerada na interpretação desses resultados. O rebanho Sindi da Embrapa Semiárido apresenta peso ao nascer compatível com o padrão da raça, caracterizada por animais de menor porte. Esses resultados contribuem para a caracterização fenotípica desse importante núcleo de conservação e fornecem informações que poderão subsidiar futuras estratégias de manejo, conservação e melhoramento genético.

**Palavras-chave:** Conservação, diversidade fenotípica, raça adaptada.

# RGA 308 - ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA INDICADORES DE LONGEVIDADE EM OVELHAS DA RAÇA MERINO SUL-AFRICANO

Luis Fernando Batista Pinto[1]*; Carina Visser[2]; Artur Oliveira Rocha[3]; Jackeline Santos Alves[1,3]; Luiz Fernando Brito[3]

[1]Departamento de Zootecnia, Universidade Federal da Bahia. [2]Department of Animal Sciences, University of Pretoria. [3]Department of Animal Sciences, Purdue University. *luisfbp@ufba.br

A longevidade funcional das ovelhas impacta a lucratividade do rebanho ao reduzir os custos anuais de reposição e aumentar a produtividade das matrizes ao longo do ciclo de produção. Assim, o objetivo deste estudo foi estimar os componentes de variância e parâmetros genéticos de cinco indicadores de longevidade em ovelhas da raça Merino Sul-Africano. As características avaliadas incluíram: idade ao último parto (IUP), tempo de vida produtiva (TVP, medida como o número de dias entre os registros do primeiro e do último parto), número total de partos (NTP), número total de cordeiros paridos (NCP) e número total de cordeiros desmamados (NCD). O tipo de nascimento da própria ovelha (único, gêmeos ou trigêmeos), o efeito combinado de rebanho-ano de nascimento e a idade ao primeiro parto (3 classes: <710, 710-743, 744-1.095 dias) foram incluídos como efeitos fixos no modelo animal misto, enquanto o animal e o grupo contemporâneo (rebanho-ano-estação de nascimento da ovelha) foram incluídos como efeitos aleatórios. Os componentes de variância foram estimados com base no método de Máxima Verossimilhança Restrita, implementado na família de programas BLUPF90+. O tamanho da amostra a média (desvio-padrão) foram os seguintes: 38.929 ovelhas, 1.452,1 (559,3) dias para IUP, 30.714 ovelhas e 918,9 (456,5) dias para TVP, 38.795 ovelhas e 2,98 (1,51) partos para NTP, 38.842 ovelhas e 4,26 (2,49) para NCP e 19.322 ovelhas e 3,87 (2,39) para NCD. As estimativas de herdabilidade foram: 0,061 ± 0,0074 (IUP), 0,051 ± 0,0082 (TVP), 0,061 ± 0,0073 (NTP), 0,059 ± 0,0072 (NCP) e 0,058 ± 0,0098 (NCD). As estimativas de correlação genética variaram de 0,73 ± 0,056 (TVP x NCD) a 0,99 ± 0,0023 (IUP x TVP), enquanto as de correlação fenotípica variaram de 0,82 ± 0,0019 (TVP x NCP) a 0,99 ± 0,0001 (IUP x TVP). Os carneiros pais de ovelhas com registros fenotípicos de indicadores de longevidade apresentaram acurácia média do valor genético estimado superior a 0,30 para todas as características. Foram observadas tendências genéticas positivas para todas as características, sugerindo ganhos genéticos anuais de 0,34 dias em IUP, 0,27 dias em TVP, 0,0082 NTP, 0,0022 NCP e 0,002 NCD. Dadas as estimativas de herdabilidade semelhantes e a alta correlação genética entre as características, recomenda-se a NCD como critério de seleção para melhorar a longevidade da raça Merino, uma vez que essa característica poderia promover melhorias tanto na longevidade das ovelhas quanto no desempenho reprodutivo.

**Palavras-chave:** ovinos, seleção, vida produtiva.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem à South African Stud Book Association pelas contribuições para esta pesquisa, bem como ao CNPq pela concessão da bolsa de pós-doutorado à Dra. Jackeline Alves (processo nº 200593/2025-0). Este projeto contou com o apoio do CNPq (processo nº 403560/2024-1). Luis Fernando Batista Pinto é bolsista de produtividade em pesquisa do CNPq.

# RGA 324 - VALORIZAÇÃO DO QUEIJO DO LEITE DE OVELHAS PANTANEIRAS POR MEIO DE REVESTIMENTO COMESTÍVEL À BASE DE EXTRATO DE BACUPARI

Maria Vitória Marques Pacheco[1]*; Rodrigo Andreo Santos[1]; Giovanni Donizete Funatsu Nunes[1]; Aristides de Jesus António Manuel[1]; Rosalinda Arévalo Pinedo[2]; Núbia Michelle Vieira da Silva[1]; Fernando Miranda de Vargas Junior[1]

[1] Programa de Pós-Graduação em Zootecnia, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS, Brasil. [2] Faculdade de Engenharia de Alimentos, Universidade Federal da Grande Dourados, Dourados-MS, Brasil. *vetmavi.marques@gmail.com

A valorização de produtos de raças localmente adaptadas constitui uma estratégia para o uso sustentável e a conservação dos recursos genéticos animais, ao agregar valor à produção. Objetivou-se avaliar o efeito de diferentes concentrações de extrato etanólico da casca de bacupari (Garcinia brasiliensis) incorporado ao revestimento comestível sobre a composição físico-química de queijos elaborados com leite de ovelhas Pantaneiras durante a maturação. Foram utilizados 36 litros de leite de ovelhas Pantaneiras para a elaboração de 27 queijos, distribuídos em três tratamentos: controle (sem revestimento), revestimento contendo 500 µL (≈1,25% v/v) e 1000 µL (≈2,5% v/v) de extrato etanólico de bacupari, avaliados aos 1, 14 e 28 dias de maturação. As determinações de matéria seca e cinzas foram realizadas em triplicata analítica, considerando-se a média de cada queijo como unidade experimental. Os dados foram submetidos à análise de variância em esquema fatorial (3 × 3) e ao teste de Tukey (5%), utilizando o software R. Houve interação significativa entre o tempo de maturação e a concentração do revestimento para matéria seca e cinzas ($P < 0,01$), indicando que a resposta dos queijos ao revestimento variou ao longo da maturação. Os queijos revestidos apresentaram menor perda de umidade, destacando-se o tratamento com 1000 µL de extrato, que apresentou menor incremento no teor de matéria seca em relação ao controle. Os revestimentos também resultaram em maiores teores de cinzas, especialmente na concentração de 500 µL, possivelmente relacionados à menor perda de água e à composição dos revestimentos. Conclui-se que o revestimento com extrato de bacupari reduziu a desidratação dos queijos durante a maturação e modificou sua composição físico-química, apresentando potencial como estratégia sustentável para conservação e valorização de produtos derivados da ovelha Pantaneira.

**Palavras-chave:** *Garcinia brasiliensis*; ovinos Pantaneiros; recursos genéticos animais; conservação de alimentos.

**Agradecimentos:** Ao grupo de pesquisa em Ovinotecnia da UFGD, à CAPES (Bolsa, PROAP), à FUNDECT (Projeto CAPES/FUNDECT PDPG CENTRO-OESTE Processo Nº 83/035.027/2024, Projeto Nº 274/2024, SIAFIC Nº 1481) e ao CNPQ (Bolsa IC, Pesquisa PQ).

# RGA 325 - ANÁLISE DE ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA REVELA REGIÕES COM VARIAÇÕES NO NÚMERO DE CÓPIAS ASSOCIADAS A PONTUAÇÕES DE MORFOLOGIA E DE MARCHA EM EQUINOS DA RAÇA CAMPOLINA

Raphael Bermal Costa[1]*; Lísia Castro Krebs[1]; Gregório Miguel Ferreira de Camargo[1]

[1]Universidade Federal da Bahia. *raphael.bermal@ufba.br

O objetivo deste trabalho foi realizar uma análise de associação genômica ampla, utilizando *copy number variation regions* (CNVR) para identificar regiões do genoma associadas às pontuações morfológicas e de marcha em equinos da raça Campolina. Foram analisados dados fenotípicos de quatro pontuações de 240 equinos da raça Campolina, fornecidos pela ABCCCampolina. O DNA foi extraído a partir de amostras de bulbo capilar, e a genotipagem foi realizada com o chip *Equine Plus Illumina-70K*, da NEOGEN. Para garantir a qualidade dos dados, foram removidos outliers fenotípicos e genótipos com *call rate* <95%, resultando em um conjunto final de número de animais diferente para cada característica e 56.364 SNPs. A detecção de CNV foi conduzida com o software PennCNV e as CNVR foram identificadas por meio do programa CNVRuler, considerando apenas regiões com pelo menos três SNPs, MAF superior a 0,02, CNVR separadas por ganhos e perdas de alelos, e taxa de recorrência de 0,1. O modelo estatístico utilizado foi a regressão linear e incluiu os efeitos de sexo, idade ao registro e estado de nascimento dos animais. A análise ontológica e enriquecimento funcional foi realizado com o pacote GALLO em R e o programa VarEllect das CNVR ($p<0,05$). Foram detectadas 384 CNVs nos equinos da raça Campolina, distribuídas em diferentes quantidades de CNVR para cada característica. Para a pontuação de altura, 12 CNVR foram significativamente associadas, das quais quatro foram exclusivas para esta medida, contendo os genes candidatos *SMAD5* (ECA14) e *MPV17* (ECA15). Na pontuação de temperamento, foram identificadas 14 CNVR associadas, com cinco CNVR específicas para essa característica, que abriga os genes *GRIK2* (ECA10), *SCARB1* (ECA8), *MAGEL2* (ECA1), *BCHE* e *GAP43* (ECA19). Já na pontuação de qualidade, seis CNVR mostraram associação significativa, entre as quais três foram exclusivas desta medida, contendo os genes candidatos *MAP2K5* (ECA1), *PDCD1* (ECA6) e *PLXDC2* (ECA29). Por fim, a pontuação de marcha apresentou seis CNVR associadas, sendo duas específicas, contendo os genes *ACTG1* (ECA11) e *BICD2* (ECA27). Conclui-se que as CNVR influenciam as pontuações avaliadas de equinos da raça Campolina, sugerindo a existência de regiões genômicas envolvidas no crescimento e no desenvolvimento ósseos, na formação muscular, na morfogênese embrionária, na regulação comportamental e na locomoção.

**Palavras-chave:** andamento; conformação; *Equus caballus*.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem à CAPES, CNPq e FAPERJ pelo apoio financeiro.

# RGA 326 - POLIMORFISMOS NO GENE *PRNP* ASSOCIADOS À RESISTÊNCIA À *SCRAPIE* EM CAPRINOS MOXOTÓ

Gregório Miguel Ferreira de Camargo[1]*; Beatriz Bastos Senes[1]; Silel Vinícius Simões Andrade Maciel[1]; Ingrid Pereira Pinto Oliveira[1]; Caio Victor Damasceno Carvalho[1]; Jackeline Santos Alves[1,2]; Nicolas Pamponet Silva[1]; Mauro Soares Neto[1]; Carolina Amorim Silva[1]; Lavínia Barbosa de Jesus Ferreira[1]

[1]Universidade Federal da Bahia, Salvador - BA. [2]Purdue University, Indiana, USA.
*gregorio.camargo@ufba.br

Polimorfismos do gene *PRNP* têm papel crucial na susceptibilidade e resistência à doença *scrapie* em ovinos e caprinos. Essa doença genética é equivalente, em pequenos ruminantes, à encefalopatia espongiforme em bovinos (doença da vaca louca). Apesar de sua importância sanitária, inexistem informações sobre essas variantes causadoras da doença em raças locais do Brasil, muito criadas pela sua capacidade de adaptação ao clima tropical. Este trabalho objetivou caracterizar polimorfismos no gene *PRNP* em caprinos Moxotó, uma das raças localmente adaptadas mais criadas no semiárido nordestino e no país. Foram coletados folículos pilosos de 56 caprinos Moxotó saudáveis para extração de DNA genômico, amplificação da região codificadora completa por PCR, purificação e sequenciamento. Cinco polimorfismos do tipo SNP foram identificados nos códons 101, 117, 138, 142 e 198, todos caracterizados como variantes não sinônima. As substituições das bases nitrogenadas dos nucleotídeos observadas foram: A/G na posição 302 pb, resultando em alteração de glutamina por arginina no códon 101; G/A na posição 349, resultando alteração de glicina por arginina no códon 117; T/G na posição 414 pb, resultando alteração de serina por arginina no códon 138; A/G na posição 426 pb, promovendo alteração de isoleucina por metionina no códon 142; e G/T na posição 593 pb, resultando em glicina por valina no códon 198. As frequências dos alelos mutantes variaram de 3,57% a 58,93%, sendo as frequências mais equilibradas da posição 426 (códon 142). Os demais SNPs apresentaram baixa frequência dos alelos mutantes, variando de 3,57% a 10,71%. O alelo G (metionina) do códon 142 é altamente relevante, por estar associado à prolongação do período de incubação, conferindo resistência à *scrapie*. A frequência elevada do alelo G nesse códon (58,93%) na raça Moxotó supera as médias de raças europeias, sugerindo maior resistência da raça local do Brasil. Outro fato é que o códon 138 possui alelo mutante distinto do relatado na literatura. Em caprinos Moxotó, ele causa uma substituição não-sinônima, enquanto que nas demais raças a substituição é sinônima. Somando-se aos achados novos nos códons 101, 117 e 198, estes resultados revelam variabilidade única em raça nativa, fornecendo base para identificação de mais loci de resistência. A seleção assistida gradual para o alelo G (posição 426 - códon 142) em rebanhos da raça Moxotó pode promover maior resistência da população, sem perda de variabilidade genética, dada sua alta frequência. A raça pode ser usada ainda na identificação de novos marcadores de resistência dados os novos SNPs encontrados na população. Ferramentas são geradas para segurança sanitária e valorização de animais localmente adaptados à sua produção.

**Palavras-chave:** seleção assistida; SNP; recursos genéticos; *Capra hircus*.

**Agradecimentos:** FAPESB EDITAL/ANO: 005/2022 Termo de Outorga: PIE0004/2022.

# RGA 327 - DESEMPENHO PRODUTIVO DE OVELHAS PANTANEIRAS CONFINADAS DURANTE A LACTAÇÃO

Giovanni Donizete Funatsu Nunes[1]*; Rodrigo Andreo Santos[1]; Aristides de Jesus Antonio Manuel[2]; Gustavo Daniel V. Britez[3]; Núbia Michelle V. da Silva[1]; Ana Beatriz dos Santos[1]; Bianca Bruna N. Ribeiro[1], Nicolly da Silva Araújo[1]; Clara R. Cuzzuol[1]; Fernando M. de Vargas Junior[1]

[1]Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD). [2]Instituto Superior Politécnico do Cuanza Sul (ISPCS). [3]Universidad Nacional de Asunción (UNA). *giovannifunatsuzootec@mail.com

A ovelha Pantaneira é um recurso genético animal localmente adaptado às condições do Pantanal, com rusticidade e capacidade produtiva em sistemas extensivos. No entanto, há poucos estudos sobre seu desempenho em sistemas intensivos de produção, especialmente durante a fase de lactação, quando as exigências nutricionais são elevadas. O conhecimento do potencial produtivo dessas fêmeas em confinamento contribui para a caracterização funcional da raça e para estratégias de conservação pelo uso. O objetivo deste trabalho foi avaliar o ganho de peso, o consumo de matéria seca, a produção de leite e a eficiência alimentar de ovelhas Pantaneiras confinadas durante o terço médio da lactação. Foram utilizadas 12 ovelhas adultas, mantidas em confinamento e submetidas a pesagens semanais entre 46 e 105 dias de lactação (DEL). O consumo individual de ração foi registrado em três momentos (67, 85 e 98 DEL), convertido para matéria seca considerando 90% de MS. A produção de leite foi medida em quatro períodos: 46-60, 61-75, 76-90 e 91-105 DEL. Os dados foram analisados por meio de modelos mistos, considerando o efeito fixo do tempo e efeito aleatório do animal. O peso vivo médio inicial foi de 39,7 kg e o final de 52,1 kg, resultando em ganho médio diário (GMD) de 217 ± 41 g/dia. O modelo misto estimou GMD de 220,5 g/dia ($P < 0,001$), com variação individual de ±44 g/dia. O consumo médio de matéria seca foi de 1,94 kg/dia. A produção de leite diferiu entre os períodos ($P < 0,001$), com médias de 0,44; 0,77; 0,77 e 0,73 kg/dia, respectivamente. A produção média foi de 0,69 ± 0,22 kg/dia, resultando em produção acumulada de 40,8 kg no período avaliado. A eficiência alimentar média foi de 0,35 ± 0,08 kg de leite por kg de matéria seca consumida, com indivíduos atingindo até 0,46. A correlação entre produção de leite e GMD foi positiva moderada ($r = 0,43$), porém não significativa ($P = 0,16$), indicando ausência de antagonismo entre as duas funções produtivas. Os resultados demonstram que as ovelhas Pantaneiras mantiveram balanço energético positivo durante a lactação em confinamento, ganhando peso enquanto produziam leite. A variabilidade individual observada, tanto no GMD quanto na produção de leite e na eficiência alimentar, sugere a existência de variabilidade fenotípica potencialmente explorável em programas de seleção. Conclui-se que a raça Pantaneira apresenta potencial produtivo satisfatório em sistema intensivo, com capacidade de sustentar simultaneamente a produção de leite e o ganho de peso corporal, reforçando seu valor como recurso genético adaptado e sua viabilidade para sistemas de produção mais intensificados.

**Palavras-chave:** ovinocultura; recursos genéticos animais; eficiência alimentar.

**Agradecimentos:** Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela bolsa concedida ao primeiro autor. À Fundação de Apoio ao Desenvolvimento do Ensino, Ciência e Tecnologia do Estado de Mato Grosso do Sul (Fundect) pelo financiamento da pesquisa e a rede SISPEC (Rede de Sistemas Inteligentes e Sustentáveis de Pecuária, financiada pelo CYTED ref. 125RT0167.

# RGA 349 - RAÇA CRIOULA LANADA: RECURSO GENÉTICO ESTRATÉGICO PARA A SUSTENTABILIDADE DA OVINOCULTURA

Vitor Carlos Brito[1]*; Hannah Arlt Mignoni[1]; Giuliano Pereira de Barros[1]; Natália Seeger Duarte[1]; Amanda Sophia M. A. Hrdlicka[1]; Patrizia Ana Bricarello[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). *vitorbritozoot@gmail.com

A raça Crioula Lanada é uma das principais raças ovinas nativas do Brasil. A raça é oriunda do Rio Grande do Sul a partir de ovinos trazidos pelos jesuítas no século XVII e preservada pela Embrapa Pecuária Sul, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e criadores particulares. Caracteriza-se pela conservação de características que demonstram seu valor genético atual, como a adaptabilidade aos principais problemas sanitários enfrentados na ovinocultura (verminose e *foot rot*) e precocidade e habilidade materna. Sua principal aptidão é a produção de carne e lã voltada para confecção de artesanatos, devido a sua textura e diversidade de cores e tonalidades. O objetivo deste trabalho é apontar as vantagens da raça Crioula Lanada como recurso genético zootécnico voltado à sustentabilidade da ovinocultura, a partir das experiências do Núcleo de Agroecologia da UFSC, Florianópolis, SC. O rebanho do Núcleo de Agroecologia apresenta exemplares da raça Crioula Lanada desde 2014. Atualmente, o rebanho conta com 20 animais das raças Ideal, Crioula Lanada e seus cruzamentos com as raças Texel e Romney Marsh. O Núcleo está localizado na Fazenda Experimental da Ressacada, ambiente de solo arenoso e lençol freático alto que resulta no alagamento de áreas pastoris. A diversidade de raças e cruzamentos e o uso de estratégias preventivas (instalações adequadas, manejo pastagens, suplementação proteica, manejo sanitário integrativo) diminuem a ocorrência de doenças no rebanho. Através do acompanhamento individual da sanidade dos ovinos, com diagnóstico parasitológico, avaliação clínica e zootécnica é possível confirmar que indivíduos cuja genética é composta pela raça Crioula Lanada são os que apresentam menor ocorrência de enfermidades e impactos na produção. Isto favorece o uso de tratamentos fitoterápicos e homeopáticos, através da manutenção da sensibilidade de antiparasitários e antibióticos e reduzindo o uso de drogas sintéticas em animais de produção. O Núcleo é certificado pela Associação Biodinâmica do Sul e a lã é o principal produto certificado. As características da lã Crioula demonstram o potencial do uso desta fibra natural pela Agricultura Familiar. Esses fatores indicam a raça Crioula Lanada como um importante recurso genético que promove a sustentabilidade do agroecossistema**,** destacando sua rusticidade, adaptabilidade, fertilidade, precocidade, resistência a endoparasitas e problemas podais. Além disso, é notório seu potencial para produção de carne, pele e lã naturalmente colorida com grande funcionalidade nos sistemas de criação agroecológicos e/ou pequenas propriedades rurais.

**Palavras-chave:** Ovinos; Rusticidade.

# RGA 359 - INVESTIGAÇÃO DO POLIMORFISMO NO GENE DA BETA-CASEINA (*CSN2*) NO REBANHO SINDI DA EMBRAPA SEMIÁRIDO

Débora Araújo de Carvalho[1]; Daniele Ribeiro de Lima Reis Faza[2]; Rafael Dantas dos Santos [1]; Joilson Ferreira Batista[1]; Daniela Oliveira Brandão[1]; Alana Maria Menezes Di Calaca[1]; Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva[2]

[1]Embrapa Semiárido (CPATSA), Petrolina, Pernambuco. [2]Embrapa Gado de Leite, Juiz de Fora, Minas Gerais.

A raça Sindi constitui um importante recurso genético bovino adaptado ao Semiárido brasileiro, sendo o núcleo de conservação da Embrapa Semiárido estratégico para a preservação e conservação de germoplasma de elevado valor genético. Entre as características de interesse zootécnico e econômico, o polimorfismo do gene da *β-caseína* (CSN2) tem recebido crescente atenção em função da associação do genótipo A2A2 à produção exclusiva da variante *β-caseína A2*, característica com potencial para agregação de valor aos produtos lácteos. O gene da proteína do leite mais polimórfico é o da *β-caseína, com 13 a 15* variantes proteicas distintas, sendo os alelos A1 e A2 os mais frequentes. Objetivou-se investigar o polimorfismo do gene *CSN2* no rebanho de conservação da raça Sindi da Embrapa Semiárido em Petrolina, PE. Foram genotipados 60 animais, entre machos (11) e fêmeas (49), perfazendo a totalidade do rebanho pertencente ao núcleo de conservação. As análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Genética Animal da Embrapa Gado de Leite em Juiz de Fora, MG. O DNA genômico foi extraído de pelos dos animais, utilizando o protocolo descrito por Sambrook *et al.* (2001) com adaptações. Após a extração, o DNA foi quantificado em equipamento NanoDrop™ ND-1000. A genotipagem do gene CSN2 foi realizada por reação em cadeia da polimerase em tempo Real, utilizando *primers forward* específicos para os alelos A1 e A2 e *primer reverso* comum, conforme descrito por Ganguly *et al*. (2012). Os resultados demonstraram que todos os animais avaliados apresentaram o genótipo A2A2 (100%), indicando a fixação aparente do alelo A2 na população avaliada. A variante A1 não foi identificada nesse rebanho, a mesma é reconhecida por ter uma menor digestibilidade quando comparado a variante A2. Esse achado evidencia o elevado potencial genético do rebanho para produção de leite A2A2 e reforça seu potencial como fonte de germoplasma para programas de conservação, multiplicação e melhoramento genético da raça no Brasil, a partir de germoplasma oriundo desse rebanho. Os animais do rebanho da raça Sindi da Embrapa Semiárido possuem 100% o genótipo A2A2 para o gene *CSN2*. A caracterização molecular da *β-caseína* ampliou o conhecimento sobre essa população e gerou informações que subsidiarão ações de conservação, melhoramento genético, uso sustentável e valorização da raça e do núcleo.

**Palavras-Chave:** Conservação; Genótipo A2A2; Leite.

# RGA 368 - MORFOMETRIA DO DIMORFISMO SEXUAL NO PORCO MOURA: UMA ABORDAGEM MULTIVARIADA

Maria Marta Loddi[1]*; Nicoly Rafaelly Roberto Sovinski[1]; Vinicius Adriano Gorte[1]; Igor Danilenko[1]; Francisco Rosa[2]

[1]Departamento de Zootecnia, Universidade Estadual de Ponta Grossa - UEPG. [2]Câmpus Paranaíba - Universidade Federal do Mato Grosso do Sul - UFMS. *loddimm@yahoo.com.br

O dimorfismo sexual e o enquadramento de indivíduos dentro de um padrão racial podem ser avaliados por meio da caracterização morfométrica. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a diversidade morfológica entre machos e fêmeas por meio de metodologias multivariadas. Para isso, foram coletadas medidas morfométricas (cm) dos porcos da raça Moura, com idade igual ou superior a 90 dias. As mensurações foram realizadas nos animais colocados em superfície plana. Portanto, foram aferidas as seguintes medidas zoométricas: altura cernelha, altura garupa, altura inserção da cauda e altura de perna; comprimento da cabeça, comprimento da orelha, comprimento de cauda, comprimento do focinho, comprimento do corpo, comprimento de garupa, comprimento de pernil e comprimento do pescoço; largura da cabeça, largura da orelha, largura de interisquiática, largura do focinho, largura do peito e perímetro abdominal, perímetro de tornozelo e perímetro torácico; e distância interorbital. No software R, as características morfométricas foram submetidas à Análise de Componentes Principais (PCA) e à Análise Discriminante Linear (LDA) para avaliação da estrutura multivariada e a possibilidade de discriminação entre os sexos, respectivamente. A PCA explicou 59,23% da variação morfométrica nos dois primeiros componentes, a PC1 (49,67%) apresentou loadings predominantemente associados às medidas gerais de tamanho corporal, enquanto a PC2 (9,56%) demonstrou principalmente variação em características cefálicas e auriculares. A análise gráfica de distribuição dos indivíduos, em PC1 e PC2, demonstrou ampla sobreposição entre machos e fêmeas. No entanto, a LDA indicou uma tendência de diferenciação sexual ao longo da LD1. A LDA apresentou 83,08% de acurácia no treinamento e 63,08% na validação cruzada, o que indica capacidade discriminante moderada e considerável sobreposição morfométrica entre os sexos. Dessa forma, a morfometria evidenciou tendência de diferenciação entre machos e fêmeas, porém, a considerável sobreposição dos grupos e a acurácia moderada da LDA, indicam que o dimorfismo sexual apresenta expressão multivariada e não é totalmente explicado pelas características avaliadas.

**Palavras-chave:** Raças crioulas, PCA, LDA.

**Agradecimentos:** à Fazenda Escola Capão da Onça FESCON/UEPG por ter disponibilizado os dados que possibilitaram essa pesquisa.

# RGA 369 - DIVERSIDADE E HISTÓRIA GENÉTICA DO "SRD BRASILEIRO": UM ESTUDO SOBRE A VARIABILIDADE DO VIRA-LATA

Adam Nava[1,2]*; Darilene Ursula Tyska[1,2]; Giulia de Castro Conceição[1,2]; Fabiana Michelsen de Andrade[2]; Jaime Araujo Cobucci[1]

[1]Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS. [2]Petgenoma Pesquisa e Desenvolvimento em Ciências Naturais LTDA, São Paulo/SP Brasil. *adamnava36@gmail.com

Os cães Sem Raça Definida (SRD) apresentam uma elevada diversidade genética, resultante de múltiplas contribuições ancestrais. Essa diversidade constitui um importante recurso genético animal, cuja caracterização pode contribuir para o conhecimento, conservação e valorização da variabilidade genética presente nas populações caninas brasileiras. Embora não possuam a assinatura genética padronizada de uma raça pura, o estudo de seu DNA é fundamental. Para compreender essa diversidade no cenário brasileiro, este trabalho avaliou os padrões de similaridade genética dos SRDs e das oito raças mais frequentes em seus perfis de ancestralidade, utilizando laudos emitidos pelo laboratório Petgenoma. Os dados genotípicos foram fornecidos pelo laboratório Petgenoma, sendo 100 cães SRD, 137 amostras das raças, American Pit Bull Terrier, American Staffordshire Terrier, Border Collie, Chow Chow, Dachshund, Labrador, Pastor Alemão, Poodle e 5 Lobos Cinzentos para a formação do outgroup. As amostras foram genotipadas utilizando um painel customizado Illumina Canine 80K. O controle de qualidade removeu marcadores com dados ausentes e aqueles em desequilíbrio de ligação, resultando em 25.570 SNPs. Para avaliar a diversidade populacional foram utilizadas Análise de Componentes Principais (PCA), Índice de Fixação de Subpopulação (FST) e frequências alélicas, que foram calculadas no RStudio, gerando arquivos de entrada para a árvore de filogenia no software Treemix. A análise do PCA demonstrou três agrupamentos distintos: Lobo Cinzento (outgroup) e Chow Chow representando o grupo de raças primitivas, e os demais formam um único grupo. Os maiores valores de FST envolvendo os SRD foram observados em relação ao Lobo Cinzento (0,17), Chow Chow (0,16) e Pastor Alemão (0,12). Esses dados foram visualizados também no clado da filogenia, na qual os cães SRD não formam nenhum agrupamento exclusivo, estando mais distantes somente do outgroup e dos cães primitivos, refletindo sua elevada diversidade genética e múltiplas origens ancestrais. Os dados obtidos indicam que os cães SRD brasileiros não constituem um clado exclusivo, apresentando elevada variabilidade genética e múltiplas origens ancestrais. Esses resultados reforçam a importância dos SRDs como recurso genético animal, destacando a relevância de sua caracterização genética para estudos de diversidade e conservação.

**Palavras-chave:** ancestralidade; filogenia; variabilidade genética.

**Agradecimentos:** os autores agradecem o laboratório Petgenoma pelo fornecimento dos dados genômicos utilizados neste estudo.

# RGA 370 - VARIABILIDADE E HISTÓRIA GENÉTICA DE FELINOS DOMÉSTICOS SEM RAÇA DEFINIDA DO BRASIL

Giulia de Castro Conceição [1]*; Darilene Ursula Tyska [1 2]; Adam Nava [1]; Fabiana Michelsen de Andrade [2]; Jaime Araujo Cobuci [1]

[1]Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre/RS, [2]Petgenoma Pesquisa e Desenvolvimento em Ciências Naturais LTDA, São Paulo-SP, Brasil.
*giugiucastro339@gmail.com

Os gatos sem raça definida (SRD) brasileiros constituem uma população geneticamente diversa no Brasil. A recorrente identificação de contribuições genéticas associadas às raças American Curl e Siamês nos laudos de composição racial emitidos pelo laboratório Petgenoma, motivou a avaliação da variabilidade genética dos gatos SRD brasileiros em relação as 16 raças felinas mais antigas descritas na literatura, além da raça American Curl que é uma raça recente. Foram analisados 153 gatos SRD brasileiros genotipados pela Petgenoma, 473 indivíduos de 17 raças felinas e 57 gatos-selvagens-europeus (*outgroup*) oriundos da literatura, sendo todos os indivíduos genotipados utilizando o painel Illumina 63K DNA Cat Array. O controle de qualidade removeu marcadores sem informação, SNPs com call rate < 98%, indivíduos aparentados em primeiro e segundo grau e marcadores em desequilíbrio de ligação (LD). A estrutura genética entre as populações foi avaliada utilizando o software TreeMix e a Análise de Componentes Principais (PCA). As raças domésticas formaram agrupamentos consistentes com suas origens geográficas. As raças asiáticas (Birman, Burmese, Siamese e Korat) formaram um clado distinto, enquanto Turkish Van, Turkish Angora e Egyptian Mau agruparam-se conjuntamente refletindo sua origem na região do Mediterrâneo. Os gatos SRD brasileiros ocuparam uma posição basal em relação aos principais clados de felinos domésticos. Esse padrão é compatível com a hipótese da literatura que grande parte das raças felinas se originou de populações de gatos de vida livre. A raça American Curl foi a mais próxima dos SRD no clado, sugerindo compartilhamento de ancestralidade recente. Esses resultados permitem a compreensão dos padrões de ancestralidade observados nos gatos SRD avaliados pela Petgenoma.

**Palavras-chave:** Ancestralidade; Estrutura genética; Variabilidade genética.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem o laboratório Petgenoma pelo fornecimento dos dados genômicos utilizados neste estudo e à Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) por concessão da bolsa de Iniciação Científica (IC).

# RGA 372 - CARACTERIZAÇÃO DA ENDOGAMIA E DO NÚMERO EFETIVO DE RAÇAS CAPRINAS LOCALMENTE ADAPTADAS MANTIDAS EM NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO

Kleibe de Moraes Silva[1]*; Ludmilla Costa Brunes[1]; Olivardo Facó[1]; Thiago Almeida de Mesquita[1]; Antônia Beatriz Melo Ferreira[2]

[1]Embrapa Caprinos e Ovinos. [2]Centro Universitário INTA. *kleibe.silva@embrapa.br

As raças caprinas localmente adaptadas Moxotó e Canindé são recursos genéticos importantes para a conservação da diversidade animal no Brasil, especialmente pela adaptação ao semiárido. A manutenção dessas populações em núcleos de conservação *in situ* requer o monitoramento da variabilidade genética, com destaque para a endogamia e o tamanho efetivo populacional. Objetivou-se avaliar a tendência do coeficiente de endogamia (F) e do número efetivo populacional (Ne) em caprinos Moxotó e Canindé mantidos no rebanho de conservação *in situ* da Embrapa Caprinos e Ovinos. Foram utilizados 935 registros de pedigree da raça Moxotó e 534 da raça Canindé, referentes a animais nascidos entre 1998 e 2026. A consistência das informações genealógicas foi verificada no programa R, e os coeficientes de endogamia foram estimados pelo INBUPGF90, da família de programas BLUPF90. O Ne foi estimado anualmente a partir do número de machos (Nm) e fêmeas (Nf) que deixaram progênie registrada em cada ano. Na raça Canindé, 51,1% dos animais avaliados foram classificados como endogâmicos, com média de F de 4,63% entre os endogâmicos, variando de 0,99 a 27,2%. Na raça Moxotó, 11,9% dos animais foram endogâmicos, com média de F de 2,06% e variação de 0,02 a 25,0%. Em relação à tendência anual, observou-se aumento dos valores médios de F a partir de 2013, com médias anuais entre 1,76% e 7,10%, maior valor em 2020 e média de 4,84% na geração de 2026 para a raça Canindé. Por outro lado, para animais da raça Moxotó, os valores médios permaneceram baixos na maior parte do período, com aumentos pontuais a partir de 2018 e média de 1,26% em 2026. A proporção de endogâmicos foi semelhante entre fêmeas e machos dentro de cada raça. O Ne global foi de 112 para Canindé e 166 para Moxotó. Os resultados indicam a necessidade de monitoramento contínuo da endogamia, especialmente pela ocorrência de indivíduos com F superior a 10%, valor de referência utilizado como alerta em programas de conservação. Apesar de o Ne global superar o valor mínimo de referência para conservação (50), a presença de animais com coeficientes elevados de endogamia reforça a importância do planejamento de acasalamentos, do uso mais equilibrado de matrizes e reprodutores e da manutenção da variabilidade genética dessas raças caprinas naturalizadas em conservação.

**Palavras-chave:** conservação *in situ*; recursos genéticos; variabilidade genética.

**Agradecimentos:** EMBRAPA.

# RGA 377 - CARACTERIZAÇÃO DA ENDOGAMIA E DO TAMANHO EFETIVO POPULACIONAL EM RAÇAS OVINAS LOCALMENTE ADAPTADAS MANTIDAS EM CONSERVAÇÃO

Kleibe de Moraes Silva[1]*; Ludmilla Costa Brunes[1]; Olevardo Facó[1]; Thiago Almeida de Mesquita[1]; Antônia Beatriz Melo Ferreira[2]

[1]Embrapa Caprinos e Ovinos. [2]Centro Universitário INTA. *kleibe.silva@embrapa.br

As raças ovinas Santa Inês, Somalis e Morada Nova representam recursos genéticos adaptados ao semiárido brasileiro, com importância para a conservação da diversidade animal e para os sistemas de produção locais. O monitoramento da endogamia e do tamanho efetivo populacional é essencial para avaliar a variabilidade genética e orientar o manejo desses rebanhos. Objetivou-se caracterizar o coeficiente de endogamia (F), sua tendência temporal e o número efetivo populacional (Ne) nessas raças pertencentes ao rebanho da Embrapa Caprinos e Ovinos. Foram utilizados 1.665, 1.709 e 1.476 registros de pedigree das raças Santa Inês, Somalis e Morada Nova, respectivamente, referentes a animais nascidos entre 1982 e 2026. A consistência das informações genealógicas foi verificada no programa R, e os coeficientes de endogamia foram estimados pelo INBUPGF90, da família de programas BLUPF90. O Ne foi estimado anualmente a partir do número de machos (Nm) e fêmeas (Nf) que deixaram progênie registrada em cada ano. A maior proporção de animais endogâmicos foi observada na Morada Nova (79,7%), seguida da Santa Inês (56,6%) e da Somalis (51,4%). Entre os endogâmicos, a maior média de F foi verificada na Somalis (7,01%; 0,09% a 31,2%), seguida da Santa Inês (5,42%; 0,10% a 32,4%) e da Morada Nova (3,62%; 0,76% a 27,1%). Os valores médios de F aumentaram nas três raças, com maior acúmulo nos anos recentes. Na Somalis, as médias permaneceram elevadas a partir de 2012, atingindo 9,11% em 2024 e 8,35% em 2026, padrão possivelmente associado ao manejo como rebanho fechado. Na Santa Inês, os valores aumentaram principalmente a partir de 2017, alcançando 6,07% em 2026. Na Morada Nova, os maiores valores ocorreram em 2019 (7,23%) e 2024 (7,44%), com redução para 3,81% em 2026. A proporção de endogâmicos foi superior nos machos em todas as raças. O Ne global estimado foi de 220 para Santa Inês, 176 para Morada Nova e 173 para Somalis, indicando que as populações mantêm tamanho efetivo acima do valor mínimo de referência para conservação. De modo geral, os coeficientes médios de endogamia permaneceram abaixo do limite de referência, com maior concentração de animais em classes de F mais baixas, embora tenham sido observados indivíduos pontuais com valores mais elevados. Esses resultados indicam que os rebanhos mantêm variabilidade genética relevante, mas reforçam a importância do monitoramento contínuo e do planejamento de acasalamentos para evitar o aumento da endogamia e favorecer a conservação dessas populações ovinas.

**Palavras-chave:** conservação *in situ*; recursos genéticos; variabilidade genética.

**Agradecimentos:** EMBRAPA.

# RGA 383 - ENDOGAMIA GENÔMICA E ESTRUTURA DE HOMOZIGOSE EM OVINOS PANTANEIROS

Núbia Michelle Vieira da Silva[1]*; Rodrigo Andreo Santos; Maria Vitória Marques Pacheco; Laryssa dos Santos Rudek; Bianca Bruna Nascimento Ribeiro; Giovanni Donizete Funatsu Nunes; Carolina González Aquino; Antonio Bruno Magalhães Lima; Heloísa Vitória da Silva Ferreira; Fernando Miranda Vargas Junior

[1]Universidade Federal da Grande Dourados (UFGD), Dourados, MS, Brasil.
*nubiasilva@ufgd.edu.br

A ovelha Pantaneira constitui um importante recurso genético animal, adaptada às condições ambientais do Cerrado e do Pantanal, e reconhecida por sua rusticidade e capacidade de produção em sistemas extensivos. A caracterização da diversidade genética e da endogamia é estratégica para orientar a conservação e o uso sustentável dessa população. Nesse contexto, regiões de homozigose contínua (Runs of Homozygosity - ROH) permitem investigar padrões de homozigose no genoma e inferir eventos de endogamia ao longo de diferentes períodos. O objetivo deste estudo foi caracterizar segmentos ROH e estimar a endogamia genômica em ovinos Pantaneiros. Foram avaliados 45 animais do núcleo de conservação da Universidade Federal da Grande Dourados, genotipados com o painel OvineSNP50 BeadChip (Illumina®). Após o controle de qualidade, foram utilizados 50.103 polimorfismos de nucleotídeo único (SNP) autossômicos. A identificação dos ROHs foi realizada com base em critérios conservadores, considerando janelas de 50 SNPs, um mínimo de 50 SNPs por segmento, comprimento mínimo de 1 Mb e distância máxima de 250 kb entre marcadores. Foram identificados 494 segmentos ROH, o que corresponde a uma média de 10,98 ± 7,18 segmentos por animal, com variação de 0 a 28 segmentos. O comprimento total de ROH por animal foi, em média, de 68,14 ± 66,86 Mb, variando de 0 a 284,02 Mb. Os segmentos de 1-<4 Mb representaram 49,60% dos ROHs, enquanto os segmentos de 4-<8 Mb e ≥8 Mb corresponderam a 28,14% e 22,27%, respectivamente. Apesar da menor frequência de segmentos longos, os ROHs ≥8 Mb responderam por 51,99% da extensão total dos ROHs, enquanto as classes de 1-<4 Mb e 4-<8 Mb contribuíram com 22,00% e 26,00%, respectivamente. O coeficiente de endogamia genômica baseado em ROH (FROH) apresentou média de 0,0257 ± 0,0253, equivalente a 2,57%, mediana de 1,11% e variação de 0 a 10,73%. A predominância de segmentos curtos sugere contribuição importante de eventos históricos de homozigose, enquanto a elevada contribuição dos segmentos ≥8 Mb para o FROH indica a ocorrência de regiões extensas de homozigose em parte dos indivíduos, compatíveis com eventos de endogamia mais recentes. A ampla variação individual nos valores de FROH evidencia diferentes níveis de acúmulo de homozigose na população. Esses resultados fornecem subsídios para estratégias de conservação e manejo reprodutivo dos ovinos Pantaneiros, visando à manutenção da variabilidade genética, à preservação do potencial adaptativo e ao uso sustentável dessa população adaptada às condições ambientais do Cerrado e do Pantanal.

**Palavras-chave:** recurso genético animal; conservação genética; endogamia genômica.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem ao grupo de pesquisa em Ovinotecnia da Universidade Federal do Grande Dourados, à CAPES (Bolsa, PDPG-estados), à FUNDECT (Projeto Universal FUNDECT 355/2022), e ao CNPQ (Bolsa PQ e IC).

# RGA 385 - AVALIAÇÃO DA TOLERÂNCIA AO CALOR EM PORCOS DA RAÇA MOURA E CRUZADOS MEIO-SANGUE MOURA COM LINHAGENS INDUSTRIAIS

Igor Danilenko[1]*; Vinicius Adriano Gorte[1]; Juliano Issakowicz[1]; Maria Marta Loddi[1]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa. *23009427@uepg.br

O sistema tradicional de criação de suínos, faz o uso dos piquetes, sendo este o sistema mais frequente nas criações da região sul do Brasil. O ambiente deve ser analisado do ponto de vista de conforto térmico e bem-estar animal, uma vez que referidos fatores afetam diretamente as condições de manutenção do balanço térmico e a produtividade animal. Os porcos da raça Moura possuem a pelagem preta entremeada de pelos brancos (tordilho), com pele preta e mucosas escuras, as orelhas intermediárias entre ibéricas e célticas e o perfil cefálico retilíneo ou subconcavilíneo. Tendo em vista a importância do estresse térmico para produção de porcos criados ao ar livre de diferentes fenótipos, o presente estudo avaliou a influência das condições climáticas no conforto térmico e bem-estar de suínos criados ao ar livre na Fazenda Escola/UEPG. Foram utilizados porcos da raça Moura e mestiços Moura x Industrial, com o objetivo de comparar a tolerância ao calor entre esses grupos. Participaram 18 animais com mais de 100 kg, divididos igualmente entre três grupos (6 animais/tratamento), sendo: Tratamento 1, animais de genética Moura e pelagem tordilha, Tratamento 2, animais cruzados e pelagem clara; Tratamento 3, animais cruzados e pelagem tordilha, submetidos a um delineamento inteiramente casualisado. Durante quatro semanas foram registradas, duas vezes ao dia, a frequência respiratória, temperatura retal e imagem termográfica por meio de uma câmera termográfica. As imagens termográficas posteriormente foram submetidas ao software Quick Report®/FLIR Systems, para determinar temperatura média corporal, a temperatura mínima e máxima. Também foi calculado o índice de temperatura de globo negro e umidade (ITGU) para avaliar o ambiente térmico. Os resultados mostraram que não houve diferença significativa entre os tratamentos quanto às variáveis de temperatura retal, frequência respiratória, temperatura do corpo pontual, temperatura corporal máxima e média. Para a variável temperatura corporal mínima foi verificado que os suínos ½ Moura de pelagem escura tiveram uma diferença significativa (5%) em relação aos suínos ½ Moura de pelagem clara, porém não foi encontrada diferença significativa ao Tratamento 1. Além disso, o ITGU pela manhã permaneceu dentro de níveis adequados de bem-estar. Porém, no período da tarde o ITGU indicou condição de estresse térmico severo, evidenciando a influência das condições ambientais sobre os animais, independentemente do grupo genético.

**Palavras-chave:** Bem-estar; Conforto térmico; Porco Nativo.

**Agradecimentos:** Fundação Araucária.

# RGA 400 - CARACTERIZAÇÃO DE ILHAS DE HOMOZIGOSE E PROSPECÇÃO GÊNICA NO MANGALARGA PAULISTA

Giulia de Castro Conceição[1]*; Darilene Ursula Tyska[1]; Adam Nava[1];Jaime Araujo Cobuci[1]

[1]Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre/RS. *giugiucastro339@gmail.com

O Mangalarga Paulista é uma raça equina brasileira, formada inicialmente no Sul de Minas Gerais e posteriormente desenvolvida em São Paulo. Ao longo de sua formação, a raça passou por um processo de consolidação e expansão, alcançando grande importância econômica. Neste contexto, o presente estudo teve como objetivo identificar ilhas de homozigose compartilhadas em animais Mangalarga Paulista e elucidar os genes associados a esse padrão de compartilhamento. Foram analisados genótipos de 14 cavalos da raça Mangalarga Paulista de um banco de genótipos de uma instituição do exterior. Todos os indivíduos foram genotipados utilizando o painel Illumina EquineSNP50 BeadChip. Foram removidos quatro indivíduos aparentados até terceiro grau, restando 10 animais com call-rate superior a 0,99 e 51.219 SNPs. A endogamia genômica foi estimada por meio das corridas de homozigose (FROH) utilizando o software PLINK. A partir das ROHs, foram identificadas as ilhas de homozigose correspondentes ao 1% dos SNPs mais compartilhados entre os animais. Os genes presentes nessas regiões foram prospectados utilizando o UCSC Genome Browser, e a análise de enriquecimento funcional foi realizada no DAVID ($p \leq 0,01$). A análise de ROH apresentou FROH médio de 26%. Foram identificadas 17 ilhas de homozigose, destacando-se regiões nos cromossomos 7, 11 e 17, compartilhadas por 9 dos 10 animais. A prospecção gênica identificou 130 genes, com destaque para funções relacionadas à degradação do colágeno e à organização da matriz extracelular. Entre eles, *MMP13* e *MMP1* apresentaram relação com laminite na literatura, enquanto *MMP1* também foi associada à HERDA após exposição solar. O gene *TLR9* foi relacionado à resposta imune pulmonar na asma equina, e *MMP7* à remodelação uterina e à endometrose. Os resultados identificaram regiões de homozigose compartilhadas contendo genes relacionados a características de saúde e reprodução. Essas informações podem contribuir para a seleção de animais e o planejamento de acasalamentos, auxiliando na redução da concentração de regiões genômicas potencialmente associadas a características desfavoráveis na raça.

**Palavras-chave:** Ilhas de homozigose; Mangalarga Paulista; Prospecção.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem à Pesquisadora Jessica L. Petersen da Universidade do Nebraska-Lincoln pela disponibilização dos dados genômicos utilizados neste estudo.

# RGA 401 - PADRÕES DE ENDOGAMIA GENÔMICA E DIFERENCIAÇÃO POPULACIONAL EM TRÊS RAÇAS EQUINAS

Giulia de Castro Conceição [1]*; Darilene Ursula Tyska [1]; Adam Nava [1]; Jaime Araujo Cobuci [1]

[1]Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre/RS. *giugiucastro339@gmail.com

A domesticação dos equinos, iniciada há cerca de 5.500 anos, possibilitou sua ampla utilização em atividades de trabalho, esporte e lazer. No Brasil, existem diversas raças nacionais e importadas, e a compreensão da diversidade e da estrutura genética dessas populações é fundamental para auxiliar os programas de conservação e melhoramento. Assim, avaliou-se a estrutura genética e a endogamia genômica de três raças equinas presentes no Brasil, a partir de dados disponíveis no repositório digital Animal Genome Repository. Foram analisados os genótipos de 90 cavalos, sendo 14 cavalos brasileiros da raça Mangalarga Paulista, 40 cavalos da raça Quarto de Milha e 36 Puro-Sangue Inglês, estes de origem norte-americana. Todos os indivíduos foram genotipados utilizando o painel Illumina EquineSNP50 BeadChip. Após o controle de qualidade, todas as amostras apresentaram call rate superior a 0,99, totalizando 51.219 SNPs. A endogamia genômica foi estimada por meio das corridas de homozigose (ROH) utilizando o software PLINK. A estrutura genética das populações foi investigada por meio da Análise de Componentes Principais (PCA), e a diferenciação genética entre as raças foi estimada pelo índice de fixação (FST). As análises de ROH indicaram diferenças nos níveis de endogamia entre as raças avaliadas, com maior média de FROH observada no Mangalarga Paulista (26,5%) e a menor média no Quarto de Milha (10,5%). O Mangalarga Paulista apresentou predominância de ROHs longas (>16 Mb), associadas a eventos mais recentes de endogamia, enquanto o Puro-Sangue Inglês destacou-se pela maior ocorrência de ROHs curtas, padrão relacionado ao processo de formação da raça. O PCA permitiu visualizar a distância genética entre as populações avaliadas. Os valores de FST corroboraram com esses resultados, indicando maior diferenciação genética entre o Mangalarga Paulista e o Puro-Sangue Inglês (0,20). Em contrapartida, o Quarto de Milha apresentou a menor diferenciação genética em relação ao Puro-Sangue Inglês (0,06), resultados consistentes que refletem com exatidão a história demográfica e a introgressão do Puro-Sangue Inglês na base genética do Quarto de Milha, conforme relatos na literatura. Esses resultados reforçam a importância das análises genômicas como ferramenta para o monitoramento da diversidade genética e da endogamia em populações equinas brasileiras.

**Palavras-chave**: Diversidade genética; Endogamia; Equinos.

**Agradecimentos**: Os autores agradecem à Pesquisadora Jessica L. Petersen, da University of Nebraska-Lincoln, pela colaboração neste estudo.

# RGA 413 - ASSOCIAÇÃO GENÔMICA AMPLA PARA PROFUNDIDADE TORÁCICA EM BOVINOS DA RAÇA CURRALEIRO PÉ-DURO

Manoel Braz da Silva Júnior[1]*; Antonio Evangelista Ferreira Filho[1]; Alan Oliveira do Ó[1]; Geraldo Magela Cortes Carvalho[2]; Patrícia Ianella[3]; Alexandre Floriani Ramos[3]; José Lindenberg Rocha Sarmento[1]

[1]Universidade Federal do Piauí. [2]Embrapa Meio-Norte. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *brazmanoel@gmail.com

Diante das mudanças climáticas globais, a produção de alimentos torna-se cada vez mais desafiadora. Nesse cenário, as raças nativas representam valiosos recursos genéticos por sua capacidade adaptativa. Entre elas, destaca-se o bovino Curraleiro Pé-Duro, conhecido por sua rusticidade, tolerância ao clima tropical e potencial produtivo. Este estudo teve como objetivo identificar polimorfismos de nucleotídeo único (SNPs) significativos e/ou sugestivos associados à característica de profundidade torácica (PT), por meio de um estudo de associação genômica ampla (GWAS). Os SNPs foram identificados e através da sua localização, foi realizado o levantamento tanto dos genes que continham os marcadores quanto daqueles localizados em janelas de ±50 kb. O estudo foi conduzido utilizando dados fenotípicos e genômicos de 1889 bovinos da raça Curraleiro Pé-Duro, genotipados com painel Illumina Bovine 100KBeadChip. Foram adotados dois níveis de significância**:** FDR ≤ 0,15, considerado como critério para identificação de SNPs significativamente associados, e 0,15 < FDR ≤ 0,20, considerado como limiar sugestivo de associação, permitindo detectar regiões genômicas potencialmente relevantes. Os resultados da varredura genômica mostraram que vários SNPs estavam associados à PT. Foram identificados diversos genes candidatos, incluindo *ATG4C***,** associado a características de carcaça e metabolismo, incluindo espessura de gordura subcutânea; *PVR*, apresentando ação relacionado a imunidade; *CHD7*, gene candidato para idade ao primeiro parto, intervalo entre partos e taxa de prenhez; e a família de genes *CEACAM20*, *CEACAM19*, *CEACAM16* e *IGSF23*, envolvidos, entre outros, em processos de resposta imune. Este estudo forneceu informações relevantes sobre a genética do Curraleiro Pé-Duro e possibilitou a identificação de genes potencialmente relacionados às características de produção. Os resultados poderão ser utilizados na conservação e programas de melhoramento dessa raça nativa, considerada um importante recurso genético brasileiro.

**Palavras-chave:** Raça nativa; Recursos genéticos animais; Genes candidatos.

**Agradecimentos:** À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí - FAPEPI; ao CNPq; Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Ciência Animal - INCT-CA; à Associação Brasileira de Criadores de Bovinos Curraleiro Pé-Duro - ABCPD; aos criadores de Curraleiro Pé-duro.

# RGA 414 - CARACTERÍSTICAS DISTINTIVAS PRÓPRIAS DE RECURSOS GENÉTICOS ANIMAIS COMO ELEMENTO DE IDENTIFICAÇÃO DO PATRIMÔNIO GENÉTICO BRASILEIRO

Marciano Toledo da Silva[1]*, Marson Bruck Warpechowski[2], Olimpia Lima Silva Filha[3]

[1]Movimento dos Pequenos Agricultores (MPA). [2]Depto. de Zootecnia, Universidade Federal do Paraná - UFPR. [3]Instituto Federal Baiano - Campus Valença, Bahia. *marcianotol71@yahoo.com.br.

A conservação dos recursos genéticos animais no Brasil é desenvolvida em sistemas in situ e *ex situ* por instituições de pesquisa, em unidades de conservação e por criadores particulares, com pouca ênfase nas raças localmente adaptadas. Em cumprimento à Lei Nº 13.123/2015 e o decreto que a implementa, a Resolução Nº 45, aprovada pelo Conselho de Gestão do Patrimônio Genético (CGen) em 2024, trata sobre o processo metodológico para determinação de aquisição de características distintivas próprias por populações espontâneas de espécies vegetais e animais introduzidas no território nacional. A metodologia fortalece os processos de identificação e de conservação dos recursos genéticos e está vinculada às orientações relacionadas à Convenção da Diversidade Biológica (CDB) e às da Comissão de Recursos Genéticos para a Alimentação e Agricultura da FAO (CGRFAA). O presente artigo busca identificar as características distintivas do subsetor de recursos zoogenéticos, adquiridas por populações de raças animais localmente adaptadas para incluí-las como patrimônio genético nacional. Foram analisadas as orientações técnicas da Comissão, da CDB, a legislação nacional e especificamente, resoluções do CGEN e normativas do Ministério da Agricultura (MAPA). A Lei nacional apresenta conceitos importantes, como os de patrimônio genético, atividades agrícolas, situações de conservação in situ, agricultor tradicional, população espontânea e de raças localmente adaptadas ou crioulas, e sobre as formas de acesso e repartição de benefícios. O art. 113 do Decreto indica que o MAPA é responsável por elaborar, publicar e revisar periodicamente a lista de referência de espécies animais domesticadas que foram introduzidas no território nacional e que são utilizadas em atividades agrícolas, indicando as que formam populações espontâneas e que podem adquirir propriedades características distintivas no País. A Instrução Normativa Nº 16 de 2019 do MAPA, indica 43 espécies domésticas e aquáticas introduzidas no território nacional com essas características. A Comissão de Recursos Genéticos da FAO define 15 categorias de características distintivas próprias possíveis de serem adquiridas. A aplicação da resolução do CGEN é pré-requisito para a publicação da lista de referência de espécies animais domesticadas e introduzidas no país e é base para a identificação das raças localmente adaptadas.

**Palavras-chave:** características distintivas; recursos genéticos animais; patrimônio genético.

**Agradecimentos:** À Rede de Recursos Genéticos Animais do Nordeste - REDE RGA NE.

# RGA 425 - PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS E COMPOSTOS VOLÁTEIS DA CARNE DE SUÍNOS MOURA COMPARADOS AOS COMERCIAIS CONVENCIONAIS

Sebastião Ferreira Magagnin[1]*; Lucélia Hauptli[1]; Giustino Tribuzi[1]; Marson Bruck Warpechowski[2]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. Centro de Ciências Agrárias. Florianópolis-SC.
[2]Universidade Federal do Paraná. Setor de Agrárias. Curitiba-PR. *sebastiao.ferreira@ufsc.br

Os suínos da raça Moura (MO), originária do sul do Brasil, são criados em sistemas tradicionais de pastoreio rotativo ao ar livre e sua matéria-prima tem sido demandada para o mercado de carnes premium, gourmet e para produção de produtos cárneos de alto valor agregado. Os suínos comerciais convencionais (CC) criados intensivamente são os representantes da principal matéria-prima suína disponível no mercado brasileiro. Este estudo teve como objetivo identificar compostos característicos, na gordura intramuscular (GIM) e na carne de suínos MO e compará-los aos CC, para auxiliar na caracterização da carne destes diferentes tipos suínos, bem como na sua autenticação. O teor de lipídios totais foi obtido por Soxhlet e de umidade por secagem em estufa, o perfil de ácidos graxos e de compostos orgânicos voláteis (COVs) obtidos por cromatografia gasosa. A carne dos suínos MO apresentou maior teor de GIM (3,51g/100g x 1,87g/100g; $p<0,01$), enquanto os suínos CC apresentaram maior teor de umidade (71,53g/100g x 73,73g/100g; $p<0,01$). A GIM dos suínos MO apresentaram maiores proporções de ácidos graxos monoinsaturados sintetizados endogenamente, particularmente o ácido oleico (C18:1 n-9) e palmitoléico (C16:1 n-7), e por outra mão há a redução relativa os ácidos graxos poli-insaturados provenientes da dieta (n-6, n-3) e ácidos graxos endógenos minoritários, como o ácido margárico (C17:0) e o ácido heptadecenóico (C17:1 n-7), mais proeminentes nos suínos CC ($p<0,01$). Os perfis de compostos voláteis revelaram que aldeídos e cetonas foram relativamente mais abundantes na carne dos MO, enquanto álcoois, furanos, alcanos e terpenos, foram relativamente mais abundantes na carne dos CC, ($p < 0,01$). Os COVs característicos dos MO incluíram hexanal, heptanal, benzaldehyde e 2,3-octanedione, enquanto os CC foram caracterizados por 2,4-decadienal (E,E), 2-octenal (E) e hexadecane. Os perfis de ácidos graxos estão condizentes quanto a maior produção de gordura nos suínos de raças locais como nos MO e os COVs estão de acordo com os compostos característicos encontrados na literatura quanto aos tipos suínos, sistemas de produção e alimentação distintos dos suínos deste estudo, apontando potenciais marcadores para auxiliar na rastreabilidade da matéria-prima suína nacional.

**Palavras-chave:** Caracterização, Produção tradicional, Raça local.

**Agradecimentos:** Ao SESCOOP/CNPQ pelo incentivo financeiro. E à UFSC e UFPR.

# RGA 426 - PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS E QUALIDADE DE GORDURA SUBCUTANEA DE SUÍNOS MOURA E DOS COMERCIAIS CONVENCIONAIS

Sebastião Ferreira Magagnin[1]*; Lucélia Hauptli[1]; Giustino Tribuzi[1]; Marson Bruck Warpechowski[2]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. Centro de Ciências Agrárias. Florianópolis-SC.
[2]Universidade Federal do Paraná. Setor de Agrárias. Curitiba-PR. *sebastiao.ferreira@ufsc.br

Os suínos da raça Moura (MO), raça local do sul do Brasil, são portadores de matéria-prima de alta qualidade e demandada para fabricação de produtos artesanais curados de alto valor-agregado, estes animais são criados em sistemas de pastoreio rotativo ao ar livre. Já os suínos comerciais convencionais (CC) criados intensivamente são a principal fonte de matéria prima, em escala, para o mercado brasileiro. Este estudo teve como objetivo analisar o perfil de ácidos graxos na gordura subcutânea (GSC) de suínos MO, compará-los aos CC, a fim de caracterizar a GSC destes diferentes tipos suínos e avaliar a qualidade de gordura para produção de produtos artesanais curados de alto valor agregado. O teor de lipídios totais foi obtido por Soxhlet e de umidade por secagem em estufa, o perfil de ácidos graxos foi obtido por cromatografia gasosa e os valores de Iodo são resultantes do perfil lipídico obtido. A GSC dos suínos MO apresentou o maior teor de lipídios (91,23g/100g x 69,87g/100g; p<0,01) e a dos suínos CC apresentaram maior teor de umidade (8,77g/100g x 20,13g/100g; p<0,01). A GSC dos suínos MO apresentou os maiores teores relativos de ácidos graxos monoinsaturados de origem endógena, principalmente o ácido oléico (C18:1 n-9) enquanto ocorreu redução relativa de graxos poli-insaturados provenientes da dieta como os ômega 6 (n-6), a exemplo do linolêico C18:2 n-6 (MO: 10,72% x CC:14,73%; p<0,01) e ácidos graxos endógenos minoritários, como o ácido margárico (C17:0) e o ácido heptadecenóico (C17:1 n-7), com proporções maiores nos suínos CC (p<0,01). Isto por sua vez resulta em menor valor de Iodo para os MO (61,95 x 67,20; p=0,02). Entretanto o valor de n-3 total e C18:3 n-3 não apresentou diferença entre os suínos (p=0,22). Os perfis de ácidos graxos dos diferentes tipos suínos estão condizentes quanto a maior produção de gordura por endogenia dos suínos MO comparados aos suínos magros CC, sendo que estes apresentam proporções relativas maiores de lipídios provenientes da dieta, como os n-6, na GSC. A gordura subcutânea dos MO é adequada para a fabricação de produtos curados de alto valor agregado com valor de Iodo menor que 70 e teor de C18:2 n-6 menor que 15%, com potencial de estabilidade da gordura durante o período de cura que a GSC superior aos suínos CC. O teor de n-3 da GSC do MO similar ao suíno CC retrata o efeito positivo do acesso dos MO ao pasto como principal fonte de n-3 e manteve níveis similares de n-3, mesmo os MO apresentando maior produção de gordura total que favorece a redução deste composto.

**Palavras-chave:** Produtos curados, Qualidade de gordura, Raça local.

.

**Agradecimentos:** SESCOOP/CNPq; UFSC; UFPR.

# RGA 442 - VISÃO COMPUTACIONAL E APRENDIZADO DE MÁQUINA NA CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE OVINOS PANTANEIROS

Antonio Bruno Magalhães Lima[1]; Carolina González Aquino[1]; Evellyn Richelly Ferreira Bastianel[1]; Vitoria Salina Macoelho[1]; Hellena N. de Melo[1], Patrick Cavalcante Andrighetti[1]; Rodrigo Andreo Santos[1]; Núbia Michelle Vieira da Silva[1]; Fernando Miranda de Vargas Junior[1]*

[1]Faculdade de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Grande Dourados.
*fernandojunior@ufgd.edu.br

Os ovinos Pantaneiros constituem um importante recurso genético, localmente adaptado às condições ambientais do bioma Pantanal, destacando-se pela rusticidade e pelo potencial para sistemas de produção sustentáveis. A manutenção de suas características fenotípicas é relevante para a conservação e valorização desse recurso genético, especialmente diante da ocorrência de cruzamentos com raças exóticas. Nesse contexto, métodos objetivos, padronizados e de maior capacidade de processamento podem ampliar as possibilidades de caracterização e de monitoramento fenotípico. A visão computacional associada ao aprendizado de máquina permite transformar informações visuais em descritores quantitativos, possibilitando a identificação automatizada de padrões morfológicos. Objetivou-se avaliar o potencial de imagens digitais faciais para a caracterização fenotípica de ovinos Pantaneiros por meio de técnicas de aprendizado de máquina. Utilizou-se um banco de dados composto por 302 imagens de fêmeas em idade reprodutiva, provenientes da Fazenda Experimental de Ciências Agrárias da Universidade Federal da Grande Dourados. As imagens foram processadas no Orange Data Mining, utilizando o complemento Image Analytics para obtenção automática de descritores visuais (image embeddings) por meio da rede neural convolucional Inception v3, pré-treinada no ImageNet. Os descritores foram submetidos à Análise de Componentes Principais (PCA), seguida dos métodos de agrupamento não supervisionados k-Means e Hierarchical Clustering. Os dez primeiros componentes principais explicaram, em conjunto, 40,9% da variabilidade dos descritores visuais. A análise pelo k-Means, considerando soluções de 2 a 8 clusters, indicou dois agrupamentos como a melhor solução, com coeficiente de *Silhouette Score* de 0,502. A formação desses agrupamentos permitiu distinguir padrões visuais associados às características fenotípicas dos animais, indicando que os descritores extraídos das imagens foram capazes de captar parte da variabilidade fenotípica entre os indivíduos. Os resultados demonstram o potencial da integração entre imagens digitais, visão computacional e aprendizado de máquina para a caracterização fenotípica objetiva e padronizada de ovinos Pantaneiros, podendo contribuir para o desenvolvimento de ferramentas voltadas ao monitoramento, à valorização e à conservação desse recurso genético animal brasileiro.

**Palavras-chave:** recursos genéticos animais; caracterização fenotípica; visão computacional; aprendizado de máquina.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem à Coordenação para o Aprimoramento do Pessoal do Ensino Superior (CAPES; Brasília, DF, Brasil); Fundação de Apoio ao Desenvolvimento da Educação, Ciência e Tecnologia no Estado do Mato Grosso do Sul (FUNDECT) e o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPQ), e a rede SISPEC (Rede de Sistemas Inteligentes e Sustentáveis de Pecuária, financiada pelo CYTED ref. 125RT0167).

# RGA 452 - ALTA FREQUÊNCIA DO ALELO FAVORÁVEL AO MARMOREIO EM BOVINOS CURRALEIRO PÉ-DURO: MARCADOR *FABP4* 3691G>A

Manoel Braz da Silva Júnior[1]*; José Maria Vanderley da Silva[1]; Alan Oliveira do Ó[2]; Geraldo Magela Cortes Carvalho[3]; Fábio Barros Britto[1]; Maria Clara Coutinho Moura[1]; Natália Pereira de Morais[1]; José Lindenberg Rocha Sarmento[1]

[1]Universidade Federal do Piauí. [2]Colégio Técnico de Bom Jesus, Universidade Federal do Piauí. [3]Embrapa Meio-Norte. *brazmanoel@gmail.com

O Curraleiro Pé-Duro (CPD) é um bovino nativo brasileiro reconhecido pela sua rusticidade e pela adaptação ao semiárido, integrando programas de conservação de recursos genéticos. A raça apresenta aptidão para corte, leite e trabalho, sendo atualmente mais explorada para o corte. O marmoreio e o sabor são os atributos mais relevantes na aceitação da carne, e a base taurina do CPD favorece a deposição de gordura intramuscular, possivelmente por carregar em maior frequência alelos favoráveis. A proteína ligadora de ácidos graxos 4 (*FABP4*) participa do transporte de lipídios no adipócito, e o polimorfismo g.3691G>A (éxon 3) tem sido associado a maiores escores de marmoreio, com o alelo G favorável. Objetivou-se com esta pesquisa estimar as frequências genotípicas e alélicas desse polimorfismo (g.3691G>A) em bovinos CPD criados no Nordeste brasileiro. Foram genotipados 61 animais de rebanhos do Maranhão, da Paraíba e do Rio Grande do Norte. O ácido desoxirribonucleico (DNA) genômico foi extraído do sangue pelo método fenol-clorofórmio e a genotipagem foi realizada por *amplification refractory mutation system* (ARMS-PCR), com separação dos fragmentos em gel de agarose. Foram calculadas as frequências genotípicas e alélicas e a heterozigosidade, e testado o equilíbrio de Hardy-Weinberg com auxílio do software R. Observaram-se 39 animais GG, 19 GA e 3 AA, o que resultou em frequências alélicas de 0,795 para o alelo G e 0,205 para o A. A população encontra-se em equilíbrio de Hardy-Weinberg, com heterozigosidade observada de 0,311 e esperada de 0,326, indicando ausência de seleção artificial para esse *locus*. A frequência do alelo favorável no CPD é semelhante à do Hanwoo (0,789), raça de corte selecionada por gerações para qualidade da carne. Conclui-se que o alelo G do *FABP4* g.3691G>A, favorável ao marmoreio, está em alta frequência no Curraleiro Pé-Duro e em equilíbrio de Hardy-Weinberg. Esses resultados caracterizam a raça como reservatório do alelo favorável e fornecem base para estudos de associação com marmoreio e espessura de gordura subcutânea, etapas necessárias para avaliar o potencial do marcador em seleção assistida.

**Palavras-chave:** Bovino nativo; Qualidade de carne; Seleção assistida.

**Agradecimentos:** ao CNPq, à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI), ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia de Ciência Animal (INCT-CA), à Embrapa Meio-Norte e aos criadores de Curraleiro Pé-Duro.

# RGA 456 - ASSOCIAÇÃO DO SNP rs315789643 NO GENE *LEPR* COM CARACTERÍSTICAS DE CRESCIMENTO E CARCAÇA EM GALINHAS CANELA-PRETA

Simone Soares Chaves da Silva[1]*; Artur Oliveira Rocha[2,3]; Débora Araújo de Carvalho[4]; Laila Talarico Dias[1]; Rodrigo de Almeida Teixeira[1]; José Lindenberg Rocha Sarmento[2]

[1]Programa de Pós-Graduação em Zootecnia - Universidade Federal do Paraná, Brasil. [2]Universidade Federal do Piauí, Brasil. [3]Purdue University, Estados Unidos. [4]Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, Brasil. *zootec.simone@gmail.com

A galinha Canela-Preta é considerada recurso genético local do Nordeste brasileiro, de interesse para conservação e produção sustentável. Embora a raça apresente diversidade genética, a contribuição de variantes em genes candidatos para fenótipos produtivos permanece pouco caracterizada, limitando sua avaliação em estratégias de uso pela agricultura familiar. Objetivou-se avaliar a associação do SNP rs315789643, no íntron 19 do gene do receptor da leptina (*LEPR*), com características de crescimento, carcaça e rendimento em aves Canela-Preta. O experimento foi iniciado com 100 aves de um dia de idade, distribuídas aleatoriamente dentro de sexo entre os sistemas confinado e semiconfinado, com 50 aves por sistema, avaliadas aos 140 e aos 184 dias de idade. O SNP foi genotipado por PCR-RFLP, e as associações foram avaliadas por modelos lineares considerando os efeitos de genótipo, sexo, sistema de criação e interações, sendo os efeitos genotípicos decompostos em componentes aditivo e de dominância. As frequências genotípicas foram 0,58, 0,32 e 0,10, para GG, GA e AA, respectivamente, e as frequências dos alelos G e A foram 0,74 e 0,26. Não houve desvio do equilíbrio de Hardy-Weinberg (P=0,116). O maior crescimento pós-eclosão foi observado nos machos, enquanto os maiores peso ao abate e ganho médio diário total foram identificados nas aves confinadas. Aos 140 dias, as médias ajustadas de peso foram 2.082,48, 2.245,61 e 1.910,70 g para GG, GA e AA, respectivamente, com desvio de dominância de 247,40 g. Aos 184 dias, idade de abate, as médias foram 2.439,85, 2.629,53 e 2.213,40 g, com desvio de dominância de 304,75 g. O ganho médio diário total foi 13,08, 14,11 e 11,84 g/dia, respectivamente, evidenciando maior desempenho dos heterozigotos. Padrão semelhante foi observado para peso de carcaça resfriada (1.804,76, 1.958,28 e 1.561,00 g), enquanto o rendimento visceral total apresentou comportamento inverso (6,89, 6,32 e 8,30%). Os efeitos de dominância e a direção contrastante das respostas entre características indicaram que a associação envolve efeitos não aditivos e variou conforme o fenótipo. O SNP intrônico associou-se à região de *LEPR*, sem evidência de causalidade. Esses resultados ampliam a caracterização genética da Canela-Preta e identificam essa região como candidata para validação e potencial aplicação na seleção.

**Palavras-chave:** galinha nativa; recurso genético; receptor da leptina.

**Agradecimentos:** À UFPI, ao CNPq e à CAPES.

# RGA 457 - EZOOGNÓSIA DOS PORCOS DA RAÇA MOURA DA FAZENDA ESCOLA CAPÃO DA ONÇA NO ANO DE 2025

Vinicius Adriano Gorte[1]*; Igor Danilenko[1]; Maria Marta Loddi[1]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa. Departamento de Zootecnia. *23018027@uepg.br

Este trabalho foi realizado na Fazenda Escola Capão da Onça, onde se tem a conservação *on-farm* dos porcos da raça Moura. Foram avaliados os animais de 90 dias de idade para as características fenotípicas e medidas morfométricas, divididos em sexos machos e fêmeas, em um delineamento inteiramente casualizado. As variáveis fenotípicas avaliadas foram: perfil cefálico, tipo de orelha e tamanho, manchas/rajado, estrela na testa, lágrima, cor da ponta de orelha, do focinho, papada, axila, barriga, virilha, rabo, pelagem, pele, a quantidade de cerdas, coloração das mucosas e dos cascos, tipo de casco, e tipo de linha dorso lombar. Após um banco de dados sistematizado em Microsoft Excel 2017 procedeu-se à análise das frequências de cada variável fenotípica em relação do total amostrado. Foi verificado que tanto os machos quanto as fêmeas apresentaram 66,7% de perfil retilíneo e 33,3% de perfil sub concavilíneo. Para estrela na testa os machos apresentaram 88,9%, enquanto 73,3% das fêmeas não tinham essa marca. A característica de lágrima foi observada em 83,3% dos machos, enquanto 76,7% das fêmeas não apresentaram. Em relação à ponta de orelha, a maioria dos machos tinha a ponta escura, enquanto para as fêmeas apresentaram a ponta escura em 93,1%, com 3,5% manchadas e 3,4% claras. No que diz respeito ao focinho 97,2% dos machos tinham focinho escuro, enquanto 93,3% das fêmeas também apresentaram essa coloração, com pequenas porcentagens manchadas ou claras. A avaliação da papada revelou que 52,8% dos machos tinham papada escura, 33,3% manchada e 13,9% clara. Para as fêmeas, 63,3% eram classificadas como escuras, 20% como manchadas e 16,7% claras. No caso das fêmeas, 50% foram classificadas com barriga escura, 33,3% manchada e 16,7% clara. Quanto à virilha, os machos mostraram uma predominância de 75% com coloração manchada, enquanto fêmeas apresentaram 80% manchada e apenas 3,3% escura. A análise da coloração do rabo revelou que 80% dos machos e 75,9% das fêmeas tinham rabo escuro. As pelagens foram predominantemente rajadas, com 94,4% dos machos e 83,3% das fêmeas apresentando essa coloração. No que diz respeito à pele foi verificado que 91,7% dos machos tinham pele escura, enquanto as fêmeas apresentaram 96,7% com pele escura. As mucosas dos machos foram classificadas como escuras em 77,1%, e nas fêmeas 53,3% escuras. O rebanho em sua totalidade apresentou cascos e pés escuros, linha dorso lombar arqueada e cerdas abundantes, em 100% das amostras. Com essas avaliações pode-se verificar que o plantel de animais da raça Moura da Fazenda Escola Capão da Onça encontra-se dentro do padrão racial preconizado para os porcos Moura.

**Palavras-chave:** *porco crioulo; morfometria; caracterização.*

**Agradecimentos:** Agradeço à Fundação Araucária pela concessão da bolsa de Iniciação Científica.

# RGA 458 - MEDIDAS MORFOMÉTRICAS DOS PORCOS MACHOS E FÊMEAS DA RAÇA MOURA DA FAZENDA ESCOLA CAPÃO DA ONÇA NO ANO DE 2025

Vinicius Adriano Gorte[1]*; Igor Danilenko[1]; Francisco Rosa[2], Maria Marta Loddi[1]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa. Departamento de Zootecnia. [2]Universidade Federal do Mato Grosso do Sul. *23018027@uepg.br

Este estudo foi realizado na Fazenda Escola Capão da Onça, onde se tem a conservação *on farm* da raça Moura. Foram avaliados os porcos da raça Moura com 90 dias de idade para as características fenotípicas e medidas morfométricas, divididos em sexos. Os machos formaram o tratamento 1 (T1) com 46 indivíduos e fêmeas compondo o tratamento 2 (T2) contendo 34 indivíduos, em um delineamento inteiramente casualizado. Foram usadas fitas métricas para medir as seguintes variáveis morfométricas: comprimentos de cabeça, focinho, orelha, paleta, corpo, garupa, pernil; largura de cabeça, focinho, orelha, garupa, distâncias interorbitais e interisquiática; profundidade de focinho, altura de cernelha, garupa, inserção da cauda; perímetro torácico, abdominal, e da canela. Dentre as análises estatísticas foi realizado um banco de dados sistematizado em Microsoft Excel® 2017, onde realizou-se o e Teste *t*, para comparativo das médias, com 5% de significância para todas as variáveis morfométricas. Foi verificado maior comprimento de pernil ($P < 0,05$) para os machos (31,55 cm) em relação às fêmeas (29,2 cm). A largura de orelha também foi significativamente maior para os machos (10,4) comparado com as fêmeas (9,95 cm). Com relação as demais variáveis morfométricas verificadas não foram encontradas diferenças significativas ($P > 0,05$). Com o presente estudo foi possível verificar que o plantel de animais da raça Moura, pertencentes à Fazenda Escola Capão da Onça encontra-se dentro do padrão racial preconizado para os porcos Moura, como também o destaque para os machos que apresentaram maior comprimento de pernil e largura de orelha em relação as fêmeas.

**Palavras-chave:** porco crioulo; morfometria; caracterização fenotípica.

**Agradecimentos:** Agradeço à Fundação Araucária pela concessão da bolsa de Iniciação Científica.

# RGA 464 - COMPORTAMENTO HIGIÊNICO DE ABELHAS AFRICANIZADAS ASSOCIADO À REMOÇÃO DE LARVAS DE *Aethina tumida*

Caroline Ferreira Medina[1]*; Andéra Neves[2]; Ivan de Lima Felix[3]; Diego Ladeira da Silva[3]; Og De Souza[3]; Márcia Regina Faita[1,3]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Instituto Federal de Santa Catarina. [3]Universidade Federal de Viçosa.*carolinefm1@gmail.com

A abelha africanizada *Apis mellifera* resulta do cruzamento entre subespécies europeias e africanas, com ampla distribuição na América Latina. Esta abelha constitui importante recurso genético para a apicultura, pela variabilidade entre suas populações e por sua relevância para a polinização e geração de renda. Suas colônias podem apresentar diferenças comportamentais relacionadas à defesa, como o comportamento higiênico (CH), que é determinado geneticamente e está relacionado à resposta das operárias a inimigos naturais. Entre esses inimigos naturais está *Aethina tumida,* conhecido como pequeno besouro das colmeias, que utiliza mel e pólen para alimentação e desenvolvimento. Registrado no Brasil desde 2015, estudos da interação de *A. tumida* com abelhas africanizadas ainda são escassos. Assim, o objetivo foi avaliar a variação entre colônias de *A. mellifera* africanizadas quanto ao CH e à capacidade de remoção de larvas de *A. tumida*, bem como verificar possíveis associações entre essas características. O experimento foi realizado em agosto e setembro de 2026 no Apiário da Universidade Federal de Viçosa - UFV, com seis colônias de *A. mellifera*, nas quais foram introduzidas 20 larvas de *A. tumida* de terceiro e quarto instares sobre os quadros centrais do ninho. Cada colônia foi observada por 60 minutos, registrando-se o tempo de permanência de cada larva e o momento de sua remoção pelas operárias. Para as larvas não removidas foi atribuído o tempo de 60 minutos para o cálculo do tempo médio restrito de permanência (TMRP). O CH foi avaliado pelo teste de perfuração de crias com avaliações da remoção após 1h, 6h e 24h. A relação entre o TMRP e CH foi avaliada por meio da correlação de Spearman. Após 1h, nenhuma cria perfurada havia sido removida, enquanto após 24h houve remoção total. Devido à ausência de variação, os intervalos de 1h e 24h não foram considerados para a análise de correlação com o TMRP. O TMRP variou entre 28,52 e 53,15 min entre as colônias e não apresentou correlação significativa com o CH avaliado após 6 h ($r_s = -0,714$; $p = 0,136$), mas o resultado sugere que colônias com maior percentual de remoção de crias perfuradas tendem a apresentar menor tempo de permanência das larvas de *A. tumida*. Desse modo, o CH pode ser considerado como uma característica de interesse para estudos sobre a variabilidade genética na capacidade de resposta das colônias ao besouro e seu potencial uso em programas de melhoramento genético, incluindo também fatores ambientais e de manejo.

**Palavras-chave:** *Apis mellifera*; sanidade apícola; melhoramento genético.

**Agradecimentos:** UFSC e UFV.

# RGA 468 - INTEGRAÇÃO GENÔMICA-METABOLÔMICA PARA EFICIÊNCIA ALIMENTAR EM BOVINOS NELORE

Jessica Moraes Malheiros[1,2]*; Viviane Andrade Ligori[2]; Marina Alves da Silva[3]; Lucas Gabriel Oliveira Carlos[3]; Luiz Alberto Colnago[4]; Maria Eugênia Zerlotti Mercadante[2,5]

[1]Universidade Federal da Integração Latino-Americana (UNILA), Foz do Iguaçu/PR. [2]Instituto de Zootecnia (IZ), Sertãozinho/SP, [3]Universidade Estadual Paulista (UNESP), Botucatu/SP. [4]Embrapa Instrumentação, São Carlos/SP. [3]Universidade Estadual Paulista (UNESP), Jaboticabal/SP. *jessica.malheiros@unila.edu.br

A eficiência alimentar influencia os custos de produção e a sustentabilidade da pecuária. A integração de dados genômicos e metabolômicos pode contribuir para caracterização de recursos genéticos e ampliar a compreensão dos mecanismos biológicos associados ao consumo alimentar residual (CAR). Objetivou-se identificar assinaturas moleculares relacionadas ao CAR por meio da integração do genoma e metaboloma do plasma sanguíneo de bovinos Nelore. Foram avaliados 282 machos, nascidos entre 2021 e 2023, submetidos a 28 dias de adaptação e 77 dias de teste de eficiência alimentar em baias com cochos eletrônicos GrowSafe®. Após controle de qualidade dos dados genômicos, selecionaram-se os 2.000 SNPs de maior variância. Os espectros de ressonância magnética nuclear ($^1$H RMN) foram obtidos e os metabólitos quantificados no *software* Chenomx 8.6, com concentrações transformadas em log10 e ajustadas para data de coleta e idade. A integração multiômica foi realizada via sPLS-DA multibloco (DIABLO). O modelo integrado discriminou com clareza animais de alto e baixo CAR, com correlação moderada entre os blocos ômicos ($r$ = 0,46). A maioria dos marcadores selecionados localiza-se em regiões intergênicas, SNP_86924 e SNP_293724 associaram-se ao baixo CAR, juntamente com manose, glicose, lactato e frutose, enquanto SNP_293723, SNP_346754 e SNP_153204 associaram-se ao alto CAR, juntamente com acetona. Lactato, manose, histamina e acetona apresentaram maiores contribuições no primeiro componente. A análise de enriquecimento metabolômico indicou maior impacto para as vias de metabolismo de amido e sacarose (0,42) e da histidina (0,19). A análise funcional dos marcadores genômicos não revelou vias moleculares enriquecidas ($p_{adj}$ > 0,05), restringindo-se à associação com o fenótipo de falha no crescimento e desenvolvimento ponderal (*failure to thrive*; HP:0001508; *padj* = 2,61×10$^{-2}$). A integração multiômica possibilitou identificar potenciais biomarcadores sanguíneos associados à divergência para eficiência alimentar em Nelore.

**Palavras-chave:** *Bos indicus*; CAR; $^1$H RMN; plasma sanguíneo; polimorfismo de nucleotídeo único.

**Agradecimentos:** Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), processo nº 175161/2024-0, 194465/2025-0 e 25/19846-4 e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), processos nº 22/12669-1, 23/11428-3, 24/02255-0 e 24/16070-2.

# RGA 469 - IDENTIFICAÇÃO DO METABOLOMA FECAL DE BOVINOS CARACU POR $^{1}$H RMN: UMA ANÁLISE INICIAL

Jessica Moraes Malheiros[1,2]*; Viviane Andrade Ligori[2]; Marina Alves da Silva[3]; Gabriel Henrique Ribeiro[4]; Luiz Alberto Colnago[4]; Lenira El Faro Zadra[2,5]

[1]Universidade Federal da Integração Latino-Americana (UNILA). [2]Instituto de Zootecnia (IZ). [3]Universidade Estadual Paulista (UNESP). [4]Embrapa Instrumentação. [5]Universidade Estadual Paulista (UNESP). *jessica.malheiros@unila.edu.br

A coleta não invasiva e a facilidade de obtenção tornam as fezes uma bioamostra promissora para investigação de metabólitos relacionados às características de eficiência alimentar. A raça Caracu (*Bos taurus taurus*), adaptada às condições tropicais brasileiras, constitui um importante recurso genético para a bovinocultura de corte. O objetivo deste estudo foi caracterizar o metaboloma fecal de bovinos Caracu por espectroscopia de ressonância magnética nuclear de prótons ($^{1}$H RMN). Foram utilizados 45 machos Caracu não castrados, com 375 ± 36 dias de idade e 352 ± 52 kg de peso corporal inicial, alojados em baias coletivas. Os animais receberam dieta composta por silagem de milho, milho moído, farelo de soja e suplemento mineral, com acesso *ad libitum*. Após o confinamento, as fezes foram coletadas da ampola retal, armazenadas em nitrogênio líquido e reunidas em um *pool* para análise por $^{1}$H RMN. Os metabólitos foram identificados e quantificados com o Chenomx NMR Suite 8.6, e as concentrações foram expressas em mg/dL. Foram identificados 47 metabólitos, incluindo ácidos orgânicos, aminoácidos, carboidratos, álcoois e aminas. As maiores concentrações foram observadas para acetato (239,8 mg/dL), propionato (65,2 mg/dL), butirato (64,7 mg/dL), glicose (15,5 mg/dL) e valerato (7,4 mg/dL). Acetato, propionato e butirato representaram 85,0% do total quantificado. Também foram detectados metabólitos relacionados ao metabolismo de aminoácidos, como glutamato (3,4 mg/dL), valina (1,9 mg/dL), tirosina (1,3 mg/dL), alanina (1,1 mg/dL) e glicina (0,9 mg/dL), além de intermediários do metabolismo energético, entre eles isocitrato (3,0 mg/dL), lactato (0,9 mg/dL), citrato (0,5 mg/dL), succinato (0,5 mg/dL) e piruvato (0,1 mg/dL). Desse modo, esses resultados fornecem uma caracterização inicial do perfil metabolômico fecal da raça Caracu e poderão subsidiar a seleção de metabólitos candidatos para análises individuais destinadas a investigar associações com características de desempenho e eficiência alimentar.

**Palavras-chave:** ácidos graxos; bovinos de corte; metabolômica; ressonância magnética nuclear; taurino adaptado.

**Agradecimentos:** Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), processos nº 151831/2025-4 e 402491/2023-8, e Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), processos nº 2022/12669-1 e 2024/16070-2.

# RGA 470 - CARACTERIZAÇÃO DA ESTRUTURA POPULACIONAL E DIVERSIDADE GENÉTICA DE UM REBANHO NÚCLEO DE OVINOS CORRIEDALE DO URUGUAI

Rafaela Longo[1]*; Gabriel Ciappesoni[2]; Laila Talarico Dias[1]

[1]Parte da dissertação de mestrado do 1º autor - Programa de Pós-Graduação em Zootecnia - Universidade Federal do Paraná (UFPR) - Curitiba-PR. [2]Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria (INIA), Las Brujas, Canelones, Uruguai. *rafaelalongo@ufpr.br

A caracterização genética de populações permite avaliar sua estrutura, variabilidade genética e perspectivas evolutivas, alicerçando a conservação de recursos genéticos e programas de melhoramento. Portanto, objetivou-se caracterizar a estrutura populacional e a diversidade genética por meio de análise de pedigree do rebanho de ovinos Corriedale, do Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria do Uruguai, composto por 2.809 animais nascidos de 1986 a 2022, usando o software ENDOG 4.8. O índice de integralidade do pedigree foi de 79% na primeira geração, reduzindo-se para 40% na quarta e 3,7% na décima geração, indicando limitação na profundidade genealógica e possível subestimação da endogamia acumulada. O número equivalente de gerações completas de 3,25 confirmou a profundidade moderada. O intervalo de gerações médio foi de 3,65 anos, menor pela via paterna (3,44 anos) do que materna (4,07 anos), refletindo reposição mais precoce de machos. O coeficiente de endogamia médio (F=0,7%) indicou níveis controlados de consanguinidade, sendo que 42% dos animais apresentaram F>0, com F=2% entre os endogâmicos. O coeficiente de parentesco médio (AR=1,64%) superior a F, sinalizou elevada probabilidade de acasalamentos entre indivíduos aparentados nas próximas gerações. O tamanho efetivo da população variou de 196 animais, estimado pela taxa de endogamia individual, a 733, estimado pelo número máximo de gerações rastreadas, refletindo a sensibilidade do parâmetro à profundidade do pedigree. Foram identificados 25 animais altamente endogâmicos (0,9%), resultantes de acasalamentos entre meio-irmãos paternos (19) e entre pais e filhas (6). O número efetivo de fundadores (182) representou <25% do total (f=734), e 27 dos ancestrais efetivos (fa=74) dos 557 identificados explicaram 50% da composição genética do rebanho, evidenciando gargalo genético e uso desbalanceado de reprodutores. O índice de conservação genética médio foi de 6,85% nos machos e 5,56% nas fêmeas, refletindo maior concentração de linhagens fundadoras nos reprodutores. Embora a endogamia global esteja controlada, os resultados revelaram erosão gradual da variabilidade genética e risco crescente de acasalamentos endogâmicos. Recomendam-se acasalamentos direcionados à redução do AR, uso mais equilibrado de reprodutores e introdução de linhagens menos aparentadas para ampliar a base genética.

**Palavras-chave:** análise de pedigree; variabilidade genética; endogamia.

**Agradecimentos:** Ao Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria do Uruguai pela concessão dos dados.

# RGA 490 - APLICAÇÃO DE SPLINES QUADRÁTICO-QUADRÁTICOS NA CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE BOVINOS DE CORTE

Leonardo Talavera Campos[1]*; Davi Henrique de Souza Amâncio[2]; Tiago Olivoto[3]

[1,2]Instituto Federal Catarinense - Campus Camboriú. [3]Universidade Federal de Santa Catarina.
*leonardo.campos@ifc.edu.br

A modelagem de relações não lineares é relevante para a caracterização fenotípica e o melhoramento de germoplasmas vegetais e animais, sobretudo quando a resposta altera sua trajetória ao longo de uma variável contínua. Polinômios ordinários podem representar relações não lineares, mas apresentam limitações associadas à multicolinearidade entre termos de diferentes graus e em função do fato de que alterações locais podem afetar toda a curva. Os polinômios segmentados, ou funções spline, constituem uma alternativa por permitirem representar diferentes padrões de resposta em segmentos conectados, mantendo continuidade e suavidade da função. O objetivo do trabalho foi desenvolver e aplicar um modelo spline quadrático-quadrático para caracterizar o efeito da idade da vaca mãe (IV) sobre o peso à desmama (PD) em bezerros de bovinos de corte. A metodologia foi estruturada pela representação da variável explanatória IV em dois segmentos quadráticos conectados por um nó aos sete anos, impondo-se continuidade da função e de sua primeira derivada neste ponto de junção. A formulação permite reunir os registros em um único modelo de regressão mediante uma variável indicadora de segmento, cujo coeficiente representa a diferença de curvatura entre os dois trechos da relação. O procedimento foi aplicado a 20.002 registros de rebanhos de bovinos de corte da raça Angus, criados no sul do Brasil, contendo grupo contemporâneo (GC), idade à desmama, IV e PD. O GC combinou rebanho, ano e estação de nascimento, sexo e grupo de manejo. O modelo apresentou erro-padrão residual de 22,02 kg e $R^2$ ajustado de 0,6912. Os efeitos da idade à desmama, dos componentes linear e quadrático da IV e do termo segmentado foram significativos ($p<0,001$), evidenciando relação não linear e mudança de curvatura entre idade materna e peso à desmama. A abordagem permitiu representar a trajetória fenotípica sem recorrer a polinômios de maior grau, preservando a interpretação biológica dos parâmetros. Os resultados demonstram o potencial dos splines quadrático-quadráticos como ferramenta de caracterização de recursos genéticos animais, particularmente para descrever efeitos maternos relacionados à idade e apoiar a modelagem de caracteres de interesse em bovinos de corte. Conclui-se que os polinômios segmentados constituem alternativa consistente para descrever relações biológicas não lineares e podem contribuir para análises mais realistas de características produtivas em programas de conservação e melhoramento animal.

**Palavras-chave:** Recursos genéticos animais; Peso à desmama; Polinômios segmentados.

**Agradecimentos:** Ao Instituto Federal Catarinense pelo apoio institucional.

# RGA 502 - ESTRUTURA POPULACIONAL DE PORCOS MOURA E CRIOLLO ARGENTINO DE MISIONES EM COMPARAÇÃO A RAÇAS COMERCIAIS

Karine Aparecida Rodrigues de Souza[1]; Rafaela Longo[2]*; Darilene Ursula Tyska[1]; Idael Matheus Góes Lopes[3]; Marcelo Dourado de Lima[3]; Juliana Sperotto Brum[2]; Marson Bruck Warpechowski[2]; José Braccini Neto[1]

[1]Universidade Federal do Rio Grande do Sul. [2]Universidade Federal do Paraná. [3]Universidade Federal de Minas Gerais. *rafaelalongo@ufpr.br

As raças suínas localmente adaptadas constituem importantes recursos genéticos animais, cuja caracterização auxilia a conservação da diversidade genética. O conhecimento da estrutura populacional e das relações genéticas entre populações localmente adaptadas e raças comerciais permite compreender sua diferenciação e ancestralidade compartilhada. O objetivo do estudo foi avaliar as relações genéticas entre suínos das raças Moura e Criollo Argentino de Misiones e das raças comerciais Duroc, Landrace, Large White e Pietrain. O banco de genótipos incluiu 75 suínos Moura e oito animais de cada uma das raças Duroc, Landrace, Large White e Pietrain, além de dados de 361 animais obtidos do repositório digital Dryad. Após a integração dos bancos e o controle de qualidade, foram avaliados 468 animais de seis raças, considerando 40.555 SNPs autossômicos. A estrutura populacional foi avaliada por análise de componentes principais (PCA), no PLINK v1.9, e a ancestralidade pelo ADMIXTURE (K=2-6), nos cromossomos 2 e 7. A PCA evidenciou grupos distintos para Duroc e Landrace e maior proximidade entre Large White e Pietrain. As raças Moura e Criollo Argentino de Misiones agruparam-se na região central da PCA, distantes dos grupos comerciais, e não se separaram mesmo com a inclusão do terceiro componente. Com o ADMIXTURE, houve evidência de compartilhamento de ancestralidade entre Moura e Duroc em K=2-4 no cromossomo 2; e entre Criollo Argentino de Misiones, Large White e Pietrain em K=2-3 no cromossomo 7. Em K=6, Moura e Criollo Argentino de Misiones apresentaram evidências de ancestralidade comum em ambos os cromossomos, embora não constituíssem grupo homogêneo. Os resultados evidenciam proximidade genética entre Moura e Criollo Argentino de Misiones, bem como ancestralidade compartilhada com diferentes raças comerciais, contribuindo para a caracterização e conservação desses recursos genéticos suínos.

**Palavras-chave:** diversidade genética; distância genética; porcos crioulos.

**Agradecimentos:** Ao Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia, pelas amostras de DNA dos suínos Moura; à CAPES e ao CNPq (303263/2021-0), pelo financiamento e bolsa; à Embrapa Suínos e Aves, à Universidade de Passo Fundo (UPF), à Universidade Federal do Paraná (UFPR) e à Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS), pelo apoio institucional; e à Denyse Galvão Leite (IAPAR), à Maria Marta Loddi (UEPG) e aos Guardiões de Porcos Moura no Sul do Brasil pela colaboração.

# RGA 513 - CONTRIBUIÇÃO DE REPRODUTORES E CONSANGUINIDADE COMO INDICADORES DA DIVERSIDADE GENÉTICA EM REBANHOS PURUNÃ

Pamela Carla Machado[1]*; Fernando Andrade Souza[1]; Alexandre Leseur dos Santos[1]; José Luis Moletta[2]; Rafaela Martins[3]; Bruno Ambrozio Galindo[4]

[1]Universidade Federal do Paraná (UFPR). [2]Instituto de Desenvolvimento Rural do Paraná (IDR-Paraná). [3]Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG). [4]Universidade Estadual do Norte do Paraná (UENP). *pamcarlamac@gmail.com

A raça Purunã, desenvolvida no Paraná a partir das raças Charolês, Caracu, Angus e Canchim, destaca-se pelo potencial para produção de carne, habilidade materna e qualidade de carcaça. Sua conservação depende não apenas do número de animais, mas da variabilidade genética transmitida entre gerações, influenciada pela estrutura de acasalamento. O plantel possui histórico de avaliações produtivas e reprodutivas e amplo arquivo genealógico ainda pouco explorado. Objetivou-se estimar indicadores de diversidade e de consanguinidade em machos Purunã. Foram avaliados 804 machos nascidos entre 2001 e 2023, identificados em arquivo genealógico de 17.888 registros contendo o número de registro do animal, do pai e da mãe. Vínculos inconsistentes foram considerados desconhecidos. Ancestrais citados como pai ou mãe, mas sem registro próprio no arquivo, foram acrescentados como fundadores, elevando o pedigree a 18.304 animais. Estimaram-se a contribuição proporcional por reprodutor, o número efetivo de reprodutores, o intervalo de gerações e o coeficiente de consanguinidade (F), no pacote optiSel no software R. Os 804 machos descenderam de 180 touros, porém o número efetivo de reprodutores foi de 23,8. Os cinco maiores contribuintes responderam por 32,4% da progênie, enquanto um único touro contribuiu com 16,9%; 50 touros (28%) deixaram apenas um filho. O intervalo de gerações pai-filho foi de 7,38 ± 3,74 anos. A consanguinidade média foi de 4,96%, com 23,8% dos animais endogâmicos, F médio de 20,87% entre estes e máximo de 46,88%. Observou-se que 101 animais tiveram o mesmo touro como pai e avô materno, e 60, em três gerações consecutivas da linha materna. A diferença entre 180 touros utilizados e 23,8 efetivos indica concentração da contribuição paterna. Esses resultados devem ser interpretados com cautela, pois a raça foi estabelecida em 1996, e a base fundadora restrita de uma raça recente contribui para a concentração observada. Além disso, o pedigree apresentou 2,26 gerações completas equivalentes, medida de profundidade genealógica em que 1 corresponde aos pais e 2 aos quatro avós, de modo que parentescos mais antigos não são detectados e os valores de F representam estimativas mínimas. A consanguinidade estimada fornece referência inicial para o acompanhamento da população e reforça a importância de estratégias de acasalamento que promovam o uso equilibrado dos reprodutores.

**Palavras-chave:** bovino composto, pedigree, reprodutores efetivos.

**Agradecimentos:** ao IDR-Paraná pela concessão dos dados.

# RGA 514 - AVALIAÇÃO E RENDIMENTO DE CORTES E PRODUTOS PROCESSADOS DE SUÍNOS DA RAÇA MOURA

João Carlos Martins[1]; Sebastião Ferreira Magagnin[2]; Charles Ortiz Novinski[3]; Fabián Domingues[1]*; Marson Bruck Warpechowski[1]

[1]Universidade Federal do Paraná (UFPR); [2]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC); [3]CR_Agro Consultoria Agropecuária. *fabianelosta@gmail.com

A suinocultura brasileira busca valorizar raças autóctones que atendam aos mercados de carne *premium*. O porco Moura é uma raça naturalizada do Sul do Brasil caracterizada por sua rusticidade, além de excelente marmoreio, que confere alta qualidade tecnológica. Diante do intuito de agregar valor, o objetivo deste estudo foi avaliar o rendimento de carcaça, a distribuição de cortes, bem como o comportamento físico-industrial de cortes submetidos à salga, coloração e defumação. O estudo foi conduzido no contexto de processamento da empresa CR Agro em parceria com a Indústria Defumados Ganchinho, em Curitiba (PR). Foram avaliados dados de 35 animais da raça Moura abatidos de agosto de 2024 a janeiro de 2025, considerando os dados de peso vivo, peso de carcaça estimada por soma de cortes, além dos rendimentos quantitativos de cortes primários, nobres, secundários e de menor valor comercial. Também, foram realizados testes-piloto industriais para monitorar o rendimento e a quebra de peso de *pancettas* submetidas a diferentes períodos de salga (3 e 6 dias) e de joelhos suínos divididos em três lotes de salga (3, 6 e 9 dias), mantendo-se constantes as etapas de lavagem, banho com corante natural de urucum hidrossolúvel e defumação a vapor a 82 °C por seis horas. Os resultados globais indicaram uma média de rendimento de carcaça de 76,45%. Entre os cortes primários, o pernil e a paleta destacaram-se em volume, com 18,79 kg (17,97%) e 10,73 kg (9,16%), respectivamente, enquanto a costela apresentou média de 4,37 kg (4,13%). Os cortes nobres inseridos no mercado *gourmet* demonstraram excelente aproveitamento tecnológico, com médias para o joelho (4,08%), ancho steak (3,95%), prime rib (3,92%), t-bone (3,42%), pancetta (4,16%) e entremeado (4,83%). Nos testes-piloto de processamento, observou-se que o tempo de salga interfere de forma direta na quebra total do produto: a *pancetta* apresentou quebra total de 14,72% com 3 dias de salga e 18,52% com 6 dias, ao passo que os joelhos registraram uma quebra média global de 15,47% ao final do processo combinado de salga e defumação. Conclui-se que o aproveitamento industrial de suínos da raça Moura é viável e altamente rentável para a obtenção de cortes nobres e embutidos defumados padronizados, agregando valor econômico significativo à suinocultura conservacionista e regional.

**Palavras-chave**: recursos genéticos animais, valor agregado, raça crioula.

**Agradecimentos**: Ao estabelecimento Defumados Ganchinho, pela colaboração na execução deste trabalho. Parte do TCC do primeiro autor no Curso de Zootecnia da UFPR.

# RGA 518 - VARIAÇÃO GENÉTICA E CORRELAÇÕES ENTRE ESCORES DE EXPRESSÃO RACIAL, APRUMOS E SEXUALIDADE À DESMAMA EM BOVINOS NELORE

Simone Soares Chaves da Silva[1]*; Lucio Flavio Macedo Mota[2]; Denyus Augusto de Oliveira Padilha[3]; William Koury Filho[4]; Rodrigo de Almeida Teixeira[1]; Laila Talarico Dias[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Zootecnia (PPGZ) - Universidade Federal do Paraná. [2]Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP. [3]Department of Animal and Dairy Science, University of Georgia. [4]BrasilcomZ- Zootecnia Tropical LTDA.
*zootec.simone@gmail.com

Os escores visuais de expressão racial (R), aprumos (A) e sexualidade (S) reúnem atributos morfológicos e funcionais relevantes para identificação de bovinos com padrão racial, estrutura locomotora funcional e desenvolvimento sexual adequados. Mas, a inclusão nos programas de melhoramento depende da variabilidade e associações genéticas entre essas características. Logo, objetivou-se estimar a herdabilidade e as correlações genéticas para R, A e S, em bovinos Nelore avaliados à desmama. Foram usados fenótipos de 4.399 animais pertencentes à fazenda Nelore Jandaia (Santa Vitória/MG), avaliados entre 2021 e 2025, e informações genealógicas de 6.617 animais. Foram mantidos animais com idade entre 120 e 360 dias e peso à desmama entre 100 e 350 kg, totalizando 3.954 animais, filhos de 163 touros e de 1.757 vacas. A estimação das (co)variâncias e dos parâmetros genéticos foi realizada por meio de modelo animal multicaracterística, por inferência bayesiana, utilizando o programa GibbsF90+, com uma cadeia com 1,5 milhão de iterações, com descarte das primeiras 50 mil iterações (burn-in) e amostragem a cada 50, resultando em 29 mil amostras posteriores, a partir do modelo: $y = X\beta + Za + e$, em que y: vetor de R, A e S; β: vetor de efeitos fixos (sexo, mês, ano de nascimento e família, e efeitos linear e quadrático de idade e peso à desmama (covariáveis)); a: vetor de efeitos genéticos aditivos diretos; X e Z: matrizes de incidência para cada efeito; e e: vetor de efeitos residuais. As estimativas de herdabilidade variaram de baixa a moderada: 0,16 ± 0,07 (R), 0,07 ± 0,02 (A) e 0,17 ± 0,04 (S). As correlações genéticas foram positivas e de alta magnitude entre R e A (0,78 ± 0,13), R e S (0,90 ± 0,08) e A e S (0,76 ± 0,01). Isso indica que as características apresentam associação genética e a seleção para uma delas pode promover respostas favoráveis correlacionadas nas demais. Portanto, expressão racial, aprumos e sexualidade apresentam potencial para integrar critérios de seleção morfológica à desmama em bovinos Nelore, desde que sua ponderação considere os objetivos específicos do programa de melhoramento.

**Palavras-chave:** correlação genética; herdabilidade; seleção morfológica.

**Agradecimentos:** À fazenda Nelore Jandaia pela concessão dos dados e à Universidade Federal do Paraná pelo suporte à pesquisa.

# RGA 533 - ESTRESSE OXIDATIVO E COMPORTAMENTO DE PORCOS MOURA EM DOIS SISTEMAS DE ENGORDA

Fernanda Catarina Krug[1]; Juliana Sperotto Brum[1]; Marson Bruck Warpechowski[1]*

[1]Universidade Federal do Paraná (UFPR). *marson@ufpr.br

Para avaliar o comportamento e o estresse oxidativo de porcos crioulos da raça Moura, em criatório institucional na região metropolitana de Curitiba, PR, 24 porcos (61,7 +/- 6,8 kg), balanceados por sexo, peso e linhagem, foram alocados em baias de 5,16 $m^2$ (quatro lotes mistos de três suínos) e em piquetes rotacionados de azevém de 212,4 $m^2$ (dois lotes mistos de seis suínos) por 14 dias, com arraçoamento duas vezes ao dia e água à vontade. Foi registrado o comportamento individual (oito intervalos de cinco minutos, iniciando 30 minutos após o arraçoamento matinal), nos períodos inicial (dias 1 e 2) e final (dias 13 e 14), classificando como positivos (+1) (interação amigável, vocalização positiva, cavar, pastejar, banho de lama, descanso, estado de atenção), neutros (zero) (beber, buscar cocho, defecar, micção, coçar) e negativos (-1) (interações agonísticas, vocalização negativa, tensão, morder ou fuçar baia, raspar focinho), cuja média de observações gerou um escore (EComp). Foi medido e calculado o índice de temperatura e umidade (ITU) em cada período e sistema. A saliva foi coletada com cordões de algodão, em cada período, para análise dos biomarcadores ROS (espécies reativas a oxigênio), T-AOC (atividade antioxidante total) e peroxidação lipídica (TBARS). Foi utilizada ANOVA com efeitos de sistema, período e interações, e correlação de Spearman (5%). A temperatura média (ºC) foi de 20 ± 2 no confinamento e 25 ± 4 ao ar livre. O ITU foi de 66 ± 3 e 67 ± 3 no confinamento e de 71 ± 5 e 74 ± 6 ao ar livre, respectivamente para os períodos inicial e final. Não houve interações significativas ($p>0,19$). O EComp foi maior ao ar livre (0,85 ± 0,04 vs. 0,12 ± 0,04; $p<0,001$), no qual pastejar e cavar o solo com o focinho ocuparam mais de 40% do repertório e houve 6 vezes menos interações agonísticas. O ROS foi maior ao ar livre (1,13 ± 0,06 vs. 1,07 ± 0,11; $p<0,02$). O T-AOC tendeu a ser maior ao ar livre (184,8 ± 202,9 vs. 114,6 ± 73,9 µM; $p<0,06$) e não houve diferença para TBARS (5,55 ± 6,30 vs. 4,68 ± 3,25 nmol/mL; $p>0,57$). A correlação foi negativa entre EComp e ITU ($\rho = -0,56$; $p<0,001$) e entre ROS e ITU (-0,39, $P<0,01$), e positiva entre ROS e EComp ($\rho = 0,41$; $p<0,01$). Os porcos Moura apresentaram capacidade de adaptação aos dois sistemas avaliados, sem distúrbios importantes perceptíveis, mas com evidente maior bem-estar ao ar livre e com temperaturas mais amenas. Em geral, os resultados dos indicadores metabólicos estão dentro da faixa de valores conhecidos para suínos em situação saudável.

**Palavras-chave:** capacidade antioxidante, raças nativas, recursos genéticos animais.

**Agradecimentos:** Equipe de alunos do Projeto Porco Moura - UFPR, e IMUNOVA Análises Biológicas Ltda. Trabalho de Mestrado da primeira autora no PPG Zootecnia, UFPR.

# RGA 534 - COMPATIBILIDADE DOS SISTEMAS DE CRIAÇÃO DE SUÍNOS MOURA COM NORMATIVAS SANITÁRIAS E AMBIENTAIS NO SUL DO BRASIL

Kaline Alessandra Lima de Sá[1]; Maria Marta Loddi[2]; Juliana Sperotto Brum[1]; João Humberto Teotonio de Castro[3]; Marson Bruck Warpechowski[1]*

[1]Universidade Federal do Paraná (UFPR), [2]Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG), [3]Agência de Defesa Agropecuária do Paraná (ADAPAR). *marson@ufpr.br

A conservação e valorização comercial de raças crioulas, como a raça de porcos Moura, dependem da manutenção de sistemas tradicionais de criação, que têm características muito diferentes dos sistemas comerciais intensivos considerados na elaboração das normas sanitárias e ambientais. Para avaliar a compatibilidade com as principais normativas estaduais, foram obtidas, entre 2021 e 2024, informações detalhadas de 64 criadores da raça Moura (78% no Paraná). Foram contabilizados 2.297 animais, com média de 39 animais por criatório, incluindo 380 matrizes e 90 cachaços (1:4,2 machos por fêmea). A média foi de 5,94 matrizes por criador, tendo 55% dos plantéis de até três porcas, 85% até dez e 92% até 22 porcas. A densidade média foi de 9,14 suínos/ha e 1,95 reprodutores/ha para criatórios particulares, e de 37,70 suínos/ha e 6,10 reprodutores/ha para institucionais. Com base nas características estruturais e de rebanho, apenas 20% dos criatórios se enquadraram em uma das classificações de sistema descritas na Resolução nº 15/2020 da SEDEST-PR. A tentativa de enquadramento nas classificações da norma sanitária vigente á época no Paraná (Portaria 265/2018 ADAPAR), bem como das normas sanitárias e ambientais de Santa Catarina e Rio Grande do Sul, também resultaram em incompatibilidade para a maioria das criações avaliadas. As informações desta pesquisa foram úteis para a elaboração conjunta com UFPR e UEPG, do texto para a Portaria nº 205/2025 da ADAPAR, Paraná, definindo critérios de biosseguridade básica específica para cadastro de estabelecimentos comerciais de porte micro (até 3 matrizes) e mínimo (até 22 matrizes), que não se enquadram na descrição de sistema intensivo confinado industrial, incluindo as criações tradicionais ao ar livre de raças crioulas. Conclui-se que o pequeno tamanho dos plantéis, a baixa densidade animal, o tipo de estruturas físicas e de equipamentos, bem como a grande diversidade dos sistemas estudados dificultam o enquadramento dos criatórios de porcos Moura e de outras raças crioulas nas normativas vigentes elaboradas apenas com vistas aos sistemas intensivos confinados, com prejuízo para a conservação dos recursos genéticos e a sustentabilidade econômica dos sistemas de criação tradicionais e outros sistemas alternativos de criação ao ar livre de base agroecológica.

**Palavras-chave:** agrobiodiversidade; conformidade sanitária e ambiental; recursos genéticos animais.

**Agradecimentos:** Parte de tese de doutorado da primeira autora no PPG Zootecnia, UFPR (bolsista CAPES-DS). Aprovado no CEP/CHS UFPR (Parecer 5.617.247, 31/08/2022).

# RGA 541 - REGIÕES RICAS EM HETEROZIGOSIDADE REVELAM ILHAS GENÔMICAS CANDIDATAS À ADAPTAÇÃO NA RAÇA CARACU

Gustavo H. C. Borges[1]*; Eula R. Cararra[2]; Tainara L. S. Soares[1]; Viviane Ligori[1]; Rogério R. Vicentini[2]; Lenira E. F. Zadra[2]

[1]Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho - FCAV, Jaboticabal-SP. [2]Instituto de Zootecnia, Sertãozinho-SP. *gustavo.c.borges@unesp.br

A identificação de regiões genômicas caracterizadas por elevada diversidade genética constitui uma importante abordagem para investigar mecanismos relacionados à manutenção de variantes e à adaptação de raças localmente adaptadas. Nesse contexto, este estudo teve como objetivo identificar regiões ricas em heterozigosidade (HRRs) no genoma de bovinos da raça Caracu e caracterizar os genes localizados em regiões com elevada concentração dessas assinaturas. Foram avaliados 935 animais genotipados com o painel *GGP Bovine 100K*, após controle de qualidade com *call rate* mínimo de 90% para indivíduos e marcadores, resultaram em 84.200 SNPs, utilizando o programa *PLINK*. As HRRs foram identificadas com o pacote detectRUNS, considerando mínimo de 20 SNPs, comprimento mínimo de 500 kb, distância máxima entre SNPs de 1 Mb, máximo de dois marcadores homozigotos e máximo de um marcador ausente. Foram identificadas 9.011 HRRs, com média de 9,63 ± 2,99 regiões por animal, 22,28 ± 2,70 SNPs por HRR e comprimento médio de 0,70 ± 0,16 Mb. A menor HRR foi observada no cromossomo 14, com 20 SNPs, e a maior no cromossomo 7, com 42 SNPs. A diversidade genética baseada em HRRs (DHRR) foi estimada pela proporção do genoma autossômico coberto por essas regiões. Adicionalmente, a frequência de ocorrência de cada SNP nas HRRs foi utilizada para identificar *outliers* dentro de cada cromossomo, sendo considerados candidatos aqueles acima do limite superior definido pela distribuição em *boxplot*. Foram identificados 199 SNPs *outliers* e, considerando regiões com pelo menos 25 SNPs *outliers* consecutivos, foram detectadas três ilhas de HRR, sendo duas no cromossomo 2 e uma no cromossomo 28. Essas ilhas apresentaram 28, 27 e 29 SNPs e abrangeram 916,2, 651,6 e 925,5 kb, respectivamente. A anotação na montagem ARS-UCD1.2 identificou 12 genes sobrepostos às ilhas, incluindo *RAB3GAP1, MAP3K19, CCNT2, ACMSD, TMEM163, GPR39, SLC35F5, ACTR3, NRBF2, JMJD1C, MIR1296* e *REEP3*. A identificação dessas regiões evidencia a presença de segmentos genômicos com elevada heterozigosidade na população Caracu e aponta regiões candidatas à manutenção de variantes genéticas potencialmente relevantes para a adaptação. A caracterização funcional dos genes identificados poderá contribuir para ampliar a compreensão dos mecanismos genéticos envolvidos na manutenção da diversidade e na adaptação da raça Caracu às condições ambientais tropicais.

**Palavras-chave:** Conservação genética; Diversidade Genética; Regiões Genômicas.

**Agradecimentos:** À CAPES (Código Financeiro 001) pela bolsa. Ao CNPq (Processo número 402491/2023-8) pelo apoio financeiro.

# RGA 542 - DISTRIBUIÇÃO DA ENDOGAMIA ENTRE FAMÍLIAS E MANUTENÇÃO DA DIVERSIDADE GENÉTICA NA RAÇA CARACU

Gustavo Henrique Carvalho Borges[1]*; Eula Regina Cararra[2]; Júlia de Paula Soares Valente[2]; Viviane Ligori[1]; Lenira El Faro Zadra[2]

[1]Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho - FCAV, Jaboticabal-SP. [2]Instituto de Zootecnia, Sertãozinho-SP. *gustavo.c.borges@unesp.br

A manutenção da diversidade genética é fundamental para a conservação e o progresso de raças localmente adaptadas, especialmente em populações submetidas à seleção artificial e com tamanho populacional reduzido. Nesse contexto, este estudo avaliou a estrutura de famílias e a distribuição da endogamia na raça Caracu, buscando investigar se a concentração de endogamia em determinados grupos familiares está associada à redução da diversidade genética da população. O pedigree continha 183.326 animais. Para a definição da população de referência, foram considerados os indivíduos nascidos no último intervalo de gerações (5 anos), e todos os animais conectados a eles por relações de parentesco, resultando em 33.391 animais. A contribuição de fundadores, o intervalo de gerações, a matriz de relacionamento e as análises de parentesco foram obtidos utilizando o programa PEDIG. A partir da matriz de relacionamento, foi construída uma rede de relacionamento considerando os fundadores que, conjuntamente, explicavam 50% da diversidade genética da população. Foram incluídas na rede as conexões com coeficiente de parentesco ≥6,25%, e as famílias foram identificadas pelo algoritmo de *Louvain*. O coeficiente médio de endogamia da população foi de 2,60%, porém observou-se variação entre as famílias, com valores médios de 1,12%, 1,97%, 4,58%, 1,59%, 2,39%, 2,26% e 1,58%, respectivamente. Apesar da maior concentração de endogamia em algumas famílias, a perda estimada de diversidade genética associada às contribuições desiguais dos fundadores foi de apenas 0,34%. Esses resultados indicam que a distribuição da endogamia entre grupos familiares não esteve necessariamente associada a uma perda substancial da diversidade genética em nível populacional. A baixa perda de diversidade observada é particularmente relevante considerando o histórico de seleção artificial e a utilização de programas de melhoramento genético na raça Caracu, condições que podem favorecer contribuições desproporcionais de determinados reprodutores e aumentar o risco de redução da variabilidade genética em populações de tamanho reduzido. Dessa forma, a identificação de famílias com diferentes níveis de endogamia, associada ao monitoramento das contribuições de fundadores, pode constituir uma ferramenta importante para orientar estratégias de acasalamento que conciliem o progresso genético com a conservação da diversidade genética na raça Caracu.

**Palavras-chave:** Conservação genética; Melhoramento Animal; Parentesco.

**Agradecimentos:** À CAPES (Código Financeiro 001) pela bolsa. Ao CNPq (Processo número 402491/2023-8) pelo apoio financeiro.

# RGA 543 - INTEGRANDO CONHECIMENTO DE PESCADORES COMO FONTE DE INFORMAÇÕES SOBRE RECURSOS GENÉTICOS DA ICTIOFAUNA AMAZÔNICA

Catarina de Matos Torres[1]*; Yasmin Moura dos Santos [1]; Natasha Verdasca Meliciano [1]

[1]Instituto de Saúde e Biotecnologia-ISB. *catarinamatostorres@gmail.com

A maior diversidade de peixes de água doce está na bacia Amazônica, com mais de 2.700 espécies registradas, em que 10% são exploradas para pesca, sendo importante o entendimento da ictiofauna da região como recurso genético pesqueiro. Nesse contexto, as coleções biológicas são importantes para a conservação, servindo como fonte de documentação de diversidade e bancos genéticos. Em 2018, criou-se a Coleção de Tecidos Animais Ictiológica do Instituto de Saúde e Biotecnologia da UFAM, visando contribuir com a conservação genética dos peixes amazônicos. Outra estratégia de análise é o etnolevantamento, que busca o conhecimento ictiológico local de populações tradicionais, complementando estratégias de gerenciamento dos recursos genéticos pesqueiros. O objetivo deste trabalho é avaliar e complementar a representatividade da diversidade de peixes presente na CTA_I/ISB - UFAM, pois a integração de informações por diferentes meios ampliará o conhecimento sobre a diversidade esperada para a ictiofauna e o monitoramento pesqueiro, a partir do etnolevantamento com pescadores residentes na região do rio Juma - AM, no âmbito do projeto “Biodiversidade do Coração da Amazônia”, em parceria entre a Fundação Opção Verde (FOV) e o ISB/UFAM. Foram entrevistados 14 moradores com questionário semiestruturado sobre o perfil dos participantes, prática da pesca e o conhecimento sobre a biodiversidade de peixes na região, ao longo de uma semana e 170 km percorridos. Foram entrevistados 9 homens (64%) e 5 mulheres (36%), sendo que 64% (9) alegaram ser pescadores profissionais, 78% (11) não concluíram o ensino fundamental e somente um com o ensino médio completo, com média de moradia de 20 anos na região. No levantamento de biodiversidade local, foram relatadas 63 espécies na região, sendo que 58 são consideradas pesqueiras. Comparando com o acervo depositado na CTA_I/ISB, observou-se que todas as 41 espécies tombadas foram citadas pelos entrevistados como presentes na região. Do total mencionado, 22 espécies foram inéditas no banco de recursos genéticos da coleção, indicando que a região em questão apresenta 53% mais biodiversidade de todo o depósito presente na CTA_I/ISB, que reúne 1.236 espécimes de peixes amazônicos, distribuídos em 41 espécies, 6 ordens e 16 famílias, de oito localidades, abrangendo 938 km de amplitude geográfica. Esse resultado mostra a contribuição da pesquisa para a identificação de espécies ainda não representadas no acervo e indica a necessidade de ampliar a amostragem e a representatividade geográfica e taxonômica da CTA_I/ISB e que estratégias de acesso de informações biológicas, quando combinadas, proporcionam mais informações para o conhecimento de gerenciamento de recursos genéticos.

**Palavras-chave:** Conservação genética; Coleção ictiológica; Etnolevantamento.

**Agradecimentos:** Fundação Opção Verde e ao Instituto de Saúde e Biotecnologia (ISB)/UFAM.

# RGA 556 - TROCA DE SABERES E CONSTRUÇÃO DA IDENTIDADE DE MULHERES GUARDIÃS DE GALINHAS CAIPIRAS NA ZONA DA MATA MINEIRA

Ana Clara Jalles Leite Bordoni Calderaro[1]*; Nayara Lopes de Castro[1]; Camila Raimunda Carvalho dos Santos[1]; Liliam Telles[1]; Indyra Giácomo Monteiro Dias[1]; Marcia Neves Guelber Sales[1]; Roberta da Silva Leite Cardoso[1]; Maria Eduarda Alves Paixão[1]

[1]Centro de Tecnologias Alternativas da Zona da Mata (CTA-ZM). *anaclara.ctazm@org.br

O trabalho com a criação agroecológica de galinhas caipiras faz parte de um processo contínuo de acompanhamento e fortalecimento das mulheres agricultoras da Zona da Mata de Minas Gerais, desenvolvido pelo Centro de Tecnologias Alternativas da Zona da Mata (CTA-ZM). Nesse percurso, a troca de saberes e a valorização dos conhecimentos construídos nos quintais são fundamentais para fortalecer a criação e o reconhecimento das mulheres como guardiãs das variedades crioulas. Este trabalho apresentou a experiência do primeiro módulo de um ciclo de formações, que buscou discutir o significado de ser guardiã e valorizar os saberes das agricultoras. Foram utilizadas metodologias participativas, como mística, dinâmicas em grupo, sistematização de tarjetas, teatro do oprimido, construção do ciclo da galinha, levantamento de recursos locais e observação direta das aves. As agricultoras compartilharam o que significa criar galinhas, relacionando essa prática ao amor, ao cuidado, à terapia, à autonomia e à preservação dos costumes. No levantamento dos recursos locais, citaram alimentos como milho crioulo, mandioca e banana, além de plantas utilizadas no cuidado das aves, como alho, açafrão e hortelã. Na atividade sobre o ciclo da galinha, identificaram problemas de saúde e predadores que ameaçam os animais em diferentes fases da vida. A observação direta das aves permitiu discutir possíveis indícios de mestiçagem, como penas nas canelas, topete elevado, crescimento acelerado e ausência de choco, relacionando essas características à conservação das variedades crioulas. As conversas também revelaram desafios, como a disputa pelo espaço nos quintais, a dependência de insumos externos e as ameaças decorrentes do uso de venenos nos territórios. Algumas agricultoras relataram que ainda não se reconheciam como guardiãs de galinhas caipiras. A partir das atividades e da partilha de experiências, a criação passou a ser discutida não apenas como uma atividade produtiva, mas também como prática de cuidado, preservação de conhecimentos e conservação da agrobiodiversidade. A experiência reforça a importância de manter espaços contínuos de formação e troca de saberes, nos quais as mulheres possam reconhecer o valor de suas práticas, fortalecer sua identidade de guardiãs e construir coletivamente caminhos para a continuidade da criação agroecológica.

**Palavras-chave**: Agroecologia; Mulheres guardiãs; Galinhas caipiras crioulas.

# RGA 557 - GUARDIÃS DE GALINHAS CAIPIRAS CRIOULAS: INTERCÂMBIO DE SABERES E CONSERVAÇÃO DA AGROBIODIVERSIDADE NA 17ª TROCA DE SABERES

Ana Clara Jalles Leite Bordoni Calderaro[1]*; Nayara Lopes de Castro[1]; Camila Raimunda Carvalho dos Santos[1]; Liliam Telles[1]; Indyra Giácomo Monteiro Dias[1]; Marcia Neves Guelber Sales[1]; Roberta da Silva Leite Cardoso[1]; Maria Eduarda Alves Paixão[1]

[1]Centro de Tecnologias Alternativas da Zona da Mata (CTA-ZM). *anaclara.ctazm@org.br

A criação de galinhas caipiras crioulas contribui para a soberania alimentar, a autonomia das mulheres agricultoras e a conservação dos recursos genéticos animais. Entretanto, a substituição dessas aves por linhagens comerciais ameaça a diversidade genética e os conhecimentos tradicionais associados à criação. Este trabalho relata o intercâmbio realizado durante a 17ª Troca de Saberes, em Viçosa (MG), encontro de diálogo entre saberes populares e acadêmicos, que reuniu guardiãs da Zona da Mata Mineira, da Paraíba, de São Paulo e da Bahia. O objetivo foi valorizar seus conhecimentos, compartilhar experiências e fortalecer a conservação das galinhas crioulas. Por meio de metodologias participativas, foram realizadas uma atividade autogestionada e discussões nos espaços da Peneirinha e do Peneirão. Na atividade autogestionada, dedicada ao significado de ser guardiã, foram construídos acordos coletivos: evitar cruzamentos com galos de linhagens comerciais, identificar novas guardiãs, observar a procedência dos ovos compartilhados e priorizar alimentos agroecológicos e livres de transgênicos. Também houve reconhecimento público das agricultoras, com entrega de placas de identificação de seus nomes e territórios. Na Peneirinha, espaço temático de debate e elaboração de propostas sobre criação animal agroecológica, foram apontados desafios como a substituição das aves crioulas por linhagens comerciais, a perda de raças e saberes tradicionais, a falta de políticas públicas para acesso a animais e sementes crioulas, a dependência de insumos externos, as dificuldades relacionadas à legislação sanitária e à comercialização, além dos impactos da mineração, do desmatamento e do uso de venenos. Nesse espaço, foi anunciada a criação do Coletivo de Guardiãs de Galinhas Caipiras Crioulas da Zona da Mata de Minas Gerais. No Peneirão, plenária geral da Troca de Saberes, foram apresentadas propostas para mapear as guardiãs e as variedades conservadas, fortalecer o abastecimento alimentar da criação com produtos da agricultura familiar e discutir normas sanitárias adequadas à realidade da produção familiar agroecológica. O intercâmbio fortaleceu a articulação entre agricultoras de diferentes regiões do Brasil e evidenciou que conservar galinhas crioulas envolve preservar recursos genéticos e conhecimentos tradicionais, reconhecer o protagonismo das mulheres e construir estratégias coletivas em defesa da agrobiodiversidade.

**Palavras-chave:** Galinhas caipiras crioulas; Agrobiodiversidade; Mulheres agricultoras.

CBRG

# IX Congresso Brasileiro de RECURSOS GENÉTICOS

Recursos Genéticos e Biotecnologia:
biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria

**10 a 13 de novembro de 2026**
Florianópolis - SC

## Resumos da ÁREA DE MICRORGANISMOS



## 7.3. Recursos genéticos da área de microrganismos

### RGM 025 - DIVERSIDADE BACTERIANA DO SOLO EM SISTEMA DE PLANTIO DIRETO COM DIFERENTES CULTIVOS DE VERÃO E INVERNO

Leonardo Khaoê Giovanetti[1]*; Edenilson Meyer[2]; Lucas Raimundo Rauber[1]; Claudinei Kurtz[1]; Arcangelo Loss[2]; Jucinei José Comin[2]; Paulo Emílio Lovato[2]

[1]EPAGRI. [2]UFSC. *leonardo.oliveira@epagri.sc.gov.br

A diversidade bacteriana do solo é um indicador de qualidade do sistema, sendo que sua composição e funcionalidade podem variar de acordo com as espécies vegetais presentes, principalmente em sistema de plantio direto de hortaliças (SPDH) que faz uso permanente da cobertura do solo. Este estudo avaliou a diversidade bacteriana do solo sob diferentes sucessões de cultivos de verão e inverno em SPDH de cebola de longo prazo. O trabalho foi conduzido na estação experimental da Epagri em Ituporanga (27º24'52"S, 49º 36'9"O, altitude de 475 m), em experimento conduzido em SPDH desde 2009. Os tratamentos foram aveia-preta (AV)/mucuna-preta(MP), nabo-forrageiro (NF)/MP, AV+NF/MP, pousio/MP, AV/soja, NF/milheto, AV+NF/feijão e pousio/milho, no inverno e verão, respectivamente, com cebola na primavera, em blocos completos casualizados, com quatro repetições (25 $m^2$). Os quatro primeiros sistemas são conduzidos com essas sequências desde 2009 e os demais seguiam está sequência e tiveram as culturas de verão alteradas em 2019. Foram coletadas amostras de solo aderido às raízes no inverno de 2024 (julho) e no verão de 2025 (março). A diversidade bacteriana foi caracterizada por sequenciamento de nova geração (Illumina), usando a região V4 do gene 16s, com os primers 515F/806R. As ASVs foram comparadas com a versão 138.2 do banco de dados Silva. Foram encontradas 6.711 ASV. A diversidade bacteriana do solo mostrou-se estável entre os distintos sistemas e estações avaliadas, evidenciando a resiliência de um sistema de plantio direto de cebola consolidado. Não houve diferença na riqueza e diversidade entre os tratamentos e as estações avaliadas que variaram entre 233 e 300 no verão e entre 210 e 310 ASV no inverno. Foram encontrados 24 filos, 40 classes, 40 ordens, 40 famílias e 40 gêneros, com predominância de Proteobacteria, Alphaproteobacteria, Rhizobiales, Xanthobacteraceae e *Vicinamibacteracea*, na respectiva sequência. O predomínio de Proteobacteria e Rhizobiales indica funcionalidade bacteriana benéfica, provavelmente devido ao elevado aporte de resíduos vegetais. Entretanto, até 21,4% das ordens, 44,4% das famílias e 60,5% dos gêneros não foram classificados, o que indica a necessidade de estudos adicionais para elucidar a diversidade microbiana associada ao SPDH. Conclui-se que o sistema de SPDH de cebola de longo prazo promove a manutenção de uma comunidade bacteriana diversa e estável, independentemente das sucessões de cultivos de verão e inverno utilizadas.

**Palavras-chave:** *Allium cepa*, longo prazo, sequenciamento de nova geração.

**Agradecimentos:** Capes, CNPq, FAPESC, EPAGRI.

# RGM 026 - DIVERSIDADE FÚNGICA DO SOLO EM SISTEMA DE PLANTIO DIRETO COM DIFERENTES CULTIVOS DE VERÃO E INVERNO

Leonardo Khaoê Giovanetti[1]*; Edenilson Meyer[2]; Lucas Raimundo Rauber[1]; Claudinei Kurtz[1]; Arcangelo Loss[2]; Jucinei José Comin[2]; Paulo Emílio Lovato[2]

[1]EPAGRI. [2]UFSC. *leonardo.oliveira@epagri.sc.gov.br

A diversidade fúngica do solo é um importante indicador de qualidade do sistema; sua composição e funcionalidade podem variar com as espécies presentes, principalmente em sistema de plantio direto de hortaliças (SPDH) que faz uso permanente da cobertura do solo. Este estudo avaliou a diversidade fúngica do solo sob diferentes sucessões de cultivos de verão e inverno em um SPDH de cebola de longo prazo. O trabalho foi conduzido na estação experimental da Epagri em Ituporanga (27º24'52"S, 49º 36'9"O, altitude de 475 m), em área conduzida em SPDH desde 2009. Os tratamentos foram aveia-preta (AV)/mucuna-preta (MP), nabo-forrageiro (NF)/MP, AV+NF/MP, pousio/MP, AV/soja, NF/milheto, AV+NF/feijão e pousio/milho, no inverno e verão, respectivamente, com cebola na primavera, em blocos completos casualizados, com quatro repetições. Os quatro primeiros sistemas são conduzidos com essas sequências desde 2009 e os demais seguiam essa sequência e tiveram os cultivos de verão modificados em 2019. Foram coletadas amostras de solo aderido às raízes no inverno de 2024 (julho) e no verão de 2025 (março). A diversidade fúngica foi caracterizada por sequenciamento Illumina da região ITS do gene 18s com os primers ITS1F/ITS2R, e as ASVs foram comparadas com a versão 10.0 do banco de dados UNITE. Foram encontradas 1.060 diferentes ASV. A riqueza não diferiu entre os tratamentos dentro de cada estação, variando entre 200 e 236 e 188 e 272 no verão e no inverno, respectivamente. A presença de MP no verão aumentou o número de ASV em relação ao inverno, o que sugere que essa espécie vegetal estimula grupos fúngicos específicos e indica a necessidade de estudos mais detalhados. Foram classificadas seis filos, 13 classes, 30 ordens, 38 famílias e 39 gêneros, com predominância de Ascomycota, Sordariomycetes, Hypocreales, Nectriaceae e *Ilyonectria*, respectivamente. Esses grupos são comuns em solos agrícolas e estão associados à decomposição de resíduos vegetais. Até 40,7% das ordens, 62,6% das famílias e 72,9% dos gêneros não foram classificados, o que indica a necessidade de estudos adicionais para elucidar a diversidade fúngica associada ao SPDH. Conclui-se que o SPDH de longo prazo promove uma comunidade fúngica estável, com efeitos pontuais das sucessões dos cultivos, principalmente do cultivo de mucuna-preta no verão.

**Palavras-chave:** *Allium cepa*, longo prazo, sequenciamento de nova geração.

**Agradecimentos:** Capes, CNPq, FAPESC, EPAGRI.

## RGM 034 - CARACTERIZAÇÃO TAXONÔMICA E FUNCIONAL DO GÊNERO *Nitrospirillum*

Francisco Matheus Medeiros de Freitas[1]; Natália Ferreira dos Santos[1]; Gabriela Cavalcanti Alves[1]; Veronica Massena Reis[1]; Fernanda dos Santos Dourado[1]; Marcia Reed Rodrigues Coelho[1]; Jerri Édson Zilli[1]

[1]Embrapa Agrobiologia. BR 465 km 7, Seropédica-RJ. CEP: 23891-000.

O gênero *Nitrospirillum* foi recentemente estabelecido a partir da reclassificação de *Azospirillum amazonense*, inicialmente composto apenas por *Nitrospirillum amazonense* e, posteriormente, ampliado com a descrição de *N. iridis*. O Centro de Recursos Biológicos Johanna Döbereiner (CRB-JD) mantém cerca de uma centena de estirpes afiliadas a esse gênero, representando um importante recurso genético utilizado, inclusive, em inoculantes comerciais para a cultura da cana-de-açúcar. Nesse contexto, este estudo teve como objetivo realizar a caracterização taxonômica e funcional de estirpes de *Nitrospirillum* isoladas ao longo de mais de três décadas, principalmente de milho, arroz, cana-de-açúcar e *Brachiaria* spp. Foram realizadas análises filogenéticas com base no gene 16S rRNA, genes housekeeping e genes relacionados à fixação biológica de nitrogênio, desnitrificação e promoção do crescimento vegetal, complementadas por análises genômicas, testes bioquímicos e caracterização fenotípica. Os resultados revelaram a existência de grupos filogenéticos previamente não descritos, constituídos por estirpes provenientes de diferentes hospedeiros e regiões do Brasil. A análise filogenômica embasou a descrição de sete novas espécies do gênero: *N. viridazoti*, *N. bahiense*, *N. guanabarense*, *N. guaranorum*, *N. karajorum*, *N. goiasense* e *N. pindoramense*. A caracterização funcional evidenciou ampla diversidade de mecanismos de promoção do crescimento vegetal entre as espécies, incluindo vias alternativas de biossíntese de auxinas, solubilização de fosfatos de cálcio e de zinco, produção de sideróforos e formação de biofilmes, todos confirmados experimentalmente em laboratório. A produção de auxinas e a solubilização de nutrientes foram as características mais frequentes, enquanto a produção de sideróforos e a formação de biofilmes apresentaram distribuição mais restrita entre as estirpes. Por outro lado, não foi detectada atividade de ACC desaminase. Este estudo amplia significativamente o conhecimento sobre a diversidade taxonômica e funcional do gênero *Nitrospirillum*, fortalece sua importância como recurso genético para a agricultura e disponibiliza à comunidade científica 11 novos genomas de referência.

**Palavras-chave:** FBN; bactérias diazotróficas; promoção de crescimento de plantas.

**Agradecimentos:** FAPERJ; CNPq; UFRRJ; Embrapa.

# RGM 035 - IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR E DELIMITAÇÃO DE ESPÉCIES DE FUNGOS DO GÊNERO *Trichoderma* POR MEIO DE UM PROTOCOLO MOLECULAR ECONÔMICO

Lucas Batista Rocha[1]*; Maria Beatriz Barbosa de Barros Barreto[1]; Francisco Adriano de Souza[2]

[1]Laboratório Integrado de Ficologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, Brasil. [2]Laboratório de Ecologia Microbiana, EMBRAPA Milho e Sorgo, Minas Gerais, Brasil.
*lrocha1996@gmail.com

No contexto do controle biológico de pragas, fungos do gênero *Trichoderma* são amplamente estudados, por conta de suas propriedades micoparasitárias e promoção de crescimento vegetal. Contudo, dentre os requisitos para o registro e comercialização de bioinsumos para agricultura, a identificação do microrganismo envolvido é obrigatória. Abordagens para a identificação destes residem em filogenia de isolados coletados, com o uso de diferentes marcadores moleculares, segundo protocolos moleculares estabelecidos. Esta abordagem, porém, pode ser extremamente custosa, a depender do número de isolados de interesse e da quantidade de marcadores moleculares empregados na filogenia. Este trabalho tem o objetivo de desenvolver uma abordagem eficiente para caracterização genética de fungos do gênero *Trichoderma* por meio de um protocolo molecular econômico, através do estudo da diversidade genética de uma coleção de isolados de *Trichoderma*. Para isso, DNAs de 40 isolados foram submetidos à técnica de ISSR-PCR (PCR cujos primers se anelam em regiões microssatélite, gerando múltiplos fragmentos de tamanhos variados em uma reação) e seus amplicons foram observados por eletroforese em gel 1,5%. Estes perfis genéticos foram analisados por meio de uma matriz binária para o estudo de distância genética através do índice de similaridade de Jaccard, organizando os perfis genéticos em grupos. Um conjunto reduzido dos isolados, em função dos grupos gerados, foi selecionado para filogenia através de sequenciamento das regiões ITS, *rpb*2 e tef-1, seguindo protocolos de filogenia para *Trichoderma* e, posteriormente, foi feito o estudo com métodos de delimitação de espécies para avaliar a diversidade dos isolados. Nossos resultados por ISSR-PCR apresentam 6 grandes perfis genéticos distintos e, observado pela filogenia e pela delimitação de espécies, a identificação desses isolados em 6 espécies diferentes, de modo a demonstrar a eficiência da abordagem de ISSR como uma técnica de estudo de diversidade genética de um espectro macro de isolados de *Trichoderma* com custo reduzido.

**Palavras-chave:** Controle Biológico, ISSR, Filogenia.

**Agradecimentos:** UFRJ, EMBRAPA, CAPES.

# RGM 041 - POTENCIAL DE *Streptomyces* NA PROMOÇÃO DO CRESCIMENTO E BIOCONTROLE DE *Fusarium* EM *FEIJÃO* SOB DÉFICIT HÍDRICO

Giovani Henrique Dias de Oliveira[1]*; Patrícia de Jesus Pontes[1]; Amanda Lemos Ferraz de Almeida[1]; Elisete Pains Rodrigues[1]

[1]Universidade Estadual de Londrina. [1]Laboratório de Genética de Microrganismos (LAGEM), Universidade Estadual de Londrina (UEL). *giovani.henrique@uel.br

A busca por sustentabilidade na agricultura reforça o uso de Bactérias Promotoras de Crescimento de Plantas (BPCP). O gênero *Streptomyces* destaca-se pela produção de fitormônios e indução de tolerância a estresses climáticos, fatores essenciais para o feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*), cujo cultivo enfrenta desafios pela seca. Este trabalho avaliou o potencial multifuncional de isolados de *Streptomyces* (BTM287, BTM289 e BTM291) na promoção de crescimento, tolerância à seca e biocontrole de *Fusarium oxysporum*. O experimento foi conduzido em Fitotron (25 °C, fotoperíodo de 12 h), em delineamento inteiramente casualizado, combinando a presença/ausência do fungo, restrição hídrica e três isolados de *Streptomyces*. Vasos de 750 mL foram preenchidos com vermiculita, areia e Carolina Soil® (1:1:1), recebendo a suspensão do fungo (3,1 × $10^5$ esporos $mL^{-1}$) 24 horas antes do plantio. Sementes de feijão (cultivar IPR Águia) foram desinfetadas (álcool 70% + hipoclorito 2,5%), embebidas por 2 horas nas suspensões (~3,0 × $10^7$ UFC $mL^{-1}$) de cada linhagem (BTM287, BTM289 e BTM291) ou em solução salina (controle), e semeadas. A irrigação foi padronizada a cada 4 dias. Aos 15 dias após a semeadura, impôs-se o déficit hídrico pela suspensão da rega nos vasos designados. Aos 30 dias, na colheita, avaliaram-se, por planta, o comprimento da parte aérea (CPA), o peso fresco da parte aérea (PFPA) e da raiz (PFR). Após secagem em estufa a 60 °C por 4 dias, determinaram-se o peso seco da parte aérea (PSPA) e da raiz (PSR). Os resultados evidenciaram o alto potencial de biocontrole e resistência das actinobactérias. Sob pressão isolada do fungo, o PSPA das plantas inoculadas com as linhagens BTM287 (0,60 g), BTM289 (0,79 g), BTM291 (0,85 g) tiveram aumentos de 15%, 52% e 63%, respectivamente, em relação ao controle com fungo (0,52 g) anulando o dano do patógeno e igualando-se ao controle sem fungo (0,83 g). No cenário mais crítico (Fungo + Seca), o PSPA do controle foi de 0,47 g enquanto as plantas inoculadas com BTM287, BTM289 e BTM291 tiveram entre 0,62 g e 0,65 g de PSPA (aumento de cerca de 32%) igualando-se ao controle sem fungo na condição sem déficit hídrico. De modo semelhante, o PSR nas plantas inoculadas foi maior que no controle com fungo (0,24 g), com destaque para BTM291 (0,38 g) que promoveu um aumento de 58%. Em condição de déficit hídrico, contudo, os tratamentos inoculados não diferiram do controle. Padrões de resposta similares foram observados para as variáveis de massa fresca de parte aérea e raízes e no comprimento das plantas (CPA). A partir dos resultados obtidos, é possível analisar o potencial biotecnológico de *Streptomyces* na promoção do crescimento do feijoeiro e na mitigação de estresses, destacando o gênero como promissor para bioinsumos ecológicos e agricultura sustentável.

**Palavras-chave:** Biocontrole; Promoção do crescimento; Déficit Hídrico.

**Agradecimentos:** Agradeço à UEL, à CAPES, ao PPGBiotec e ao Laboratório de Genética de Microrganismos (LAGEM) pelo suporte e fomento à pesquisa.

# RGM 046 - DIVERSIDADE VEGETAL COMO FONTE DE COMPOSTOS BIOATIVOS COM POTENCIAL ANTIMICROBIANO

Ana Carolina Lopes Francisco de Oliveira[1]*; Robson Marcelo Di Piero[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais. Universidade Federal de Santa Catarina. *anacarolinalfo@gmail.com

A biodiversidade vegetal constitui um importante reservatório de recursos genéticos para seleção de compostos de interesse agrícola. A variabilidade genética entre espécies vegetais resulta em diferentes perfis metabólicos, refletindo em compostos com atividades biológicas distintas. Dessa forma, a avaliação de compostos de origem vegetal representa uma estratégia promissora para a identificação de substâncias com potencial de uso no manejo fitossanitário. Assim, objetivou-se avaliar o potencial antimicrobiano de compostos de origem vegetal sobre *Xanthomonas hortorum* pv. *gardneri*, importante fitopatógeno da cultura do tomate. Foram avaliados 13 óleos obtidos de diferentes espécies vegetais (eucalipto, copaíba, neem, pinho, laranja, lemongrass, cravo, menta, canela, citronela, orégano, tangerina e manjericão). Os óleos foram incorporados ao meio nutriente-ágar na concentração de 0,1% (v/v), utilizando DMSO (0,1% v/v) como solvente. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com 15 tratamentos (13 óleos e dois controles: meio e DMSO; e apenas meio) e cinco repetições. Após a inoculação da suspensão bacteriana ($1 \times 10^4$ UFC $mL^{-1}$), as placas foram incubadas a 25 ± 2 °C por 48 horas e depois, foi realizada a contagem das unidades formadoras de colônia (UFC). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p \leq 0,05$). Os tratamentos apresentaram diferenças significativas quanto à capacidade de inibir o crescimento bacteriano, evidenciando ampla variabilidade no potencial antimicrobiano entre as espécies vegetais avaliadas. Os óleos de canela, cravo, orégano e lemongrass promoveram supressão completa do crescimento bacteriano, enquanto os demais apresentaram diferentes níveis de inibição em relação às testemunhas. Os resultados evidenciam o potencial da biodiversidade vegetal como fonte de compostos bioativos e reforçam a importância da prospecção de recursos genéticos vegetais para a identificação de espécies promissoras no desenvolvimento de alternativas sustentáveis para o manejo de fitopatógenos.

**Palavras-chave:** Atividade antimicrobiana; Óleos essenciais; Mancha-bacteriana.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

# RGM 047 - PERFIL METAGENÔMICO DE LEVEDURAS E BACTÉRIAS DURANTE A FERMENTAÇÃO DE UVAS CABERNET SAUVIGNON EM VINHOS DA REGIÃO DE ALTITUDE DE SANTA CATARINA

Denis Dall Agnolo[1]*; Valdir Marcos Stefenon[1]; Miguel Pedro Guerra[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *denis.dda@gmail.com

A Região de Altitude de Santa Catarina, entre 900 e 1.400 metros, tornou-se polo de excelência vitivinícola, reconhecido pela Indicação Geográfica “Vinhos de Altitude de Santa Catarina” desde 2021. O conceito de *terroir* microbiano amplia a sua abrangência tradicional ao reconhecer que comunidades microbianas nativas também moldam a identidade do vinho, e a fermentação espontânea, por depender dessas populações autóctones, favorece essa expressão e contribui para a tipicidade regional. Nesse cenário, a metagenômica se mostra ferramenta de alta resolução especialmente útil para regiões vitícolas emergentes, pois permite acompanhar comunidades microbianas complexas de difícil estudo pelos métodos tradicionais de cultivo. O objetivo deste estudo foi identificar, de forma pioneira, os principais gêneros de leveduras e bactérias presentes durante a fermentação alcoólica de uvas *Cabernet Sauvignon* na região, buscando reconhecer tendências biológicas e padrões de sucessão microbiana. Amostras de mosto em fermentação espontânea (FE) e inoculada (FI), das safras de 2023 e 2024, foram analisadas por *metabarcoding* das regiões ITS e 16S, com identificação taxonômica por sequenciamento de nova geração. Os resultados mostraram domínio do microbioma fúngico pelos gêneros *Saccharomyces*, *Starmerella*, *Hanseniaspora*, *Pichia, Aureobasidiume* e *Cladosporium*. Na safra de 2024, a FI levou a rápida homogeneização sob domínio de *Saccharomyces*, enquanto a FE manteve maior diversidade e permitiu que leveduras não-*Saccharomyces* persistissem por mais tempo. A comparação entre as safras de 2023 e 2024 não revelou diferenças importantes na composição fúngica entre os anos. Entre as bactérias, predominaram *Komagataeibacter* e *Gluconobacter*, comunidade que se mostrou menos sensível à estratégia fermentativa, embora tenha variado consideravelmente entre safras, apontando possível influência do ciclo agrícola sobre as bactérias. Esses resultados reforçam que a fermentação alcoólica não deve ser vista apenas como processo dominado por *S. cerevisiae*, mas como dinâmica ecológica complexa, em que a persistência de leveduras amplia a riqueza metabólica e contribui para perfis sensoriais distintos. Este estudo representa mapeamento pioneiro, por meio de análise metagenômica, da microbiota fermentativa em vinhos de altitude de Santa Catarina, revelando padrões de sucessão microbiana e oferecendo base biológica para pesquisas futuras sobre a tipicidade regional.

**Palavras-chave:** *Metabarcoding*; *terroir* microbiano; fermentação espontânea.

**Agradecimentos:** à Vinícola Villaggio Bassetti (São Joaquim, SC) pela doação das uvas; à CAPES, pela bolsa de estudos; e à FAPESC, pelo apoio financeiro.

# RGM 056 - ATIVIDADES PROMOTORAS DO CRESCIMENTO DE ISOLADOS ENDOFÍTICOS DE ERVA-MATE (*Ilex paraguariensis*)

Thiago Bet Haag[1]*; Kauane Chicora[2]; Carlos André Stuepp, Jesiane Stefania da Silva Batista[3]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG).[2]Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG). [3]Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG). *thiagobet13@gmail.com

A erva-mate (*Ilex paraguariensis*) representa um importante patrimônio sociocultural e econômico para o Sul do Brasil. Essa relevância contrasta com os desafios produtivos da espécie como baixa qualidade das mudas, baixa eficiência tecnológica e vulnerabilidade às mudanças climáticas. Bactérias promotoras do crescimento de plantas (BPCP) constituem uma biotecnologia sustentável para incremento da produtividade e redução do uso de insumos químicos. O presente estudo objetivou caracterizar bactérias endofíticas isoladas de clones nacionais de erva-mate de alta produção de cafeína. Três estirpes foram selecionadas e, mediante sequenciamento parcial do gene 16S rDNA foram identificadas como *Pantoea* sp. E11, *Enterobacter* sp. E12 e *Enterobacter* sp. E26. Todas demonstraram capacidade de fixação biológica de nitrogênio, produção de sideróforos, compostos indólicos, biofilme e tolerância a estresse osmótico. Quanto à solubilização de fosfato de cálcio (Ca-P), ferro (Fe-P) e alumínio (Al-P), destaque para *Pantoea* sp. E11, que apresentou solubilização precoce e elevada de Ca-P (664 µg P $mL^{-1}$ em 96 h) com acidificação do meio (pH 4,51), além de solubilizar 9,14 µg/mL de fosfato de alumínio. *Enterobacter* sp. E26 solubilizou 588 µg P $mL^{-1}$ de Ca-P e 9,24 µg/mL de Fe-P. A acidificação do meio pelas estirpes (pH mínimo de 3,17) sugere produção de ácidos orgânicos como mecanismo de solubilização, processo fundamental para liberação de fósforo em formas recalcitrantes. A capacidade de solubilizar Fe-P e Al-P é especialmente relevante para solos ácidos típicos da região de cultivo da erva-mate, onde o fósforo encontra-se predominantemente complexado com esses elementos. A atividade da fosfatase ácida foi detectada nas três estirpes, confirmando potencial para mineralização de fósforo orgânico. As três estirpes também demonstraram tolerância ao estresse osmótico induzido por PEG 6000 (-0,49 MPa), mantendo crescimento em condições de déficit hídrico simulado: *Pantoea* sp. E11 manteve 53,3 % do crescimento em relação ao controle após 48 h, *Enterobacter* sp. E12 manteve 70,0 % e *Enterobacter* sp. E26 apresentou 75,3 % de crescimento relativo. A capacidade de crescimento em condições de estresse osmótico aliada ao perfil multifuncional destas estirpes demonstra o seu potencial como bioinoculantes para a produção sustentável da erva-mate, representando avanço biotecnológico adaptado a genótipos brasileiros e às condições edafoclimáticas regionais, com perspectivas de redução da dependência de fertilizantes fosfatados solúveis e melhoria da eficiência nutricional em sistemas de produção de mudas.

**Palavras-chave:** Inoculantes microbianos; atividades promotoras do crescimento vegetal; solubilização de fosfato.

**Agradecimentos:** CAPES; UEPG.

# RGM 057 - MULTIFUNCIONALIDADE DE *Pseudomonas* sp. COMO RIZOBACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO E AGENTES DE BIOCONTROLE

Joyce Fernanda Kielt[1]*; Jesiane Stefânia da Silva Batista[2]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa. *joycekielt@gmail.com

Rizobactérias promotoras de crescimento de plantas (RPCP) têm sido amplamente utilizadas como alternativas sustentáveis para reduzir o uso de fertilizantes e defensivos agrícolas. Bactérias do gênero *Pseudomonas* destacam-se pela elevada versatilidade metabólica, atuando na promoção do crescimento vegetal tanto por mecanismos diretos quanto indiretos. O objetivo deste trabalho foi caracterizar mecanismos envolvidos na promoção do crescimento vegetal por rizobactérias isoladas de milho (*Zea mays*). As bactérias foram selecionadas com base em sua eficiência e potencial antagônico no biocontrole *in vitro* de *Fusarium oxysporum, F. solani, Macrophomina phaseolina* e *Sclerotinia sclerotiorum*. Quatro estirpes de *Pseudomonas* spp. (PR27, 31.10, 41.33 e 97.8) foram selecionadas para caracterização. A análise filogenética baseada em sequências parciais do gene 16S rRNA revelou que os isolados PR27, 31.10, 41.33 e 97.8 agruparam-se em um mesmo clado, apresentando proximidade com *Pseudomonas palleroniana* DSM 16825$^T$ e *P. tolaasii* ATCC 33618$^T$. No entanto, esse agrupamento apresentou baixos valores de suporte (*bootstrap* entre 19-48%), provavelmente devido à resolução taxonômica limitada do marcador gênico 16S rRNA para distinguir espécies. A estirpe 97.8 apresentou um índice de inibição do crescimento micelial (ICM) superior a 50% contra todos os fitopatógenos, exceto *M. phaseolina* que foi superior a 30%. Essa mesma estirpe apresentou um ICM de 20% somente com o sobrenadante livre de células frente a *F. solani*, enfatizando a atividade de metabólitos secundários secretados. As estirpes apresentaram índices de solubilização de $Ca_3(PO_4)_2$ entre 96 e 136 mg/L após 96 horas de incubação. A produção de ácido indolacético (AIA) foi observada em todas as estirpes, com valores entre 0,59 e 0,76 µg/mL em meio TSB suplementado com triptofano, indicando potencial de promoção do crescimento vegetal, especialmente no desenvolvimento radicular e absorção de nutrientes. A produção de sideróforos foi detectada em todas as estirpes, bem como a produção de exopolissacarídeos (EPS); contudo, nenhuma formou biofilme em meio TSB. A tolerância ao estresse osmótico foi avaliada em diferentes concentrações de PEG 6000 (11%, 21% e 26%), sendo as estirpes PR27 e 41.33, que apresentaram maior crescimento em condição de estresse intermediário (21%). A multifuncionalidade de *Pseudomonas* sp. reforça seu potencial para estabelecimento na rizosfera, atuação como agentes de biocontrole e desenvolvimento como bioinsumos voltados à produção sustentável da cultura do milho.

**Palavras-chave:** Bactérias promotoras do crescimento de plantas; Antagonismo; Metabólitos secundários.

**Agradecimentos:** CAPES e UEPG.

# RGM 063 - POTENCIAL BIOATIVO DO ÓLEO ESSENCIAL DE *Croton campestris* NO CONTROLE DE *Macrophomina euphorbicola*

Luiz Antonio Souza Santana[1]*; Davi Ferreira Amorim[1]; André Luis Celestino Santos[1]; Sinara Miranda Lima[2]; Lorena Araújo Peixoto Correia [3]; Paulo Roberto Ribeiro Mesquita[3]; Franceli da Silva[1]

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [2]Universidade Estadual de Feira de Santana. [3]Centro Tecnológico Agropecuário do Estado da Bahia. *tecluizsantana@gmail.com

O gênero *Croton* abrange um grande número de espécies encontradas na região semiárida nordestina, algumas delas produtoras de óleos essenciais com relevante importância econômica, devido ao seu potencial antimicrobiano. É um importante recurso genético nativo do Brasil e uma alternativa promissora para o desenvolvimento de produtos visando o controle de fitopatógenos de solo, a exemplo do gênero *Macrophomina*. Diante disso, o objetivo desse estudo foi avaliar o potencial do óleo essencial de *Croton campestris* (SISGEN A295E73) no controle *in vitro* de *Macrophomina euphorbicola*, agente causal da podridão radicular na cultura da soja. Foi utilizado o método de difusão em ágar, onde o óleo essencial foi misturado ao meio de cultura BDA. Foram testadas as concentrações de 0; 1,0; 2,0; 3,0; 4,0; 5,0 µL $mL^{-1}$, com controle contendo BDA+Tween$^{20}$. Foi utilizado o delineamento inteiramente casualizado com cinco repetições para cada concentração. As avaliações foram realizadas após o crescimento total do tratamento controle, sendo determinados a porcentagem de inibição do crescimento micelial (PICM) e o índice de velocidade do crescimento micelial (IVCM). Os dados obtidos foram analisados utilizando o software *R statistical* e submetidos à análise de regressão pelo modelo log-logístico com estimativa das concentrações efetivas EC50 e EC90. Todas as variáveis analisadas apresentaram diferenças significativas. Os resultados obtidos confirmam a atividade fungistática do óleo essencial de *C. campestris* sobre *M. euphorbicola*. Houve efeito altamente significativo dos tratamentos ($p<0,01$), indicando que o aumento da concentração do óleo essencial influenciou significativamente no IVCM e no PICM. Nas concentrações de 0 e 1,0 µL $mL^{-1}$, não foi observada inibição do crescimento micelial (PICM = 0%; IVCM = 10,00 mm $dia^{-1}$), indicando ausência de atividade fungistática nessas doses. A partir de 2,0 µL $mL^{-1}$, observou-se redução progressiva e expressiva do crescimento micelial: PICM de 43,8% e IVCM de 5,62 mm $dia^{-1}$; na concentração de 3,0 µL $mL^{-1}$, a PICM atingiu 74,1% e o IVCM foi de 2,59 mm $dia^{-1}$; e na concentração de 4,0 µL $mL^{-1}$, a PICM alcançou 86,4% e o IVCM de 1,36 mm $dia^{-1}$. A inibição total do crescimento micelial (PICM = 100%; IVCM = 0 mm $dia^{-1}$) foi obtida na concentração de 5,0 µL $mL^{-1}$. O modelo log-logístico ajustado apresentou excelente aderência aos dados ($R^2$ = 0,9674), estimando EC50 = 2,21 µL $mL^{-1}$ e EC90 = 5,24 µL $mL^{-1}$. Logo, conclui-se que o óleo essencial de *Croton campestris* mostrou eficiência na inibição do crescimento de *Macrophomina euphorbicola*, podendo ser utilizado no desenvolvimento de produtos inovativos voltados para o controle desse fitopatógeno de solo na cultura da soja.

**Palavras-chave:** velame; produto inovativo; bioativos.

**Agradecimentos:** CNPq/Capes/Projeto Nexus/UFRB/CETAB.

# RGM 066 - A COLEÇÃO INTERNACIONAL DE CULTURA DE GLOMEROMYCOTA (CICG) COMO ESTRATÉGIA DE CONSERVAÇÃO *EX SITU* DE FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES

Lídia Klestadt Laurindo[1]*; Karl Kemmelmeier[2]; Sidney Luiz Stürmer[2]

[1]Programa de Pós-Graduação em Ciências Ambientais, FURB, Blumenau, SC. [2]Departamento de Ciências Naturais, Universidade Regional de Blumenau, Blumenau, SC.
*lidia.klestadt@gmail.com

As coleções biológicas são recursos estratégicos que contribuem para os avanços científicos e tecnológicos, pois atuam como agentes ativos na organização, identificação e classificação da biodiversidade. Os fungos representam um dos grupos de organismos mais diversos do planeta, entretanto, o biotrofismo obrigatório de alguns grupos representa um desafio para seu cultivo. A Coleção Internacional de Cultura de Glomeromycota (CICG/FURB) realiza a conservação *ex situ* e auxilia na preservação da diversidade taxonômica, fisiológica e molecular de fungos micorrízicos arbusculares (FMA), tornando-se um dos agentes ativos na descrição, categorização e demanda científica desses organismos. Este trabalho tem como objetivo caracterizar a representatividade taxonômica, geográfica e ecológica dos acessos de FMA na CICG. Para isso, realizou-se uma análise exploratória do banco de dados da coleção, o qual fornece informações sobre a taxonomia, origem e ecologia dos isolados. A CICG abriga 237 isolados de FMA pertencentes a nove famílias, 18 gêneros e 88 espécies, sendo que 48 delas permanecem identificadas até o nível de gênero. Dentre os gêneros mais representativos estão *Acaulospora* (65 isolados) e *Gigaspora* (56 isolados). *G. albida* é a espécie com a maior quantidade de isolados (21 isolados), seguido de *G. margarita* (15 isolados), *Entrophospora etunicata* e *A. koskei* (13 isolados). Os isolados foram incorporados na CICG principalmente entre 2010 e 2024. Os locais de coleta das amostras de solo para tombamento na coleção abrangem cinco países, dentre eles, o Brasil com todos os seus biomas, envolvendo 18 estados brasileiros mais o Distrito Federal. Além disso, os isolados puderam ser associados a categorias ecológicas com base em sua origem. As florestas representam 57 isolados (24,1%) e a maior riqueza de espécies (39 espécies). Os sistemas agrícolas correspondem a 29 isolados (12,2%), enquanto ambientes costeiros (i.e., dunas e restingas) reuniram 58 isolados (24,5%). Campos naturais totalizaram 19 isolados (8%), seguido por formações de Cerrado e savanas, com 33 isolados (13,9%). Áreas degradadas, principalmente associadas à mineração, representaram cinco isolados (2,1%), e seis isolados (2,5%) foram provenientes de pastagens. Isolados sem classificação ambiental conclusiva devido à ausência ou insuficiência de informações sobre a origem representam 30 isolados (12,7%). Os resultados evidenciam que a coleção conserva recursos genéticos de FMA provenientes de uma ampla diversidade de ambientes naturais e antropizados, abrangendo diferentes contextos ecológicos e potenciais adaptações ambientais. Esses registros revelam a importância da manutenção de coleções biológicas como fonte de informação e material para diversos estudos voltados à conservação da biodiversidade.

**Palavras-chave:** Coleções biológicas; microrganismos; micorrizas.

**Agradecimentos:** CAPES, CNPq, FAPESC.

# RGM 087 - ANÁLISE GENÔMICA E PROSPECÇÃO DE *STREPTOMYCES* SP. BTM289 COM POTENCIAL PARA PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO VEGETAL

Nathan Aiko Hotta[1]*; Nicolas Ferreira Polidorio[2]; Laurival Antônio Villas-Boas[2]; Elisete Pains Rodrigues[1]

[1]Laboratório de Genética de Microrganismos (LAGEM), Universidade Estadual de Londrina (UEL); [2]Laboratório de Genética e Taxonomia de Bactérias (LAGTAM), Universidade Estadual de Londrina (UEL). *nathan.aikohotta@uel.br

O gênero *Streptomyces* compreende bactérias filamentosas pertencentes ao filo Actinobacteria, amplamente reconhecidas pela produção de metabólitos secundários, enzimas de aplicação biotecnológica. A caracterização genômica de linhagens desse gênero é fundamental para a identificação taxonômica e a prospecção de recursos genéticos microbianos, especialmente aqueles com potencial para promoção do crescimento vegetal. O objetivo deste trabalho foi realizar a montagem de novo e a caracterização taxonômica preliminar da estirpe BTM289, selecionada para sequenciamento no âmbito de estudos de prospecção de *Streptomyces* com potencial biotecnológico. As leituras obtidas por sequenciamento foram avaliadas quanto à qualidade com FastQC, submetidas à limpeza com fastp e posteriormente montadas com SPAdes. A qualidade da montagem foi avaliada por QUAST, e a triagem taxonômica foi conduzida por BLASTn contra o banco core_nt do NCBI, utilizando contigs selecionados da montagem e adotando critérios de melhor alinhamento (bitscore, identidade percentual e cobertura). A montagem da BTM289 resultou em 861 contigs, com tamanho total de 9.994.757 pb, N50 de 24.625 pb, L50 de 113 e conteúdo GC de 71,84%, compatível com genomas de Actinobacteria e, particularmente, com representantes do gênero *Streptomyces*. A análise integrada dos contigs maiores de 1000 pb indicou 591 contigs com pelo menos um hit no BLASTn. Desses, 474 apresentaram hits robustos (80,20% dos contigs avaliados), com identidade média ponderada de 90,57% e cobertura média estimada de 81,59%. Dos 460 contigs com accession mapeado para organismo, 100% foram atribuídos ao gênero *Streptomyces*, confirmando a alta coerência taxonômica da montagem. Os principais accessions associados aos melhores hits corresponderam a *Streptomyces argyrophylli* strain Jing01, *Streptomyces achromogenes* strain NBC_00217 e *Streptomyces collinus* strain SQ. Os resultados confirmaram a forte coerência da estirpe BTM289 com o gênero *Streptomyces*, sem evidência de contaminação por outros táxons. A identificação em nível de espécie permanece preliminar e será refinada por análises complementares de ANI, GTDB-Tk e filogenia genômica. Os dados obtidos fornecem um primeiro panorama genômico da linhagem BTM289 com forte coerência taxonômica com o gênero *Streptomyces*. A anotação funcional em andamento permitirá a prospecção de genes associados à promoção do crescimento vegetal, incluindo solubilização de fosfato, produção de sideróforos, fitohormônios e enzimas extracelulares, além de clusters biossintéticos de metabólitos secundários e vias de tolerância a estresses abióticos.

**Palavras-chave:** *Streptomyces*; genômica microbiana; bioinformática.

**Agradecimentos:** À Universidade Estadual de Londrina (UEL) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) pela concessão de bolsa de mestrado.

# RGM 093 - RESINOTECA MICROBIANA COMO FERRAMENTA DE DIVULGAÇÃO CIENTÍFICA

Amanda Lemos Ferraz de Almeida[1]*, Elisete Pains Rodrigues[1]

[1]Laboratório de Genética de Microrganismos (LAGEM), Departamento de Biologia Geral (CCB), Universidade Estadual de Londrina (UEL). *amandalemos.ferraz@uel.br

A divulgação científica representa um eixo estratégico para a valorização e conservação da diversidade funcional e metabólica dos microrganismos, cujas aplicações biotecnológicas ainda são pouco conhecidas pela sociedade. Nesse contexto, o projeto de extensão “Célula em Cena” da Universidade Estadual de Londrina (UEL), busca aproximar a microbiologia e a biotecnologia da comunidade por meio de atividades educativas. Este trabalho teve como objetivo desenvolver um acervo de placas de Petri com culturas microbianas inativadas e preservadas em resina, denominado Resinoteca Microbiana, e avaliar seu potencial como recurso didático para divulgação científica. Microrganismos preservados pelo método de Castellani foram reativados em meio agar nutriente (bactérias) e agar batata dextrose (fungos) e, posteriormente, foram repicados em placas de Petri destinadas à exposição, permitindo a formação de desenhos e a demonstração de interações ecológicas como antagonismo e sinergismo. Foram selecionados microrganismos com características morfológicas e metabólicas atrativas, incluindo espécies dos gêneros *Streptomyces*, *Fusarium*, *Monascus* e *Bacillus*, além de *Janthinobacterium lividum*, capazes de produzir pigmentos e exopolissacarídeos. Após o crescimento das colônias, as placas foram cobertas com resina epóxi de baixa viscosidade, vertida diretamente sobre as culturas, com aquecimento controlado para redução de bolhas e posterior cura à temperatura ambiente. As placas resinadas foram utilizadas em oficinas do projeto “Célula em Cena” e foram expostas em eventos acadêmico-científicos de grande público, como a Feira de Profissões da UEL. A observação direta das diferentes cores, formas, texturas e padrões de crescimento das colônias favoreceu a compreensão da diversidade microbiana e estimulou discussões sobre as aplicações biotecnológicas, incluindo a produção de enzimas, pigmentos naturais, biofertilizantes e biorremediação. A técnica mostrou-se segura, de baixo custo e de fácil reprodução em ambientes com infraestrutura laboratorial básica. Os resultados demonstraram que a Resinoteca Microbiana transforma conceitos abstratos em evidências visuais acessíveis e promove a integração entre os eixos de conservação, caracterização, uso e educação, contribuindo, assim, para a aproximação entre universidade e sociedade e para a formação de uma cultura científica voltada à valorização do patrimônio genético microbiano.

**Palavras-chave:** divulgação científica; coleções microbianas; extensão universitária.

**Agradecimentos:** À Pró-Reitoria de Extensão, Cultura e Sociedade (PROEX) da UEL pelo apoio institucional e ao programa PROEXT-PG (CAPES) pelo suporte financeiro.

# RGM 098 - FUNGOS MICORRÍZICOS ARBUSCULARES E BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS NO APROVEITAMENTO DO FOSFATO NATURAL REATIVO E CRESCIMENTO INICIAL DO MILHO

Emanuel Scalfi Santos[1]*; Emanueli Marchioro[1]; Cláudio Roberto Fonseca Sousa Soares[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *emanuelscalfi999@gmail.com

A baixa disponibilidade de fósforo (P) em solos tropicais constitui um dos principais fatores limitantes ao desenvolvimento das culturas, devido à forte adsorção desse nutriente aos minerais do solo, reduzindo sua disponibilidade para absorção pelas plantas. No milho (*Zea mays* L.), essa limitação é mais evidente durante o crescimento inicial, aumentando a dependência de fertilizantes fosfatados de alta solubilidade. Nesse contexto, fungos micorrízicos arbusculares (FMA) e bactérias solubilizadoras de fosfato (BSF) apresentam mecanismos complementares de aquisição de P, podendo aumentar a eficiência de utilização de fontes pouco solúveis, como o fosfato natural reativo Arad (ARAD). Assim, este trabalho objetivou avaliar o efeito da coinoculação de FMA e BSF sobre o crescimento inicial, a colonização micorrízica, os pigmentos fotossintéticos e a aquisição de P em milho. O experimento foi conduzido em condições controladas, utilizando substrato inerte (areia + vermiculita, 1:1, v/v), em delineamento inteiramente casualizado, com seis tratamentos: testemunha (sem adição de P), ARAD, superfosfato simples (SFS), ARAD + FMA (*Rhizophagus intraradices*), ARAD + BSF (*Bacillus subtilis* e *Bacillus megaterium*) e ARAD + FMA + BSF, com seis repetições. As fontes de P foram aplicadas na concentração de 200 mg P $L^{-1}$ de substrato, constituindo a única fonte do nutriente. Foram avaliados o comprimento de raízes (CR) e da parte aérea (CPA), a massa seca de raízes (MSR) e da parte aérea (MSPA), os teores de clorofila *a* (Chl *a*), clorofila *b* (Chl *b*), clorofila total (ChlT) e carotenóides (Car), a colonização micorrízica (CM) e a concentração de P na parte aérea (CPPA), com análise de variância e comparação de médias pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$). O SFS promoveu o maior crescimento vegetal e a maior CPPA. Entre os tratamentos com fósforo insolúvel, a coinoculação (FMA + BSF) apresentou o melhor desempenho, promovendo incrementos de 84% na MSR, 42% na MSPA e 164% na CPPA em relação ao tratamento com ARAD, além de elevar a CM em aproximadamente 14% em relação ao FMA isolado. As inoculações isoladas com FMA ou BSF não promoveram ganhos significativos em MSR, MSPA e CPPA quando comparadas ao tratamento com ARAD. Os tratamentos contendo BSF (BSF e coinoculação) constituíram o grupo estatisticamente superior para Chl *a* e ChlT, enquanto Chl *b* não apresentou diferenças significativas entre os tratamentos. Os resultados demonstram que a coinoculação potencializa o aproveitamento do fosfato natural reativo, aumentando a aquisição de P, o desempenho fotossintético e o crescimento inicial do milho, evidenciando seu potencial como estratégia biotecnológica para reduzir a dependência de fertilizantes fosfatados solúveis. Como continuidade do estudo, serão realizadas análises metabolômicas de ácidos orgânicos e flavonoides, FTIR, RMN de $^{31}P$ e atividade de fosfatases para elucidar os mecanismos envolvidos na mobilização e absorção de P associados à interação entre FMA e BSF.

**Palavras-chave:** Aquisição de fósforo; Bioinsumos; Inoculantes na agricultura; Colonização micorrízica; Fosfato insolúvel.

# RGM 148 - LEGADO MICROBIANO DA RIZOSFERA DO ALGODOEIRO NA CAATINGA E SEU POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO NA AGRICULTURA SOB DÉFICIT HÍDRICO

Fernanda Lara dos Santos[1,3]*; Paulo Augusto Vianna Barroso[2]; Rafaela Caroline Ragni Moltocaro Duarte[3]; Rafael Antonio Nieri[3]; Danilo Tosta Souza[3]; Itamar Soares de Melo[3]; Rodrigo Mendes[1,3]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - Universidade de São Paulo (ESALQ-USP). [2]Embrapa Algodão (CNPA). [3]Embrapa Meio Ambiente (CNPMA). *fernanda_santos26@usp.br

A cotonicultura brasileira destaca-se pela elevada produtividade em sistemas de sequeiro; entretanto, o déficit hídrico compromete o crescimento, a qualidade da fibra e a produtividade da cultura. Em contrapartida, os solos da Caatinga, caracterizados por altas temperaturas, elevada radiação solar e escassez hídrica, abrigam comunidades microbianas adaptadas a condições extremas, constituindo importante recurso genético para a prospecção de microrganismos promotores de tolerância à seca. Este estudo objetivou compreender as interações entre planta, solo e microbioma sob déficit hídrico e identificar microrganismos com potencial biotecnológico para o desenvolvimento de bioinsumos. Amostras de raiz e rizosfera de algodão mocó (*Gossypium hirsutum* L. var. *marie-galante* Hutch) e herbáceo (*Gossypium hirsutum* L. var. *latifolium* Hutch), provenientes do Rio Grande do Norte e da Paraíba, foram utilizadas para isolamento microbiano. Solos da mesma região foram empregados em experimento em casa de vegetação com a cultivar FM911 GLTP sob déficit hídrico controlado, sendo a resposta fisiológica avaliada por analisador de trocas gasosas LI-6800. As comunidades microbianas foram caracterizadas por sequenciamento das regiões 16S rRNA e ITS, e os isolados foram avaliados qualitativamente quanto à produção de exopolissacarídeos, ácido indol-acético, biofilme e solubilização de fosfato, características potencialmente relacionadas à promoção da tolerância ao déficit hídrico. Foram obtidos 221 isolados bacterianos, dos quais 66 apresentaram produção de exopolissacarídeos e seguiram para avaliações de tolerância hídrica e promoção de crescimento vegetal. Dentre esses, 22 apresentaram capacidade de solubilização de fosfato inorgânico. Ensaios preliminares em planta modelo (tomate) indicam desempenho promissor de alguns isolados na interação com plantas sob déficit hídrico. Os resultados demonstram que o microbioma associado ao algodão do semiárido brasileiro constitui fonte promissora de recursos genéticos microbianos com potencial para o desenvolvimento de bioinsumos voltados à mitigação do estresse hídrico e à promoção de sistemas agrícolas mais resilientes.

**Palavras-chave:** algodoeiro; bactérias tolerantes à seca; sequenciamento de DNA.

**Agradecimentos:** CAPES e Finep (Projeto nº 01.25.0429.00 (2658/24)) pelo apoio financeiro e institucional.

# RGM 158 - INOCULAÇÃO COM RPCV PARA VIABILIZAR A MULTIPLICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE *Pinus taeda*

Julia Heduarda Giacomel Balbinotti[1]*; Isabella B. de Campos[2]; Gabriela Y. Nomi[2]; Letícia Miranda[3]; Emanuel M. Souza[2]; Leonardo M. Cruz[2]; Krisle da Silva[4]; Regina C. Quisen[4]

[1]PGAPV/UFPR, Curitiba/PR. [2]PPGBQ/UFPR, Curitiba/PR. [3]Klabin S.A., Telêmaco Borba/PR. [4]Embrapa Florestas, Colombo/PR. *heduarda.balbinotti@gmail.com

*Pinus* spp. é o cultivo florestal de maior expressão no reflorestamento da região Sul do Brasil, com produtividade média de 30,8 $m^3$ $ha^{-1}$ $ano^{-1}$ em 1,9 milhão de hectares. A propagação comercial de *P. taeda* via sementes resulta em variabilidade genética e desuniformidade nos plantios, e a clonagem via estaquia, embora promissora, enfrenta limitações relacionadas ao envelhecimento fisiológico e às baixas taxas de enraizamento adventício. Considerando o potencial das rizobactérias promotoras de crescimento vegetal (RPCV) para modular a rizogênese adventícia, este estudo avaliou o efeito da inoculação de estirpes selecionadas sobre o enraizamento e o desenvolvimento inicial de miniestacas de *P. taeda*. Em dois ensaios consecutivos, miniestacas (7 cm) de dois materiais genéticos foram inoculadas com quatro estirpes da coleção microbiológica da Embrapa Florestas, selecionadas pela produção de compostos indólicos e atividade ACC deaminase: CNPF 363 (*Mesorhizobium* sp.), CNPF 448 (*Brucella* sp.), CNPF 463 (*Serratia* sp.) e CNPF 468 (*Acidovorax* sp.), em delineamento em blocos casualizados com quatro repetições e 228 miniestacas por ensaio. Aos 150 dias, avaliaram-se a % de enraizamento adventício e, no segundo ensaio, altura das estacas enraizadas, comprimento da maior raiz e biomassa seca da parte aérea e radicular, submetidos à ANOVA e teste de Tukey ($p < 0,05$). No primeiro ensaio, CNPF 363 alcançou 92,1% de enraizamento (controle: 79,3%), seguido de CNPF 468 (87,4%), CNPF 448 (85,3%) e CNPF 463 (82,4%). No segundo ensaio, CNPF 448 apresentou a maior taxa de enraizamento (82,3%) e biomassa seca da parte aérea (0,732 g), enquanto CNPF 468 resultou no maior comprimento radicular (16,9 cm), superando significativamente o controle (14,7 cm). A variação no desempenho dos isolados entre os ensaios sugere interação específica entre o genótipo vegetal e o bacteriano, uma vez que os ensaios utilizaram materiais genéticos de *P. taeda* distintos. Os índices de enraizamento obtidos superaram relatos da literatura para a espécie com *Azospirillum* e outras bactérias. Conclui-se que a inoculação com estirpes de RPCV incrementa o enraizamento adventício e o desenvolvimento inicial de mudas clonais de *P. taeda*, representando estratégia biotecnológica para aumentar a eficiência da propagação clonal da espécie.

**Palavras-chave**: Estaquia; enraizamento adventício; bioinsumo.

**Agradecimentos**: Embrapa e Klabin S/A (projeto “Bioinsumos para promoção do crescimento de mudas de Pinus e Eucalyptus” - cód. 20.21.00.004.00.00, SAIC:21500.21/0161-6).

# RGM 169 - ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO ASSOCIADAS À RIZOSFERA DE EUCALIPTO

Andreza de Jesus Correia[1]*; James Stahl[2]; Josileia Acordi Zanatta[1]; Krisle Silva[1]

[1]Embrapa Florestas, Colombo, Paraná. [2]Klabin S/A, Fazenda Monte Alegre, Telêmaco Borba, Paraná. *andrezzajcorreia@gmail.com

A baixa disponibilidade de fósforo (P) em solos tropicais pode limitar o crescimento do eucalipto, porém a utilização de bactérias solubilizadoras de fósforo é uma estratégia promissora para aumentar a eficiência nutricional e o crescimento das plantas. Desta forma, o objetivo deste estudo foi isolar, identificar e selecionar bactérias rizosféricas com potencial para a solubilização de fosfatos insolúveis provenientes da rizosfera de clones de eucalipto cultivados em solos com baixo teor de P. Cinco clones de eucalipto, pertencentes às espécies *Eucalyptus urograndis*, *Eucalyptus dunnii* e *Eucalyptus saligna*, foram cultivados durante cinco meses em dois Cambissolos Háplicos, sem adubação fosfatada. Amostras de solo rizosférico foram utilizadas para o isolamento bacteriano em meio NBRIP, contendo fosfatos de cálcio, ferro e alumínio como únicas fontes de P. Os isolados foram caracterizados morfologicamente, identificados por sequenciamento parcial do gene 16S rRNA e avaliados quanto à capacidade quantitativa de solubilização de fosfato de alumínio em meio líquido. Foram obtidos 89 isolados bacterianos, distribuídos em 33 grupos fenotípicos. Entre as bactérias, foram identificadas estirpes dos gêneros *Paraburkholderia*, *Novosphingobium*, *Bacillus*, *Cupriavidus*, *Streptomyces* e *Streptacidiphilus*. A capacidade de solubilização variou entre 0,28 e 5,18 mg P $L^{-1}$, com destaque para as estirpes CNPF 889, CNPF 806, CNPF 804, CNPF 848 e CNPF 824. O pH do meio reduziu para valores entre 3,10 e 4,60, e apresentou correlação negativa significativa com a concentração de P solubilizado ($r = -0,297$; $p = 0,013$), o que pode indicar que a acidificação contribuiu para a solubilização do fosfato de alumínio. Os resultados demonstram a diversidade de bactérias da rizosfera do eucalipto, com potencial para a disponibilização de P em condições de baixa fertilidade e uso como inoculantes para sistemas florestais mais sustentáveis.

**Palavras-chave:** 16S rRNA; rizobactérias; solubilização de fosfatos.

**Agradecimentos:** Ao projeto "Bioinsumos para promoção do crescimento de mudas de *Pinus* e *Eucalyptus*" (código 20.21.00.004.00.00, SAIC: 21500.21/0161-6), financiado pela Embrapa e pela Klabin S/A.

# RGM 170 - BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO NO CRESCIMENTO DE MUDAS SEMINAIS DE EUCALIPTO

Jamily Micheli Pontes[1]; Andreza de Jesus Correia[2]*; James Stahl[3]; Josileia Acordi Zanatta[2]; Krisle Silva[2]

[1]Pontifícia Universidade Católica do Paraná. [2]Embrapa Florestas. [3]Klabin S/A, Fazenda Monte Alegre, Telêmaco Borba. *andrezzajcorreia@gmail.com

A utilização de bactérias solubilizadoras de fósforo é uma alternativa sustentável para reduzir a dependência de fertilizantes fosfatados na produção de mudas florestais. Com isso, este estudo teve como objetivo avaliar o efeito da inoculação de bactérias isoladas da rizosfera de mudas seminais de *Eucalyptus urograndis* e *Eucalyptus dunnii*, cultivadas em solo com baixa disponibilidade de fósforo. Foram conduzidos dois experimentos em tubetes contendo solo sem adubação fosfatada, utilizando 13 estirpes (CNPF 804, CNPF 806, CNPF 840, CNPF 851, CNPF 859, CNPF 864, CNPF 866, CNPF 873, CNPF 887, CNPF 99, 1214, 1221 e 1227), previamente selecionadas quanto à capacidade de solubilização de fósforo, além de controles positivo (com adubação fosfatada) e negativo (sem inoculação e sem adubação), totalizando 15 tratamentos, com 20 repetições para *E. dunnii* e 30 repetições para *E. urograndis*. Após 90 dias de cultivo, as mudas foram avaliadas quanto à altura, massa seca da parte aérea, das raízes e total, e acúmulo de fósforo na parte aérea e raiz. Houve efeito significativo ($p < 0,05$) da inoculação sobre a massa seca da parte aérea, das raízes e total, e sobre o acúmulo de fósforo na parte aérea e nas raízes das duas espécies de eucalipto avaliadas. Em *E. dunnii*, a estirpe CNPF 806 proporcionou a maior massa seca da parte aérea, enquanto o controle positivo resultou nas maiores médias de massa seca de raízes e total, além de promover maior acúmulo de fósforo tanto na parte aérea quanto nas raízes. Em *E. urograndis*, a estirpe 1214 proporcionou as maiores médias de massa seca da parte aérea, das raízes e total, e maior acúmulo de fósforo na parte aérea. Já a estirpe 1227 promoveu o maior acúmulo de fósforo na raiz. As estirpes CNPF 806, 1214 e 1227 podem promover o crescimento e a nutrição fosfatada de mudas de eucalipto. Essas estirpes podem incrementar o crescimento de mudas de eucalipto e reduzir ou substituir a adubação fosfatada, o que as torna promissoras para o desenvolvimento de inoculantes destinados à silvicultura sustentável.

**Palavras-chave:** *Eucalyptus dunnii*; *Eucalyptus urograndis;* inoculação.

**Agradecimentos:** Ao projeto "Bioinsumos para promoção do crescimento de mudas de *Pinus* e *Eucalyptus*" (código 20.21.00.004.00.00, SAIC: 21500.21/0161-6), financiado pela Embrapa e pela Klabin S/A.

# RGM 174 - ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS DE MUDAS DE PUPUNHEIRA

Maria Eduarda Caetano Betinardi[1]*; Krisle da Silva[2]; Regina Caetano Quisen[2]; Juliana Degenhardt Goldbach[2]; Kauanna Brok Ferreira Pepe[3]; Antônio Nascim Kalil Filho[2]

[1]Pontifícia Universidade Católica do Paraná, Agronomia, Curitiba, PR. [2]Embrapa Florestas, Colombo, PR. [3]Universidade Federal do Paraná, Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo, Curitiba, PR. *dudabetinardi@gmail.com

A pupunheira (*Bactris gasipaes*) é uma palmeira de importância econômica cuja expansão é limitada pela baixa disponibilidade de mudas de qualidade. Nesse contexto, bactérias endofíticas promotoras de crescimento vegetal são uma alternativa sustentável para melhorar o desenvolvimento dessas mudas. O objetivo deste estudo foi isolar, caracterizar e identificar bactérias endofíticas associadas às folhas, raízes e meristemas da pupunheira. Foram utilizadas folhas, raízes e meristemas de quatro mudas com aproximadamente oito meses, produzidas em viveiro e cultivadas em substrato. Dez gramas dos tecidos foram desinfestados superficialmente, triturados, diluídos de $10^{-2}$ a $10^{-7}$ e inoculados em meio DYG'S. Foram determinadas as unidades formadoras de colônias (UFC), realizado o isolamento de bactérias e a caracterização morfológica das colônias. Alguns isolados representativos dos grupos morfológicos foram caracterizados quanto ao sequenciamento parcial do gene 16S rRNA. As densidades bacterianas foram de $3{,}40 \times 10^{6}$ UFC $g^{-1}$ e de $1{,}14 \times 10^{8}$ UFC $g^{-1}$ em folhas e raízes, respectivamente. Foram obtidos 207 isolados bacterianos, sendo 58 de folhas, 138 de raízes e 11 de meristemas. Após a caracterização morfológica, verificou-se que a maioria dos isolados apresentou crescimento rápido, colônias circulares e cor creme. Quanto à identificação por meio do sequenciamento do gene 16S rRNA, foram identificadas bactérias pertencentes aos seguintes gêneros: *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Rhizobium*, *Pseudomonas*, *Erwinia* e *Stenotrophomonas*. Os resultados demonstraram a diversidade de bactérias endofíticas associadas à pupunheira. Essas bactérias deverão ser avaliadas quanto ao potencial para futuras aplicações biotecnológicas voltadas à promoção do crescimento vegetal e à produção de mudas.

**Palavras-chave:** *Bactris gasipaes* Kunth var. *gasipaes;* morfologia de colônias; 16S rRNA.

**Agradecimentos:** A Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), por meio do projeto nº 22.16.05.002.00.00, pelo apoio financeiro.

# RGM 175 - BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO VEGETAL NA PRODUÇÃO DE MUDAS DE PUPUNHEIRA

Ryan Miranda Hammoud[1]*; Krisle da Silva[2]; Regina Caetano Quisen[2]; Juliana Degenhardt Goldbach[2]; Kauanna Brok Ferreira Pepe[3]; Antônio Nascim Kalil Filho[2]

[1]Pontifícia Universidade Católica do Paraná. [2]Embrapa Florestas. [3]Universidade Federal do Paraná. *ryanhammoud555@gmail.com

A produção de mudas de pupunheira (*Bactris gasipaes* Kunth var. *gasipaes*) de qualidade é um dos principais desafios, especialmente com materiais selecionados, que evidencia a necessidade de estratégias biotecnológicas, como o uso de bactérias promotoras do crescimento vegetal. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da inoculação de bactérias promotoras de crescimento no desenvolvimento de mudas de pupunheira. O experimento foi desenvolvido na casa de vegetação da Embrapa Florestas, e as mudas foram fornecidas por um viveiro comercial. Os tratamentos foram compostos por 15 isolados bacterianos obtidos de folhas, meristemas e raízes de pupunheira: CNPF 77 (*Enterobacter* sp.), CNPF 90 (*Klebsiella* sp.), CNPF 94 (*Rhizobium* sp.), CNPF 99 (*Pseudomonas* sp.), CNPF 100 (*Rhizobium* sp.), CNPF 105 (*Klebsiella* sp.), CNPF 108 (*Enterobacter* sp.), CNPF 110 (*Erwinia* sp.), CNPF 118 (*Pseudomonas* sp.), CNPF 152 (*Rhizobium* sp.), CNPF 154 (*Pseudomonas* sp.), CNPF 179 (*Stenotrophomonas* sp.), CNPF 235 (*Enterobacter* sp.), CNPF 248 (*Enterobacter* sp.) e CNPF 277 (*Stenotrophomonas* sp.), além das estirpes comerciais Ab-V05 e Ab-V06 de *Azospirillum brasilense*, aplicadas isoladamente e em combinação (1:1, v/v), e de um controle sem inoculação. O delineamento foi inteiramente casualizado com 19 tratamentos e 5 repetições. Após 76 dias de cultivo, as mudas foram avaliadas quanto à altura, ao número de folhas e às massas secas da parte aérea e da raiz. Os dados foram avaliados quanto à normalidade pelo teste de Shapiro-Wilk; a análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade. Não houve diferenças estatísticas nas variáveis altura, número de folhas, massa seca da parte aérea. Para a massa seca de raízes, houve diferenças significativas entre os quatro tratamentos inoculados com os isolados CNPF 77, CNPF 100, CNPF 179 e CNPF 277, sendo estes superiores aos demais tratamentos. Alguns isolados oriundos de pupunheira destacaram-se pelo incremento do sistema radicular das mudas e são promissores para futuros estudos voltados ao desenvolvimento de inoculantes.

**Palavras-chave:** *Bactris gasipaes*; desenvolvimento radicular; inoculação.

**Agradecimentos:** Agradecemos à Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), por meio do projeto nº 22.16.05.002.00.00, pelo apoio financeiro.

# RGM 177 - MUDAS DE *Eucalyptus urograndis* INOCULADAS COM BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO

Kauanna Brok Ferreira Pepe[1]*; Felipe Bonini da Luz[1]; Andreza de Jesus Correia[2]; Josileia Acordi Zanatta[2]; Leonardo Magalhães Cruz[3]; Krisle da Silva[2]

[1]Universidade Federal do Paraná, Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo, Curitiba, PR. [2]Embrapa Florestas, Colombo, PR. [3]Universidade Federal do Paraná, Programa de Pós-Graduação em Ciências Bioquímicas, Curitiba, PR. *kauanna.bfp@gmail.com

As bactérias solubilizadoras de fósforo constituem uma alternativa promissora para aumentar a disponibilidade desse nutriente para as plantas e reduzir a dependência de fertilizantes fosfatados. Assim, o presente estudo teve como objetivo avaliar a influência da inoculação de bactérias solubilizadoras de fósforo no crescimento inicial de mudas seminais de *Eucalyptus urograndis*. O estudo foi conduzido em casa de vegetação da Embrapa Florestas, utilizando mudas seminais de *Eucalyptus urograndis*. O experimento foi instalado em delineamento de blocos casualizados, constituído por nove tratamentos e quatro blocos. Os tratamentos consistiram na inoculação das estirpes bacterianas CNPF 99, CNPF 859 e CNPF 873, aplicadas isoladamente ou em consórcios (CNPF 99 + CNPF 859, CNPF 99 + CNPF 873, CNPF 859 + CNPF 873 e CNPF 99 + CNPF 859 + CNPF 873), além de um controle positivo (60% da dose recomendada de P via MAP) e um controle negativo, sem adubação fosfatada e sem inoculação. As estirpes, pertencentes à coleção da Embrapa Florestas, foram isoladas de pupunheira e eucalipto. As avaliações foram realizadas aos 90 dias após a inoculação, e os dados submetidos à análise de variância e ao teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$). Os resultados indicaram ausência de diferenças significativas entre os tratamentos avaliados. No entanto, observou-se uma tendência de desempenho superior das mudas inoculadas em relação às não inoculadas. Para as variáveis altura, diâmetro do caule, massa seca de raízes e massa seca da parte aérea a estirpe CNPF 859, quando aplicada isoladamente, apresentou as maiores médias entre os tratamentos. Conclui-se que, embora a inoculação bacteriana e a suplementação de P não tenham promovido incrementos significativos no crescimento das mudas de *Eucalyptus urograndis* nas condições do estudo, observou-se uma tendência de melhor desempenho das mudas inoculadas, especialmente com a estirpe CNPF 859, indicando potencial de uso e a necessidade de estudos futuros.

**Palavras-chave:** silvicultura; inoculação; rizobactérias.

**Agradecimentos:** Ao projeto “Bactérias promotoras de crescimento para mudas florestais de espécies importantes para o segmento industrial de celulose” (20.23.03.007.00.00) e ao CNPq pela bolsa no INCT “Biotecnologia de precisão aplicada à interação planta-bactéria-ambiente”, Processo: 198484/2025-9.

# RGM 178 - BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO NO CRESCIMENTO DE MUDAS DE *Eucalyptus dunnii*

Kauanna Brok Ferreira Pepe[1]*; Felipe Bonini da Luz[1]; Andreza de Jesus Correia[2]; Josileia Acordi Zanatta[2]; Leonardo Magalhães Cruz[3]; Krisle da Silva[2]

[1]Universidade Federal do Paraná, Programa de Pós-Graduação em Ciência do Solo. [2]Embrapa Florestas. [3]Universidade Federal do Paraná, Programa de Pós-Graduação em Ciências Bioquímicas. *kauanna.bfp@gmail.com

O fósforo é um dos nutrientes mais limitantes para o crescimento do eucalipto, em razão de sua baixa disponibilidade nos solos tropicais e elevada adsorção às partículas do solo. Nesse contexto, o uso de bactérias solubilizadoras de fósforo constitui uma alternativa sustentável para aumentar a disponibilidade de P às plantas e reduzir a dependência de fertilizantes minerais. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da inoculação de bactérias solubilizadoras de fósforo no crescimento de mudas seminais de *Eucalyptus dunnii*. O experimento foi conduzido em casa de vegetação da Embrapa Florestas, em delineamento de blocos casualizados, com nove tratamentos e quatro blocos. Os tratamentos consistiram na inoculação das estirpes bacterianas CNPF 99, CNPF 859 e CNPF 873, aplicadas de forma isolada, em combinações, além de um controle positivo com adubação com MAP correspondente a 60% da dose recomendada de fósforo e um controle negativo, sem adubação e sem inoculação. As avaliações foram realizadas aos 75 dias após a inoculação. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Houve diferença significativa nas variáveis altura das plantas e massa seca das raízes aos 75 dias após a inoculação. Para a altura, as mudas inoculadas apresentaram médias superiores aos controles positivo e negativo, destacando-se o tratamento com a combinação das três estirpes bacterianas, que proporcionou a maior média. Para a massa seca de raízes, as mudas inoculadas e as do controle positivo apresentaram valores superiores aos do controle negativo, e a combinação das três estirpes bacterianas também apresentou a maior média. Esses resultados evidenciam o efeito benéfico das bactérias na promoção do crescimento e no desenvolvimento radicular de mudas seminais de eucalipto. Conclui-se que a inoculação com bactérias solubilizadoras de fósforo promove o crescimento inicial de *E. dunnii* e apresenta potencial para substituir parcialmente a adubação fosfatada, nas condições avaliadas em casa de vegetação.

**Palavras-chave:** silvicultura; inoculação; rizobactérias.

**Agradecimentos:** Ao projeto “Bactérias promotoras de crescimento para mudas florestais de espécies importantes para o segmento industrial de celulose” (20.23.03.007.00.00) e ao CNPq pela bolsa no INCT “Biotecnologia de precisão aplicada à interação planta-bactéria-ambiente”, Processo: 198484/2025-9.

# RGM 181 - BACTÉRIAS PROMOTORAS DE CRESCIMENTO VEGETAL NA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *Pinus taeda*

Isabella Blagiem de Campos[1]; Gabriela Yumi[1]; Leticia Miranda[2]; Regina Caetano Quisen[3]; Emanuel Maltempi de Souza[1]; Leonardo Magalhães Cruz[1]; Gustavo José Piovezan Alves[3]*; Krisle da Silva[3]

[1]Universidade Federal do Paraná, Programa de Pós-Graduação em Ciências Bioquimicas. [2]Klabin S/A. [3]Embrapa Florestas. *gustavo-piovezan@hotmail.com

As bactérias promotoras de crescimento de plantas favorecem o crescimento vegetal por meio da produção de fitormônios, fixação biológica de nitrogênio e aumento da disponibilidade de nutrientes. Entretanto, sua aplicação em espécies florestais ainda é limitada. Nesse contexto, *Pinus taeda*, uma das principais coníferas de importância econômica no Brasil, é uma espécie de interesse para o desenvolvimento de tecnologias biológicas. Assim, o objetivo do trabalho foi avaliar o potencial de estirpes bacterianas na germinação de sementes de *Pinus taeda*. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com seis tratamentos e quatro repetições de 25 sementes. Os tratamentos foram: controle (sem inoculação), FP2 (*A. brasilense)*, Ab-v5 (*A. brasilense*, derivada de FP2), HM053 (*A. brasilense*), M1 (*Herbaspirillum rubrisubalbicans*) e SmR1 (*H. seropedicae*). As sementes foram submetidas à quebra de dormência, lavagem e imersão em 350 µL de inóculo bacteriano (D.O.=1), distribuídas em placas de Petri contendo papel-filtro esterilizado e mantidas a 25 °C por 30 dias. Diariamente foi contabilizado o número de sementes germinadas, considerando protrusão radicular de 2-3 mm. Ao final, avaliaram-se a porcentagem de plântulas normais, anormais, germinação incompleta, sementes não germinadas e contaminadas, índice de velocidade de germinação, tempo médio de germinação e frequência relativa diária. Os resultados demonstraram que os picos de germinação ocorreram no 11º dia nas sementes do controle e nas inoculadas com SmR1, no 13º dia com Ab-v05 e Fp2, nos dias 9 e 12 com Hm053 e nos dias 8 e 12 com M1. Após 30 dias, *H. seropedicae* SmR1 e *A. brasilense* Hm053 apresentaram as maiores porcentagens de plântulas normais e a menor incidência de sementes não germinadas. A estirpe *A. brasilense* Fp2 também apresentou desempenho superior ao controle. Em contrapartida, o controle apresentou a menor porcentagem de plântulas normais e os maiores percentuais de germinação incompleta e de sementes não germinadas. Conclui-se que estas estirpes de *A. brasilense* FP2, *H. rubrisubalbicans* SmR1 e *H. seropedicae* HM053 podem elevar a performance fisiológica de sementes de *P. taeda*, representando candidatas futuras para inoculação em viveiros florestais.

**Palavras-chave:** *Azospirillum brasilense;* germinação de sementes; *Herbaspirillum seropedicae.*

**Agradecimentos:** Ao projeto "Bioinsumos para promoção do crescimento de mudas de *Pinus* e *Eucalyptus*" (código 20.21.00.004.00.00, SAIC: 21500.21/0161-6), financiado pela Embrapa e pela Klabin S/A.

# RGM 187 - LINHAGENS DE *Priestia aryabhattai* DA CAATINGA COM POTENCIAL PARA MITIGAÇÃO DE ESTRESSE HÍDRICO EM PLANTAS

Rafael Antonio Nieri[1]*; Itamar Soares de Melo[2]

[1]Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP, Brasil. [2]Embrapa Meio Ambiente, Jaguariúna, SP, Brasil. *nieri.nieri26@gmail.com

A Caatinga é um reservatório estratégico de recursos genéticos microbianos adaptados à limitação hídrica, com potencial para prospecção de bioinsumos voltados à sustentabilidade agrícola. Objetivou-se caracterizar duas linhagens de *Priestia aryabhattai* (CMAA 1363 e CMAA 1957), isoladas da rizosfera de mandacaru (*Cereus jamacaru*), quanto a atributos funcionais associados à promoção de crescimento vegetal e à tolerância ao estresse hidrico. As linhagens foram avaliadas quanto ao crescimento sob variações de temperatura, salinidade e estresse osmótico; produção de ácido indolacético (AIA) em condições de estresse salino; atividade indireta de 1-aminociclopropano-1-carboxilato deaminase (ACC deaminase); formação de biofilme e exopolissacarídeos; e resposta de plantas de alface à dessecação e reidratação. As duas linhagens apresentaram crescimento em ampla faixa térmica e mantiveram desenvolvimento sob condições salinas e osmóticas, indicando rusticidade compatível com sua origem em ambiente semiárido. As linhagens expressaram características funcionais relevantes para interação planta-microrganismo, incluindo síntese de AIA em condições de estresse salino e atividade de ACC deaminase. Além disso, a linhagem CMAA 1957 apresentou formação de biofilme e produção de exopolissacarídeos. No ensaio com alface (*Lactuca sativa* L. cv. Vanda), a inoculação com as linhagens, especialmente CMAA 1957 e o consórcio entre CMAA 1363 e CMAA 1957, favoreceu a recuperação das plantas após período de dessecação e posterior reidratação, sugerindo efeito protetor frente à desidratação. Esses resultados indicam que *P. aryabhattai* CMAA 1363 e CMAA 1957 constituem recursos genéticos microbianos promissores para bioprospecção e uso biotecnológico em sistemas agrícolas sujeitos à limitação hídrica. A caracterização funcional dessas linhagens contribui para a valorização da biodiversidade microbiana da Caatinga e para o desenvolvimento futuro de bioinsumos voltados à agricultura sustentável e à adaptação produtiva em cenários de estresse abiótico.

**Palavras-chave:** Rizobactérias; Semiárido; Bioinsumos.

**Agradecimentos:** À CAPES, à ESALQ/USP e à Embrapa Meio Ambiente pelo apoio.

# RGM 194 - BIOPROSPECÇÃO DE RIZOBACTÉRIAS MULTIFUNCIONAIS DO CERRADO REVELA ISOLADOS PROMISSORES PARA BIOINSUMOS AGRÍCOLAS

Juliana de Farias Machado[1,2]*; Rebeca dos Santos Gabriel[1]; Kássia Lorrany Marques de Paula[1]; Leandra Gonçalves Franco[1]; Suellen Rodrigues Ferreira[2]; Enderson Petronio de Brito Ferreira[2]; Adriane Wendland[2]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Embrapa Arroz e Feijão. *juliana.farias@discente.ufg.br

A diversidade microbiana constitui uma importante fonte de recursos genéticos com potencial biotecnológico destinados a uma agricultura sustentável. Apesar desse potencial, estima-se que grande parte dessa diversidade microbiana permaneça inexplorada. Nesse cenário, a bioprospecção associada à caracterização funcional representa uma estratégia eficiente para identificar isolados capazes de expressar diferentes mecanismos benéficos às plantas, ampliando as possibilidades de uso dos seus recursos genéticos. Objetivou-se, então, caracterizar funcionalmente as rizobactérias do Cerrado, isoladas de plantas de sistema agrossilvipastoril, quanto à capacidade de solubilização de nutrientes minerais e formação de biofilme, visando à seleção de isolados com potencial de uso como bioinsumos. Foram avaliados 36 isolados bacterianos. Os ensaios foram conduzidos em delineamento inteiramente casualizado, com três repetições para avaliação da solubilização de fosfato, potássio e zinco, além da formação qualitativa de biofilme. Em seguida, os isolados com maior capacidade de formação de biofilme foram submetidos à quantificação pelo método do cristal violeta, com leitura da densidade óptica a 570 nm. Dos isolados avaliados, 72,2% apresentaram capacidade de solubilizar fosfato e potássio, 44,4% zinco e 69,4% formaram biofilme. A quantificação revelou elevada variabilidade na produção de biofilme entre os isolados selecionados. Destacaram-se seis isolados que apresentaram simultaneamente os quatro atributos funcionais avaliados, evidenciando perfil multifuncional e elevado potencial biotecnológico. A capacidade de formar biofilmes constitui um atributo estratégico para bioinsumos agrícolas, pois favorece o estabelecimento e a colonização da rizosfera, aumenta a sobrevivência dos microrganismos frente a estresses ambientais e potencializa o estabelecimento de populações benéficas. Associada à solubilização de nutrientes, essa característica amplia as perspectivas de desempenho dos inoculantes em condições de campo. Os resultados deste trabalho evidenciam o elevado potencial das rizobactérias selecionadas e identificam microrganismos promissores para estudos posteriores *in vitro* e *in vivo*, visando ao desenvolvimento de bioinsumos multifuncionais capazes de promover o crescimento vegetal, aumentar a eficiência do uso de nutrientes e atuar no controle biológico em sistemas agrícolas sustentáveis.

**Palavras-chave:** Biodiversidade; Sustentabilidade; Biofilmes.

**Agradecimentos:** CNPq, CAPES, EMBRAPA Arroz e Feijão, UFG, FUNAPE.

# RGM 198 - CARACTERIZAÇÃO MORFOCULTURAL, MOLECULAR E ATIVIDADE ANTAGÔNICA DE ACTINOBACTÉRIAS CONTRA *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *perforans*

Moisés Rodrigues Silva[1]; Eder Marques[1]*

[1]Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás, Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas. *edermarques@ufg.br

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma das hortaliças de maior importância econômica e alimentar no mundo. No Brasil, o estado de Goiás destaca-se como um dos principais produtores de tomate para processamento industrial. Entre os principais fatores limitantes da cultura está a mancha bacteriana, causada principalmente por *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *perforans*, cuja ocorrência demanda estratégias de manejo mais sustentáveis. Este estudo teve como objetivo caracterizar morfológica e molecularmente isolados brasileiros de actinobactérias e avaliar sua atividade antagônica em ensaios *in vitro* e *in vivo*. Oito isolados (NPF55-NPF62), obtidos da rizosfera de cana-de-açúcar e tomateiro, foram caracterizados quanto aos aspectos morfoculturais, por microscopia eletrônica de varredura (MEV), amplificação com primers específicos para estreptomicetos e análises filogenéticas multilocus utilizando sequências parciais dos genes 16S rRNA, *atpD* e *rpoB*. A atividade antibacteriana *in vitro* foi avaliada pelo método de difusão em dupla camada, em delineamento inteiramente casualizado (DIC), utilizando-se o diâmetro dos halos de inibição como variável resposta. Os ensaios *in vivo* foram conduzidos em casa de vegetação, também em DIC, no esquema fatorial 2 × 2 × 2, avaliando-se 2 isolados de actinobactérias, 2 tipos de formulação (suspensão de esporos e metabólitos) e 2 métodos de aplicação (microbiolização de sementes e *drench* no substrato), tendo como variável resposta o índice de intensidade da doença. Os isolados foram identificados como pertencentes aos gêneros *Amycolatopsis* (NPF55) e *Streptomyces* (NPF56-NPF62) e apresentaram variabilidade morfológica quanto à coloração, textura e desenvolvimento do micélio aéreo. As análises por MEV evidenciaram diferenças nos padrões de formação de hifas aéreas e cadeias de esporos, corroborando a identificação dos isolados. Nos ensaios *in vitro*, NPF57 (*S. eurocidicus*) e NPF58 (*Streptomyces* sp.) apresentaram a maior atividade antibacteriana, formando halos de inibição de até 0,65 cm. Em casa de vegetação, a supressão da mancha bacteriana foi influenciada pela interação entre isolado, tipo de formulação e método de aplicação. O tratamento com NPF60 (*S. aquilus*), aplicado na forma de suspensão de esporos via *drench* no substrato, apresentou o menor índice de doença. Os resultados demonstram que espécies de *Streptomyces* representam recursos genéticos promissores como agentes microbianos destinados ao manejo da mancha bacteriana do tomateiro, reforçando a importância da caracterização e valorização da microbiota nativa para o desenvolvimento de tecnologias sustentáveis na agricultura brasileira.

**Palavras-chave:** mancha bacteriana; *Streptomyces* spp.; tomateiro.

**Agradecimentos:** CAPES/FAPEG; Embrapa.

# RGM 202 - DIVERSIDADE TAXONÔMICA DE ACTINOMICETOS EM ÁREA REMANESCENTE DE MATA ATLÂNTICA E ÁREA AGRÍCOLA

Daniele Hneda[1]*; Helyemari Valentim Althaus[1]; Isabelle Satie Gomes Otani[1]; Juliana Vitória Messias Bitencourtt[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Ponta Grossa.
*danielehneda.2024@alunos.utfpr.edu.br

Ambientes naturais e agrícolas constituem importantes reservatórios de recursos genéticos microbianos, cuja prospecção e conservação são fundamentais para ampliar o conhecimento da biodiversidade e subsidiar aplicações biotecnológicas. Os actinomicetos são reconhecidos por sua vasta produção de compostos ativos. Eles são responsáveis por produzir mais da metade de todos os antibióticos de origem natural conhecidos pela ciência, além de uma infinidade de outros compostos de interesse biotecnológico, como antifúngicos, antitumorais, antiparasitários e imunossupressores. Portanto, este trabalho teve como objetivo isolar e caracterizar actinomicetos provenientes de um remanescente da Mata Atlântica e de uma área agrícola situadas na cidade de Ponta Grossa, visando incorporar novos recursos genéticos microbianos à Coleção Microbiológica de Interesse Biotecnológico da UTFPR. Amostras de solo foram submetidas ao isolamento em meio CSA (ágar amido-caseína), seguido de caracterização morfológica por coloração de Gram e morfologia da colônia, e a identificação da espécie/gênero por MALDI-TOF e sequenciamento do gene 16S rRNA. Foram obtidos 13 actinomicetos identificados, sendo 6 provenientes da mata nativa e 7 da área agrícola. A análise taxonômica dos isolados revelou uma predominância do gênero *Streptomyces*, totalizando 11 linhagens. Também foi possível a identificação de outros actinomicetos de relevante interesse biotecnológico, como o gênero *Micromonospora* e *Paenarthrobacter*. Os isolados apresentaram-se como microrganismos Gram-positivos e com a presença marcante de filamentos ramificados, que formam um micélio característico do grupo. Na análise macroscópica das culturas, os isolados exibiram o desenvolvimento de colônias com aspecto coriáceo e firmemente aderidas ao meio de cultura, características típicas do crescimento de actinomicetos. Os gêneros identificados apresentam potencial reconhecido para a produção de metabólitos bioativos reforçando a importância da prospecção e conservação de recursos genéticos microbianos provenientes de diferentes usos do solo. Os isolados obtidos constituem um novo conjunto de recursos genéticos microbianos incorporado ao acervo da Coleção Microbiológica de Interesse Biotecnológico da UTFPR, disponibilizando material para futuras pesquisas e aplicações em biotecnologia.

**Palavras-chave:** Actinomicetos; Coleções microbiológicas; Diversidade taxonômica.

**Agradecimentos:** À UTFPR, UFPR e Capes.

# RGM 203 - BIOPROSPECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE BACTÉRIAS ISOLADAS DE SOLO DO CERRADO COM POTENCIAL PARA A AGRICULTURA

Kássia Lorrany Marques de Paula[1]*; Kamilla Rasmussen Mendonça[1]; Vanislene Borges da Silva[1]; Marco Antônio Adorno Cardoso[1]; Leandra Gonçalves Franco[1]; Enderson Petrônio de Brito Ferreira[2]; Adriane Wendland[2]

[1]Universidade Federal de Goiás (UFG). [2]Embrapa Arroz e Feijão.
*kassia.lorrany@discente.ufg.br

O Cerrado é um dos principais hotspots de biodiversidade do mundo, constituindo uma importante fonte de recursos genéticos microbianos com potencial para aplicações biotecnológicas. A caracterização de bactérias nativas permite identificar isolados com potencial biotecnológico para a agricultura. Objetivou-se isolar, preservar e caracterizar bactérias do solo do Cerrado quanto às suas características morfológicas, fisiológicas e funcionais para aplicação agrícola. Uma amostra de solo de área de Cerrado localizada em Pirenópolis-GO foi coletada para o isolamento de bactérias. Foram obtidos 18 isolados que foram preservados pelo método de Castellani. Posteriormente foram submetidos a tratamento térmico para avaliar a capacidade de esporulação. A caracterização fenotípica compreendeu a avaliação da morfologia das colônias e morfologia celular por coloração de Gram e microscopia óptica. Posteriormente, 17 isolados foram selecionados para ensaios qualitativos de produção de lipase e celulase e de solubilização de potássio e zinco. Um isolado foi excluído dos ensaios de prospecção por apresentar características morfológicas sugestivas de *Bacillus mycoides*. Dos 18 isolados avaliados, 15 apresentaram crescimento após o tratamento térmico. Observou-se variabilidade na morfologia das colônias, com predominância de colônias brancas, circulares, de superfície lisa e aspecto opaco, margem inteira, elevação plana ou convexa e textura seca ou mucosa. A morfologia celular foi predominantemente baciliforme e Gram-positiva. Nos ensaios de bioprospecção, todos os 17 isolados produziram lipase, quatro produziram celulase, 12 solubilizaram zinco e dois solubilizaram potássio. O Índice de Solubilização (IS) de zinco variou de 1,3 a 2,9 e o Índice Celulolítico (IC) de 0,5 a 3,8. Os isolados 2, 5, 16 e 18 destacaram-se por reunir duas ou mais características de interesse, sendo o isolado 2 o mais promissor, com elevada atividade celulolítica (3,8), produção de lipase e solubilização de potássio. Os resultados evidenciam a diversidade dos isolados e apresentam isolados de interesse para aplicações agrícolas. A caracterização fenotípica e funcional permitiu identificar isolados promissores quanto à produção de enzimas hidrolíticas e à solubilização de nutrientes, evidenciando a importância de bactérias do Cerrado como recursos genéticos para prospecção e desenvolvimento de bioinsumos voltados à agricultura sustentável.

**Palavras-chave:** Enzimas hidrolíticas; Solubilização de nutrientes; Microrganismos multifuncionais.

**Agradecimentos:** CAPES.

# RGM 206 - VARIABILIDADE NA PRODUÇÃO DE ÁCIDO INDOL-3-ACÉTICO POR CEPAS COMERCIAIS DE *Trichoderma harzianum*

Vanislene Borges da Silva[1]*; Kássia Lorrany Marques de Paula[1]; Kamilla Rasmussem Mendonça[1]; Marcio Vinicius de Carvalho Barros Cortes[2]; Murillo Lobo Junior[2]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Embrapa Arroz e Feijão. *vanisleneborges@discente.ufg.br

O gênero *Trichoderma* é utilizado na agricultura por atuar no controle biológico e na promoção do crescimento vegetal. Esses efeitos estão relacionados, entre outros mecanismos, à produção de ácido indol-3-acético (AIA). Avaliou-se a produção de AIA e o acúmulo de biomassa das cepas BRM-29600, IBLF 006, IB 19/17 e 1306. Os isolados foram cultivados em BDA por cinco dias a 25 °C, e a concentração de conídios ajustada para $1\times10^6$ conídios $mL^{-1}$. As suspensões foram inoculadas em caldo BD, com e sem triptofano (TRP) (2 mg $L^{-1}$), em triplicata, em delineamento inteiramente casualizado, e incubadas a 28 °C, 150 rpm, por 96 h. A cada 24 h, amostras foram centrifugadas (12.000 g, 15 min), e o sobrenadante utilizado para quantificação de AIA pelo método de Salkowski, com leitura a 540 nm e determinação da concentração por curva padrão. A biomassa foi avaliada por filtração do micélio e secagem a 50 °C até a massa constante. A produção de AIA diferiu entre as cepas avaliadas durante o cultivo. Após 24 h, não houve diferença entre tratamentos. Em 48 h, a cepa IB 19/17 apresentou a maior produção de AIA (6,11 µg $mL^{-1}$), sem diferir de IB 19/17+TRP (5,79 µg $mL^{-1}$) e BRM-29600+TRP (5,26 µg $mL^{-1}$). Aos 72 h, IB 19/17 e IB 19/17+TRP mantiveram as maiores concentrações, com 10,07 e 10,00 µg $mL^{-1}$, respectivamente. Após 96 h, as cepas 1306, IBLF 006 e IB 19/17, com e sem TRP, apresentaram as maiores concentrações de AIA, variando de 11,89 a 14,05 µg $mL^{-1}$, sem diferença estatística entre si. Os controles apresentaram níveis residuais e estáveis, confirmando que a produção observada decorre da atividade fúngica. A biomassa diferiu entre as cepas ($p < 0,001$), sendo maior em IBLF 006 (0,917 g), sem diferir da cepa 1306 (0,838 g). IB 19/17 e BRM-29600 apresentaram os menores valores (0,767 g e 0,736 g, respectivamente). A relação AIA/biomassa foi superior em IB 19/17 (16,82 µg $mL^{-1}$ $g^{-1}$) e IBLF 006 (14,98 µg $mL^{-1}$ $g^{-1}$), seguidos por 1306 (8,40 µg $mL^{-1}$ $g^{-1}$) e BRM-29600 (4,41 µg $mL^{-1}$ $g^{-1}$). O TRP não influenciou as variáveis avaliadas. A caracterização fisiológica das cepas de *Trichoderma* spp. evidenciou variabilidade na produção de AIA e biomassa, destacando cepas com diferentes potenciais metabólicos. A ausência de resposta ao TRP sugere síntese de AIA independentemente do precursor nas condições estudadas. Esses resultados contribuem para compreensão dos mecanismos associados à promoção do crescimento vegetal por *Trichoderma* spp. e reforçam a importância da caracterização metabólica de cepas para aplicação como bioinsumos.

**Palavras-chave:** Promoção de crescimento vegetal; fitormônios; bioinsumos.

**Agradecimentos:** CAPES; FAPEG; FAPED.

# RGM 207 - DINÂMICA TEMPORAL DA PRODUÇÃO DE ÁCIDO INDOL-3-ACÉTICO POR *Trichoderma harzianum* BRM 29600 EM DIFERENTES CONCENTRAÇÕES DO INÓCULO

Vanislene Borges da Silva[1]*; Laura Cristina da Silva Almeida[1]; Kamilla Rasmussem Mendonça[1]; Kássia Lorrany Marques de Paula[1]; Márcio Vinicius de Carvalho Barros Cortes[2]; Murillo Lobo Junior[2]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Embrapa Arroz e Feijão. *vanisleneborges@discente.ufg.br

*Trichoderma harzianum* BRM29600 destaca-se como agente de controle biológico e promotor do crescimento vegetal devido, entre outros mecanismos, à produção do ácido indol-3-acético (AIA), fitormônio envolvido no desenvolvimento das plantas. Entretanto, fatores como a concentração inicial do inóculo podem influenciar sua biossíntese. Avaliou-se a produção de AIA desta cepa em diferentes concentrações do inóculo ao longo de 96 h de cultivo. A cepa foi cultivada em meio BDA por cinco dias a 25 °C. Os conídios foram padronizados nas concentrações de $10^3$, $10^4$, $10^5$ e $10^6$ conídios $mL^{-1}$ e inoculados em caldo BD, na presença e ausência de triptofano (2 mg $mL^{-1}$), em triplicata. Os cultivos foram mantidos a 28 °C, sob agitação de 150 rpm, por 96 h. A cada 24 h, amostras foram coletadas e centrifugadas a 12.000 x g por 15 min. O sobrenadante foi analisado pelo método de Salkowski, com leitura a 540 nm, e determinação da concentração por meio de curva padrão. A produção de AIA aumentou ao longo do cultivo em todos os tratamentos. Em 24 h, os valores foram semelhantes, variando de 2,71 a 3,02 µg $mL^{-1}$, independentemente da suplementação com triptofano. Em 72 h, as maiores concentrações de AIA foram observadas nos tratamentos suplementados com triptofano na concentração $10^6$ (8,13 µg $mL^{-1}$) e nos tratamentos com concentração $10^4$, com e sem suplementação, apresentando valores de 7,30 e 7,58 µg $mL^{-1}$, respectivamente. Os tratamentos na concentração $10^5$ apresentaram valores intermediários, variando entre 5,79 e 7,08 µg $mL^{-1}$. Entretanto, em 96 h, os tratamentos nas concentrações $10^4$, $10^5$ e $10^6$ apresentaram estabilização, e curvas de formato sigmoide. Em contraste, os tratamentos na concentração $10^3$, com e sem suplementação de triptofano, mantiveram aumento expressivo entre 72 e 96 h em um padrão exponencial de crescimento, passando de 5,49 para 11,66 µg $mL^{-1}$ e de 5,64 para 10,79 µg $mL^{-1}$, respectivamente, atingindo os maiores valores observados no experimento. Os controles apresentaram níveis residuais e estáveis, indicando que a produção observada está associada à atividade metabólica da cepa de *T. harzianum*. Os resultados demonstram que a concentração inicial do inóculo influencia a dinâmica temporal da produção de AIA, com diferenças na cinética da produção do fitormônio ao longo do tempo. Assim, a concentração inicial de conídios deve ser considerada no planejamento de cultivos destinados à otimização da produção de AIA por *T. harzianum* BRM 29600.

**Palavras-chave:** Biossíntese de fitormônios; Metabólitos secundários; Bioinsumos.

**Agradecimentos:** CAPES, CNPq, FAPED.

# RGM 208 - CARACTERIZAÇÃO DA COMUNIDADE BACTERIANA ASSOCIADA A DIFERENTES GENÓTIPOS DE *Pinus taeda*

Krisle da Silva[1]*; Isabella Blagiem de Campos[2]; Gabriela Yumi Nomi[2]; Leticia Miranda[3]; Regina Caetano Quisen[1]; Emanuel Maltempi de Souza[2]; Leonardo Magalhães Cruz[2]

[1]Embrapa Florestas, Estrada da Ribeira, km 111 - Bairro Guaraituba - CEP: 83411-000 - Colombo, Paraná, Brasil. [2]Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Biológicas, Centro Politécnico, CEP: 81531-980, Jardim das Américas, Curitiba, Paraná, Brasil. [3]Klabin S/A, Fazenda Monte Alegre, S/N, Bairro Harmonia, CEP: 84275-000, Telêmaco Borba, Paraná, Brasil. *krisle.silva@embrapa.br

A madeira de pinus é uma matéria-prima importante para as indústrias de base florestal no Brasil, sendo empregada em diversos processos. *Pinus taeda* é a espécie predominante no mercado no Sul do País. Devido à sua importância, as empresas florestais têm interesse em desenvolver técnicas de melhoramento genético e de propagação vegetativa, como a estaquia. Contudo, a estaquia desta espécie apresenta baixas taxas de enraizamento, o que inviabiliza o uso de clones de plantas selecionadas. Uma alternativa para aumentar essas taxas é o uso de bactérias promotoras do crescimento vegetal (PGPB). O presente estudo teve como objetivo caracterizar o microbioma associado a genótipos de *P. taeda* com alta capacidade de enraizamento. Para caracterizar o microbioma, foram utilizados quatro genótipos de *P. taeda* com alta capacidade de enraizamento, provenientes de um viveiro da empresa Klabin S/A. O DNA foi extraído de amostras de substrato da rizosfera e de solo não rizosférico, totalizando 10 amostras por genótipo, o gene 16S rRNA amplificado e sua região V3-V4 sequenciada na plataforma Illumina MiSeq. Os dados gerados foram analisados no QIIME2, utilizando o DADA2 para o processamento das sequências e classificação em ASV (variantes de sequências amplicon). A função classify-sklearn foi usada para a classificação taxonômica a partir do banco de dados SILVA 138 treinado. As análises de diversidade alfa e beta não apresentaram diferenças significativas entre a rizosfera e o solo não rizosférico, nem entre os materiais genéticos. Foram identificados 40 filos bacterianos, sendo os mais abundantes Proteobacteria (50%), seguido por Bacteroidota (10%), Actinomycetota (9%) e Acidobacteriota (8%). O gênero *Bauldia* foi o mais representativo entre os genótipos e as amostras. Estes resultados demonstram uma composição bacteriana semelhante entre os genótipos de *P. taeda* avaliados e entre as amostras rizosféricas e não rizosféricas, o que pode estar associado ao ambiente de produção de mudas.

**Palavras-chave:** 16S rRNA; Metabarcoding; Proteobacteria.

**Agradecimentos:** O trabalho foi realizado no âmbito do projeto "Bioinsumos para promoção do crescimento de mudas de *Pinus* e *Eucalyptus*" (código 20.21.00.004.00.00, SAIC: 21500.21/0161-6), financiado pela Embrapa e pela Klabin S/A.

# RGM 209 - COMPOSIÇÃO DA COMUNIDADE BACTERIANA ASSOCIADA A CLONES DE ERVA-MATE COM DIFERENTES CAPACIDADES DE ENRAIZAMENTO

Krisle da Silva[1]*; Regina Caetano Quisen[1]; Taciane Beatriz Ferreira[2]; Julia Heduarda Giacomel Balbinotti[3]; Gabriela Yumi Nomi[4]; Ivar Wendling[1]; Juliana Degenhardt-Goldbach[1]

[1]Embrapa Florestas, Colombo, Paraná. [2]Pontifícia Universidade Católica do Paraná, Curitiba, Paraná. [3]Departamento de Produção Vegetal, Universidade Federal do Paraná, Curitiba, Paraná. [4]Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Universidade Federal do Paraná, Setor de Ciências Biológicas, Curitiba, Paraná. *krisle.silva@embrapa.br

A erva-mate (*Ilex paraguariensis* A. St.-Hil.) é uma espécie florestal nativa de grande importância econômica, social e ecológica. Mas esta espécie enfrenta dificuldades na propagação clonal por estaquia de materiais selecionados, devido à baixa capacidade de enraizamento. Desta forma, este trabalho teve como objetivo investigar a comunidade bacteriana associada à rizosfera de mini-estacas de diferentes clones de erva-mate, com capacidades de enraizamento contrastantes. Foram coletadas amostras da rizosfera de quatro clones: IVA 13 e EC 40, com capacidade média a alta de enraizamento e alto teor de cafeína; IVA 49 e EC 22, com baixa taxa de enraizamento e baixo teor de cafeína. Três plantas de cada clone foram utilizadas, para a extração de DNA total. A região V3-V4 do 16S rRNA foi amplificada com os primers 341F e 805R e sequenciada na plataforma Illumina Next Seq 1000. Os dados foram processados no QIIME2, utilizando o DADA2 para a geração de ASVs e a classificação taxonômica baseada no banco de dados SILVA 138. As tabelas filtradas foram posteriormente utilizadas para a construção de gráficos de abundância relativa em diferentes níveis taxonômicos, por meio do plugin taxa barplot, o que permitiu a visualização e a comparação da composição das comunidades microbianas entre os tratamentos avaliados. O processamento das sequências em média, 90,7% passaram pelo filtro de qualidade. Não foram observadas diferenças significativas na diversidade alfa, na diversidade filogenética ou na composição das comunidades bacterianas entre os clones de erva-mate (PERMANOVA, p = 0,39). Os filos Proteobacteria e Actinobacteriota foram os mais abundantes. Entre os gêneros predominantes, destacaram-se *Kribbella*, *Haliangium* e *Streptomyces*. Os resultados observados indicaram a ausência de diferenças na composição da comunidade e na capacidade de enraizamento dos clones associada à comunidade bacteriana presente na rizosfera.

**Palavras-chave:** 16S rRNA; *Ilex paraguariensis* A. St.-Hil; rizosfera.

**Agradecimentos:** Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq, Brasil), por meio do projeto “Produção de mudas clonais de erva-mate: aplicações da nanobiotecnologia”, processo nº 405046/2021-9 (projeto registrado na Embrapa sob o nº 10.22.00.096.00.00).

# RGM 212 - PERFIL BACTERIANO E RESISTÊNCIA ANTIMICROBIANA EM ISOLADOS DE MASTITE BOVINA PROVENIENTES DE PROPRIEDADES LEITEIRAS DOS CAMPOS GERAIS

Renata Micketen[1]*; Mariana Machado Fidelis Nascimento[1]; Suzana Struiving[1]; Juliana Vitória Messias Bittencourt[1]; Vania Aparecida Vicente[1]

[1]Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia (PPG, Universidade Tecnológica Federal do Paraná/ Campus Ponta Grossa (UTFPR-PG), Brasil. *renatamicketen@alunos.utfpr.edu.br

A mastite bovina representa o principal desafio sanitário e econômico da pecuária leiteira mundial, comprometendo a produtividade, a qualidade do leite e a rentabilidade dos sistemas de produção. No Brasil, esse impacto é especialmente relevante na região dos Campos Gerais, no estado do Paraná, reconhecida como a principal bacia leiteira nacional e responsável por concentrar municípios que figuram entre os maiores produtores de leite do país, com destaque para Castro, líder nacional na produção leiteira municipal. Nesse contexto, o monitoramento dos agentes etiológicos envolvidos na mastite e de seus perfis de resistência aos antimicrobianos é fundamental para subsidiar estratégias de controle da doença, promover o uso racional desses medicamentos e garantir a sustentabilidade da produção leiteira regional. Este estudo analisou retrospectivamente o perfil bacteriológico e a resistência antimicrobiana de isolados de mastite na região entre 2023 e 2025. Os resultados demonstram que o gênero *Staphylococcus sp.* permaneceu como o patógeno mais prevalente, embora com um declínio gradativo de 33,13% para 27,19% ao longo do triênio. Observou-se também uma redução expressiva de *Corynebacterium sp.* (15,93% para 8,08%) e a ascensão de patógenos ambientais no último ano, com a *Escherichia coli* atingindo 8,03% e a *Serratia sp.* chegando a 4,22% em 2025. Adicionalmente, manteve-se uma taxa estável de aproximadamente 21% de amostras sem crescimento bacteriano, sugerindo possíveis interferências de tratamentos preventivos. No perfil de sensibilidade, constatou-se uma resistência crítica entre Gram-negativos: a *E. coli* apresentou baixa eficácia frente à Penicilina, Tetraciclina e Sulfa + Trimetoprim, enquanto isolados de *Serratia sp.* e *Klebsiella sp.* exibiram resistência próxima a 100% à Ampicilina e Cefalexina em 2025. Entre os Gram-positivos, o *Staphylococcus aureus* atingiu 80% de resistência à Ampicilina no mesmo ano. Em contrapartida, fármacos como Ceftiofur e Gentamicina preservaram altos índices de sensibilidade. A diversidade etiológica e o aumento do surgimento da resistência antimicrobiana (RAM) reforçam a importância de uma gestão pautada na Saúde Única (*One Health*), integrando o monitoramento laboratorial contínuo ao uso racional de medicamentos para mitigar riscos à saúde pública e assegurar a sustentabilidade econômica da atividade leiteira regional.

**Palavras-chave:** Antimicrobiano; Mastite; Pecuária leiteira; Saúde Única.

**Agradecimentos:** À CAPES e ao CNPq pelo apoio financeiro aos projetos INTC (Processo nº 406645/2022-1) e RAM (Processo nº 409184/2022-5).

# RGM 217 - MACROFUNGOS DA MATA DE ARAUCÁRIA: UM TESOURO GENÉTICO SUBEXPLORADO

Julia Bastos dos Santos[1]*; Melissa Martins[1]; Vanessa Vaz Leonel[1]; Mariana Machado Fidelis do Nascimento[1]; Juliana Vitória Messias Bittencourt[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. *juliabastos@alunos.utfpr.edu.br

A Floresta Ombrófila Mista (FOM), também conhecida como Mata de Araucária, é um ecossistema ameaçado da Mata Atlântica que abriga uma biodiversidade singular graças à presença da *Araucaria angustifolia*. Os fungos desempenham papéis essenciais no ciclo deste ambiente, mas a biodiversidade de macrofungos na FOM permanece pouco pesquisada. Essa profunda lacuna no conhecimento limita estratégias de conservação e, por consequência, a preservação e subexploração do potencial dos recursos genéticos ali presentes. O objetivo deste trabalho foi investigar tais lacunas por meio de um levantamento bibliográfico apoiado por registros preliminares de campo. Uma saída de campo foi realizada em 1º de maio de 2025, na RPPN Fazenda Paiquerê, em Ponta Grossa, Paraná, onde macrofungos foram coletados. Em paralelo, fez-se um levantamento de artigos nos principais indexadores por meio de descritores relacionados a "macrofungos" e "Floresta de Araucária". Os resultados foram curados com o apoio de IA (Notebook-LM) quanto ao escopo e delimitação geográfica através do título, palavras-chave e resumo. A busca retornou 23 artigos triados (Scopus n=12), (Web of Science n=10) e (PubMed n=1). Após eliminação de duplicadas, restaram 13 artigos totais. A saída de campo observou 20 morfotipos visíveis, atestando para a biodiversidade perceptível da Mata, em contraste com a escassez de resultados nas bases de artigos. Entretanto, dos artigos curados, seus escopos dividiam-se entre descrições taxonômicas e funcionalidade ecológica, abordando em alguns casos a importância da preservação das FOM. A lacuna noticiada mostra-se alarmante, considerando o potencial genético esperado de um ecossistema único. Conclui-se que a falta de atenção para a diversidade fúngica presente nas Matas de Araucárias apresenta um perigo para sua preservação, além de mostrar-se como um desperdício de potencial de pesquisa biotecnológica.

**Palavras-chave:** Biodiversidade; Biotecnologia; Mata Atlântica.

**Agradecimentos:** Ao apoio da Fundação Araucária/SETI através da bolsa concedida à Júlia Bastos dos Santos, Melissa Martins, Vanessa Vaz Leonel e Mariana Machado Fidelis do Nascimento. Ao financiamento deste estudo pela Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Brasil - Código de Financiamento 001. Também, ao financiamento pela CAPES às atividades ligadas ao Projeto Odisseia Microbiológica (CAPES/PROEXT-PG, concessão no. 8881.927570/2023-01). Os autores também reconhecem o apoio do Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia - CERBC (INCT-CERBC, Brasil, concessão no. 406645/2022-1).

# RGM 222 - CULTURA DE CÉLULAS VEGETAIS COMO UMA ALTERNATIVA PARA A PRODUÇÃO DE METABÓLITOS SECUNDÁRIOS

Luciana Gutterres de Azevedo[1]*; Francisco Sebastian Montoya-Serrano[1]; Thiago Sanches Ornellas[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais. *luciana.lugutt@gmail.com

A *Eugenia uniflora* L. (pitangueira) contém metabólitos secundários (MSs) benéficos para a saúde humana, como os compostos fenólicos. O objetivo deste trabalho foi desenvolver um processo eficiente para a produção *in vitro* de MSs fenólicos da pitangueira, por meio da cultura de calos em sistema de imersão permanente com diferentes estímulos elicitores. O acúmulo de biomassa na cultura de calos é um requisito para os ensaios de elicitação. Portanto, determinou-se o potencial de calogênese da espécie sob a influência de quatro fontes de carbono. Para isso, segmentos nodais foram incubados por dois meses em meio semissólido (Sf). Após 1 mês de cultivo, os calos foram transferidos para preparações do meio MS suplementadas com antioxidantes, quatro fontes de carbono a 3% (sacarose, glicose, frutose ou maltose) e combinadas ou não com os fitorreguladores ácido naftalenoacético (ANA) e thidiazuron (TDZ) a 5 µM. Os tratamentos consistiram em: meio padrão com sacarose e fitorreguladores (Sf); sacarose sem fitorreguladores (S); glicose com (Gf) e sem fitorreguladores (G); frutose com (Ff) e sem fitorreguladores (F); e maltose com (Mf) e sem fitorreguladores (M). Após 50 dias de incubação a 25±1°C no escuro, o crescimento dos calos foi avaliado pela medição da massa fresca (mg) e por suas características morfológicas, como a coloração. Dentre os meios com fitorreguladores e diferentes fontes de carbono, o suplementado com glicose (Gf; 469,95±11,07 mg) induziu um crescimento estatisticamente semelhante ao controle contendo sacarose (Sf; 399,65±31,2 mg), apresentando uma tendência a induzir maior crescimento, além de originar calos mais claros e sem sinais de oxidação. O crescimento dos calos no meio Gf foi superior ao observado nos meios com fitorreguladores contendo frutose (351,5±17,5 mg) ou maltose (256,3±20mg), e também superou o dos meios sem fitorreguladores suplementados com glicose (111,3±2,7 mg), frutose (103,8±2,5 mg) ou maltose (110,5±53,3 mg). Os resultados demonstraram que a ausência de fitorreguladores prejudicou o crescimento de biomassa. Os calos mantidos nos meios com fitorreguladores e glicose (Gf) ou frutose (Ff) exibiram coloração branco-amarelada. Contudo, o controle (Sf) desenvolveu coloração marrom, sinalizando maior oxidação celular. Portanto, o meio Gf mostrou-se o mais eficiente para padronizar a metodologia de cultura de calos e células em suspensão de *E. uniflora*, pois garantiu a obtenção de tecidos sadios e um crescimento expressivo, viabilizando os próximos ensaios.

**Palavras-chave:** Substâncias bioativas; calogênese; suspensão celular.

**Agradecimentos:** LFDGV, CNPq e FAPESC.

# RGM 225 - RESPOSTAS DO MICROBIOMA DO SOLO À CONVERSÃO DO USO DA TERRA: UMA ABORDAGEM METAGENÔMICA PARA O MONITORAMENTO DA RESTAURAÇÃO DE CAMPOS NATIVOS

Leticia Prestes[1]*; Kauane Chicora[1]; Jesiane Stefania da Silva Batista[1]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa. *jesiane.batista@uepg.br

O aumento das conversões de áreas de campos nativos destinados à agricultura e silvicultura tem intensificado a degradação do solo e consequentemente a perda da biodiversidade, o que compromete as funções ecológicas do solo. Nesse contexto, a restauração ecológica vem sendo utilizada para recuperar ecossistemas degradados. As comunidades microbianas do solo desempenham funções essenciais na manutenção dos ecossistemas terrestres e respondem de forma sensível a essas alterações, evidenciando o seu potencial como bioindicadoras da qualidade do solo. Contudo, a dinâmica dessas respostas frente às mudanças no uso do solo e aos processos de restauração ainda são pouco compreendidos. Esse estudo apresenta o potencial da metagenômica *shotgun* superficial (*shallow shotgun metagenomics*) para comparar os perfis taxonômicos e funcionais de bactérias do solo em áreas agrícolas, de restauração em estágio inicial (desde 2016) e de campo nativo preservado na região dos Campos Gerais (Ponta Grossa/PR), visando a identificação de grupos bioindicadores. A composição taxonômica diferiu significativamente entre os diferentes usos do solo (PERMANOVA, P= 0,007). Na análise de abundância diferencial realizada com o pacote ANCOM-BC2, o filo Pseudomonadota, particularmente famílias como Nitrobacteraceae (que aumentou progressivamente de 26,9% em áreas agrícolas para 36,5% em áreas preservadas), juntamente com Dongiaceae, Phyllobacteriaceae e Beijerinckiaceae (Log2FC = +0,758, +0,398 e +0,373, respectivamente; p < 0,01), emergiram como grupos bioindicadores candidatos para monitorar a recuperação do ecossistema. Esse padrão é compatível com seus papéis em processos de ciclagem de nitrogênio em ecossistemas menos perturbados, evidenciando seu potencial bioindicador do processo de recuperação de áreas degradadas. A análise da diversidade beta, baseada na dissimilaridade de Bray-Curtis, evidenciou que a estrutura da comunidade microbiana em área de restauração ocupa posição intermediária em relação aos outros solos, contudo com maior similaridade ao solo agrícola, indicando que os estágios iniciais da restauração são marcados pelo legado do uso anterior. Nossos resultados demonstram que a mudança no uso do solo em campos subtropicais impacta as comunidades bacterianas do solo, com o grupo Pseudomonadota se destacando como indicador de recuperação.

**Palavras-chave:** Bioindicadores; Filo Pseudomonadota; Sequenciamento.

**Agradecimentos:** CNPq (INCTMicroagro); CAPES; Fundação Araucária (NAPI Biodiversidade: Restore).

# RGM 227 - VARIABILIDADE FUNCIONAL DE ESTIRPES DE *Pseudomonas* NA SOLUBILIZAÇÃO DE DIFERENTES FORMAS MINERAIS DE FÓSFORO

Kauane Chicora[1]; Letícia Prestes[1]; Thiago Bet Haag[1]; Jesiane Stefania da Silva Batista[1]*

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa. *jesiane.batista@uepg.br

O fósforo (P) é um macronutriente essencial ao crescimento vegetal. Sua disponibilidade, no entanto, é limitada devido àà sua associação com minerais; em solos ácidos, comumente encontrados no Brasil, a imobilização do P é frequentemente favorecida pela associação com minerais de ferro (Fe) e alumínio (Al). Algumas estirpes do gênero *Pseudomonas* são capazes de solubilizar formas minerais de P e disponilizar esse nutriente em formas passíveis de assimilação pelas espécies vegetais. Grande parte dos estudos caracterizam os microrganismos solubilizadores de P utilizando $Ca_3(PO_4)_2$no isolamento e seleção, o que não representa necessariamente sua eficiência sobre fontes mais recalcitrantes, como $AlPO_4$ e $FePO_4$. Este estudo avaliou se estirpes de *Pseudomonas* selecionadas com base na capacidade de solubilização de $Ca_3(PO_4)_2$ também apresentam eficiência frente a outras fontes.. Dezesseis estirpes foram cultivadas em meio líquido NBRIP contendo $AlPO_4$ ou $FePO_4$ como única fonte de P, sendo a concentração de P solubilizado determinada pelo método do fosfomolibdato. Os dados foram submetidos à análise de variância, comparação de médias e análises de correlação. Observou-se elevada variabilidade funcional entre as estirpes. As estirpes PCG 1333 e PCG 9222 se destacaram tanto na solubilização de $Ca_3(PO_4)_2$ quanto $AlPO_4$, enquanto AA 8213 apresentou maior eficiência na solubilização de $FePO_4$. Em contraste, estirpes altamente eficientes na solubilização de $Ca_3(PO_4)_2$, como AA 3812, PCG 9211 e PCG 9710, não apresentaram solubilização detectável de $FePO_4$, ao passo que AA 2073 manteve desempenho consistente para as três fontes minerais. Além das diferenças individuais, verificou-se ampla variação entre os extremos de solubilização. Para $Ca_3(PO_4)_2$, os valores oscilaram de 13,07 mg/L (PCG 1242) até 207,52 mg/L (PCG 9222), enquanto para $AlPO_4$ variaram de 1,60 mg/L (PCG 1242) até 7,35 mg/ L (PCG 1333). Já para $FePO_4$, a maioria das estirpes não apresentou solubilização detectável, com exceção de AA 8213 (7,58 mg/L) e AA 2073 (6,42 mg/L). Esses resultados demonstram que a solubilização de $Ca_3(PO_4)_2$ não prediz o desempenho na solubilização de $AlPO_4$ e $FePO_4$. A avaliação conjunta das três fontes permitiu identificar perfis específicos e estirpes mais versáteis, destacando-se AA 2073 pela solubilização de todas as formas avaliadas.

**Palavras-chave:** Solubilização de fosfato; rizobactérias*;* Bactérias promotoras de crescimento vegetal; BCPV.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) e Fundação Araucária (NAPI Biodiversidade: Recursos Genéticos e Biotecnologia).

# RGM 228 - IDENTIFICAÇÃO GENÔMICA DE ISOLADOS ELITE DE RIZOBACTÉRIAS COM POTENCIAL PARA O BIOCONTROLE DE DOENÇAS

Leandra Gonçalves Franco[1]*; Ariany Rosa Gonçalves[2]; Vanislene Borges da Silva[1]; Kássia Lorrany Marques de Paula[1]; Juliana de Farias Machado[1]; Marta Cristina Corsi de Filippi[3]

[1]Universidade Federal de Goiás (UFG). [2]Instituto Federal Goiano - Campus Ceres. [3]Embrapa Arroz e Feijão. *leandra.franco@discente.ufg.br

O milho (*Zea mays*) é uma das culturas de maior importância mundial. No entanto, sua produtividade pode ser comprometida por doenças foliares, entre as quais se destaca a queima foliar do milho, causada por *Bipolaris maydis*. Assim, rizobactérias antagonistas representam importantes recursos genéticos microbianos para o desenvolvimento de estratégias sustentáveis de controle. A identificação taxonômica de isolados promissores é uma etapa-chave para o desenvolvimento de bioinsumos. Objetivou-se realizar a identificação genômica de seis rizobactérias com potencial para o controle da queima foliar do milho. Seis isolados (P1, P6, P22, 6N, 8N e MIT4), selecionados com base no potencial antagônico *in vitro* contra *B. maydis*, foram submetidos a análises genômicas. O DNA genômico foi extraído e para a identificação do P6, P22, 6N e 8N, foi realizada amplificação multiplex dos genes 16S rRNA, 23S rRNA, *gyrB* e *rpoB* utilizando o kit NanoPlex® Tax (Onsite Genomics). Os *amplicons* foram purificados e utilizados para preparo de biblioteca com o *Rapid Barcoding Kit 96* (Oxford Nanopore Technologies). O sequenciamento foi realizado em plataforma MinION Mk1B (ONT), com *flow cell* R9.4.1. As etapas de *basecalling* e de multiplexação foram conduzidas no programa Dorado v0.5.3, seguido de remoção de adaptadores, filtragem de qualidade e montagem de consenso. As sequências foram alinhadas e os genomas foram montados e anotados utilizando Flye v. 2.9.3, Medaka v. 1.11.3 e Prokka v.1.14.5. Já para a identificação do P1 e MIT4, foi realizada por sequenciamento dos genes *gyrB*, 16S rRNA e 23S rRNA. O isolado P6 foi identificado como *Bacillus altitudinis*, já o P22 foi classificado como *Candidatus Pantoea gossypiicola*. Os isolados 6N e 8N foram atribuídos ao gênero *Pseudomonas*, correspondendo à *P. putida* e *P. aeruginosa*, respectivamente. O isolado P1 foi identificado como *Bacillus velezensis* e o MIT4 como *Priestia megaterium*. A identificação taxonômica revelou isolados pertencentes aos gêneros *Bacillus*, *Pseudomonas* e *Pantoea*, com reconhecido potencial para promoção do crescimento vegetal e biocontrole. A integração de genes marcadores e sequenciamento genômico conferiu maior resolução taxonômica e evidenciou o potencial biotecnológico dos isolados. Nesse contexto, essas bactérias se destacam como importantes recursos genéticos com potencial para aplicação em estratégias sustentáveis de manejo de doenças e desenvolvimento de bioinsumos agrícolas.

**Palavras-chave:** *Bipolaris maydis*; Identificação taxonômica; Microrganismos multifuncionais.

**Agradecimentos:** CAPES; Embrapa.

# RGM 235 - ISOLAMENTO DE MICRORGANISMOS DA RIZOSFERA DO CAPIM-ANNONI (*Eragrostis plana* Ness) EM TERRAS BAIXAS

Larissa Cabreira Schönhofen[1]*; Helena de Azevedo Perleberg[2]; Marcos Vinícius de Sousa Farias[3]; Fabiane Pinto Lamego[3]; Maria Laura Turino Mattos[3]

[1]Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS. [2]Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia, Pelotas, RS. [3]Embrapa Clima Temperado, Pelotas, RS.
*larissaschonhofen@icloud.com

Os microrganismos benéficos surgem como uma alternativa promissora para o controle biológico de plantas daninhas resistentes a herbicidas. Diversos agentes, como actinomicetos, bactérias, fungos e vírus, apresentam potencial bioherbicida, especialmente para o manejo do capim-annoni (*Eragrostis plana* Ness) — uma invasora perene de elevada rusticidade e grande poder de disseminação no Bioma Pampa. Contudo, ainda há pouca informação sobre a diversidade do microbioma associado a essa espécie, o que limita a compreensão das interações entre o hospedeiro e esses agentes biológicos. Neste estudo, foram isolados microrganismos da rizosfera de capim-annoni coletado em solo de terras baixas, procedendo-se à caracterização morfofisiológica de colônias". A amostragem de capim-annoni ocorreu em uma área de integração lavoura-pecuária infestada pela espécie, localizada na Estação Experimental Terras Baixas da Embrapa Clima Temperado, em Capão do Leão, RS. Para conservar o sistema radicular e a rizosfera, a amostragem foi realizada com o auxílio de uma pá de corte. A fração rizosférica foi isolada pela separação manual do solo aderente às raízes, obtendo-se a amostra matriz. Uma alíquota de 10 g de solo foi homogeneizada em 90 mL de solução fosfato-salina estéril sob agitação por 20 minutos. Após diluição em série até $10^{-5}$, inoculou-se 0,1 mL (em triplicata) por espalhamento nos meios Agar Nutritivo (AN), Caseinato de Sódio, Extrato de Malte, IPS-4 e NFb. Foram isolados 23 acessos bacterianos, os quais foram purificados e caracterizados, em triplicata, quanto ao tempo de crescimento em ágar nutriente (AN) e à morfologia colonial (borda, cor, diâmetro, elevação, forma, superfície e detalhes ópticos). Os isolados foram submetidos à caracterização morfofisiológica, bioquímica e funcional [crescimento em caldo EC (*Escherichia coli Broth*), ágar MacConkey e King B, reação de Gram, catalase, oxidase, indol, endósporos, triple sugar iron (TSI), ácido indol acético (AIA), biofilme, sideróforos e atividades proteolítica e celulolítica). Desse total, 14 acessos apresentaram-se como bastonetes Gram-negativos (crescimento positivo em EC e MacConkey) e foram descartados por pertencerem à família *Enterobacteriaceae*. Os nove acessos (CMM 1265, CMM 1266, CMM 1267, CMM 1268, CMM 1269, CMM 1270, CMM 1271, CMM 1272, CMM 1273) restantes eram Gram-positivos, em formato de bastonete e indol-negativos. Destes, cinco acessos (CMM 1266, CMM 1267, CMM 1268, CMM 1269, CMM 1273) produziram AIA e apresentaram resultado negativo para oxidase. Realizou-se análise de agrupamento por dendrograma para os dados de caracterização morfológica sendo observadas diferenças fenotípicas entre os isolados com formação de dois grupos em um coeficiente de similaridade em torno de 80%. Este é o primeiro estudo que isolou e demonstrou que a rizosfera do capim-annoni é colonizada por bactérias produtoras de AIA e de sideróforos que demonstram diversidade morfo-fisiológica.

**Palavras-chave:** Capim-annoni (*Eragrostis plana* Nees); rizosfera; microrganismos.

**Agradecimentos:** INCT-MPCPAgro, Biosphera.

# RGM 238 - SOLO E ESPÉCIE DETERMINAM A COMPOSIÇÃO DA COMUNIDADE BACTERIANA RIZOSFÉRICA EM ÁRVORES NEOTROPICAIS

Thiago Fernandes[1]; Mariane Campos Carneiro[1]; Juliana Marques Serqueira[1]; Lettícia Marques da Silva[1]; Elisete Pains Rodrigues[1]*; Renata Stolf Moreira[1]; André Luiz Martinez de Oliveira[1]

[1]Universidade Estadual de Londrina (UEL), Londrina-PR. *elisete@uel.br

O estabelecimento de microbiomas rizosféricos saudáveis é crítico para a sobrevivência das plantas e para a recuperação dos ecossistemas nos solos ácidos e com baixa disponibilidade de nutrientes dos Neotrópicos. No entanto, as contribuições relativas das propriedades do solo e da identidade do hospedeiro para a estrutura da comunidade microbiana da rizosfera permanecem incertas. Este trabalho teve como objetivo comparar as comunidades bacterianas cultiváveis da rizosfera de duas árvores neotropicais (pioneira e tardia) cultivadas em dois tipos de solo (eutrófico e distrófico). Plantas de *Cecropia pachystachya* (pioneira) e *Cariniana estrellensis* (tardia) foram cultivadas em vasos com ferralsolos vermelhos eutróficos (eRF) e leptossolos líticos distróficos (dLL). Amostras da rizosfera foram processadas (maceração e diluição seriada), seguidas de plaqueamento e isolamento bacteriano. As linhagens isoladas foram identificadas por sequenciamento do gene 16S rRNA, e as análises estatísticas foram realizadas no programa R. O tipo de solo foi o principal filtro ecológico: o solo distrófico (pobre em nutrientes) selecionou gêneros oligotróficos e tolerantes ao estresse (*Burkholderia*, *Dyella* e *Ralstonia*), enquanto o solo eutrófico (fértil) favoreceu Bacillota de crescimento rápido. A espécie vegetal hospedeira refinou ainda mais a composição da comunidade microbiana: *C. pachystachya* recrutou preferencialmente Actinomycetota, consistente com uma rizosfera adaptada ao crescimento rápido, enquanto a rizosfera de *C. estrellensis* foi enriquecida em Betaproteobactérias e Gamaproteobactérias, indicando uma estratégia de recrutamento mais conservadora ligada à resiliência ambiental. Esses resultados mostram que o solo e a espécie vegetal atuam em níveis hierárquicos na composição da comunidade bacteriana rizosférica. Além disso, a comunidade bacteriana associada a *C. estrellensis* no solo distrófico destaca-se como fonte promissora de bioinoculantes nativos para a restauração florestal.

**Palavras-chave:** microbiota rizosférica; grupos sucessionais de árvores; fertilidade edáfica.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem ao CNPq, à CAPES, à Fundação Araucária e ao INCT pelo financiamento e bolsas concedidas, e ao CMLP-UEL pelo suporte infraestrutural.

# RGM 239 - DIVERSIDADE E POSICIONAMENTO FILOGENÉTICO DE RIZÓBIOS ISOLADOS DE SOLANÁCEAS

Thiago Fernandes[1]; Elisete Pains Rodrigues[2]; André Luiz Martinez de Oliveira[1]*

[1]Universidade Estadual de Londrina, Departamento de Bioquímica e Biotecnologia.
[2]Universidade Estadual de Londrina, Departamento de Biologia Geral. *almoliva@uel.br

A utilização de várias espécies de rizóbios em formulações inoculantes comerciais para diferentes culturas de importância agrícola proporciona grande relevância aos estudos de identificação, caracterização taxonômica, filogenética e ecológica de representantes deste grupo. Dentre as técnicas de posicionamento filogenético de microrganismos mais utilizadas, está o estudo da sequência do gene ribossomal 16S RNAr, embora sua aplicação seja muitas vezes limitada ao posicionamento filogenético ao nível de gênero. Este trabalho teve como objetivo analisar as relações filogenéticas e a taxonomia de 25 estirpes do gênero *Rhizobium* previamente isoladas da rizosfera de plantas de tomate (*Solanum lycopersicum*) e lulo (*Solanum quitoense*), pela análise concatenada da sequência dos genes *gln*II (glutamina sintetase do tipo II), *rec*A (reparo e recombinação) e *rpo*A (enzima RNA polimerase), além do gene 16S RNAr. As sequências dos genes estudados foram obtidas por meio de PCR e submetidas ao sequenciamento de Sanger após uma etapa de purificação. As sequências gênicas foram concatenadas e utilizadas para análise pela metodologia MLSA (Multilocus Sequence Analysis). Foram produzidas árvores filogenéticas com sequências de cada um destes genes das 25 estirpes estudadas, com o objetivo de identificar o respectivo posicionamento ao nível de gênero. Em seguida, foram realizadas análises de MLSA com as sequências concatenadas dos genes 16S RNAr, *gln*II, *rec*A e *rpo*A para as estirpes estudadas e espécies-tipo componentes dos gêneros bacterianos identificados na etapa anterior. As sequências concatenadas foram alinhadas com auxílio do programa MEGA12 (v. 12.1) e normalizadas para um tamanho de 2220 nucleotídeos. A relação filogenética das estirpes e espécies-tipo foi reconstruída de acordo com o modelo de distância K2P e o algoritmo de Máxima Verossimilhança, com suporte estatístico baseado na análise de bootstrap com 1000 repetições e a espécie-tipo *Bradyrhizobium diazoefficiens* USDA 110 como grupo externo. As sequências concatenadas foram organizadas em três grandes grupos (distância de 2%), com 11 estirpes no primeiro grupo, 12 estirpes no segundo grupo e duas estirpes presentes no terceiro grupo. Dentre as estirpes posicionadas próximas a espécies-tipo (< 3% distância), quatro estirpes foram agrupadas a *Rhizobium tropici* CIAT 899, sete estirpes foram agrupadas a *Rhizobium pusense* NRCPB10, e uma estirpe foi agrupada com *Rhizobium alamii* LMG 24466. Adicionalmente, 13 estirpes não foram agrupadas próximas a nenhuma das espécies-tipo, com sete estirpes presentes no primeiro grupo, cinco estirpes presentes no segundo grupo e uma estirpe no terceiro grupo. Os resultados demonstram as relações filogenéticas e a taxonomia das estirpes estudadas, identificam estirpes com potencial para representar novas espécies de rizóbios e contribuem para ampliar o conhecimento sobre a ecologia de rizóbios e sua interação com plantas não leguminosas.

**Palavras-chave:** Bactérias associativas; rizosfera; recursos genéticos.

**Agradecimentos:** Os autores agradecem ao CNPq, à CAPES, à Fundação Araucária e ao INCT pelo financiamento e bolsas concedidas.

# RGM 240 - DIVERSIDADE TAXONÔMICA DE BACTÉRIAS CULTIVÁVEIS E SEU POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO EM REMANESCENTE DE MATA ATLÂNTICA E ÁREA AGRÍCOLA

Helyemari Valentim Althaus[1]*; Daniele Hneda[1]; Isabelle Satie Gomes Otani[1]; Juliana Vitória Messias Bitencourtt[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná - Campus Ponta Grossa.
*helyemarivalthaus@hotmail.com

Ambientes naturais e agrícolas constituem importantes reservatórios de recursos genéticos microbianos, cuja prospecção e conservação são fundamentais para ampliar o conhecimento da biodiversidade e subsidiar aplicações biotecnológicas. Este trabalho teve como objetivo isolar e caracterizar bactérias cultiváveis provenientes de um remanescente de Mata Atlântica e de uma área agrícola sob rotação soja-milho, visando incorporar novos recursos genéticos microbianos à Coleção Microbiológica de Interesse Biotecnológico da UTFPR. Amostras de solo foram submetidas a isolamento em diferentes meios de cultura, seguido de caracterização morfológica e identificação por MALDI-TOF e sequenciamento do gene 16S rRNA. Foram obtidos 97 isolados bacterianos cultiváveis, sendo 48 provenientes da mata nativa e 49 da área agrícola. Embora ambos os ambientes tenham apresentado número semelhante de isolados cultiváveis, o remanescente de Mata Atlântica apresentou maior diversidade taxonômica, com representantes dos gêneros *Priestia*, *Bacillus*, *Paenibacillus*, *Brevibacillus, Lysinibacillus, Microbacterium, Paenarthrobacter, Thauera, Stenotrophomonas* e *Streptomyces*. No ambiente agrícola, foram identificados representantes de *Bacillus, Priestia, Brevibacillus, Stenotrophomonas* e *Streptomyces*. Essa maior diversidade foi evidenciada pela ocorrência exclusiva dos gêneros *Microbacterium, Paenarthrobacter, Thauera* e *Heyndrickxia* no remanescente florestal. Os gêneros identificados apresentam potencial reconhecido para produção de enzimas, metabólitos bioativos, promoção do crescimento vegetal, controle biológico e processos de biorremediação, reforçando a importância da prospecção e conservação de recursos genéticos microbianos provenientes de diferentes usos do solo. Os isolados obtidos constituem um novo conjunto de recursos genéticos microbianos incorporado ao acervo da Coleção Microbiológica de Interesse Biotecnológico da UTFPR, disponibilizando material para futuras pesquisas e aplicações em biotecnologia e agricultura.

**Palavras-chave:** Coleções microbiológicas; Diversidade taxonômica; Potencial biotecnológico.

**Agradecimentos:** Este estudo foi apoiado pela Fundação Araucária e pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), no âmbito do Projeto RAM (Processo CNPq nº 409184/2022-5), incluindo a concessão de bolsa de pesquisa. Os autores agradecem à Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) pela infraestrutura, à Universidade Federal do Paraná (UFPR) pelo suporte ao sequenciamento do gene 16S rRNA e ao Hospital de Clínicas da UFPR pelo suporte no MALDI-TOF.

IX Congresso Brasileiro de RECURSOS GENÉTICOS
Recursos Genéticos e Biotecnologia: biodiversidade e sustentabilidade na agricultura familiar e agroindústria
10 a 13 de novembro de 2026
Florianópolis - SC

# RGM 241 - CARACTERIZAÇÃO ESTRUTURAL, FUNCIONAL E ANÁLISE DE CONSERVAÇÃO DA AMINOPEPTIDASE LAP1 (C7Z6W1) EM ESPÉCIES DO GÊNERO *Fusarium*

Sâmela Aldrea Leite de Oliveira[1]; Gabriel Virginio-Pereira[1]; Mariana Machado Fidelis do Nascimento[1]; Juliana Vitória Messias Bittencourt[1]; Vania Aparecida Vicente[2]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. [2]Universidade Federal do Paraná.
*samela@alunos.utfpr.edu.br

O gênero *Fusarium* compreende fungos filamentosos de elevada relevância agrícola, ambiental e clínica, constituindo um importante recurso genético para estudos de diversidade, evolução e caracterização de genes e proteínas associados à adaptação e à patogenicidade. Além de causar doenças em plantas, espécies desse gênero estão entre os principais agentes etiológicos da ceratite fúngica, uma infecção ocular de difícil tratamento e potencialmente causadora de perda visual. Estudos proteômicos recentes identificaram aminopeptidases da família M28 como potenciais fatores de virulência em isolados do complexo *Fusarium solani* associados à ceratite micótica, evidenciando a necessidade de compreender o grau de conservação dessas proteínas entre diferentes espécies do gênero. Nesse contexto, o presente estudo teve como objetivo investigar a conservação e caracterizar bioinformaticamente a aminopeptidase LAP1 (C7Z6W1) em espécies e linhagens de *Fusarium*. A sequência proteica de LAP1 de *Fusarium vanettenii* (UniProt: C7Z6W1) foi utilizada como sequência de referência em análises de tBLASTn no National Center for Biotechnology Information (NCBI) contra os genomas de *Fusarium solani* (CSH_1, CSH_2, CSH_7 e CC_50), *Fusarium oxysporum* Fo47, *Fusarium verticillioides* 7600 e *Fusarium proliferatum* ET1. Foram avaliados os parâmetros Max Score, Total Score, cobertura da consulta, E-value, percentual de identidade, comprimento da sequência e número de acesso. A caracterização funcional foi realizada utilizando o InterPro, enquanto a estrutura tridimensional predita foi obtida por meio do AlphaFold. Homólogos da LAP1 foram identificados em todas as espécies analisadas, apresentando cobertura entre 99 e 100%, identidade variando de 86,59% a 94,03% e valores de E-value entre 0,0 e $9 \times 10^{-160}$, demonstrando elevada conservação da proteína. A análise funcional classificou a LAP1 como membro da família das peptidases M28 (IPR045175), identificando domínio conservado, resíduos catalíticos e sítios de ligação ao íon $Zn^{2+}$, enquanto o modelo estrutural predito apresentou elevada confiabilidade (pLDDT médio = 90,94). Em conjunto, os resultados demonstram que a LAP1 representa uma proteína altamente conservada entre espécies pertencentes a diferentes complexos do gênero *Fusarium*, preservando características estruturais e funcionais compatíveis com sua atividade biológica. A conservação observada amplia o conhecimento sobre proteínas potencialmente associadas à virulência, fornece evidências sobre sua estabilidade evolutiva e estabelece uma base para futuras investigações funcionais envolvendo mecanismos de patogenicidade, diversidade genética e prospecção de alvos moleculares de interesse para o estudo de espécies de *Fusarium* de importância agrícola e médica.

**Palavras-chave:** Bioinformática; Ceratite fúngica; Conservação proteica; Peptidases M28; Recursos genéticos.

**Agradecimentos:** UTFPR, à Coleção de Leveduras de Interesse Industrial vinculada às Coleções Microbiológicas da Rede Paranaense (CMRP) Taxonline e à CAPES pelo apoio ao desenvolvimento deste trabalho.

# RGM 242 - CIÊNCIA PARA TODOS: OS CAMINHOS E IMPACTOS DO ODISSÉIA MICROBIOLÓGICA

Gabriel Virginio-Pereira[1]*; Sâmela Aldrea Leite de Oliveira[1]; Renata Micketen[1]; Daniele Hneda[1]; Suzana Struiving[1]; Isabelle Satie Gomes Otani[1]; Hellyemrai Valentim Althaus[1]; Mariana Machado Fidelis do Nascimento[1]; Vânia Aparecida Vicente[2]; Juliana Vitória Messias Bittencourt[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. [2]Universidade Federal do Paraná.
*gabrielp.2019@alunos.utfpr.edu.br

A conservação e o uso sustentável dos recursos genéticos dependem fortemente do reconhecimento de sua importância por parte da sociedade. No caso dos microrganismos, que representam uma parcela inestimável do patrimônio biológico e da biodiversidade, essa valorização enfrenta um obstáculo prático significativo: a invisibilidade a olho nu. A ausência de contato visual direto frequentemente distancia o público geral do entendimento sobre as aplicações biotecnológicas e a necessidade de preservação da diversidade microbiana. Para superar essa barreira, o projeto "Odisséia Microbiológica" vinculado ao Programa de Extensão da Educação Superior na Pós-Graduação (PROEXT-PG/CAPES) desenvolveu estratégias visuais e táteis para aproximar a comunidade desse patrimônio biológico. Este trabalho objetiva apresentar os indicadores de alcance e o impacto dessa iniciativa. A metodologia baseou-se na mediação presencial utilizando uma "maleta itinerante", que continha banners ilustrativos, placas de Petri resinadas e réplicas de fungos em biscuit, facilitando a visualização morfológica. As abordagens foram adaptadas a diferentes contextos, alcançando um público superior a 10.300 pessoas. No festival Pint of Science (Ponta Grossa-PR), a equipe ilustrou o uso de recursos genéticos na alimentação, exibindo leveduras de fermentação natural. O projeto também marcou presença em eventos acadêmicos e comunitários de grande porte, como o Conecta UTFPR (4.902 visitantes), onde ocorreu o lançamento de um livro da equipe, o SEI-SICITE (3.647 participantes), a Semana Araucária (1.200) e o Hub de Profissões do Colégio Marista (500). A experiência demonstrou que a associação de materiais analógicos à interação direta é eficaz para traduzir conceitos biológicos. Conclui-se que práticas lúdicas são essenciais para sensibilizar a população sobre a importância da conservação dos recursos genéticos microbianos. Tais ações cumprem um papel determinante na democratização da ciência, consolidando a extensão universitária como ponte entre o laboratório e a comunidade.

**Palavras-chave:** Divulgação Científica; Microbiologia; Extensão Universitária Pós-Graduação.

**Agradecimentos:** Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES. Universidade Tecnológica Federal do Paraná.

# RGM 243 - PROSPECÇÃO DE BACTÉRIAS COM POTENCIAL PARA O CONTROLE BIOLÓGICO DE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS

Leandra Gonçalves Franco[1]*; Vanislene Borges da Silva [1]; Kamilla Rasmussem Mendonça[1]; Kássia Lorrany Marques de Paula[1]; Juliana de Farias Machado[1]; Marta Cristina Corsi de Filippi[2]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Embrapa Arroz e Feijão. *leandra.franco@discente.ufg.br

Os fungos fitopatogênicos representam uma das principais causas de perdas na produção agrícola mundial, afetando a produtividade e a qualidade de diversas culturas de interesse econômico. Entre os patógenos destacam-se *Rhizoctonia* spp., *Sclerotinia sclerotiorum*, *Magnaporthe oryzae* e *Fusarium* spp. responsáveis por doenças que ocasionam expressivos prejuízos à agricultura. Nesse contexto, este trabalho teve como objetivo avaliar o potencial antagonista de seis isolados bacterianos (*Bacilus velezensis, B. altitudinis, Pantoea, Pseudomonas pudita, Pseudomonas aeruginosa, Priestia megaterium*) pertencentes à Coleção de Microrganismos da Embrapa Arroz e Feijão, contra a esses fungos fitopatogênicos. Os ensaios foram conduzidos em placas de Petri contendo meio Batata-Dextrose-Ágar (BDA), utilizando a técnica de cultivo pareado. Discos de 5 mm de diâmetro de micélio dos fungos foram posicionados no centro das placas, enquanto 10 µL da suspensão bacteriana foram distribuídos em quatro pontos equidistantes, ao redor do disco, formando um quadrado. Como controle, foram utilizadas placas contendo apenas o disco de micélio do fungo fitopatogênico. Após sete dias de incubação, foi mensurado o diâmetro médio das colônias fúngicas, utilizado para o cálculo da área das colônias. A porcentagem de redução da área da colônia em relação ao controle foi então determinada. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, com três repetições, sendo os dados submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). Os isolados bacterianos apresentaram atividade antagonista contra todos os fungos avaliados. Para *R. solani* e *S. sclerotiorum*, foram observadas reduções superiores a 80% na área das colônias, destacando-se *P. megaterium* (80,08% e 83,80%, respectivamente) e *B. altitudinis* (82,81% para S. *sclerotiorum*). Em *Fusarium* spp., *P. aeruginosa* apresentou a maior redução da área da colônia (90,29%). Para *M. oryzae*, todos os isolados reduziram significativamente o crescimento do fungo em relação ao controle, sem diferenças estatísticas entre si. Os resultados demonstram o potencial dos isolados bacterianos para aplicação no controle biológico de importantes fungos fitopatogênicos.

**Palavras-chave:** Microrganismos antagonistas; fitopatógenos; Biocontrole; Antagonismo microbiano, agricultura sustentável.

# RGM 244 - RESPOSTA DIFERENCIAL DE LINHAGENS DE *ESCHERICHIA COLI* PROVENIENTES DE COLEÇÃO MICROBIOLÓGICA FRENTE A ÓXIDOS DE COBRE DOPADOS COM ZINCO

Leticia Cristina Apostólico Cabral[1]*; Mariana Machado Fidellis do Nascimento[1]; Juliana Vitória Messias Bittencourt[1]; Gabriel Virginio Pereira[1]; Maria Carolina de Oliveira Ribeiro[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. *leticiacabral@alunos.utfpr.edu.br

A crescente resistência bacteriana aos antibióticos impulsiona a busca por estratégias alternativas de controle microbiano, destacando-se os compostos metálicos devido à sua atuação por múltiplos mecanismos simultâneos. O óxido de cobre (CuO) possui reconhecida atividade antimicrobiana, enquanto a incorporação de zinco (Zn) pode alterar suas propriedades físico-químicas. Contudo, a resposta antimicrobiana varia entre linhagens de uma mesma espécie, tornando o uso de recursos genéticos microbianos de coleções fundamental para prospecção biotecnológica. Este trabalho objetivou avaliar a atividade antimicrobiana de óxidos de cobre dopados com zinco frente a linhagens de *Escherichia coli* provenientes de coleção microbiológica. Os materiais (CuO puro e dopados com 2,5%, 5% e 10% de Zn) foram sintetizados pelo método de Pechini e calcinados a 300 °C e 400 °C. Avaliou-se a resposta das linhagens CMRP3249 e CMRP3210 fornecidadas pela Coleção de Leveduras de Interesse Industrial/UTFPR, vinculada a Coleção Microbiológica da Rede Paranaense (CMRP). Na triagem por difusão em ágar, a linhagem CMRP3249 apresentou inibição apenas frente ao CuO puro, enquanto a CMRP3210 foi sensível a todas as formulações, levando essas informações em consideração apenas a linhagem CMRP32101 foi considerada para os próximos testes de Concentração Mínima Inibitória (CMI). Para a CMRP3210, a CMI variou de 1 a 8 g/L. As menores concentrações inibitórias foram de 6 g/L para Zn 2,5% (300 °C) e 2 g/L para Zn 10% (400 °C), enquanto o CuO puro apresentou CMI de 8 g/L (300 °C) e 6 g/L (400 °C). Os resultados evidenciam que a atividade antimicrobiana dependeu da composição e do tratamento térmico dos óxidos, bem como da linhagem avaliada. Conclui-se que os óxidos de cobre dopados com zinco apresentaram atividade antimicrobiana variável frente às linhagens de *Escherichia coli*, influenciada pela composição e temperatura de calcinação. Os resultados obtidos podem subsidiar estudos futuros voltados ao desenvolvimento de novos materiais com atividade antimicrobiana, mediante avaliações adicionais de eficácia, toxicidade e segurança.

**Palavras-chave**: óxido de cobre; atividade antimicrobiana; método de Pechini; coleção microbiológica; concentração mínima inibitória.

# RGM 246 - EFEITO DA MICROBIOLIZAÇÃO COM BACTÉRIAS ASSOCIADAS AO GÊNERO *Ananas* spp. NA SEVERIDADE DA MURCHA DOS ABACAXIZEIROS 'BRS DIAMANTE' E 'BRS SOL BAHIA'

Caroline dos Santos[1]; Talita de Souza Mendes da Silva[1]; Cintia Paula Feitosa Souza[2]; Aline Simões da Rocha Bispo[2]; Michele dos Santos Ferreira[2]; Paulo Henrique da Silva[2]; Fernanda Vidigal Duarte Souza[2]*

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [2]Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*fernanda.souza@embrapa.br

A murcha do abacaxizeiro, associada ao complexo viral *Pineapple mealybug wilt-associated virus* (PMWaV) e transmitida pela cochonilha (*Dysmicoccus brevipes*), é uma das principais doenças que afetam a produção do abacaxi. O uso de bactérias promotoras de crescimento pode ser uma estratégia viável para reduzir a severidade da doença e induzir tolerância ou resistência nas plantas. Assim, este trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da microbiolização com microrganismos benéficos associados ao gênero *Ananas* spp. na severidade da murcha do abacaxizeiro em mudas das cultivares 'BRS Diamante' e 'BRS Sol Bahia'. Foram utilizadas mudas oriundas de plantas matrizes de ambas as cultivares previamente tratadas em casa de vegetação, com três isolados bacterianos (BAC25 - *Enterobacter hormaechei subsp. steigerwaltii*; BAC222 - *Kosakonia cowanii* e BAC406 - *Enterobacter hormaechei subsp. ohara*) e quatro combinações entre eles. Após 120 dias em casa de vegetação, as plantas foram transplantadas para canteiro, onde permaneceram até a frutificação e colheita. Após a colheita dos frutos, a severidade da murcha foi avaliada utilizando escala de 1 a 4, em que 1= plantas sadias, sem sintomas da doença; 2= sinais iniciais da doença; 3= manchas nas folhas e secamento das pontas; e 4= plantas completamente afetadas pela doença com coloração amarelo avermelhada. Os resultados foram quantificados em porcentagem de plantas por níveis da escala. Os resultados demonstraram que a resposta à microbiolização foi dependente da cultivar e do tratamento bacteriano. Para a cultivar 'BRS Diamante', a combinação dos três isolados (BAC25 + BAC406 + BAC222) apresentou melhor desempenho, com 74,1% das mudas na escala 1 e ausência de plantas na escala 4, enquanto BAC406 + BAC222 também apresentou resultados promissores, com 50% das mudas sem sintomas. Resultados semelhantes foram observados na cultivar 'BRS Sol Bahia', na qual as combinações BAC25+BAC406+BAC222 e BAC406+BAC222 proporcionaram 65% e 49,2% das mudas na escala 1, respectivamente. Esses resultados indicam que a microbiolização com consórcios bacterianos apresenta um potencial efeito sinérgico que pode reduzir a severidade dos sintomas da murcha do abacaxizeiro, sugerindo possível indução de tolerância ao complexo viral PMWaV. Está em andamento uma avaliação molecular mais profunda, com o uso de RT-PCR para quantificar a titulação viral em cada tratamento e, a partir deste trabalho, consolidar o impacto destes tratamentos, assim como o uso da escala de severidade proposta neste trabalho.

**Palavras-chave:** *Ananas comosus*; PMWaV; microrganismos benéficos.

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

# RGM 249 - CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR E POTENCIAL ANTAGONISTA DE ACTINOBACTÉRIAS CONTRA *Xanthomonas campestris* pv. *campestris*

Cejana Rayssa de Jesus Barbosa[1]*; Genésio Borges Pacheco[1]; Moisés Rodrigues Silva[1]; Marcos Gomes da Cunha[1]; Eder Marques[1]

[1]Universidade Federal de Goiás. *cejanarayssa@discente.ufg.br

A família Brassicaceae reúne aproximadamente 3.700 espécies de relevância econômica e nutricional, entre as quais se encontra a couve-manteiga (*Brassica oleracea* var. *acephala*). O cultivo dessas espécies pode ser severamente afetado pela podridão negra das crucíferas, doença causada por *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (*Xcc*). Diante desse problema, as actinobactérias apresentam potencial para utilização no controle biológico, em razão da produção de compostos com propriedades antimicrobianas. Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo investigar a capacidade antagonista de isolados de actinobactérias em relação ao crescimento de *Xcc*, utilizando a técnica de difusão em dupla camada. Foram avaliados dez isolados de actinobactérias (NPF90 a NPF99), provenientes do solo rizosférico de tomateiro coletado em área experimental da universidade, os quais foram identificados em nível de gênero por meio do sequenciamento parcial do gene 16S rRNA. Adicionalmente, foram empregados dois isolados de *Xcc*, provenientes de plantas de couve-manteiga coletadas em Goiânia-GO (X1) e Bela Vista de Goiás-GO (X2), cuja identificação foi realizada por reação em cadeia da polimerase (PCR), utilizando primers específicos. O ensaio de antagonismo foi realizado em delineamento inteiramente casualizado, em arranjo fatorial 10 × 2, composto pelos dez isolados de actinobactérias e pelos dois isolados do fitopatógeno (X1 e X2), com três repetições. Como referências de controle positivo, foram empregados discos contendo novobiocina para o isolado X1 e gentamicina para o isolado X2. O efeito antagonista foi determinado a partir da medida dos halos de inibição observados ao redor das colônias. A caracterização molecular demonstrou que nove isolados pertenciam ao gênero *Streptomyces*, enquanto o isolado NPF97 foi identificado como pertencente ao gênero *Amycolatopsis*. Para os dois isolados do fitopatógeno, a PCR resultou na amplificação de fragmentos específicos com aproximadamente 700 pb, confirmando sua classificação como *X. campestris* pv. *campestris*. Os ensaios *in vitro* demonstraram efeito significativo dos tratamentos e dos isolados bacterianos sobre o tamanho dos halos de inibição, sem ocorrência de interação significativa entre os fatores, evidenciando comportamento semelhante dos isolados de actinobactérias diante dos diferentes isolados do fitopatógeno. Entre os microrganismos avaliados, *Streptomyces* sp. NPF92, NPF94 e NPF95 apresentaram atividade antagonista comparável à dos controles positivos, enquanto os demais isolados apresentaram pouca ou nenhuma capacidade de inibição. Os resultados indicam que NPF92, NPF94 e NPF95 apresentam potencial promissor para aplicação no controle biológico da podridão negra das crucíferas no Brasil. Entretanto, são necessários estudos adicionais em condições de casa de vegetação e campo para confirmar a eficiência desses isolados e avaliar sua aplicabilidade no manejo da doença.

**Palavras-chave:** *Amycolatopsis*; Podridão negra das crucíferas; *Streptomyces*.

# RGM 258 - CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA E AGRUPAMENTO FENOTÍPICO DE RIZOBACTÉRIAS ASSOCIADAS A GRAMÍNEAS EM SISTEMA AGROSSILVIPASTORIL

Juliana de Farias Machado[1,2]*; Rebeca dos Santos Gabriel[1,2]; Arthur Carvalho Rodrigues Silva[1,2]; Artur Pereira Bouillet[2,3]; Leandra Gonçalves Franco[1,2]; Enderson Petronio de Brito Ferreira[2]; Adriane Wendland[2]

[1]Universidade Federal de Goiás. [2]Embrapa Arroz e Feijão. [3]PUC Goiás.
*juliana.farias@discente.ufg.br

Os microrganismos constituem expressiva parte da biodiversidade e desempenham funções essenciais para a manutenção e o funcionamento dos agroecossistemas. Na rizosfera, a interação entre plantas, microrganismos e ambiente favorece a formação de comunidades microbianas adaptadas às condições locais, constituindo uma fonte estratégica de recursos genéticos com potencial para aplicações biotecnológicas. A caracterização da variabilidade fenotípica desses recursos é, portanto, uma etapa inicial para organizar a diversidade microbiana e direcionar sua prospecção e utilização sustentável. Objetivou-se caracterizar a variabilidade morfológica, determinar morfotipos e agrupar as rizobactérias, associadas a gramíneas em sistema agrossilvipastoril, visando subsidiar sua prospecção como recursos genéticos microbianos. Foram obtidos 26 isolados bacterianos em meio Ágar-Nutriente, incubados a 28 °C por 24-48 horas. Foram avaliados sete parâmetros para a caracterização macromorfológica das colônias: forma, margem, elevação, superfície, pigmentação, brilho e aspecto. Os dados foram submetidos à análise de agrupamento hierárquico UPGMA, utilizando o coeficiente de distância de Gower. Observou-se ampla variabilidade fenotípica entre os isolados, com predominância de colônias circulares (50%), margem lisa (57,7%), elevação elevada (76,9%) e superfície lisa (57,7%). Quanto à pigmentação, predominaram colônias brancas (69,2%), seguidas por amareladas (19,2%) e rosadas (11,5%). A combinação dos atributos permitiu identificar 21 morfotipos, evidenciando elevada variabilidade fenotípica entre os isolados. O agrupamento UPGMA permitiu discriminar quatro grupos de isolados com 100% de similaridade morfológica (distância zero), organizando a variabilidade restante em ramificações distintas. Os resultados evidenciam a diversidade fenotípica dos isolados e demonstram que a caracterização morfológica associada ao agrupamento multivariado constitui estratégia eficiente para organizar recursos genéticos microbianos e selecionar representantes para futuras etapas de bioprospecção e avaliação do potencial de promoção do crescimento vegetal.

**Palavras-chave:** Rizosfera; Recursos genéticos microbianos; Variabilidade fenotípica; Bioprospecção.

**Agradecimentos:** CNPq, CAPES, EMBRAPA Arroz e Feijão, UFG.

# RGM 270 - PRODUÇÃO DE MELANINA POR BACTÉRIAS ISOLADAS DE AFLORAMENTOS ROCHOSOS DO PARQUE ESTADUAL DO GUARTELÁ (TIBAGI/PR)

Emerson Gabriel Fidencio[1]*; Kauane Chicora[1]; Leticia Prestes[1]; Jesiane Stefania da Silva Batista[1]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa. *g.emersonfidencio@gmail.com

Os afloramentos rochosos em regiões tropicais constituem ambientes estressantes caracterizados por recursos edáficos limitantes, como baixa disponibilidade hídrica e solos rasos e pobres em nutrientes. A ausência de cobertura vegetal e a exposição direta das superfícies rochosas intensificam a incidência de radiação UV, impondo pressão seletiva sobre os organismos. Uma das estratégias para lidar com estresses abióticos pelas comunidades bacterianas consiste na síntese de pigmentos naturais como a melanina, um polímero derivado de precursores como a L-Tirosina com propriedades antioxidantes e de fotoproteção. Para o presente estudo, foi avaliada a atividade de melanogênese das estirpes RP-SE16, RP-SE17 e RP-SE-21, isoladas de solos de fendas rochosas do Parque Estadual do Guartelá (Tibagi/PR). As estirpes, que foram identificadas como bacilos Gram-positivos, foram cultivadas em meio *Triptone Soy Agar* (TSA), suplementado ou não com 1 g $L^{-1}$ de L-tirosina, e incubadas durante 7 dias a 28 ºC. A estirpe RP-SE21 apresentou produção de melanina tirosina-dependente e foi identificada como *Peribacillus* sp. por meio de sequenciamento parcial do gene 16S rDNA. No 7º dia de incubação, as estirpes RP-SE16 e RP-SE17 apresentaram halos de melanina significativamente maiores em meio TSA + tirosina sob fotoperíodo claro (aproximadamente 7,9 cm e 9,4 cm, respectivamente) em comparação ao tratamento TSA em escuro (1,7 cm e 3,7 cm, respectivamente). O padrão inverso foi observado para RP-SE21, que não apresentou halo detectável em meio TSA (claro ou escuro), mas atingiu halo de aproximadamente 6,6 cm em meio tirosina sob escuro. O índice de difusão seguiu tendência semelhante, com valores máximos de 5,1 (RP-SE16) e 6,07 (RP-SE17) em tirosina/claro, e de 1,3 (RP-SE21) em tirosina/escuro. Para avaliação da cinética de produção de melanina, os isolados foram cultivados em meio líquido de TSB + tirosina independente de fotoperíodo e o sobrenadante foi avaliado por espectrofotometria. A avaliação após 72 h e 120 h de incubação evidenciou a maior quantidade de melanina associada à estirpe RP-SE16 em comparação à RP-SE17 por sua vez maior à RP-SE21. Os resultados reforçam os afloramentos rochosos como *hotspots* de recursos genéticos microbianos com potencial biotecnológico para bioprodutos e conservação da biodiversidade associada a ambientes extremos.

**Palavras-chave:** Pigmento bacteriano; Biodiversidade microbiana; *Peribacillus* sp.

**Agradecimentos:** Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Fundação Araucária e a Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG).

# RGM 273 - USO DE INOCULANTE MICORRÍZICO E BIOFERTILIZANTE À BASE DE ÁCIDOS HÚMICOS NO CRESCIMENTO INICIAL DE QUINOA

Camenamul Upá Nambeué[1]; Emanueli Marchioro[1]*; Emanuela Pille da Silva[1]; Anabel González Hernández[1]; Cláudio Roberto Fonsêca Sousa Soares[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *emanuelimarchioro@gmail.com

A quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) apresenta crescente interesse para a diversificação dos sistemas agrícolas brasileiros devido ao seu valor nutricional e adaptação às diferentes condições edafoclimáticas. Os fungos micorrízicos arbusculares (FMA) constituem recursos genéticos microbianos com potencial biotecnológico, pois estabelecem associações simbióticas com as raízes e podem favorecer a aquisição de nutrientes, especialmente fósforo. Entretanto, seus efeitos podem ser modificados pela aplicação conjunta de outros bioinsumos. Este trabalho teve como objetivo avaliar os efeitos da inoculação com o FMA *Rhizophagus irregularis* e de diferentes níveis de um biofertilizante à base de ácidos húmicos sobre o crescimento, a nutrição mineral e as respostas fisiológicas da quinoa. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2 × 6, constituído pela presença e ausência de inoculação e por seis níveis de biofertilizante, acrescido de um tratamento adicional correspondente à dose comercial recomendada associada à inoculação, com quatro repetições. Aos 90 dias após a semeadura, foram avaliadas as seguintes variáveis: altura (cm), diâmetro do caule (mm), massa seca da parte aérea (g vaso$^{-1}$), Índice de Clorofila Falker (ICF), teores de N e P (g kg$^{-1}$) e os acúmulos de N e P (mg vaso$^{-1}$) e colonização micorrízica (%). A inoculação não influenciou significativamente as variáveis avaliadas. Os níveis de biofertilizante afetaram o crescimento, o teor de P e os acúmulos de N e P, mas não alteraram o ICF nem o teor de N. A dose comercial recomendada associada à inoculação reduziu a massa seca da parte aérea em 62,5%, a altura em 41,8% e o diâmetro do caule em 41,3% em relação ao controle. Houve interação entre inoculação e biofertilizante para o acúmulo de P e a colonização radicular. No nível de 24 mL L$^{-1}$, a inoculação aumentou em 136% o acúmulo de P, mas reduziu a colonização micorrízica em 58,9%, em comparação com o tratamento sem inoculação. Conclui-se que a inoculação com *R. irregularis* não beneficiou, de maneira geral, o desempenho da quinoa nas condições avaliadas, mas favoreceu o acúmulo de P em uma combinação específica com o biofertilizante. A aplicação conjunta desses bioinsumos apresenta resposta dependente do nível utilizado e requer ajuste para evitar efeitos negativos sobre o crescimento e favorecer a nutrição fosfatada da quinoa.

**Palavras-chave:** bioinsumos; fungos micorrízicos arbusculares; *Rhizophagus irregularis*; nutrição fosfatada.

**Agradecimentos:** Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

# RGM 277 - ARQUITETURA TERPÊNICA DE EUCALYPTUS COMO BASE PARA A SELEÇÃO DE PERFIS ANTIFÚNGICOS CONTRA *Penicillium expansum*

Milenka Rivera[1]*; Jordán Pérez[1]; Freddy Mora[1]

[1]Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Talca, Avenida Lircay S/N, Talca 3461334, Chile. *milenka.rivera@utalca.cl

Os óleos essenciais de *Eucalyptus* constituem uma fonte promissora de metabólitos especializados com potencial aplicação no manejo de doenças pós-colheita. No entanto, sua atividade biológica nem sempre depende da quantidade total de terpenos, mas pode estar associada à arquitetura química do óleo, incluindo o conteúdo relativo de monoterpenos e sesquiterpenos. Neste estudo, avaliou-se a relação entre composição terpênica e atividade antifúngica de óleos essenciais foliares de *Eucalyptus camaldulensis*, *Eucalyptus globulus* e *Eucalyptus sideroxylon* contra *Penicillium expansum*, agente causal do mofo azul e associado à contaminação por patulina. Foram selecionados 45 perfis químicos contrastantes, 15 por espécie, obtidos de ensaios de progênies de *Eucalyptus* no Chile. Os óleos foram extraídos por hidrodestilação e caracterizados por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas, com quantificação em equivalentes de 1,8-cineol. A atividade biológica foi avaliada por concentração mínima inibitória, concentração mínima fungicida e atividade antioxidante pelo ensaio DPPH, expressa como $IC_{50}$. Os dados foram analisados por modelos comparativos, correlações, análise de componentes principais e agrupamento não supervisionado. A composição química diferiu entre as espécies. *E. globulus* apresentou a maior carga terpênica total, mas não a maior atividade antifúngica. Em contraste, *E. camaldulensis* apresentou os menores valores de concentração mínima inibitória e fungicida, indicando maior potência antifúngica. A identidade específica explicou parte importante da variação da atividade antifúngica, porém a abundância total de terpenos foi menos informativa. Nas análises intraespecíficas, maiores razões monoterpenos/sesquiterpenos estiveram associadas a menores valores de inibição e fungicida em *E. globulus* e *E. sideroxylon*. Em *E. sideroxylon*, dois subquimiotipos diferiram significativamente para ambos os parâmetros antifúngicos; o subgrupo com maior atividade apresentou maior razão monoterpenos/sesquiterpenos, maiores teores de D-limoneno e α-terpineol e menores teores de globulol e sesquiterpenos totais. Por outro lado, a atividade antioxidante não foi explicada pela espécie nem pelos descritores terpênicos avaliados. Conclui-se que a atividade antifúngica dos óleos essenciais de *Eucalyptus* é influenciada pela identidade específica, mas refinada pela configuração química intraespecífica. Assim, a seleção orientada por quimiotipos e pelo balanço entre classes terpênicas pode ser mais informativa do que a carga total de terpenos para identificar perfis com potencial antifúngico pós-colheita.

**Palavras-chave:** Bioprospecção; Quimiotipos; Terpenos.

**Agradecimentos:** Agradecimento ao projeto FONDECYT Regular nº1261528, Chile.

# RGM 279 - AVALIAÇÃO DO POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO DE *Serendipita restingae* (Sebacinales) PARA MITIGAÇÃO DE ESTRESSE HÍDRICO EM TOMATEIRO

Luciana Napitango João Faustino[1]*; Yohan Fritsche[1]; Thiago Sanches Ornellas[1]

[1]Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV), Laboratório de Sementes, Centro de Ciências Agrárias (CCA), Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC).
*luciana.faustino@grad.ufsc.br

O déficit hídrico é uma das principais ameaças à produtividade agrícola global, tornando urgente a busca por estratégias biotecnológicas sustentáveis de mitigação do estresse. Fungos basidiomicetos da ordem Sebacinales formam associações simbióticas com plantas vasculares, promovendo o crescimento vegetal e a tolerância a estresses bióticos e abióticos. *Serendipita restingae* é uma espécie descrita recentemente a partir de protocormos de *Epidendrum fulgens*, representando a única espécie de Serendipitaceae descrita no continente americano isolada em cultura pura, com potencial de colonizar raízes de milho, soja e tomate, entre outros. Este trabalho teve como objetivo avaliar o efeito da inoculação com *S. restingae* sobre a eficiência fotoquímica do fotossistema II (razão Fv/Fm) em plantas de tomate (*Solanum lycopersicum* cv. Stupickê) submetidas a estresse hídrico osmótico induzido por polietilenoglicol (PEG 6000). Sementes de tomate foram desinfetadas, transplantadas, sendo conduzidas em vasos até a indução do estresse hídrico com solução de PEG 6000 (15%). A eficiência quântica máxima do fotossistema II foi mensurada por fluorescência da clorofila em seis repetições por tratamento. As plantas inoculadas apresentaram Fv/Fm médio de 0,783 (± 0,006) e as não inoculadas 0,785 (± 0,014), valores equivalentes entre si e dentro da faixa indicativa de aparelho fotossintético funcional. Não foi observada diferença expressiva entre os grupos quanto à eficiência fotoquímica, sugerindo que, nas condições testadas, a inoculação com *S. restingae* não promoveu proteção adicional mensurável ao aparato fotossintético frente ao estresse osmótico. Esse resultado não invalida o potencial biotecnológico da espécie, mas indica a necessidade de avaliação complementar por meio de outros parâmetros morfofisiológicos e bioquímicos, como biomassa, teor de pigmentos fotossintetizantes e colonização micorrízica. Conclui-se que o protocolo experimental de germinação, inoculação e indução de estresse hídrico foi estabelecido com sucesso, recomendando-se, para etapas futuras, a ampliação dos parâmetros avaliados e do número de réplicas, de modo a melhor caracterizar o potencial biotecnológico de *S. restingae* na cultura do tomate.

**Palavras-chave:** micorriza; polietilenoglicol; fluorescência da clorofila.

**Agradecimentos:** ao meu orientador Yohan Fritsche, pelos ensinamentos, à Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC) pela concessão da bolsa de Iniciação Científica (PIBIC).

# RGM 280 - MINERAÇÃO GENÔMICA DE BGCS REVELA PERFIL DIFERENCIAL E POTENCIAL DE BIOCONTROLE EM *Pseudomonas* spp. DA RIZOSFERA DO MILHO

Joyce Fernanda Kielt[1]*; Jesiane Stefânia da Silva Batista[1]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa. *joycekielt@gmail.com

Metabólitos secundários bacterianos estão envolvidos em processos de comunicação, competição e antagonismo na rizosfera. Espécies do gênero *Pseudomonas* são reconhecidas por produzir uma variedade de compostos com atividade antifúngica e promotora de crescimento vegetal, incluindo cianeto de hidrogênio (HCN), sideróforos e lipopeptídeos. A biossíntese desses compostos está relacionada à presença de agrupamentos de genes biossintéticos (BGCs), cuja ocorrência e distribuição variam entre estirpes, influenciando o potencial dessas estirpes como agentes de biocontrole. Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo caracterizar o potencial de produção de metabólitos secundários por duas estirpes de *Pseudomonas* sp. isoladas da rizosfera do milho (*Zea mays*), com base na análise genômica e na predição de BGCs. As estirpes foram previamente selecionadas por sua atividade antagônica contra fitopatógenos de solo, incluindo *Fusarium oxysporum, F. solani* e *Sclerotinia sclerotiorum*. Para a análise genômica, o DNA total das estirpes foi extraído e submetido ao sequenciamento de alto rendimento na plataforma Illumina, sendo os genomas montados *de novo* para a prospecção dos BGCs utilizando a ferramenta antiSMASH. Todas as estirpes apresentaram BGCs relacionados à biossíntese de sideróforos, HCN, pioverdina, viscosina e β-lactonas. O HCN, um composto orgânico volátil (COV), inibe o citocromo c oxidase da cadeia respiratória de fungos; a pioverdina, um sideróforo, contribui para a competição por ferro na rizosfera; a viscosina promove a desestabilização das membranas celulares por formação de poros; e as β-lactonas atuam como inibidores enzimáticos, interferindo em vias metabólicas dos fungos. A estirpe Pseudomonas sp. 31.10 apresentou BGCs para astrofactina, relacionada à modulação de interações microbianas e à formação de biofilmes, e de seringomicina, associada à desestabilização de membranas celulares por formação de poros. Os resultados genômicos apresentaram correspondência com os resultados fenotípicos de antagonismo. Em placas bipartidas, os COVs produzidos pela estirpe *Pseudomonas* sp. 31.10 promoveram inibição de crescimento micelial (ICM) superior a 40% contra *F. oxysporum* e *F. solani*. A estirpe *Pseudomonas* sp. PR27 apresentou um ICM superior a 20% contra *F. solani*. Em ensaios com sobrenadante, *Pseudomonas* sp. 31.10 apresentou ICM superior a 30% contra *F. oxysporum*. A identificação diferencial de BGCs em estirpes antagonistas de *Pseudomonas* rizosféricas fornece a base científica para elucidar os mecanismos de biocontrole dessas bactérias, viabilizando sua aplicação como alternativas biológicas aos defensivos químicos convencionais.

**Palavras-chave:** Rizobactérias; AntiSMASH; Biocontrole;

**Agradecimentos:** Capes e UEPG.

# RGM 281 - DIVERSIDADE QUÍMICA E PROSPECÇÃO DE METABÓLITOS SECUNDÁRIOS DE *Aspergillus niger* SOB ESTRESSE POR NANOPARTÍCULAS DE PALÁDIO: UMA ABORDAGEM METABOLÔMICA

Rafael Scur Ortiz[1]*; Valdir Marcos Stefenon[2]; Diogo Robl[3]; Alexandre Luis Parize[1]; Till Opatz[4]; Louis Pergaud Sandjo[1]

[1]Departamento de Química, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). [2]Departamento de Fitotecnia, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). [3]Departamento de Microbiologia, Imunologia e Parasitologia, Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC). [4]Departamento de Química, Universidade Johannes Gutenberg de Mainz (JGU). *scur.rafael@posgrad.ufsc.br

*Aspergillus niger* é uma espécie de relevância biotecnológica e modelo para fungos filamentosos. Alterações nas condições de cultivo podem modular vias biossintéticas e ampliar a diversidade de metabólitos secundários, favorecendo a prospecção de compostos pouco acessíveis em condições convencionais. Nesse contexto, o paládio, metal não essencial de relevante aplicação industrial e tecnológica, constitui um agente de interesse. Entretanto, são escassos os estudos sobre sua interação com fungos e, particularmente, sobre os metabólitos secundários produzidos e suas atividades biológicas. Este estudo tem como objetivo investigar a resposta metabólica de *A. niger* à exposição a nanopartículas de paládio (PdNPs), visando à prospecção e ao isolamento de metabólitos secundários, bem como à avaliação de suas atividades biológicas. Para tanto, *A. niger* foi cultivado em meios sólido e líquido de batata-dextrose, nas concentrações de 100 e 300 mg $L^{-1}$ de PdNPs, além do controle negativo, por 7, 14 e 21 dias. Após cada período, os compostos químicos foram extraídos com solventes de diferentes polaridades e analisados por cromatografia líquida acoplada à espectrometria de massas de alta resolução (LC-HRMS). A produção de metabólitos de *A. niger* apresentou diferenças marcantes em função da concentração de PdNPs e do tempo de cultivo, refletindo uma resposta adaptativa de *A. niger* ao estresse químico. Foram observados metabólitos de diferentes classes químicas, incluindo ácidos orgânicos, amidas conjugadas, derivados cumarínicos, nafto-γ-pironas, ceramidas, esfingolipídios e derivados de ácidos graxos. Entre os compostos com maior abundância na presença de PdNPs, destacam-se ácido cítrico, ácido glucônico, nigragilina, aurasperonas e cumarinas. Até o momento, foram isolados e caracterizados estruturalmente dois metabólitos, sendo um pertencente à classe das cumarinas e outro à das nafto-γ-pironas. A exposição de *A. niger* às PdNPs representa, portanto, uma abordagem promissora para explorar a interação entre fungos e contaminantes antropogênicos, bem como para prospectar metabólitos secundários de interesse biotecnológico.

**Palavras-chave:** *Aspergillus niger*; metabólitos secundários; paládio.

**Agradecimentos:** à Universidade Federal de Santa Catarina, à Universidade Johannes Gutenberg de Mainz e às agências de fomento CNPq e CAPES.

# RGM 285 - EFEITO DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS ASSOCIADAS AO GÊNERO *Ananas* NO DESENVOLVIMENTO RADICULAR E DA PARTE AÉREA DE MICROPLANTAS DAS CULTIVARES 'BRS DIAMANTE' E 'BRS SOL BAHIA'

Caroline dos Santos[1]; Laila Iasmin Pires Silva[1]; Laércio Duarte Souza[2]; Fernanda Vidigal Duarte Souza[2]*

[1]Universidade Federal do Recôncavo da Bahia. [2]Embrapa Mandioca e Fruticultura.
*fernanda.souza@embrapa.br

O abacaxizeiro (*Ananas comosus* L. Merr.) é uma frutífera tropical amplamente consumida em todo o mundo, caracterizada por apresentar um sistema radicular superficial e de crescimento lento, o que torna seu cultivo suscetível à falta de água. O uso de bactérias promotoras de crescimento pode melhorar o desempenho do sistema radicular e, consequentemente, o desenvolvimento da planta. Assim, este trabalho teve como objetivo, avaliar os efeitos de bactérias endofíticas associadas ao gênero *Ananas* ssp., no desenvolvimento radicular e da parte aérea de mudas das cultivares 'BRS Diamante' e 'BRS Sol Bahia'. Plantas oriundas de micropropagação foram tratadas *in vitro* utilizando três isolados bacterianos (BAC25 - *Enterobacter hormaechei subsp. steigerwaltii*, BAC222 - *Kosakonia cowanii* e BAC406 - *Enterobacter hormaechei subsp. ohara*) e quatro combinações entre eles, previamente selecionados por apresentarem potencial na promoção de crescimento. Após a microbiolização, as plantas permaneceram em condições *in vitro* por 90 dias e, posteriormente, foram aclimatizadas em casa de vegetação por mais 120 dias. Ao final desse período, foi realizada a análise destrutiva das plantas para avaliação do desenvolvimento e crescimento da parte aérea e sistema radicular por meio das seguintes variáveis: massa seca e fresca (g) da parte aérea e do sistema radicular (conjunto das raízes cortadas a partir da extremidade basal da planta). As raízes foram submetidas ao processo de digitalização de imagem por meio de um escâner, modelo LaserJet M1132 MFP, utilizando o Programa Imaging. As imagens obtidas foram utilizadas para a leitura de raízes através do Programa GSRoot para medição do comprimento e diâmetro de cada tratamento, considerando cinco classes de diâmetro: D < 0,25 mm; 0,25 < D < 0,5 mm; 0,5 < D < 0,75 mm; 0,75 < D < 1,0 mm; e D > 1,0 mm. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e as médias agrupadas pelo teste de Scott-Knott (P≤0,05). Os resultados revelaram que BAC25 proporcionou maior incremento de massas fresca e seca da parte aérea e da raiz em ambas cultivares avaliadas, resultando em maiores comprimentos de raízes na classe de diâmetro D > 1,0mm e 0,25 < D < 0,5mm. Esses resultados reforçam o potencial do tratamento de plantas microbiolizadas com bactérias endofíticas, especialmente do isolado BAC25, como estratégia para favorecer o desenvolvimento de mudas micropropagadas de abacaxizeiro por meio do incremento da parte aérea e do sistema radicular.

**Palavras-chave:** Abacaxi; Desenvolvimento radicular; Microrganismos benéficos.

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

# RGM 289 - CARACTERIZAÇÃO FISIOLÓGICA E FILOGENÉTICA DE LINHAGENS DE *Ganoderma* COM POTENCIAL PARA PRODUÇÃO DE BIOTECIDO

Vanessa Vaz Leonel[1]*; Mariana Machado Fidelis do Nascimento[2]; Bruna Cristina dos Santos[3]; Juliana Vitória Messias Bittencourt[4]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. *vanessaleonel@alunos.utfpr.edu.br

A crescente busca por biomateriais sustentáveis tem ampliado o interesse por fungos do gênero *Ganoderma*, cuja matriz micelial apresenta potencial para aplicações em materiais semelhantes ao tecido do tipo couro. Entretanto, a variabilidade fisiológica entre linhagens e a elevada similaridade morfológica entre espécies podem influenciar o desempenho em cultivo e dificultar sua correta identificação. Este estudo teve como objetivo avaliar o crescimento micelial e as relações filogenéticas de linhagens de *Ganoderma* utilizadas na produção de biomateriais. Oito linhagens foram reativadas em meio Batata Dextrose Ágar e submetidas à caracterização fisiológica em diferentes meios e suplementações nutricionais, nas temperaturas de 18, 28 e 38 °C, durante dez dias, com os ensaios realizados em triplicata. Paralelamente, o DNA genômico foi extraído, a região ITS do DNA ribossomal foi amplificada e sequenciada pelo método de Sanger, e as sequências obtidas foram comparadas ao GenBank por BLASTn e utilizadas em análise filogenética por máxima verossimilhança. A identificação molecular revelou quatro linhagens de *G. lucidum*, uma de *G. lingzhi*, uma de *G. sessile*, uma de *G. resinaceum* e uma com similaridade entre *G. resinaceum* e *G. sessile*. A análise filogenética baseada na região ITS mostrou diferentes agrupamentos entre as linhagens e confirmou a diversidade intra e interespecífica presente no gênero. O crescimento micelial variou em função da temperatura e a composição nutricional dos meios, sendo 28 °C a condição mais favorável entre as avaliadas. Nessa temperatura, o meio MEA suplementado com 2% de peptona proporcionou os maiores crescimentos, com diâmetros de 90 mm para *G. lingzhi*, 82 mm para *G. lucidum*, 72 mm para *G. sessile* e 83 mm para *G. resinaceum* após dez dias. Esses resultados reforçam a importância da análise filogenética e fisiológica na identificação de espécies de *Ganoderma*, uma vez que muitas delas apresentam características morfológicas muito semelhantes, o que pode dificultar sua diferenciação e levar a identificações imprecisas. Nesse sentido, a filogenia complementa os resultados fisiológicos, permitindo identificar com maior segurança as linhagens avaliadas e relacionar as diferenças observadas no crescimento micelial com a diversidade genética existente entre elas. A avaliação conjunta dos aspectos fisiológicos e filogenéticos também é importante para a seleção de linhagens de *Ganoderma* com potencial biotecnológico. Dessa forma, a integração dessas informações contribui para uma melhor caracterização das linhagens e pode auxiliar na escolha de isolados e condições de cultivo mais adequados para a produção de biomateriais sustentáveis.

**Palavras-chave:** Crescimento micelial; Filogenia; Macrofungos.

**Agradecimentos:** CNPq (Processo nº 148993/2023-0); UTFPR; CAPES; Muush.

# RGM 301 - DIVERSIDADE, COMPOSIÇÃO TAXONÔMICA E PERFIL FUNCIONAL POTENCIAL DE RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS ASSOCIADOS A BIOINSUMOS COMERCIAIS E PRODUZIDOS *ON-FARM*

Emanuelle Veronica Panisson[1]*; Willian Rodrigues Macedo[1]; Karine Louise dos Santos[1]; Alexandre Siminski[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *manu.panisson123@gmail.com

Bioinsumos compostos por comunidades microbianas podem contribuir para o desenvolvimento vegetal e representam recursos genéticos microbianos de interesse para a produção de mudas nativas para restauração ecológica. O objetivo foi caracterizar a riqueza, diversidade, composição taxonômica e perfil funcional potencial de bactérias e fungos presentes em bioinsumos comerciais e produzidos *on-farm*. Foram avaliadas amostras: 1) comercial, diluído 10%; e 2) *on-farm* sem diluição, conforme usos e recomendações dos fabricantes. As amostras foram analisadas após a produção (inicial) e após seis meses. A análise foi realizada por sequenciamento das regiões V3-V4 do gene 16S rRNA e ITS, com classificação taxonômica e inferência funcional. Inicialmente, o *on-farm* apresentou maior riqueza, com 58 gêneros e 48 espécies bacterianas, e 125 gêneros e 138 espécies fúngicas, enquanto o comercial, com 13 gêneros e 14 espécies bacterianas, e 6 gêneros e 8 espécies fúngicas. Após seis meses, o *on farm* apresentou 68 gêneros e 55 espécies bacterianas, e 41 e 32 respectivamente no comercial. Para fungos, foram registrados 54 gêneros e 53 espécies no *on-farm* e 52 gêneros e 53 espécies no comercial. Inicialmente, o *on-farm* apresentou maiores índices de Shannon (H') e Simpson (D) para bactérias (1,61 e 0,63) e fungos (1,88 e 0,78), comparado ao comercial (0,69 e 0,30; 0,83 e 0,48). Aos seis meses, manteve maiores índices para bactérias (2,82 e 0,88), enquanto o comercial foi superior para fungos (1,78 e 0,76). O perfil funcional bacteriano também diferiu entre os bioinsumos e períodos. Inicialmente, o *on-farm* apresentou maior representação potencial de produtores de fitormônios e disponibilizadores de ferro (72,2% cada) e enxofre (72,0%). Após seis meses, o comercial apresentou maiores proporções potenciais de disponibilizadores de ferro (84,2%), produtores de fitormônios (84,0%) e solubilizadores de nutrientes (82,5%). Entre os fungos, destacaram-se categorias relacionadas à patogenicidade e parasitismo, com maior proporção potencial de patógenos após seis meses no comercial (71,1%) em relação ao *on farm* (44,1%). Os bioinsumos diferiram quanto à diversidade, composição taxonômica e perfil funcional, com alterações durante o armazenamento, evidenciando sua relevância associada aos recursos genéticos microbianos para a produção de mudas nativas destinadas à restauração ecológica.

**Palavras-chave:** Microrganismos; metagenômica; restauração ecológica.

**Agradecimentos:** CAPES; UFSC; Projeto REFORMA.

# RGM 304 - EFEITO DE BACTÉRIAS PROMOTORAS DO CRESCIMENTO VEGETAL NO DESENVOLVIMENTO INICIAL A CAMPO DE SENNA MACRANTHERA

Yasmin Aparecida Kuhn[1]*; Eduardo Martins[2]; Carlos André Stuepp[3]; Jesiane Stefania da Silva Batista[4]; Rosimeri de Oliveira Fragoso[5]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa UEPG. *kuhnyasmin9@gmail.com

Novas estratégias voltadas ao estabelecimento de plantas a campo, frente às mudanças climáticas, estão diretamente ligadas ao sucesso de projetos de Restauração Ecológica e por isso ferramentas biotecnológicas, podem favorecer esse estabelecimento de forma sustentável, por meio de interações benéficas com microorganismos do solo. Dessa forma, a inoculação de bactérias promotoras do crescimento de plantas (BPCP) tem sido testadas no estabelecimento a campo de espécies nativas. A aplicação das BPCP como biotecnologia visa melhorar o desempenho vegetal ao aumentar a disponibilização de nutrientes, a produção de fitohormônios e aumentar a resistência a estresses causados pelo ambiente. O presente estudo, avaliou o efeito de duas estirpes do gênero *Pseudomonas* sp. e uma do gênero *Priestia* sp., sobre o crescimento inicial da espécie *Senna macranthera* (DC. Ex Collad.) H.S Irwin & Barneby em condições de campo. As estirpes foram cultivadas e mantidas pelo Laboratório de Biodiversidade da UEPG. As mudas de *S. macranthera* foram produzidas pelo Viveiro Florestal UEPG/CAAR e, um dia antes do plantio, receberam os inoculantes correspondentes a cada tratamento, sendo que o tratamento controle recebeu apenas água. Avaliaram-se a sobrevivência, a altura e o diâmetro do coleto aos 30, 90 e 150 dias após o plantio. Observou-se efeito positivo e estatisticamente significativo das BPCP sobre o crescimento em diâmetro do caule das mudas inoculadas com as estirpes CNPSo PR31 (*Priestia* sp.) e 59.4 (*Pseudomonas* sp.), indicando a viabilidade do uso de bioinoculantes para aumentar o estabelecimento e crescimento das mudas em projetos de restauração ecológica. Os resultados apontam para a necessidade de ampliar estudos sobre a eficiência e o modo de ação das BPCP em espécies nativas, incluindo aquelas com potencial para restauração de ecossistemas degradados que apresentem melhor interação/resposta a essas associações.

**Palavras-chave:** Restauração Ecológica, bioinoculante, rizobactérias.

**Agradecimentos:** Financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Chamada CNPq/MCTI/FNDCT nº 59/2022, e Fundação Araucária/SETI-PR (NAPI Biodiversidade: Recursos Genéticos e Biotecnologia).

# RGM 305 - DIVERSIDADE DE RIZÓBIOS ISOLADOS DE NÓDULOS RADICULARES DA ESPÉCIE AMEAÇADA DE EXTINÇÃO *Mimosa strobiloflora* Burkart

Yasmin Aparecida Kuhn[1]*; Eduardo Martins[1]; Carlos André Stuepp[1]; Jesiane Stefania da Silva Batista[1]; Rosimeri de Oliveira Fragoso[1]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa. *kuhnyasmin9@gmail.com

Os esforços e desafios relacionados à restauração ecológica têm se ampliado diante da urgência climática. Nesse contexto, novas abordagens para o emprego da restauração, como o estudo das interações entre plantas e microrganismos, são importantes para aumentar a efetividade e a resiliência dos ecossistemas restaurados. Estudos baseados em processos e interações estabelecidos ao longo da história evolutiva podem contribuir para o desenvolvimento de estratégias capazes de aumentar a resiliência das espécies frente aos desafios impostos pelas mudanças climáticas em projetos de restauração ecológica. Nesse contexto, algumas espécies da família Fabaceae destacam-se pela capacidade de estabelecer associações com microrganismos fixadores de nitrogênio, denominados rizóbios. Entre essas espécies, *Mimosa strobiliflora* Burkart, endêmica do estado do Paraná, encontra-se categorizada como "criticamente ameaçada" e apresenta poucos estudos relacionados à sua autoecologia. O objetivo deste estudo foi subsidiar ações de conservação de *M. strobiliflora* a partir da caracterização de seus microrganismos nodulíferos em diferentes contextos ambientais e, com isso, identificar modelos biotecnológicos baseados no uso de rizóbios nativos. Amostras de solo foram coletadas em quatro áreas: duas de ocorrência natural de *M. strobiliflora*, em Porto Amazonas-PR, e duas áreas de restauração, nas quais a espécie havia sido previamente introduzida. Sementes de *M. strobiliflora* foram semeadas manualmente em tubetes de 280 $cm^3$ contendo os diferentes solos. Após 30 dias, os nódulos radiculares foram coletados, macerados e as suspensões inoculadas em placas contendo meio sólido seletivo Yeast Mannitol Agar (YMA), para cultivo e posterior análise molecular. A partir dos nódulos radiculares, foram isoladas 10 estirpes bacterianas de cada tipo de solo. O DNA total foi extraído e, a partir da comparação preliminar das sequências do gene 16S rDNA, utilizado como marcador taxonômico, e da construção de uma árvore filogenética com sequências depositadas no banco de dados BLASTn/NCBI, verificou-se que todas as cepas isoladas pertencem ao gênero *Paraburkholderia*. Além disso, a análise genética baseada no gene marcador indicou maior diversidade bacteriana nas áreas de ocorrência natural de *M. strobiliflora* em comparação com as áreas de restauração.

**Palavras-chave:** Conservação, restauração ecológica, biotecnologia.

**Agradecimentos:** Financiado pelo Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Chamada CNPq/MCTI/FNDCT nº 59/2022, e Fundação Araucária/SETI-PR (NAPI Biodiversidade: Recursos Genéticos e Biotecnologia).

## RGM 313 - POTENCIAL DO HIDROLATO DE MELALEUCA

Suzana Struiving[1]*; Renata Micketen[1]; Mariana Machado Fidelis do Nascimento[1]; Juliana V. M. Bittencourt[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. *struiving@alunos.utfpr.edu.br

A *Melaleuca alternifolia* é originária da Austrália, portanto um recurso genético exótico, e foi introduzida no Brasil, a partir da década de 90, onde o cultivo e a produção do seu óleo essencial vêm se desenvolvendo progressivamente, embora a atividade ainda enfrente desafios técnicos. Apesar de não existirem bancos de germoplasma oficiais das espécies, muitas instituições mantêm coleções de trabalho. O principal produto da *M. alternifolia* é o óleo essencial, enquanto o hidrolato, também conhecido como água aromática, hidrossol ou destilado vegetal, é gerado durante a destilação a vapor como um subproduto secundário, frequentemente descartado ou considerado de baixo valor comercial. Ao longo da história os hidrolatos perderam o espaço com o aprimoramento das técnicas industriais, recentemente voltaram a atrair o interesse de pesquisadores por constituir uma matéria-prima ainda pouco explorada do ponto de vista químico. O presente trabalho buscou determinar o perfil químico do hidrolato de *M. alternifolia*, além de avaliar sua atividade antibacteriana frente a linhagens de *Staphylococcus aureus* (ATCC 29213), *Escherichia coli* (ATCC 25922) e *Enterococcus faecalis* (ATCC 0012). A extração dos compostos orgânicos do hidrolato foi realizada por partição líquido-líquido. As amostras foram diluídas em hexano na concentração de 10 mg/mL e analisadas por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (Shimadzu GCMS-QP2020 equipado com coluna capilar RTx-5MS). A atividade antibacteriana foi avaliada pelo método de microdiluição em caldo (norma CLSI M07). Após incubação das suspensões bacterianas (1,5 $10^6$ UFC/ mL) por 24 horas a 35-37 °C, a inibição do crescimento foi mensurada por densidade óptica (600 nm) e confirmada com resazurina (0,01%), sendo os resultados expressos em porcentagem de inibição. Do hidrolato, recuperou-se 0,1% de fração orgânica dissolvida, composta predominantemente por terpinen-4-ol (83,86%) e α-terpineol (16,14%). A elevada proporção de terpinen-4-ol alinha-se aos dados da literatura, que o descreve como o constituinte majoritário no óleo essencial de melaleuca (com teores de até 48%). O hidrolato apresentou ação antibacteriana moderada ao inibir o crescimento de *S. aureus* (35,15% ± 3,32), *E. coli* (29,23% ± 1,33) e *E. faecalis* (37,04% ± 3,77). Tais resultados evidenciam seu potencial biológico e fundamentam sua aplicação como co-conservante em formulações, auxiliando na redução do uso de aditivos sintéticos.

**Palavras-chave:** *Melaleuca alternifolia;* Perfil químico; Atividade antibacteriana.

**Agradecimentos:** À CAPES (Código de Financiamento 001), UTFPR, PPGBIOTEC, ao CNPq e à Fundação Araucária/INCT (Processo nº 406645/2022-1).

# RGM 333 - INFLUÊNCIA DE RIZOBACTÉRIAS NO DESENVOLVIMENTO DE PLANTAS DE FEIJÃO-CARIOCA SOB ESTRESSE TÉRMICO

Bárbara Nicole Daboit[1,2]*; Laura Abatti[1,2]; Dielly Mayara Comelli Alves[1,2]; Rosângela Dallemole Giaretta[1]; Giovani Benin[1,2]; Taciane Finatto[1,2]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, PR. [2]Programa de Pós-Graduação em Agronomia. *barbaradaboit@alunos.utfpr.edu.br

O feijoeiro é uma cultura de ciclo curto e de grande importância socioeconômica, cuja produtividade é afetada pelo estresse térmico. O uso de rizobactérias promotoras de crescimento vegetal (RPCVs) permite identificar recursos genéticos microbianos com potencial de mitigar os efeitos do estresse e desenvolver bioinsumos sustentáveis. O objetivo desse trabalho foi avaliar o potencial de RPCVs em plantas de feijão-carioca sob estresse térmico. Isolados de bactérias esporulantes foram obtidos de raízes de soja, milho e ervilhaca. O experimento foi conduzido em Fitotron com sementes microbiolizadas da cultivar IPR Sabiá cultivadas em vasos (fotoperíodo de 12 h, a 22 °C, sem déficit hídrico). O delineamento foi inteiramente casualizado (DIC) com testemunha (sem inoculação) + dez isolados (B1 a B10) de rizobactérias e dez repetições. O estresse térmico foi aplicado por cinco dias a 35 °C e umidade relativa de 85% no estágio de primeiro trifólio. Aferiu-se o comprimento de raiz (CR), comprimento de parte aérea (CPA), massa da matéria fresca de raiz (MFR) e massa da matéria fresca de parte aérea (MFPA). Após, o material foi seco a 40 °C até atingir massa constante para mensuração da massa de matéria seca de raiz (MSR) e parte aérea (MSPA). Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) ($p<0,05$) e ao teste de Scott-Knott, via RStudio. Os resultados mostraram que o isolado B10 (3,03 g) não diferiu da testemunha (sem inoculação) para MFPA, mas destacou-se para MSPA (0,307 g). Tal resposta sugere maior lignificação tecidual e osmoproteção em detrimento do ganho de biomassa nas condições térmicas avaliadas. O isolado B6 sobressaiu estatisticamente (5,02 g) para MFR. Para MSR, os isolados B3 (0,208 g), B6 (0,385 g), B7 (0,235 g), B8 (0,339 g), B9 (0,235 g) e B10 (0,307 g) diferiram da testemunha (0,166 g). Não houve diferença significativa ($P>0,05$) para CR e CPA entre os tratamentos. A alta temperatura limitou o alongamento celular, inibindo o crescimento das plantas. Contudo, a resposta fisiológica ao estímulo das rizobactérias envolve a indução de auxinas e exopolissacarídeos por esses microrganismos, o que favorece a ramificação e proteção radicular, mantendo a absorção de nutrientes e o acúmulo de biomassa. Ensaios visando o uso de RPCVs em feijão seguirão sob novas condições de cultivo e estresses ambientais.

**Palavras-chave:** Bioinsumos; IPR Sabiá; promoção de crescimento.

**Agradecimentos:** À Fundação Araucária/SETI (bolsa de técnico II e apoio via NAPI Agrogenômica - Feijão) à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

# RGM 343 - CONSERVAÇÃO E ANTAGONISMO *IN VITRO* DE FUNGOS DE ORQUÍDEAS DO CERRADO CONTRA *Magnaporthe oryzae* E *Fusarium verticillioides*

Wanessa Lemes Ferreira Rosa[1]; João Pedro de Almeida Silva[1]; Ana Clara Fernandes Sousa[1]; Rebeca dos Santos Gabriel[1]; Leila Garcês de Araújo[1]

[1]Universidade Federal de Goiás. *wanessa.lemes@discente.ufg.br

A brusone do arroz, causada por *Magnaporthe oryzae*, e a *Pokkah boeng* da cana-de-açúcar, causada por *Fusarium verticillioides*, são doenças agrícolas de grande impacto econômico. A resistência progressiva desses patógenos aos fungicidas, aliada aos impactos ambientais do uso intensivo de defensivos químicos, evidencia a urgência por estratégias alternativas de biocontrole. O bioma Cerrado constitui um reservatório estratégico de microrganismos simbióticos. As orquídeas estabelecem associações mutualísticas com fungos endofíticos e micorrízicos de elevado potencial biotecnológico ainda pouco explorados. Este trabalho objetivou avaliar o antagonismo *in vitro* de fungos isolados de orquídeas do Cerrado goiano contra *M. oryzae* e *F. verticillioides*. Foram avaliados 41 isolados fúngicos obtidos de *Cattleya walkeriana*, *C. walkeriana* Suprema × Self e *Epidendrum nocturnum* (41 contra *M. oryzae*; 13 contra *F. verticillioides*). O antagonismo foi avaliado por cultivo pareado em BDA. O diâmetro das colônias foi medido com paquímetro digital, calculando-se os percentuais de inibição. A análise estatística incluiu ANOVA e teste de Tukey ($p \leq 0,05$). Observações microscópicas identificaram mecanismos de antagonismo: micoparasitismo, antibiose e competição. Contra *M. oryzae*, CwS2 e CwS4 (*Paecilomyces* sp.) apresentaram inibição > 70% com micoparasitismo direto, CwS1 promoveu 75,6% de inibição com enovelamento hifal observado. Os isolados CwS3, CwS5, CwS6 e CwS9 reduziram crescimento micelial em mais de 50%, com CwS9 exudando metabólitos secundários sugerindo antibiose. Contra *F. verticillioides*, CwS3 alcançou 80% de inibição; CwS1, CwS2, CwS4 e CwS5 superaram 50%, demonstrando amplo espectro de ação. Os resultados demonstraram que as orquídeas do Cerrado constituem uma fonte promissora de fungos biocontroladores multifuncionais para desenvolvimento de bioinsumos sustentáveis. O trabalho evidencia o potencial estratégico do Cerrado como bioma-fonte de soluções biotecnológicas para manejo integrado de doenças agrícolas.

**Palavras-chave:** Biocontrole; brusone do arroz, fusariose da cana-de-açúcar.

**Agradecimentos:** UFG, CNPq e Fapeg.

# RGM 358 - RESPOSTAS FISIOLÓGICAS DA BATATA-DOCE INOCULADA COM BACTÉRIAS SOLUBILIZADORAS DE FÓSFORO CULTIVADAS SOB BAIXA DISPONIBILIDADE DE FÓSFORO

Milene Machado[1]*; Luan Demarco Fiorentin[1]; Glaciela Kaschuk[1]; Roger Raupp Cipriano1; Julia Heduarda Giacomel Balbinotti[1]; Renata dos Santos[1]; Alessandra Ferreira Ribas[1]

[1]Universidade Federal do Paraná. *mimchado@gmail.com

A batata-doce (*Ipomoea batatas*) é uma cultura de importância alimentar, industrial e medicinal, cultivada em cerca de 120 países e estratégica para a segurança alimentar e adaptação às mudanças climáticas. O fósforo (P) é essencial ao desenvolvimento vegetal, participando de processos metabólicos e fotossintéticos. Entretanto, apenas 15 a 25% do P aplicado via fertilizantes é aproveitado pelas plantas pela formação de compostos insolúveis e de baixa difusão. A deficiência de P pode afetar o desenvolvimento da planta, como a redução da atividade fotossintética. Bactérias solubilizadoras de fósforo podem contribuir para o aproveitamento do P residual do solo e a sustentabilidade da produção. *Lysinibacillus sphaericus* e *Priestia aryabhattai* apresentam potencial para solubilização de P e podem auxiliar plantas sob deficiência desse nutriente. Assim, este trabalho avaliou as respostas fisiológicas da batata-doce inoculada com essas bactérias sob diferentes disponibilidades de P. O experimento foi conduzido em casa de vegetação por 28 dias, em março e abril de 2026, na Universidade Federal do Paraná, campus Agrárias. Foram utilizadas plantas do acesso 91, obtidas do banco de germoplasma da UFPR, estabelecidas *in vitro* por cultivo de meristemas, micropropagadas em meio MS e posteriormente aclimatizadas. As plantas foram cultivadas em areia e submetidas a seis tratamentos, resultantes da combinação de duas disponibilidades de P (suficiente e ¼ da concentração) e três condições de inoculação (sem inóculo, *L. sphaericus* e *P. aryabhattai*), com cinco repetições por tratamento. Foram utilizadas soluções de Hoagland; nos três primeiros dias, cada planta recebeu 100 mL de solução e, posteriormente, irrigação a cada dois dias. As análises fisiológicas foram realizadas aos 14 e 28 dias com IRGA GFS-3000FL. Os dados fisiológicos foram analisados em modelo fatorial triplo, considerando tempo, disponibilidade de P e inoculação, com comparação de médias pelo teste de Tukey (5%); para biomassa, utilizou-se modelo fatorial duplo considerando disponibilidade de P e inóculo. Os resultados indicaram comportamento estatisticamente igual entre plantas inoculadas com *L. sphaericus* e sem inóculo dentre as mesmas condições de P. A bactéria *P. aryabhattai* apresentou menor desempenho fisiológico e menor incremento de biomassa em comparação às demais condições.

**Palavras-chave:** *Ipomoea batatas;* inoculantes; deficiência de fósforo.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

# RGM 360 - CARACTERIZAÇÃO DO POTENCIAL DE SOLUBILIZAÇÃO DE MACRONUTRIENTES (P E K) POR MACROFUNGOS

Ana Beatriz Nascimento e Silva[1]; Maria Júlia Carvalho Ramos Benedito[1]; Thais Demarchi Mendes[1]; Alessa Bembom Garcia[1]; Diogo Keiji Nakai[1]; João Batista de Souza[1]; Francisco Marcos dos Santos Delvico[2]; Vlayrton Tomé Maciel[2]; Félix Gonçalves de Siqueira[1]; Léia Cecilia de Lima Fávaro[1]*

[1]Embrapa Agroenergia. [2]Embrapa Cerrados. *leia.favaro@embrapa.br

A agricultura moderna busca alternativas para reduzir a dependência de fertilizantes químicos. Nesse cenário, o uso de recursos genéticos microbianos solubilizadores de fósforo (P) e potássio (K) surge como uma estratégia para aumentar a biodisponibilidade desses macronutrientes no solo. Este trabalho teve como objetivo caracterizar *in vitro* o potencial de solubilização de P e K de 50 linhagens de macrofungos pertencentes à Coleção de Microrganismos e Microalgas Aplicados à Agroenergia e Biorrefinarias (CMMAABio), da Embrapa Agroenergia. Para os ensaios de solubilização, discos de micélio cultivados em BDA (7-14 dias) foram inoculados em 25 mL de meio NBRIP suplementado com fosfato tricálcico, para avaliação da solubilização de P, e em meio Aleksandrov contendo remineralizadores ricos em K (micaxisto, sienito, fonolito e siltito glauconítico), para avaliação da solubilização desse nutriente. Os cultivos foram mantidos a 28 °C e 180 rpm por 14 dias. Após esse período, o sobrenadante do cultivo foi armazenado a -20 °C para posterior análise. As concentrações de P e K solúveis foram determinadas por ICP-OES. Os resultados indicaram capacidade variável dos macrofungos de solubilizar os nutrientes. Doze linhagens apresentaram alta eficiência para solubilização de P, liberando concentrações superiores a 400 mg/L de P solúvel em meio suplementado com fosfato tricálcico. Nos ensaios de solubilização de K, o desempenho variou de acordo com o remineralizador suplementado: 14 linhagens foram capazes de solubilizar acima de 50 mg/L de K em meio suplementado com remineralizador micaxisto, 10 com fonolito, 6 com sienito e 5 com siltito glauconítico. Pode-se destacar o isolado BRM 055637 (*Inonotus splitgerberi*), que apresentou elevado potencial de solubilização de P em meio suplementado com fosfato tricálcico e K nos meios contendo os quatro remineralizadores avaliados. Adicionalmente, as linhagens BRM 069116 (não identificada) e BRM 055670 (*Ganoderma lucidum*) também apresentaram bom desempenho, com altos níveis de solubilização em quatro dos cinco meios testados. A caracterização funcional de microrganismos da CMMAABio agrega valor ao acervo e subsidia a seleção de linhagens com potencial biotecnológico. Os fungos mais promissores serão identificados taxonomicamente e submetidos a novas etapas de caracterização para validar seu potencial como solubilizadores de P e K e aplicação como bioinsumos.

**Palavras-chave:** bioinsumos; fósforo; potássio

**Agradecimentos:** CNPq (Processo 406335/2022-2). Embrapa (Projeto 10.20.02.009.00.00).

# RGM 363 - GESTÃO DA QUALIDADE NA COLEÇÃO DE MICRORGANISMOS MULTIFUNCIONAIS E FITOPATOGÊNICOS DA EMBRAPA MILHO E SORGO

Priscila Cordeiro Gomes[1]*; Eliane Aparecida Gomes[1]; Maycon Campos Oliveira[1]; Gilsane Garcia Morais[1]; Amanda Maria Silva Cruz[1]

[1]Embrapa Milho e Sorgo. *priscila.gomes@embrapa.br

A gestão da qualidade proporciona a uma instituição benefícios como: a adequação das estruturas de pesquisa, confiabilidade, rastreabilidade e excelência aos resultados agregando valor aos ativos tecnológicos gerados e preservados. O objetivo deste trabalho foi estruturar o sistema de gestão da qualidade (SGQ) na Coleção de Microrganismos Multifuncionais e Fitopatogênicos (CMF) da Embrapa Milho e Sorgo visando a organização e preservação de um acervo com mais de 6000 acessos. Iniciativas de implementação de requisitos de qualidade e de mudança da cultura organizacional, vêm sendo desenvolvidas na CMF. Em 2021, com a publicação pela Embrapa da norma nº 037.008.004.003, intitulada "Requisitos de Gestão para Qualidade em Laboratórios e Áreas Experimentais da Embrapa" essas ações foram intensificadas e estes são os atuais requisitos de qualidade da Coleção de Microrganismos. Essa norma abrange principalmente seis conjuntos de requisitos específicos: responsabilidades, documentação, recursos, realização de estudos e ensaios, garantia da validade dos resultados e avaliação da conformidade. A implementação foi feita em etapas utilizando planos de implementação anuais para orientar a condução do trabalho. Os níveis de qualidade (planejamento, preparatório, básico, intermediário, avançado e excelência) foram usados como critério e cada nível possui uma quantidade mínima de requisitos a serem atendidos. A cada ano a CMF implementou um conjunto de requisitos e mantinha os requisitos implementados no ano anterior, permitindo a evolução do SGQ e, consequentemente, o alcance do nível excelência em qualidade pela Embrapa em 2025. Além do nível de qualidade alcançado, a gestão da qualidade proporcionou melhorias à CMF como: infraestrutura; processos documentados; rastreabilidade de atividades e dos acessos; arquivamento dos dados no sistema AleloMicro; garantia da validade dos resultados (manutenção anual de 1% do acervo); tramitação de toda documentação de fornecimento e depósito de acessos no sistema SEI e cópias de segurança do material. Em termos de gestão, é possível acompanhar e quantificar os acessos depositados, fornecidos e as instituições envolvidas. O mapeamento do processo de fornecimento de acesso proporcionou melhorias e alinhou os setores envolvidos. O SGQ implementado garante a qualidade do material preservado, assegura o adequado fornecimento de acesso e mantém os processos da Coleção em melhoria contínua.

**Palavras-chave:** Gestão da qualidade; Microbiologia agrícola; Coleção de cultura.

**Agradecimentos:** Embrapa, CNPq, Fapemig.

# RGM 365 - DIVULGAÇÃO CIENTÍFICA NAS REDES SOCIAIS: ANÁLISE DA COLEÇÃO CMRP - UTFPR PONTA GROSSA

Melissa Martins[1]*; Isabelle Satie Gomes Otani[2]; Sâmela Aldrea Leite de Oliveira[3]; Mariana Machado Fidelis do Nascimento[4]; Juliana Vitória Messias Bittencourt[5]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. *melissamartins@alunos.utfpr.edu.br

A comunicação científica em redes sociais representa uma estratégia importante para aproximar o público da ciência e ampliar a divulgação de conhecimentos relacionados às coleções microbiológicas, responsáveis pela conservação e disponibilização de microrganismos para diferentes aplicações. Em 2020, um estudo avaliou o alcance da divulgação de uma palestra promovida pela Coleção Microbiológica de Interesse Biotecnológico (CMIB) da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) por meio de sua conta do Instagram (utfpr_cmrp_taxonline), observando diferentes alcances conforme a rede utilizada. O objetivo deste trabalho foi ampliar essa análise seis anos depois, avaliando não apenas a divulgação de um evento pontual, mas o desempenho da comunicação digital da coleção ao longo do período analisado. Foi realizado um levantamento quantitativo das métricas do Instagram Insights referentes às publicações do feed e aos stories veiculados entre dezembro de 2025 e agosto de 2026. Os dados de alcance, interações e perfil demográfico dos seguidores foram relacionados às categorias de conteúdo publicadas, incluindo divulgação de palestras e workshops, vídeos educativos sobre manuseio de vidrarias e repique de fungos e repostagens, realizadas nos stories, de conteúdos científicos de outros perfis. Os resultados mostraram público majoritariamente feminino, com predominância da faixa etária de 25 a 34 anos, e maior interação nas publicações relacionadas à divulgação de palestras e aos vídeos da rotina laboratorial, em comparação aos conteúdos repostados de terceiros. Esse resultado amplia a análise realizada em 2020, quando a divulgação estava concentrada em um evento específico, indicando que conteúdos relacionados às atividades e à rotina da coleção apresentam maior interação com o público. Além disso, analisamos o alcance que a conta do instagram teve nos últimos 90 dias (15 de maio a 12 de agosto), a conta registrou 55.447 visualizações, alcançando 7.995 contas. Do total de visualizações, 50,5% foram provenientes de não seguidores e 49,5% de seguidores, demonstrando que as ações de divulgação também alcançaram público externo à comunidade já vinculada ao perfil e contribuíram para ampliar a visibilidade da coleção nas redes sociais. Deste modo, conclui-se que a produção de conteúdos próprios e a divulgação das atividades da coleção contribuíram para ampliar sua visibilidade nas redes sociais e fortalecer a comunicação científica, destacando o potencial das mídias sociais como ferramentas de aproximação entre a ciência e a sociedade.

**Palavras-chave:** Divulgação científica; Coleção microbiológica; Redes sociais.

**Agradecimentos:** À Fundação Araucária e à Secretaria de Estado da Ciência, Tecnologia e Ensino Superior (SETI). CAPES. UTFPR. À equipe da Coleção Microbiológica CMRP da UTFPR, campus Ponta Grossa, pelo apoio e colaboração no desenvolvimento das atividades de divulgação científica.

# RGM 374 - DA PRESERVAÇÃO À UTILIZAÇÃO: ANÁLISE RETROSPECTIVA DA COLEÇÃO DE LEVEDURAS DE INTERESSE INDUSTRIAL ENTRE 2018 E 2025

Mariana Machado Fidelis do Nascimento[1]; Sâmela Aldrea Leite de Oliveira[1]*; Vanessa Vaz Leonel[1]; Julia Bastos dos Santos[1]; Melissa Martins[1]; Juliana Vitória Messias Bittencourt[1]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Campus Ponta Grossa.
*samela@alunos.utfpr.edu.br

As coleções biológicas constituem infraestruturas estratégicas para a salvaguarda da biodiversidade e dos recursos genéticos, assegurando a sua preservação, documentação e disponibilidade para o desenvolvimento científico, tecnológico e para a formação de recursos humanos. Nesse contexto, o acompanhamento da utilização dos acervos microbiológicos constitui um indicador relevante de sua contribuição para pesquisa, ensino e extensão. Este estudo teve como objetivo avaliar a evolução do acesso e da utilização dos recursos genéticos microbianos preservados na Coleção de Leveduras de Interesse Industrial (CLII) da UTFPR vinculada a Coleção Microbiológica da Rede Paranaense (CMRP), entre 2018 e 2025, considerando o fornecimento de linhagens, o perfil dos solicitantes e as finalidades de uso. Foram analisados os registros de fornecimento mantidos pela coleção no período, considerando cada linhagem disponibilizada como uma unidade de registro. Os dados foram organizados por ano, solicitante, finalidade de utilização e vínculo institucional, sendo as finalidades agrupadas em pesquisa, ensino, extensão e depósito. No período avaliado, foram registrados 269 fornecimentos de linhagens. O número anual passou de sete linhagens em 2018 para 86 em 2025, correspondendo a um volume 12,3 vezes maior. O número de solicitantes distintos também aumentou, passando de quatro, em 2018, para 14, em 2025. Os dados de registro apresentaram oscilações, com redução dos fornecimentos em 2020 e 2021, período que coincidiu com a pandemia de COVID-19 e com a consequente restrição das atividades presenciais de ensino e pesquisa. A retomada das atividades foi acompanhada pela recuperação da demanda, culminando, em 2025, no maior número de linhagens fornecidas e de solicitantes registrados no período. Quanto à finalidade de utilização, 60,6% das linhagens foram destinadas à pesquisa e 29,7% ao ensino, além de usos em atividades de extensão e depósito. Observou-se ainda diversificação das aplicações ao longo do período, abrangendo atividades de graduação, iniciação científica, trabalhos de conclusão de curso, mestrado e doutorado, bem como atendimento a diferentes unidades acadêmicas e instituições. Os resultados demonstram a ampliação quantitativa e a diversificação do serviço prestado pela CLII, evidenciando a consolidação da coleção como infraestrutura de apoio à pesquisa, à formação de recursos humanos e ao acesso sustentável aos recursos genéticos microbianos.

**Palavras-chave:** recursos genéticos microbianos; biodiversidade; conservação *ex situ*.

**Agradecimentos:** O presente trabalho teve apoio da Fundação Araucária/SETI. CAPES - Código de Financiamento 001. CAPES/PROEXT-PG; processo nº 8881.927570/2023-01). Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia - CERBC (INCT-CERBC, Brasil; concessão nº 406645/2022-1).

# RGM 395 - POTENCIAL DE BIOCONTROLE DE ISOLADOS BACTERIANOS CONTRA *Bipolaris oryzae* EM ARROZ

Kamilla Rasmussem Mendonça[1]*; Kássia Lorrany Marques de Paula[1]; Marco Antônio Adorno Cardoso[1]; Vanislene Borges da Silva[1]; Marta Cristina Corsi de Filippi[2]

Universidade Federal de Goiás (UFG)[1]. Embrapa Arroz e Feijão[2].
*kamilla.rasmussem@discente.ufg.br

A cultura do arroz de terras altas (*Oryza sativa* L.) enfrenta constantes desafios fitossanitários que comprometem seu potencial produtivo. Dentre as principais enfermidades, a mancha-parda, causada pelo fungo *Bipolaris oryzae*, destaca-se por ocasionar severas lesões foliares e depreciação da qualidade dos grãos. Diante da necessidade de estratégias sustentáveis de manejo que minimizem o uso exclusivo de fungicidas químicos, o controle biológico via inoculação de bactérias surge como uma alternativa promissora. O objetivo deste trabalho foi avaliar a capacidade de supressão da mancha-parda em plantas de arroz de terras altas, cultivar A504, promovida pela inoculação de quatro isolados bacterianos. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, em Delineamento Inteiramente Casualizado (DIC), composto por cinco tratamentos (4 isolados bacterianos e 1 controle sem bactéria) e cinco repetições. Plantas da cultivar A504 foram inoculadas com o patógeno *Bipolaris oryzae*, cuja suspensão de conídios foi ajustada para a concentração de $3 \times 10^5$ conídios $mL^{-1}$. Sete dias após a inoculação, a severidade da doença causada por *B. oryzae* foi avaliada para calcular a Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD). Essa avaliação foi realizada com base em uma escala de severidade, variando de (0%, 1,6%, 3,2%, 6,4%, 12,6%, 23,1%, 38,6%), para determinar a porcentagem da área foliar afetada pela doença. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA), com comparação de médias pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade ($p \leq 0,05$). A aplicação dos isolados bacterianos promoveu redução significativa na severidade da mancha-parda em relação à testemunha. O tratamento controle apresentou a maior severidade da doença, diferindo estatisticamente dos isolados BRM 69515, BRM 69521 e BRM 69375, o que confirma a suscetibilidade da cultivar BRS A504 à mancha-parda na ausência de biocontroladores. Em contrapartida, os tratamentos com BRM 69515, BRM 69521 e BRM 69375 proporcionaram os menores índices de severidade, sem diferença estatística entre si, demonstrando maior eficiência na supressão da doença. Destaca-se o isolado BRM 69515 com a maior eficiência na supressão, reduzindo a severidade da doença em cerca de 46,7% em comparação ao controle. Conclui-se que os isolados bacterianos BRM 69515, BRM 69521 e BRM 69375 demonstram potencial para a supressão da mancha-parda na cultivar de arroz A504 sob condições de casa de vegetação, constituindo ferramentas promissoras para integração ao manejo sustentável da cultura.

**Palavras-chave:** microrganismos benéficos; manejo de doenças; indução de resistência.

**Agradecimentos:** Universidade Federal de Goiás (UFG) e Embrapa Arroz e Feijão.

# RGM 397 - OBTENÇÃO DE CLONES RECOMBINANTES DE *Escherichia coli* DH5A CONTENDO O GENE LacZ DE *Serratia marcescens*

Ana Carla Thomassewski[1]*; Luiz Gabriel Medeiros Fermon[2]; Nathalyê Fraccanabbia[3]; Mariana Machado Fidelis do Nascimento[4]; Marcio Silva[5]; Juliana Vitória Messias Bittencourt[6]

[1]Universidade Tecnológica Federal do Paraná. *anathomassewski@alunos.utfpr.edu.br

A β-galactosidase (EC 3.2.1.23) é uma enzima de interesse biotecnológico empregada na hidrólise da lactose e com aplicações nas indústrias de alimentos, farmacêutica e biotecnológica. A obtenção de construções recombinantes contendo o gene codificador da enzima constitui uma etapa necessária para sua expressão heteróloga em sistema bacteriano, permitindo a posterior avaliação da produção, atividade enzimática e características funcionais da proteína recombinante. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo obter clones recombinantes de *Escherichia coli* DH5α contendo o gene lacZ de *Serratia marcescens*. Foi utilizada uma construção plasmidial sintética composta pelo gene *lacZ* de *S. marcescens* inserido no vetor de expressão pET-28a(+), com tamanho total de 8.395 pb e gene de resistência à canamicina para seleção dos transformantes. A transformação foi realizada em células competentes de *E. coli* DH5α pelo método de choque térmico, as células foram incubadas em gelo, submetidas ao choque térmico a 42 °C, e novamente mantidas no gelo e por fim recuperadas em meio SOC sob agitação antes do plaqueamento em meio LB suplementado com canamicina para seleção dos transformantes. Após incubação, foram obtidas colônias resistentes à canamicina, indicando a eficiência do protocolo de transformação e a incorporação da construção plasmidial pelas células hospedeiras. Colônias isoladas foram selecionadas para extração plasmidial utilizando kit comercial, visando à recuperação e amplificação da construção recombinante para as etapas subsequentes do projeto. A quantificação espectrofotométrica das seis amostras de DNA plasmidial revelou concentrações entre 51,1 e 154,0 ng/µL, com razões A260/280 variando de 2,01 a 2,11. Esses resultados demonstram a obtenção de DNA plasmidial em concentração adequada para as etapas subsequentes de confirmação molecular da construção recombinante. A estratégia de transformação empregada permitiu a obtenção de clones de *E. coli* DH5α a partir da construção plasmidial contendo o gene lacZ de *S. marcescens*. A recuperação de DNA plasmidial a partir dos clones obtidos, em concentrações suficientes para as etapas subsequentes, indica que as construções foram mantidas nas células transformadas e puderam ser recuperadas para continuidade da análise molecular.

**Palavras-chave:** β-galactosidase; transformação bacteriana; expressão recombinante.

**Agradecimentos:** O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001. Este estudo foi apoiado pela Fundação Araucária/SETI através de bolsa concedida a Mariana Machado Fidelis do Nascimento. Agradeço à Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) por toda estrutura.

# RGM 407 - EFICIÊNCIA DE MÉTODOS DE BAIXO CUSTO NA CONSERVAÇÃO *EX SITU* DE MACROFUNGOS COMESTÍVEIS E MEDICINAIS

Vinícius Lopes Beckmann[1]; Augusto Delfino Ferreira[1]; Linda Maria Oliveira[1]; Bernardo Pereira Alves Junior[1]; Gustavo Amaral Pinto[1]; João Filho Neto Falcão[2]; Loeni Lüdke Falcão[2]*

[1]Bolsista CNPq, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. *loeni.falcao@embrapa.br

A conservação de recursos genéticos microbianos é fundamental para assegurar a manutenção, a disponibilidade e o uso futuro de materiais biológicos de interesse científico e tecnológico. O Laboratório de Cultivo de Cogumelos (LCC), da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, mantém uma coleção de isolados de cogumelos comestíveis e medicinais (macrofungos). Para garantir a viabilidade desses isolados, métodos de conservação simples, acessíveis e de baixo custo são essenciais. Este trabalho avaliou a eficiência de dois métodos empregados no LCC: o método Castellani modificado (preservação de micélio em água destilada estéril) e o método Edison (conservação em substrato lignocelulósico de capim-tifton/braquiária estéril). Para cada isolado, prepararam-se cinco amostras por tratamento. No Castellani, fragmentos miceliais foram mantidos em 5 mL de água destilada estéril sob refrigeração. No Edison, fragmentos foram inoculados em tubos Falcon contendo capim esterilizado e 5 mL de meio Batata Dextrose Ágar (BDA) suplementado com terramicina, sendo refrigerados após a colonização. A viabilidade e a taxa de contaminação foram avaliadas por reativação em meio BDA após um mês e um ano. Até o momento, foram avaliados 104 isolados pelo método Castellani e 161 pelo Edison. Após um mês, o Castellani apresentou 7,7% de contaminação e 20,2% de ausência de crescimento, enquanto o Edison obteve índices inferiores a 1% para ambos os parâmetros. Após um ano de armazenamento, dos quatro isolados avaliados pelo método Castellani, não houve contaminação, mas um (25%) não cresceu; já entre os 42 isolados avaliados pelo método Edison, apenas 4,8% não apresentaram crescimento e nenhum foi contaminado. Os resultados indicam o desempenho superior do método Edison no controle de contaminações e na manutenção da viabilidade, além de favorecer o vigor e a rapidez na reativação do micélio para o cultivo. Assim, a avaliação sistemática desses métodos aprimora a conservação *ex situ* e aumenta a eficiência na gestão do acervo de germoplasma da instituição.

**Palavras-chave:** banco de germoplasma; recursos genéticos microbianos; método Castellani; método Edison; substrato lignocelulósico; cogumelos.

**Agradecimentos:** À Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia pelo suporte e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão das bolsas de pesquisa.

# RGM 415 - POTENCIAL DO FUNGO ENDOFÍTICO DO MANGUEZAL DE SANTA CATARINA *Apiospora arundinis* RASC1B20231 COMO PRODUTOR DE PIGMENTOS ANTIOXIDANTES

Giovanna Amaral Filipe[1]*; Marília Zamora[1]; Luana Luz[1]; Joana Camila Lopes[1]; Diogo Robl[1]; Jaciane Lutz Ienczak[1]; Mario Staindel[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. *giovanna3821@gmail.com

Fungos endofíticos de manguezais constituem recursos genéticos microbianos promissores para obtenção de metabólitos de interesse biotecnológico. Este estudo investigou o potencial de *Apiospora arundinis* RASC1B20231 para a produção de pigmentos e a atividade antioxidante *in vitro*, associado à análise *in silico* do potencial biossintético da espécie. A cepa foi isolada do caule de *Avicennia schaueriana*, coletada no mangue de Ratones (Florianópolis, SC) e preservada no Biobanco de Fungos Endofíticos Mário Steindel (MIP/CCB/UFSC). A identificação molecular foi realizada pelo sequenciamento da região ITS1-5,8S-ITS2. Para a produção do pigmento, o fungo foi cultivado por 21 dias a 28 °C, sob fotoperíodo de 12 h, em BDA, pH 5,5, suplementado com 1,5% de NaCl. O material pigmentado foi extraído com metanol (1:5 m/v), sob agitação a 150 rpm por 1 h, filtrado e concentrado a 40 °C. O perfil espectral foi determinado por UV-vis (200-800 nm) e a atividade antioxidante, pelos métodos DPPH e ABTS (100-400 µg $mL^{-1}$), com determinação da $IC_{50}$. A prospecção biossintética foi realizada com o genoma público de *A. arundinis* IBT 11852 (GCA_037074995.1), utilizando fungiSMASH 8.0.4. A cepa apresentou 99,82% de identidade e 100% de cobertura com *A. arundinis* CBS 464.83. O cultivo produziu um extrato avermelhado, com absorção entre 420-550 nm e $IC_{50}$ de 127,28 µg $mL^{-1}$ para DPPH e de 112,22 µg $mL^{-1}$ para ABTS. No genoma de referência foram identificadas 91 regiões biossintéticas, principalmente T1PKS (n=44), terpenos (n=27) e NRPS (n=19). Uma região T1PKS apresentou similaridade com o cluster de 1,3,6,8-tetraidroxinaftaleno, precursor da melanina DHN (4 hits; blast_score=7020). Também foram detectadas similaridades com clusters de micotoxinas, com maior correspondência para patulina (6 hits no gene central; blast_score=6536), enquanto aflatoxina e ocratoxina A não apresentaram correspondência com genes centrais. Os resultados indicam o potencial de *A. arundinis* RASC1B20231 como fonte de pigmento com atividade antioxidante e destacam a necessidade de caracterização química, sequenciamento da cepa e avaliação toxicológica para confirmar sua composição e segurança.

**Palavras-chave:** fungo endofítico; pigmento fúngico; mineração genômica.

**Agradecimentos:** FAPESC nº19/2024; PPGBTC/ UFSC.

# RGM 417 - PERFIL MULTIFUNCIONAL *IN VITRO* DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS DA ERVA-MATE (*Ilex paraguariensis*): POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO PARA NUTRIÇÃO FOSFATADA E TOLERÂNCIA OSMÓTICA

Thiago Bet Haag[1]*; Kauane Chicora[1]; Carlos André Stuepp[1]; Jesiane Stefania da Silva Batista[1]

[1]Universidade Estadual de Ponta Grossa (UEPG). *thiagobet13@gmail.com

A erva-mate (*Ilex paraguariensis*) representa um importante patrimônio sociocultural e econômico para o Sul do Brasil. Essa relevância contrasta com os desafios produtivos da espécie como baixa qualidade das mudas, baixa eficiência tecnológica e vulnerabilidade às mudanças climáticas. Bactérias promotoras do crescimento de plantas (BPCP) constituem uma biotecnologia sustentável para incremento da produtividade e redução do uso de insumos químicos. O presente estudo objetivou caracterizar bactérias endofíticas isoladas de clones nacionais de erva-mate de alta produção de cafeína. Três estirpes foram selecionadas e, mediante sequenciamento parcial do gene 16S rDNA foram identificadas como *Pantoea* sp. E11, *Enterobacter* sp. E12 e *Enterobacter* sp. E26. Todas demonstraram capacidade de fixação biológica de nitrogênio, produção de sideróforos, compostos indólicos, biofilme e tolerância a estresse osmótico. Quanto à solubilização de fosfato de cálcio (Ca-P), ferro (Fe-P), alumínio (Al-P) e de pó de rocha, destaque para *Pantoea* sp. E11, que apresentou solubilização precoce e elevada de Ca-P (664 µg P $mL^{-1}$ em 96h) , além de solubilizar 9,14 µg P $mL^{-1}$ de fosfato de alumínio e 337,12 µg P $mL^{-1}$ de fosfato de pó de rocha com acidificação dos respectivos meios (com um pH médio de 3,73). *Enterobacter* sp. E26 solubilizou 588 µg P $mL^{-1}$ de Ca-P, 9,24 µg P $mL^{-1}$ µg P $mL^{-1}$ de Fe-Pe 141,75 µg P $mL^{-1}$ de fosfato de rocha. A acidificação do meio pelas estirpes (pH mínimo de 3,17) sugere produção de ácidos orgânicos como mecanismo de solubilização, processo fundamental para liberação de fósforo em formas recalcitrantes. A capacidade de solubilizar Fe-P e Al-P é especialmente relevante para solos ácidos típicos da região de cultivo da erva-mate, onde o fósforo encontra-se predominantemente complexado com esses elementos. A atividade da fosfatase ácida foi detectada nas três estirpes, confirmando potencial para mineralização de fósforo orgânico, onde a estirpe *Pantoea sp.* E11 teve o maior valor de 18,85 µg p-NP/g. As três estirpes também demonstraram tolerância ao estresse osmótico induzido por PEG 6000 (-0,49 MPa), mantendo crescimento em condições de déficit hídrico simulado: *Pantoea* sp. E11 manteve 53,3% do crescimento em relação ao controle após 48h, *Enterobacter* sp. E12 manteve 70,0% e *Enterobacter* sp. E26 apresentou 75,3% de crescimento relativo. A capacidade de crescimento em condições de estresse osmótico aliada ao perfil multifuncional destas estirpes demonstra o seu potencial como bioinoculantes para a produção sustentável da erva-mate, representando avanço biotecnológico adaptado a genótipos brasileiros e às condições edafoclimáticas regionais, com perspectivas de redução da dependência de fertilizantes fosfatados solúveis e melhoria da eficiência nutricional em sistemas de produção de mudas.

**Palavras-chave:** Inoculantes microbianos; atividades promotoras do crescimento vegetal; solubilização de fosfato.

**Agradecimentos:** os autores agradecem à CAPES e a UEPG.

# RGM 418 - RECUPERAÇÃO PÓS-CRIOPRESERVAÇÃO DE MICROALGAS CONSERVADAS A −80°C COM DIFERENTES CRIOPROTETORES

Andreia Cristina Carvalho de Oliveira[1]; Lorena Costa Garcia[1]; Thais Demarchi Mendes[1]; Paula Fernandes Franco[1]; Leticia Jungmann Cançado[1]; Léia Cecilia de Lima Fávaro[1]*

[1]Embrapa Agroenergia. *leia.favaro@embrapa.br

A Coleção de Microrganismos e Microalgas Aplicados à Agroenergia e Biorrefinarias (CMMAABio), da Embrapa Agroenergia, conserva mais de 25.000 cepas de bactérias, fungos e microalgas. Neste acervo estão 143 microalgas eucarióticas (*Chlorophyta*) e procarióticas (*Cyanobacteria*), com potencial de aplicação biotecnológica. Desde 2012, essas microalgas são mantidas por subcultivos periódicos, estratégia que demanda manipulação frequente e está sujeita à contaminação e a alterações decorrentes da manutenção prolongada das culturas. A criopreservação pode reduzir esses riscos, porém a diversidade taxonômica do acervo dificulta a definição de condições aplicáveis às diferentes cepas. Este trabalho avaliou a recuperação pós-criopreservação e a ocorrência de contaminantes cultiváveis em 56 cepas de microalgas previamente armazenadas a −80°C, visando subsidiar estratégias de conservação do acervo. As cepas haviam sido criopreservadas entre 2018 e 2023 utilizando glicerol 20%, dimetilsulfóxido (DMSO) 7% ou uma mistura de glicerol 5% + PEG 400 5% como agentes crioprotetores. Para recuperação, um criotubo de cada cepa foi descongelado a 37 °C e seu conteúdo transferido para 10 mL de meio BG11. As culturas foram incubadas a 25°C, fotoperíodo de 12 h, durante 21 dias, com registro fotográfico semanal da retomada do crescimento. Após esse período, as culturas foram inoculadas em BG11 sólido, TSA e PDA para avaliação da ocorrência de bactérias/fungos contaminantes cultiváveis. Até o momento, 23 das 56 cepas foram avaliadas, das quais 20 (87,0%) apresentaram recuperação. Entre as culturas recuperadas, 10 (50%) apresentaram crescimento de bactérias e/ou fungos nos meios utilizados. Das cepas conservadas exclusivamente em uma condição, todas as nove mantidas com DMSO 7% (9/9; 100%) e as oito mantidas com glicerol 20% (8/8; 100%) foram recuperadas, enquanto duas das três conservadas com glicerol 5% + PEG 400 5% (2/3; 66,7%) apresentaram recuperação. Três cepas haviam sido conservadas paralelamente com glicerol 20% e com glicerol 5% + PEG 400 5%; destas, duas não foram recuperadas em nenhuma das condições, enquanto uma foi recuperada apenas na condição com glicerol 5% + PEG 400 5%. Os resultados demonstram elevada recuperação das culturas conservadas exclusivamente com DMSO 7% e glicerol 20%. Entretanto, a recuperação diferencial observada nas cepas conservadas paralelamente evidencia que a resposta à criopreservação pode variar entre cepas e que a eficiência dos crioprotetores deve ser interpretada considerando essa variabilidade. Os resultados estão subsidiando a definição de estratégias de criopreservação para as 143 cepas da coleção, em paralelo à manutenção por subcultivos periódicos, visando ampliar a segurança da conservação do acervo.

**Palavras-chave:** *Chlorophyta*; *Cyanobacteria*; coleção biológica.

**Agradecimentos:** Ao CNPq (406335/2022-2) e a Embrapa (10.20.02.009.00.00) pelo apoio financeiro.

# RGM 420 - EFEITO DE MÉTODOS DE CONSERVAÇÃO NO VIGOR MICELIAL DE MACROFUNGOS COMESTÍVEIS E MEDICINAIS

Vinícius Lopes Beckmann[1]*; Augusto Delfino Ferreira[1]; Luis Alberto Martins Palhares de Melo[2]; João Filho Neto Falcão[2]; Fernanda Mulinari Fontana[3]; Loeni Lüdke Falcão[2]

[1]Bolsista CNPq, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [2]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. [3]UniCEUB - Centro Universitário de Brasília. *viniciusbeckmann237@gmail.com

A conservação de fungos em coleções microbiológicas é essencial para os avanços biotecnológicos e o melhoramento genético. Contudo, os métodos de preservação tradicionais variam quanto à manutenção da viabilidade e do vigor micelial. Nesse contexto, este trabalho avaliou comparativamente os métodos Castellani (água destilada estéril) e Edison (substrato lignocelulósico de capim estéril) frente à testemunha de Repiques Periódicos (meio sólido), utilizando a taxa de crescimento micelial como indicador de vigor. O micélio de três espécies de cogumelos comestíveis e medicinais (*Pleurotus ostreatus*, *Cyclocybe aegerita* e *Ganoderma applanatum*) foi armazenado pelos diferentes métodos por três a cinco meses. Após a conservação, as linhagens foram reativadas em meio Batata Dextrose Ágar (BDA) e inoculadas em substrato lignocelulósico composto por capim, farelo de trigo e calcário calcítico. A dinâmica de colonização foi acompanhada mediante mensurações diárias dos diâmetros ortogonais das colônias até a colonização completa (7 a 15 dias), sendo analisada por Modelos Lineares Mistos (LMM), simulações populacionais e curvas de sobrevivência. Os resultados demonstraram que o crescimento micelial variou segundo a espécie e o método, exibindo diferenças discretas, inferiores a 1 mm/dia. Para *G. applanatum*, o método Castellani apresentou a maior taxa média de crescimento, embora a simulação populacional tenha indicado desempenho ligeiramente superior do Edison. Para *C. aegerita*, o método Edison promoveu maior estabilidade de crescimento e melhor desempenho na simulação. Em *P. ostreatus*, o método Edison destacou-se pela maior taxa de crescimento na maior parte do período avaliado e pela superioridade na colonização do substrato. As variações observadas decorreram da interação entre a fisiologia fúngica e o meio de conservação, sobressaindo-se o método Edison para espécies com afinidade por substratos lignocelulósicos. Conclui-se que os métodos de conservação apresentaram desempenho similar à testemunha na manutenção do vigor micelial, demonstrando que a escolha da técnica em bancos de germoplasma deve fundamentar-se na finalidade da preservação, em critérios práticos e nas especificidades fisiológicas de cada espécie.

**Palavras-chave:** Banco de Germoplasma; cogumelos; *Pleurotus ostreatus*; *Cyclocybe aegerita*; *Ganoderma applanatum*.

**Agradecimentos:** À Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia pelo suporte e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsa de pesquisa.

# RGM 423 - BIOCONTROLE DA ANTRACNOSE EM GOIABEIRA-SERRANA: POTENCIAL ANTAGÔNICO DE ISOLADOS DO COMPLEXO *Trichoderma asperellum* CONTRA *Colletotrichum theobromicola*

Emily Carvalho da Silva[1]*; Sophia Cassol[1]; Gabriel Menegusso Girardello[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]; Igor Poletto[2]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Universidade Federal do Pampa.
*emilycarvalho.me@gmail.com

A goiabeira-serrana (*Feijoa sellowiana*) é uma frutífera nativa da Mata Atlântica e do Pampa, com elevado potencial nutricional e industrial, representando um recurso genético de grande valor para a agrobiodiversidade brasileira. Apesar disso, seu cultivo comercial no Brasil ainda é incipiente, contrastando com o mercado externo. No cultivo, a antracnose, causada por *Colletotrichum* spp., é a principal doença fúngica, e não há defensivos agrícolas registrados para a cultura no país, tornando urgente a busca por alternativas sustentáveis, como o controle biológico. O objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial antagônico *in vitro* de oito isolados de *Trichoderma* spp (T1-T8), obtidos de folhas de nogueira-pecã em São Gabriel-RS, contra dois isolados de *Colletotrichum*, oriundos de frutos de *F. sellowiana* com antracnose coletados em São Joaquim-SC, bem como identificar molecularmente os agentes envolvidos. Para a identificação, o DNA genômico foi amplificado por PCR e sequenciado. Para o patógeno, utilizaram-se os marcadores ITS, GAPDH e LSU e a análise filogenética de máxima verossimilhança posicionou os dois isolados com suporte máximo (100/100) no clado de *Colletotrichum theobromicola*, junto à cepa ex-tipo CBS 124945. Para o antagonista, utilizaram-se ITS e tef1 e a filogenia posicionou os oito isolados no complexo *Trichoderma asperellum*, agrupados às cepas ex-tipo de *T. asperellum, T. asperelloides e T. yunnanense*, com suporte de 100/94, apresentando sequências idênticas entre si, embora a discriminação entre espécies crípticas dependa do marcador rpb2, não analisado. Nos ensaios de confronto direto em placas com meio BDA, avaliou-se o crescimento micelial nos dias três, cinco e sete pós-inoculação pela escala de Bell. Os isolados T2 e T8 apresentaram os melhores resultados (nota 1 em todos os confrontos), com crescimento sobre o patógeno, enquanto T3, T5 e T7 apresentaram notas 2, também consideradas boas, e T4 e T6 cresceram apenas por ¾ da placa (notas 3 e 4), indicando menor eficiência. Os resultados confirmam *C. theobromicola* como o agente causal da antracnose e os isolados pertencentes ao complexo *T. asperellum*, com T2 e T8 apresentando o maior potencial antagônico *in vitro*, evidenciando que a caracterização molecular integrada ao biocontrole é uma ferramenta estratégica para o desenvolvimento de soluções fitossanitárias seguras e para a preservação da agrobiodiversidade associada à goiabeira-serrana.

**Palavras-chave:** *Feijoa sellowiana*; controle biológico; filogenia molecular.

**Agradecimentos:** UFSC, Unipampa, CNPq e Capes.

# RGM 436 - AÇÃO DE FUNGICIDAS SOBRE O MICROBIOMA DO PÃO DA ABELHA DE *Apis mellifera* (HYMENOPTERA: APIDAE)

Adriana Chaves[1]; Márcia Regina Faita[2]*; Gustavo Pitta[1]; Yohan Fritsche[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]; Rubens Onofre Nodari[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina - UFSC, Florianópolis, Santa Catarina. [2]Universidade Federal de Viçosa - UFV, Viçosa, Minas Gerais. *marcia.faita@ufv.br

Abelhas africanizadas (*Apis mellifera*) são um importante recurso genético, relacionado com a polinização de diversas espécies vegetais, além de produzir mel, um alimento com propriedades antimicrobianas, antioxidantes e anti-inflamatórias. A saúde das abelhas é afetada por diferentes fatores, com destaque para a exposição a agrotóxicos, dentre os quais estão os fungicidas. Embora destinados ao controle de fungos, estes produtos podem causar efeitos subletais em abelhas e são amplamente empregados em pomares de macieiras. As aplicações ocorrem inclusive no período da floração, quando colônias são introduzidas para a polinização dirigida. Entre os efeitos adversos, estão as alterações na microbiota associada às abelhas, essencial às funções digestivas, imunológicas e nutricionais, sensível a distúrbios químicos ambientais. Neste sentido, este estudo avaliou o efeito da exposição alimentar a fungicidas sobre a composição bacteriana do pão da abelha (*beebread*) de *Apis mellifera* em condições de campo. As colônias foram divididas em grupo controle (CTL) e expostas às dietas contendo fungicidas: Captan SC® (Cap) e Zignal® (Zig) isolados e em mistura (Mzc), totalizando três colônias por tratamento. Amostras de 15g do beebread foram coletadas um mês após o início do bioensaio. O microbioma foi caracterizado por sequenciamento completo do gene 16S rRNA (Nanopore) e as comunidades foram comparadas por dissimilaridade de Bray-Curtis (NMDS) e ANOSIM. A exposição aos fungicidas, isolados ou em mistura, reduziu a diversidade microbiana do beebread de *A. mellifera*. Em relação ao controle (CTL), a redução foi de aproximadamente 70% em Zig, 44% em Cap e 42% em Mzc. Zig apresentou a composição mais distinta em relação aos filos identificados, com predominância de Bacillota ($P < 0,001$). O controle apresentou maior riqueza e diversidade ($H = 39,33$; $D = 24,27$), indicando microbiota mais diversa e equilibrada. O ANOSIM confirmou essas diferenças ($R = 0,9998$; $p = 0,001$). Em conjunto, os resultados indicam alterações significativas na composição do microbioma do beebread em todos os tratamentos com fungicidas, em comparação ao controle. Os resultados indicam que a presença de fungicidas na dieta das abelhas pode desestabilizar o microbioma associado ao beebread, com potencial impacto sobre suas funções nutricionais e a saúde das colônias. Estes resultados reforçam a importância de considerar os efeitos subletais de fungicidas sobre o microbioma associado às abelhas *A. mellifera* na avaliação de risco desses compostos, considerando a importância econômica e ecológica destes insetos polinizadores, uma vez que representam riscos à produção apícola e aos serviços de polinização.

**Palavras-chave:** Ecotoxicologia; *Beebread*; Sequenciamento.

**Agradecimentos:** CAPES; CNPq; UFSC.

# RGM 446 - USO BIOTECNOLÓGICO DE RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS NO DESENVOLVIMENTO DE MUDAS MICROPROPAGADAS DE BANANEIRA 'PRATA-ANÃ'

Renata Aparecida Neres Faria[1]*; Joseane Faria Silva[1]; Mickaelly Jordanya Guimarães Silva[1]; Emerson Brito Ribeiro[1]; Débora Ferreira de Souza[1]; Joana D'ark Nunes da Silva Lima[1]; Izabela Cristina Pires Gomes[1]; Maria Fernanda Leal Lacerda[1]; Luciana Nogueira Londe[1]

[1]Empresa de Pesquisa Agropecuária de Minas Gerais (Epamig). *renataapneres@gmail.com

A aclimatização é a etapa mais crítica da produção de mudas micropropagadas de bananeira. Bactérias e fungos promotores de crescimento são recursos genéticos microbianos de valor econômico atual, cuja conversão em bioprodutos amplia a bioeconomia agrícola e representa uma via direta de utilização biotecnológica desses recursos. Assim, objetivou-se avaliar a eficiência de bioinsumos microbianos, isolados e em consórcio, no desenvolvimento de mudas de bananeira 'Prata-Anã' (*Musa* spp.) na aclimatização. Adotou-se delineamento inteiramente casualizado, com sete tratamentos e seis repetições, com bioprodutos comerciais: *Bacillus amyloliquefaciens*, *Bacillus aryabhattai*, *Azospirillum* spp., *Trichoderma* spp., *Bacillus subtilis*, consórcio dos cinco microrganismos e testemunha sem inoculação. Aos 0, 30, 60 e 90 dias avaliaram-se diâmetro do caule, número de folhas, comprimento da parte aérea, comprimento e largura da folha e área foliar total estimada. Os dados foram analisados em parcelas subdivididas no tempo, com verificação dos pressupostos, análise de variância, teste de Scott-Knott (5%) e modelos polinomiais. A interação bioinsumo × tempo não foi significativa para nenhuma variável. Os bioinsumos não diferiram entre si nas demais variáveis. Para comprimento da parte aérea houve efeito significativo: *Trichoderma* spp., consórcio, *B. subtilis* e *Azospirillum* spp. formaram o grupo superior (37,10 a 39,18 cm) e *B. aryabhattai*, testemunha e *B. amyloliquefaciens* o grupo inferior (32,75 a 35,03 cm). O tempo foi significativo para todas as variáveis: diâmetro do caule e comprimento da parte aérea diferiram entre as quatro avaliações; o número de folhas reduziu-se entre 30 e 60 dias e estabilizou; as demais ajustaram-se ao modelo quadrático, estabilizando após os 60 dias. O maior alongamento caulinar é compatível com a síntese microbiana de auxinas e giberelinas e com a solubilização de fosfatos, mecanismos descritos para esses gêneros, que ampliam a superfície radicular e a nutrição. O consórcio igualou-se aos melhores isolados, sem sinergia adicional, possivelmente por competição entre componentes. Conclui-se que esses recursos genéticos microbianos têm potencial biotecnológico para incrementar o vigor da parte aérea de mudas de bananeira na aclimatização.

**Palavras-chave:** inoculação combinada; bioinsumos; promoção de crescimento.

**Agradecimentos:** à Fapemig, pelo financiamento e pela concessão de bolsa, e à Epamig, pelo apoio institucional.

# RGM 449 - DIVERSIDADE E COMPOSIÇÃO DA COMUNIDADE FÚNGICA DA RIZOSFERA DE *Araucaria angustifolia* ACESSADAS POR METABARCODING: CONTRIBUIÇÕES PARA PROMOÇÃO DE CRESCIMENTO E A CONSERVAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS DA ESPÉCIE

Marlon Roger Geraldo[1]; Leila Priscila Peters[2,3]; Yanka Rocha Kondo[4]*; Bruno Marchetti Souza[4,5]; Yu Fukusawa[6]; Gustavo Maruyama Mori[7]; Vania Aparecida Vicente[1]; Ananda Virginia de Aguiar[4,5]

[1]UFPR. [2]UTFPR. [3]UFAC. [4]EMBRAPA. [5]UNESP Ilha Solteira. [6]Tohoku University. [7]UNESP São Vicente. *yanka.kondo82@gmail.com

*Araucaria angustifolia* é uma espécie emblemática da Mata Atlântica brasileira, com importância ecológica, cultural e econômica, mas ameaçada de extinção pela exploração histórica de suas populações. Nesse cenário, a identificação de microrganismos associados à espécie pode ampliar o conhecimento sobre suas interações com o ambiente e contribuir para estratégias de conservação e recuperação de seus recursos genéticos. Entre esses microrganismos, fungos associados à rizosfera podem apresentar características relacionadas à promoção do crescimento vegetal, constituindo potenciais aliados para o estabelecimento e desenvolvimento de *A. angustifolia,* uma espécie micotrófica. Assim, este trabalho teve como objetivo identificar grupos fúngicos presentes na rizosfera de árvores adultas de *A. angustifolia* com potencial de atuar na promoção do crescimento vegetal e discutir sua possível aplicação em estratégias de conservação da espécie. Para isso, caracterizamos, por metabarcoding da região ITS, a diversidade e a composição da comunidade fúngica da rizosfera de *A. angustifolia*. Foram avaliadas cinco localidades que representam diferentes extremos de ocorrência da espécie com populações naturais bem conservadas: Passo Fundo (RS), São Francisco de Paula (RS), Encruzilhada do Sul (RS), General Carneiro (PR) e Colombo (PR). Foram coletadas amostras de solo rizosférico de 20 indivíduos por localidade, totalizando 100 amostras. A caracterização funcional foi realizada com base nas guildas ecológicas. Foram observadas diferenças na distribuição dos modos tróficos e guildas entre as localidades, com ocorrência de grupos saprotróficos e micorrízicos, além de táxons não classificados. Entre os gêneros identificados, destacaram-se *Apiotrichum*, *Archaeorhizomyces*, *Hyaloscypha*, *Saitozyma*, *Roseodiscus* e alguns associados a interações com raízes ou funções potencialmente benéficas às plantas. A presença desses grupos indica um reservatório de fungos candidatos a estudos de promoção do crescimento vegetal ainda inexplorado dentro da espécie. Esses resultados são particularmente relevantes para a conservação da espécie, uma vez que a identificação e posterior isolamento desses microrganismos em árvores adultas pode contribuir para o desenvolvimento de estratégias futuras de produção de mudas, estabelecimento e recuperação de populações de *A. angustifolia*.

**Palavras-chave:** ITS; ASVs; microbiologia.

**Agradecimentos:** Embrapa Florestas e CNPq.

# RGM 450 - COMPOSIÇÃO TAXONÔMICA DA COMUNIDADE FÚNGICA DA RIZOSFERA DE *Araucaria angustifolia* EM CINCO MUNICÍPIOS DA REGIÃO SUL DO BRASIL E SUAS IMPLICAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO GENÉTICA DA ESPÉCIE

Marlon Roger Geraldo[1]; Leila Priscila Peters[2,3]; Yanka Rocha Kondo[4]*; Bruno Marchetti Souza[4,5]; Yu Fukusawa[6]; Gustavo Maruyama Mori[7]; Vania Aparecida Vicente[1]; Ananda Virginia de Aguiar[4,5]

[1]UFPR. [2]UTFPR. [3]UFAC. [4]EMBRAPA. [5]UNESP Ilha Solteira. [6]Tohoku University. [7]UNESP São Vicente. *yanka.kondo82@gmail.com

*Araucaria angustifolia* é uma espécie endêmica da Mata Atlântica brasileira e, após décadas de exploração inadequada de sua madeira, encontra-se ameaçada de extinção, compondo a Lista Vermelha da União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN). Nesse contexto, compreender as associações da espécie com os microrganismos presentes no solo pode contribuir para a conservação e o uso sustentável de seus recursos genéticos. Assim, este trabalho teve como objetivo caracterizar a diversidade e a composição da comunidade fúngica associada à rizosfera de *A. angustifolia* em cinco municípios da Região Sul do Brasil, avaliando sua variação entre populações e ambientes, com o objetivo de identificar associações entre a diversidade fúngica e os recursos genéticos da espécie e gerar informações que subsidiem estratégias de conservação genética, manejo e uso sustentável. Foram avaliadas cinco localidades que representam diferentes extremos de ocorrência da espécie e apresentam populações naturais bem conservadas: Passo Fundo, RS, São Francisco de Paula, RS, Encruzilhada do Sul, RS, General Carneiro, PR e Colombo, PR. Foram coletadas amostras de solo rizosférico de 20 indivíduos por localidade, totalizando 100 amostras. O DNA ambiental foi extraído e a comunidade fúngica caracterizada por metabarcoding da região ITS. As sequências foram processadas para obtenção de variantes de sequência de amplicons (ASVs), e a diversidade e composição foram avaliadas por análises de diversidade alfa, beta e composição taxonômica. A comunidade fúngica apresentou diferenças entre as localidades. Colombo apresentou maior riqueza de ASVs (823) e diversidade de Shannon (4,36), enquanto Encruzilhada do Sul apresentou os menores valores (389 e 1,84, respectivamente). A composição taxonômica também variou entre as áreas, com predominância de Basidiomycota na maioria das localidades e maior participação relativa de Ascomycota em General Carneiro. A análise de Bray-Curtis evidenciou diferenciação entre as comunidades, com maior separação de General Carneiro e maior proximidade entre Encruzilhada do Sul e Passo Fundo. Os resultados evidenciam heterogeneidade espacial das comunidades fúngicas associadas à rizosfera de *A. angustifolia*, reforçando a importância de considerar a diversidade microbiana no conhecimento e na conservação dos recursos genéticos da espécie.

**Palavras-chave:** Biodiversidade; metabarcoding; ecologia.

**Agradecimentos:** Embrapa Florestas e CNPq.

# RGM 453 - REORGANIZAÇÃO TEMPORAL DO TRANSCRIPTOMA DURANTE A EMBEBIÇÃO DE SEMENTES DE UM ACESSO DE FEIJÃO-COMUM CONSERVADO *EX SITU*

Guilherme H. M. B. C. de Oliveira[1]; Cristielly O. S. Machado[2]; Tayara C. Nunes[3]; Alisson F. Dantas[3]; Priscila Grynberg[3]; Marília C. R. Pappas[3]; Ana C. M. Brasileiro[3]; Jonny E. S. Pereira[3]; Marcos A. Gimenes[3]

[1]Programa de Pós-Graduação em Biologia Molecular, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Campus Universitário Darcy Ribeiro, Brasília, DF 70910-900. [2]Departamento de Botânica, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Campus Universitário Darcy Ribeiro, Brasília, DF 70910-900. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica, Avenida W5 Norte (final), Brasília, DF 70770-917. *marcos.gimenes@embrapa.br

A conservação *ex situ* de sementes demanda referências que descrevam seu estado fisiológico e molecular. Objetivou-se caracterizar a reorganização temporal do transcriptoma durante a embebição de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) conservado em banco de germoplasma. Sementes do acesso BRA 12313-3, de lote regenerado com 100% de germinação, foram avaliadas secas e após 30 min, 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 8 h de embebição, com três repetições biológicas. Foram geradas 27 bibliotecas para sequenciamento de RNA (RNA-seq), analisadas por expressão diferencial, teste temporal global, contrastes consecutivos e trajetórias. A divergência transcriptômica em relação às sementes secas foi limitada nas primeiras 2 h, com 81, 16 e 100 genes diferencialmente expressos aos 30 min, 1 h e 2 h, respectivamente. A partir de 3 h, a resposta se ampliou, alcançando 1.442 genes em 6 h e 2.397 em 8 h, predominantemente com aumento de abundância. O teste global identificou 7.828 genes responsivos ao tempo; 4.159 compuseram quatro trajetórias temporais. Os contrastes sucessivos apresentaram baixa sobreposição, enquanto respostas tardias foram progressivamente mais compartilhadas. Assim, a embebição inicial envolve respostas precoces restritas e temporalmente localizadas, que evoluem para respostas transcriptômicas tardias mais amplas e persistentes. Esse perfil temporal em sementes regeneradas de alta viabilidade estabelece uma linha de base molecular para futuras comparações relacionadas ao vigor, envelhecimento, longevidade e deterioração de sementes conservadas.

**Palavras-chave:** germoplasma; RNA-seq; longevidade de sementes.

**Agradecimentos:** à Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAPDF), processo 00193.00000928/2021-71, e ao CNPq, processo 140363/2022-0, pela bolsa e auxílio concedidos a Guilherme H. M. B. C. de Oliveira.

# RGM 454 - RESPOSTAS MOLECULARES PRECOCES À EMBEBIÇÃO DE SEMENTES DE UM ACESSO DE FEIJÃO-COMUM CONSERVADO *EX SITU*

Guilherme H. M. B. C. de Oliveira[1]; Cristielly O. S.Machado[2]; Tayara C. Nunes[3]; Alisson F. Dantas[3]; Priscila Grynberg[3]; Marcelo Brigido[1]; Marília C. R. Pappas[3]; Ana C. M. Brasileiro[3]; Jonny E. Scherwinski Pereira[3]; Marcos A. Gimenes[3]*

[1]Programa de Pós-Graduação em Biologia Molecular, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasília, DF. [2]Departamento de Botânica, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade de Brasília, Brasília, DF. [3]Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. *marcos.gimenes@embrapa.br

A caracterização molecular da embebição pode estabelecer referências para avaliar alterações associadas ao vigor e à deterioração em sementes conservadas em bancos de germoplasma. Objetivou-se caracterizar respostas transcriptômicas nas primeiras 2 h de embebição de feijão-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e avaliar a concordância de transcritos-alvo entre sequenciamento de RNA (RNA-seq) e PCR quantitativa após transcrição reversa (RT-qPCR). Sementes do acesso BRA 12313-3, de lote regenerado com 100% de germinação, foram avaliadas secas e após 30 min, 1 e 2 h, com três repetições biológicas. A expressão diferencial foi analisada em relação às sementes secas e por contrastes consecutivos, complementada por enriquecimento funcional; UBA1, DPE2 e Bet v 1/START foram avaliados por RT-qPCR. Foram detectados 81, 16 e 100 genes diferencialmente expressos aos 30 min, 1 h e 2 h, respectivamente. Nos contrastes consecutivos, foram detectados 81 genes entre 0 e 30 min, cinco entre 30 min e 1 h e 14 entre 1 e 2 h, evidenciando transições precoces concentradas no tempo. O enriquecimento funcional revelou associações positivas com tradução, sinalização por ácido abscísico e defesa, e negativas com remodelamento de cromatina, processamento de RNA, autofagia e transporte intracelular. UBA1 e DPE2 apresentaram direção concordante entre RNA-seq e RT-qPCR nos três intervalos iniciais, enquanto Bet v 1/START mostrou concordância parcial. Após correção para múltiplos testes, as comparações individuais por RT-qPCR com sementes secas não permaneceram significativas, sendo interpretadas como evidência de concordância direcional. Embora a divergência transcriptômica global seja limitada nas primeiras 2 h, a embebição desencadeia respostas funcionais rápidas e organizadas. Esse perfil de um lote de alta viabilidade constitui referência para futuras comparações sobre perda de vigor e deterioração de germoplasma conservado.

**Palavras-chave:** germoplasma; expressão gênica; RT-qPCR.

**Agradecimentos:** à Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAPDF), processo 00193.00000928/2021-71, e ao CNPq, processo 140363/2022-0, pela bolsa e auxílio concedidos a Guilherme H. M. B. C. de Oliveira.

# RGM 482 - RESPOSTA DE *Issatchenkia orientalis* À EXPOSIÇÃO A NANOPARTÍCULAS DE MAGNETITA EM CULTIVO FERMENTATIVO

Naiara Jacinta Clerici[1]*; Lucas Montani Leston Belmar[1]; Júlio César dos Santos; Sílvio Silvério da Silva[1]

[1]Escola de Engenharia de Lorena, Universidade de São Paulo, Departamento de Biotecnologia, Lorena, SP, Brasil. *naiaraj.clerici@usp.br

Leveduras não convencionais constituem recursos genéticos microbianos de interesse científico e econômico, cuja caracterização funcional pode ampliar sua utilização em processos biotecnológicos. Entre essas leveduras, *Issatchenkia orientalis* apresenta características fisiológicas relevantes para cultivos fermentativos. Este trabalho avaliou o efeito de nanopartículas de magnetita ($Fe_3O_4$) sobre o crescimento e o consumo de açúcares por *I. orientalis*. As células foram cultivadas em meio contendo 40 $g{\cdot}L^{-1}$ de glicose, 5 $g{\cdot}L^{-1}$ de extrato de levedura e 10 $g{\cdot}L^{-1}$ de peptona, em pH 5,0, a 30 °C e 150 rpm. Foram avaliados um controle sem nanopartículas e tratamentos contendo 10, 50 ou 100 $mg{\cdot}L^{-1}$ de $Fe_3O_4$ previamente dispersas por ultrassom. Realizaram-se dois ensaios independentes, sendo as determinações do segundo conduzidas em triplicata. O crescimento foi monitorado pela densidade óptica a 600 nm ($OD_{600}$), expressa como grandeza adimensional após aplicação dos fatores de diluição. O consumo de açúcares foi acompanhado pelo método do ácido 3,5-dinitrossalicílico (DNS). Considerando a variação nas densidades iniciais, a análise concentrou-se no comportamento temporal de cada condição. No segundo ensaio, o tratamento com 10 $mg{\cdot}L^{-1}$ apresentou valores de $OD_{600}$ de 39,63 ± 1,53 em 24 h e 39,80 ± 3,03 em 48 h, indicando estabilidade do crescimento nesse intervalo. No controle, os valores diminuíram de 37,60 ± 2,26 para 34,80 ± 8,46. Reduções mais acentuadas foram observadas com 50 e 100 $mg{\cdot}L^{-1}$, cujos valores passaram, respectivamente, de 64,20 ± 3,21 e 59,63 ± 1,50 em 24 h para 22,40 ± 14,58 e 26,93 ± 9,18 em 48 h. O comportamento observado para a menor concentração também foi verificado no primeiro ensaio, no qual 10 $mg{\cdot}L^{-1}$ apresentou o maior valor de $OD_{600}$ em 48 h, atingindo 55,60, em comparação com 45,60 no controle, 45,40 em 50 $mg{\cdot}L^{-1}$ e 25,80 em 100 $mg{\cdot}L^{-1}$. O sinal colorimétrico do ensaio de DNS diminuiu acentuadamente até 48 h em todas as condições, resultado compatível com o consumo dos açúcares presentes no meio. Os dados evidenciam que a resposta de *I. orientalis* à $Fe_3O_4$ depende da concentração e do tempo de cultivo. Entre as condições avaliadas, 10 $mg{\cdot}L^{-1}$ apresentou o comportamento mais consistente nos dois ensaios, mantendo o crescimento entre 24 e 48 h, enquanto concentrações superiores foram acompanhadas por maior redução da densidade óptica nesse intervalo. Esses achados ampliam o conhecimento sobre a resposta funcional de *I. orientalis* e contribuem para sua utilização como recurso genético microbiano em processos fermentativos baseados na conversão de açúcares, com potencial aplicação em biorrefinarias lignocelulósicas.

**Palavras-chave:** *Issatchenkia orientalis*; magnetita; caracterização funcional.

**Agradecimentos:** À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP; processos 2023/09789-8, 2025/12513-0 e 2026/14991-9) pelo apoio financeiro e à Escola de Engenharia de Lorena da Universidade de São Paulo (EEL-USP) pelo suporte institucional.

# RGM 501 - ANÁLISE DA DIVERSIDADE DA COMUNIDADE BACTERIANA EM BAGAS DE VIDEIRA POR SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO

Jonathan Eduardo Giehl Mueller[1]*; Francesco Bianchini Orlandi[1]; Marceli Raquel Burin[1]; Gustavo Pitta Reis de Azevedo[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]; Nina Costa de Brito Barbosa Alves[1]; Fábio Ribeiro de Freitas[1]; Leocir José Welter[1]; Rubens Onofre Nodari[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Florianópolis - SC.
*jonathan.egmueller@gmail.com

A microbiota associada às superfícies de tecidos vegetais constitui fonte de diversidade biológica e de recursos genéticos microbianos, podendo participar das interações planta-microrganismo e de processos relacionados à qualidade e sanidade dos frutos. O objetivo deste trabalho foi caracterizar a composição de gêneros bacterianos associados a bagas de videira por meio do sequenciamento da região 16S rRNA. As amostras foram obtidas em Curitibanos, Videira e São Joaquim, Santa Catarina. As sequências foram geradas pela plataforma Oxford Nanopore MinION, processadas e classificadas taxonomicamente pelo workflow wf-metagenomics/EPI2ME, utilizando Kraken2. Os dados foram analisados no RStudio para obtenção da abundância relativa dos principais gêneros. Após avaliação da qualidade das leituras, os barcodes 22, 23 e 24 foram removidos da análise 16S, resultando em sete grupos amostrais válidos. Entre os gêneros mais abundantes, destacaram-se *Dulcicalothrix* (15,6%), *Massilia* (14,6%), *Caldovatus* (9,5%), *Gluconobacter* (9,0%), *Pantoea* (8,0%) e *Stenotrophomonas* (3,9%). Entre eles, *Gluconobacter* se destaca por sua associação com uvas, mostos e processos fermentativos, podendo atuar no metabolismo oxidativo de açúcares e estar relacionado à qualidade enológica dos frutos. Também foram detectados gêneros associados a ambientes vegetais, como *Massilia*, *Pantoea*, *Pseudomonas* e *Methylobacterium*. A composição relativa por localidade evidenciou padrões distintos, com maior contribuição de *Gluconobacter* em Curitibanos, de *Massilia* e *Pantoea* em Videira e de *Caldovatus* e *Dulcicalothrix* nas três localidades. Os resultados demonstram que bagas de videira abrigam uma comunidade bacteriana diversa e heterogênea, incluindo gêneros associados a ambientes vegetais. A caracterização dessa microbiota contribui para o conhecimento dos recursos genéticos microbianos associados à videira e fornece subsídios para estudos sobre suas funções ecológicas e potencial biotecnológico.

**Palavras-chave:** metagenoma; 16s rRNA; *Vitis*.

**Agradecimentos:** Agradecemos ao CNPq, FAPESC e Epagri pelo apoio financeiro e parceria institucional.

# RGM 504 - GÊNEROS MICROBIANOS COM POTENCIAL BIOTECNOLÓGICO ENCONTRADOS EM BAGAS DE VIDEIRA

Jonathan Eduardo Giehl Mueller[1]*; Marceli Raquel Burin[1]; Francesco Bianchini Orlandi[1]; Yohan Fritsche[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]; Andressa Hilha[2]; Leocir José Welter; Rubens Onofre Nodari[1]

[1]UFSC - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis - SC. [2]FBA - Força Brasil Agrícola, Fraiburgo - SC. *jonathan.egmueller@gmail.com

A microbiota presente em bagas de videira representa uma fonte de microrganismos com potencial para bioprospecção e uso em processos fermentativos, promoção de crescimento vegetal, biocontrole e desenvolvimento de bioinsumos. O objetivo deste trabalho foi identificar gêneros fúngicos e bacterianos presentes em bagas de videira, com possível interesse biotecnológico, em três localidades de Santa Catarina. Foram avaliadas amostras de Curitibanos, Videira e São Joaquim, totalizando oito grupos amostrais. Sequências das regiões ITS e 16S rRNA foram obtidas por Oxford Nanopore MinION e classificadas pelo workflow wf-metagenomics/EPI2ME, sendo os dados processados no RStudio. Para ITS foram considerados oito grupos amostrais, enquanto para 16S foram mantidos sete grupos válidos após a remoção dos barcodes 22, 23 e 24 por baixa qualidade das leituras. Na comunidade fúngica, foram observados gêneros de interesse fermentativo, como *Hanseniaspora*, *Starmerella, Pichia, Metschnikowia* e *Saccharomyces*. Também foram detectados *Aureobasidium*, *Cladosporium*, *Trichoderma* e *Epicoccum*, frequentemente associados ao antagonismo microbiano e à interação com fitopatógenos. As maiores abundâncias médias entre os fungos selecionados foram observadas para *Hanseniaspora* (15,86%), *Starmerella* (15,80%), *Cladosporium* (15,73%), *Pichia* (13,21%), *Aureobasidium* (5,35%) e *Metschnikowia* (3,10%). Na comunidade bacteriana, *Massilia*, *Pantoea* e *Methylobacterium* ocorreram nos sete grupos avaliados, enquanto *Gluconobacter, Stenotrophomonas, Sphingomonas*, *Pseudomonas* e *Rhizobium* ocorreram em seis dos sete grupos. As maiores abundâncias médias bacterianas foram observadas para *Gluconobacter* (10,93%), *Massilia* (4,58%), *Pantoea* (2,67%), *Stenotrophomonas* (1,22%) e *Methylobacterium* (1,13%). Os resultados indicam que bagas de videira apresentam gêneros microbianos com potencial biotecnológico, incluindo leveduras de interesse fermentativo, como *Hanseniaspora, Starmerella, Pichia, Metschnikowia* e *Saccharomyces*, fungos associados ao antagonismo microbiano, como *Aureobasidium, Cladosporium, Trichoderma* e *Epicoccum*, e bactérias relacionadas à colonização vegetal e à interação planta-microrganismo, como *Massilia, Pantoea, Methylobacterium, Sphingomonas, Pseudomonas* e *Rhizobium*. A ocorrência ampla de alguns desses gêneros sugere uma microbiota recorrente nas bagas e reforça a necessidade de estudos futuros de isolamento e avaliação funcional.

**Palavras-chave:** metagenoma; *Vitis*; bioprospecção.

**Agradecimentos:** Agradecemos ao CNPq, FAPESC e Epagri pelo apoio financeiro e parceria institucional.

# RGM 507 - CAPACITAÇÃO EM SEQUENCIAMENTO POR NANOPORE NO CABBIO: FORMAÇÃO E COOPERAÇÃO LATINO-AMERICANA EM RECURSOS GENÉTICOS MICROBIANOS

Ingrid Lohani Degering Brand[1]*; Yohan Fritsche[1]; Carolina Paola Trentini[2]; Sophia Cassol[1]; Gustavo Pitta Reis de Azevedo[1]; Peggy Thalmayr[2]; Claudio Roberto Fonseca Sousa Soares[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC), Florianópolis, Santa Catarina. [2]Universidad Nacional de Misiones, CONICET, El Dorado, Argentina. *ingrid.brand@hotmail.com

Nos últimos anos, a caracterização, conservação e uso de recursos genéticos microbianos têm avançado com a aplicação de ferramentas genômicas e bioinformáticas. Micro-organismos pouco acessíveis por abordagens dependentes de cultivo podem ser caracterizados diretamente em comunidades microbianas por meio de sequenciamento molecular. Entretanto, o uso dessas ferramentas depende da formação de profissionais capacitados. Nesse contexto, o Centro Latino-Americano de Biotecnologia (CABBIO) ofertou o curso “Sequenciamento Genômico em Nanoporos e Bioinformática para a Análise de Amostras Microbianas”, com o objetivo de proporcionar formação teórico-prática em sequenciamento por Oxford Nanopore Technologies e análise bioinformática. As atividades incluíram extração de DNA de amostras de solo provenientes de agrofloresta, bosque nativo, cultivo de *Ilex paraguariensis* e área controle. Para a caracterização microbiana, foram amplificados marcadores 16S e ITS utilizando o kit Microbial Amplicon Barcoding Sequencing for 16S and ITS (SQK-MAB114.24), seguido de preparo de bibliotecas, sequenciamento em plataforma Nanopore e análise bioinformática. O curso também abordou a prospecção de marcadores moleculares, incluindo sequências simples repetidas (SSR), a partir de dados genômicos. A integração entre atividades laboratoriais e computacionais e a participação de estudantes e pesquisadores de diferentes países latino-americanos favoreceram a troca de experiências e a construção colaborativa do conhecimento. A experiência evidencia o papel do CABBIO na formação de profissionais aptos a aplicar ferramentas genômicas e bioinformáticas à caracterização e ao uso de recursos genéticos microbianos, fortalecendo também a cooperação científica na América Latina.

**Palavras-chave:** Bioinformática; cooperação científica; metabarcoding.

**Agradecimentos:** Centro Latino-Americano de Biotecnologia (CABBIO), CNPq, CAPES, PPGRGV, Núcleo de Biotecnologia Aplicada (NBA), LFDGV e UFSC.

**RGM 516 - BIOINTERFACE NANOESTRUTURADA DE PCL MODULA O COMPORTAMENTO DE *Issatchenkia orientalis* EM FERMENTAÇÃO LIGNOCELULÓSICA**

Naiara Jacinta Clerici[1]*; Ana Beatriz Narimatso Leal[1]; Júlio César dos Santos[1]; Sílvio Silvério da Silva[1]

[1]Laboratório de Bioprocessos e Produtos Sustentáveis, Departamento de Biotecnologia, EEL-USP. *naiaraj.clerici@usp.br

Leveduras não convencionais são recursos genéticos microbianos relevantes para a conversão de biomassas. *Issatchenkia orientalis* tolera condições ácidas e inibidores lignocelulósicos. Avaliou-se a influência de nanofibras eletrofiadas de poli(ε-caprolactona) (PCL) sobre a formação de biofilme e o comportamento metabólico de *I. orientalis* em fermentação com bagaço de cana-de-açúcar. A levedura foi reativada em meio com extrato de levedura, peptona e glicose, a 30 °C e 150 rpm por 18-24 h, e ajustada para densidade óptica a 600 nm de 1,0. As nanofibras foram esterilizadas por radiação ultravioleta por 30 min em cada face e incubadas com as células por 24 h. Realizaram-se fermentações em 100 mL de meio citrato, pH 4,8, contendo 5-20 $g \cdot L^{-1}$ de bagaço, a 30 °C e 150 rpm por sete dias. Compararam-se células livres, células imobilizadas e nanofibras sem inoculação. Avaliaram-se adesão por unidades formadoras de colônias (UFC), morfologia por microscopia eletrônica de varredura, composição química por espectroscopia no infravermelho e perfil fermentativo por cromatografia líquida. Após 24 h, recuperaram-se $1,45 \times 10^5$ $UFC \cdot mL^{-1}$ da suspensão do suporte. As micrografias revelaram colonização e agregados celulares sem perda da arquitetura nanofibrosa. Os espectros preservaram as bandas do PCL em aproximadamente 1740 $cm^{-1}$ e 2940-2860 $cm^{-1}$, sem evidências de degradação. Em 15 $g \cdot L^{-1}$ houve maior sobreposição espectral com o PCL original; as demais condições exibiram banda próxima a 3500 $cm^{-1}$, associada à deposição superficial. Em 20 $g \cdot L^{-1}$, o sistema imobilizado apresentou 19,44 ± 0,14 $g \cdot L^{-1}$ de glicose residual e 0,049 ± 0,033 $g \cdot L^{-1}$ de etanol, enquanto as células livres apresentaram 16,75 ± 1,09 e 0,0235 ± 0,012 $g \cdot L^{-1}$, respectivamente. A maior retenção de glicose e a baixa produção de etanol indicaram conversão moderada. Os resultados demonstram que as nanofibras sustentam o biofilme, preservam sua integridade química e modificam o comportamento fermentativo de *I. orientalis*, ampliando as possibilidades de utilização desse recurso genético microbiano em biorrefinarias lignocelulósicas.

**Palavras-chave:** biofilme; nanofibras de PCL.

**Agradecimentos:** À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP; processos 2023/09789-8, 2025/12513-0 e 2026/07698-3) pelo apoio financeiro e à Escola de Engenharia de Lorena da Universidade de São Paulo (EEL-USP) pelo suporte institucional.

# RGM 538 - DIVERSIDADE FÚNGICA EM BAGAS DE VIDEIRA DE DIFERENTES VINHEDOS DE SANTA CATARINA POR SEQUENCIAMENTO DE NOVA GERAÇÃO

Marceli Raquel Burin[1]*; Jonathan Eduardo Giehl Mueller[1]; Francesco Bianchini Orlandi1; Yohan Fritsche[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]; Andressa Hilha[2]; Leocir José Welter[1]; Rubens Onofre Nodari[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]FBA - Força Brasil Agrícola, Fraiburgo - SC.
*burinmarceli@gmail.com

As doenças fúngicas representam um dos principais desafios para a produção de uvas, principalmente na região Sul do Brasil. Nesse contexto, a caracterização da comunidade fúngica associada às bagas fornece subsídios para futuras pesquisas e práticas de manejo. O presente estudo teve como objetivo caracterizar a comunidade fúngica associada a bagas de distintos vinhedos de Santa Catarina, por meio do sequenciamento da região ITS (*Internal Transcribed Spacer*). Foram avaliadas amostras provenientes dos municípios de Curitibanos, São Joaquim e Videira. O DNA total foi extraído, quantificado e submetido à amplificação da região ITS por PCR. Os produtos amplificados foram sequenciados na plataforma Oxford Nanopore MinIon e submetidos a análises bioinformáticas no software EPI2ME por meio do workflow wf-metagenomics. Os dados foram analisados no software RStudio. Os resultados evidenciaram distintos gêneros fúngicos, com predominância de *Pichia* (18,5%), *Starmerella* (18,2%), *Hanseniaspora* (13,8%), *Cladosporium* (13,0%) e *Aureobasidium* (9,6%), totalizando cerca de 73% da abundância relativa de fungos do metagenoma das bagas de uva. A composição da comunidade fúngica apresentou diferenças entre as localidades, destacando-se maior ocorrência de *Wickerhamella* e *Pichia* em amostras de Curitibanos, predominância de *Cladosporium* e *Hanseniaspora* em São Joaquim e maior participação de *Pichia*, *Starmerella* e *Aureobasidium* em Videira. Também foram detectados gêneros como *Botrytis*, *Botryotinia*, *Metschnikowia* e *Filobasidium*. A alta abundância de *Hanseniaspora*, *Pichia* e *Starmerella indica* a predominância de leveduras não Saccharomyces, que possuem características fermentativas e vêm sendo estudadas para a contribuição para a complexidade e diferenciação sensorial de vinhos. A diversidade de espécies e cepas, bem como as diferenças entre vinhedos, regiões e variedades está relacionada ao terroir microbiano. Já o *Aureobasidium*, também identificada na superfície das uvas analisadas, apresenta um comportamento epífito/ endofítico, e algumas espécies apresentam potencial de antagonismo a fungos fitopatogênicos. O gênero *Cladosporium* está relacionado principalmente com estilos de vida saprofíticos e epifíticos e algumas atuam como fitopatógenos. Os resultados demonstram variação na composição da comunidade fúngica entre as localidades avaliadas, contribuindo para o conhecimento dos fungos associados às bagas de videira.

**Palavras-chave:** Metagenoma; ITS; Diversidade fúngica; NGS; *Vitis*.

**Agradecimentos:** CAPES, CNPq, FAPESC, Epagri, UFSC, RGV.

# RGM 539 - DIVERSIDADE DA COMUNIDADE MICROBIANA EM BAGAS DE UVA DE DISTINTOS VINHEDOS DE SANTA CATARINA

Marceli Raquel Burin[1]*; Jonathan Eduardo Giehl Mueller[1]; Francesco Bianchini Orlandi[1]; Gustavo Pitta Reis de Azevedo[1]; Valdir Marcos Stefenon[1]; Nina Costa de Brito Barbosa Alves[1]; Fábio Ribeiro de Freitas[2]; Leocir José Welter[1]; Rubens Onofre Nodari[1]

[1]Universidade Federal de Santa Catarina. [2]Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri). *burinmarceli@gmail.com

A diversidade de organismos associados à videira constitui um importante componente dos sistemas vitícolas e pode variar entre diferentes ambientes de cultivo, contribuindo para a compreensão da diversidade biológica associada aos recursos genéticos da espécie. A utilização de marcadores moleculares, como ITS e 16S rRNA, permite caracterizar essas comunidades microbianas e avaliar sua diversidade. O presente estudo teve como objetivo avaliar a composição das comunidades microbianas associadas à superfície de bagas de uva de distintos vinhedos de Santa Catarina, por meio de marcadores moleculares. Foram identificados os principais táxons presentes nas amostras e os índices de diversidade de amostras provenientes de Curitibanos, São Joaquim e Videira (SC). Após a extração, as amostras de DNA foram sequenciadas pela plataforma Oxford Nanopore MinIon e submetidas a análises bioinformáticas no software EPI2ME. A diversidade das comunidades foi avaliada por meio dos índices de diversidade e as análises estatísticas foram realizadas no ambiente RStudio. Para o marcador ITS, os gêneros com maior abundância relativa foram *Pichia* (18,5%), *Starmerella* (18,2%), *Hanseniaspora* (13,8%), *Cladosporium* (13,0%) e *Aureobasidium* (9,6%). Outros gêneros identificados incluem *Botrytis* (5,6%), *Botryotinia* (4,0%), *Wickerhamiella* (1,6%), *Metschnikowia* (1,6%), *Neopestalotiopsis* (1,3%) e *Filobasidium* (0,9%), além de Alternaria, *Sporobolomyces*, *Saccharomycopsis*, *Epicoccum*, *Bullera*, *Trichoderma*, *Papiliotrema* e *Saccharomyces*, com abundâncias inferiores a 1%. Do total, 7% das sequências não foram classificadas em nível de gênero. Já para o marcador 16S, a maioria absoluta das sequências (42,6%) não foi classificada em nível de gênero. Dentre os gêneros identificados, destacaram-se *Massilia* (14,8%), *Pantoea* (11,5%) e *Gluconobacter* (8,6%), seguidos por *Stenotrophomonas* (3,8%), *Frischella* (3,6%), *Duganella* (1,8%) e *Luteibacter* (0,9%). Os índices de diversidade destacaram amostras de Videira com maior índice de Shannon em ambos os marcadores. Os resultados do 16S devem ser interpretados com cautela devido à alta proporção de reads não classificadas. Em conjunto, os dados evidenciam que fungos e bactérias respondem a diferentes escalas de variação ambiental, destacando a complementaridade dos marcadores e sua contribuição para o entendimento do terroir microbiano da uva.

**Palavras-chave:** Metagenoma; ITS; 16S; Diversidade microbiana; NGS; *Vitis*.

**Agradecimentos:** CAPES, CNPq, FAPESC, Epagri, UFSC, RGV.

# RGM 550 - ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE BACTÉRIAS ENDOFÍTICAS E RIZOSFÉRICAS DE PLANTAS DO GÊNERO *Paspalum*

Ana Cristina Mazzocato[1]*; Eduarda Acosta Soares[1]; Marcelo Perrone Ricalde[1]; Adilson Lopes Lima[1]

[1]CPPSUL - Embrapa Pecuária Sul. *ana.mazzocato@embrapa.br

O gênero *Paspalum* L. compreende gramíneas nativas de importância ecológica e forrageira, servindo como forragem para rebanhos, adaptação a altas temperaturas, e, em alguns casos, possuem defesas naturais contra insetos-pragas. A conservação de espécies é fundamental para a manutenção da biodiversidade e melhoramento genético, que visa cruzamentos de plantas mais nutritivas e produtivas. Assim, o objetivo do trabalho foi isolar e caracterizar as bactérias rizosféricas e endofíticas associadas a espécies de *Paspalum* em plantas localizadas em Bagé-RS, dentro do banco de germoplasma (BAG) da Embrapa, e de plantas dentro da área da Embrapa Pecuária Sul. Foram coletadas quatro amostras de solo rizosférico, sendo uma de *P. notatum* Fluggé e três de *P. pauciciliatum* (Parodi) Herter, além de duas amostras de raízes de *P. pauciciliatum*. Para o isolamento de bactérias rizosféricas, utilizaram-se 5g de solo homogeneizado em tampão fosfato-salino (PBS) e submetidos à agitação orbital por 1 hora. As raízes passaram por esterilização superficial com etanol 70% e hipoclorito de sódio a 2%, seguida de maceração em PBS e agitação orbital por 40 minutos para isolamento de bactérias endofíticas. Alíquotas de 100 µL das suspensões foram plaqueadas em meio TSA 10% suplementado com nistatina e incubadas a 28 ºC. Após desenvolvimento das colônias foi realizado esgotamento para obtenção de culturas puras. Até o momento foram obtidas bactérias das amostras de solo que apresentaram um crescimento mais rápido de 24 h a três dias em incubação. Por outro lado, em raízes, apresentaram a tendência de um crescimento mais lento, variando de cinco a sete dias de desenvolvimento. Para caracterização das células bacterianas foram feitas lâminas, de cada cultura e coradas com o teste de Gram, no qual permitiram identificar as diferenças morfológicas dos isolados, indicando a presença de no mínimo dezoito morfotipos de bactérias, sendo que foi encontrada maior quantidade de bactérias rizosféricas comparada a endofíticas, porém através de semelhanças, foi visto que alguns morfotipos encontrados associam-se tanto a rizosfera quanto às raízes da gramínea estudada. Além disso, estão sendo realizados testes de solubilização de fosfato, onde foi possível registrar que alguns isolados conseguem executar essa função. Estes resultados demonstrados sugerem uma diversidade de bactérias conectadas tanto com a rizosfera quanto com tecidos internos de gramíneas estudadas, sendo possível obter diferentes tipos de bactérias que apresentaram diferenças nos padrões de crescimento entre bactérias rizosféricas e endofíticas. Porém, novas análises são necessárias para identificação e avaliação destas bactérias nativas do RS, pois o avanço na identificação destes microrganismos e das funções que elas desempenham podem gerar ativos, e, impulsionarem a utilização e melhoria da produção desta gramínea.

**Palavras-chave:** Bioinsumo; Microbiologia; Teste de Gram.

**Agradecimentos:** Fapergs e Embrapa Pecuária Sul.

## 8. ÍNDICE REMISSIVO DE AUTORES

**A**
Abinailda S. Lima — 313
Adam Nava — 460, 461, 466, 467
Adejario Homem Botelho — 302, 303
Adelar Mantovani — 51, 292, 293
Adelly C. de A. Fagundes — 312, 313
Adelson Lemes da Silva Júnior — 95, 97
Adésio Ferreira — 55
Adilson Lopes Lima — 584
Adriana Chaves — 571
Adriana Klock — 271
Adriane Wendland — 519, 522, 543
Adriano Eidi Tokushima — 192, 349, 351
Adriano Ferreira Martins — 44, 45
Adriano Pinheiro da Costa — 279
Adriel da Silva Alves — 231, 241, 242
Adriene de Oliveira Bastos — 95, 97
Agatha R. O. C. Cruz — 414
Alan Douglas Fernandes de Lima — 213
Alan Francisco Sandrin — 301
Alan Oliveira do Ó — 405, 407, 441, 442, 445, 446, 468, 473
Alana Kelly Costa Luz Venas — 80
Alana Maria Menezes Di Calaca — 451, 458
Alba Valéria Melo de Araújo — 266, 325, 356
Alberto Fontanella Brighenti — 110, 116, 188, 190, 192, 199, 201, 206, 240, 326, 349, 351, 377
Alberto Vicentini — 342
Aldenice Santos de Lima — 364, 384
Alessa Bembom Garcia — 559
Alessandra de Jesus Boari — 143
Alessandra Ferreira Ribas — 211, 212, 267, 355, 359, 376, 558
Alessandra Nunes da Silva — 173, 174
Alessandra Ribas — 99, 152
Alessandro Alves Pereira — 361
Alexander Artero Floyd — 357, 368, 369
Alexandre Engster Diesel — 126, 134, 255, 257, 259, 260, 316
Alexandre Floriani Ramos — 405, 407, 411, 430, 431, 434, 441, 442, 445, 446, 447, 468
Alexandre Leseur dos Santos — 483
Alexandre Luis Parize — 549
Alexandre Marques — 374
Alexandre Marques da Silva — 311, 362
Alexandre Rodrigues Caetano — 440
Alexandre Siminski — 51, 69, 70, 71, 229, 552
Alexandre Siqueira Guedes Coelho — 387
Alexsandro da Silva Siqueira — 449, 450
Alícia Lie de Melo — 157
Alide Mitsue Watanabe Cova — 170
Alina Guimarães Furtado — 215, 216
Aline Simões Bispo — 284
Aline Simões da Rocha Bispo — 261, 541
Alisson F. Dantas — 575, 576
Alisson Rodrigo Souza Reis — 164
Allison Queiroz de Oliveira — 306
Almecina Balbino Ferreira — 364, 384
Alone Lima Brito — 80, 81, 111, 170, 171
Alonso Ângelo da Silva — 66, 74, 86, 374, 388
Altamir Frederico Guidolin — 222, 224
Amalio Mendoza — 391
Amanda Cristina de Figueiredo — 319
Amanda Cristina Zanatta — 370
Amanda Lemos Ferraz de Almeida — 498, 506
Amanda Maria Silva Cruz — 560
Amanda Michelle Borges — 410
Amanda Sophia M. A. Hrdlicka — 263, 457
Amanda V. A. Moreira — 414
Ana Beatriz dos Santos — 456
Ana Beatriz Mello de Souza — 421
Ana Beatriz Narimatso Leal — 581
Ana Beatriz Nascimento e Silva — 559
Ana C. M. Brasileiro — 308, 309, 575, 576
Ana Carla Thomassewski — 564
Ana Carolina Lopes Francisco de Oliveira — 499
Ana Caroline de Freitas Gonçalves — 269, 295, 296
Ana Caroline Lima dos Santos — 280
Ana Cecília Ribeiro de Castro — 181, 182
Ana Clara da Silva — 99
Ana Clara Diniz — 297
Ana Clara Fernandes Sousa — 557
Ana Clara Jalles Leite Bordoni Calderaro — 491, 492
Ana Claudia Rodrigues — 89
Ana Cristina Mazzocato — 395, 584
Ana da Silva Ledo — 100, 101, 158, 315, 399, 400
Ana Dionisia da Luz Coelho Novembre — 306
Ana Flávia Augustin — 228
Ana Flavia Francisconi — 290, 333
Ana Julia Poletto — 357, 370
Ana Karla Alvarenga — 405, 407
Ana Karla de Brito Gonçalves — 219, 221, 223
Ana Kelly de Sousa Silva — 357
Ana Luiza Cardoso de Araújo — 346, 352, 354
Ana Luiza de Rosa Castro — 69
Ana Paula Jesus de Vasconcelos — 361
Ana Paula Schwede Doberstein — 186
Ana Veruska Cruz da Silva — 100, 158, 399, 400

Ana Vitória Coelho De Castro E Souza — 197, 198, 218
Anabel González Hernández — 545
Ananda dos Santos Rabelo — 155, 157
Ananda Virginia Aguiar — 358
Ananda Virginia de Aguiar — 310, 311, 341, 343, 344, 362, 363, 375, 378, 388, 573, 574
Andéra Neves — 477
Anderson Marcos de Souza — 161
Anderson Yusei Suzuki Fukuji — 269, 295, 296
André Boldrin Beltrame — 234, 235
André Dutra Silva Júnior — 105
André Junior Ribeiro — 241, 242
André Luis Celestino Santos — 83, 503
André Luís de Gasper — 204, 264
André Luís Ferreira Lima — 410
André Luis Xavier de Souza — 161, 197, 198, 200, 218, 226
André Luiz Martinez de Oliveira — 534, 535
André Luiz Xavier de Souza — 159
André Ricardo Zeist — 105, 186, 231, 241, 242
Andréa Beatriz Diverio Mendes — 108, 121, 125, 141
Andréa Carla Bastos Andrade — 111
Andréa Raposo — 108, 121, 125
Andrea Viazzi — 76
Andreia Cristina Carvalho de Oliveira — 568
Andreia Juliana Rodrigues — 288, 297, 300
Andreia Juliana Rodrigues Caldeira — 144, 254
Andressa Henrique Sousa — 246, 262, 284
Andressa Hilha — 579, 582
Andressa Mirelle Santos Lourenço — 280, 281, 340
Andressa Moreira de Souza — 272
Andreza de Jesus Correia — 511, 512, 515, 516
Andriele Orben — 220, 243, 245, 250, 251, 252, 253
Ane Marcela das Chagas Mendonça — 315
Angela Aparecida Lemos Furtado — 196
Ângela Celis de Almeida Lopes — 61, 193, 194, 345, 353, 354
Ângela Rossi Marcon — 379
Angélica Prela Pantano — 265
Anibal Eugênio Vercesi Filho — 413, 438, 439
Anielly Sarana da Silva — 361
Anna Clara A. de Oliveira — 200, 226
Anna Tagarelli — 389
Annette Droste — 264
Antônia Beatriz Melo Ferreira — 462, 463
Antonieta N. Salomão — 308, 309
Antônio Batista de Souza Neto — 261
Antonio Bruno Magalhães Lima — 464, 472
Antonio Carlos de Oliveira — 332, 383
Antônio Edelson da Silva Oliveira — 176
Antonio Evangelista Ferreira Filho — 468
Antonio Gideilson Correia da Silva — 173, 174
Antônio Nascim Kalil Filho — 513, 514
Antonio Rodrigues da Cunha Neto — 79, 103
Antonio Samuel dos Santos Moreira — 219, 221
Antonio Saulo Cunha-Machado — 338, 339
Any Caroline Pantaleão Bueno — 49
Aparecido Lima da Silva — 188, 206, 326
Arcangelo Loss — 192, 494, 495
Ariany Rosa Gonçalves — 532
Aristides de Jesus António Manuel — 453, 456
Armando Rúben Santacruz — 390, 391
Arthur Arnoni Occhiutto — 79
Arthur Carvalho Rodrigues Silva — 543
Arthur Rohden — 366
Arthur Rohden Carvalho Ferreira — 96, 393
Artur Oliveira Rocha — 452, 474
Artur Pereira Bouillet — 543
Augusto Delfino Ferreira — 565, 569
Augusto Vinicius de Souza Nascimento — 315
Aurélio Paes Barros Júnior — 173, 174
Aylton Bartholazzi Júnior — 428

**B**

Bárbara do Carmo Malta — 428
Bárbara França Dantas — 280, 281, 340
Bárbara Lucas Pereira — 288, 300
Bárbara Nicole Daboit — 236, 244, 556
Beatriz Aparecida Niimoto — 415, 416, 419, 420
Beatriz Bastos Senes — 455
Beatriz Cruz Marques — 181, 182
Beatriz Senes — 436, 437
Bernardo Pereira Alves Junior — 565
Bianca Bruna Nascimento Ribeiro — 456, 464
Bianca de Lara Fernandes — 187
Bianca Lanzoni Filter — 365, 371
Bibiana Henkel Estivalet — 108, 121, 125, 141
Brenda Díaz-Hernández — 50
Brenda Gabriela Díaz Hernández — 381
Brenda Tayná Sousa da Silva — 166
Brendo Henrique da Silva Costa — 274
Breno Régis Santos — 103
Bruna Becker — 263
Bruna Caprini — 152, 153, 191
Bruna Cristina dos Santos — 551
Bruna da Rosa Dutra — 192
Bruna dos Santos Torres — 318, 353
Bruna Gonçalves Santos da Costa — 413, 438
Bruna Oliveira Ribeiro da Silva — 170, 171

Bruna Vitalino Cadete Cangussu — 108, 121, 125, 141
Bruno Ambrozio Galindo — 483
Bruno Henrique Stoll Chiarello — 133, 150, 151
Bruno Marchetti de Sousa — 388
Bruno Marchetti de Souza — 343, 362, 378
Bruno Marchetti Souza — 310, 363, 375, 573, 574
Bruno Quadros de Paula Xavier — 152, 153, 225
Bruno Stoll Chiarello — 124
Bruno Trindade Cardoso — 100
**C**
Cacilda Borges do Valle — 121, 141
Caio Nunes Pereira — 93
Caio Petrick Monteiro da Cruz — 193, 194, 318, 345
Caio Victor Damasceno Carvalho — 436, 437, 455
Camenamul Upá Nambeué — 545
Camila Barros Ataides — 387
Camila Raimunda Carvalho dos Santos — 491, 492
Camila Regina Silva Baleroni Recco — 374, 378
Camila Sousa Gonçalves — 382
Camila Souza Rodrigues — 402, 406, 429, 432, 433
Camilla M. Botelho — 117, 508
Camille C. Nardi — 75
Camilly L. R. Jesus — 414
Carina Lopes Djadjo — 123, 139, 140, 156, 222, 224
Carina Visser — 452
Carlos André Stuepp — 553, 554, 567
Carlos Antonio Ferreira de Sousa — 185
Carlos Augusto Colombo — 381
Carlos Augusto Zimpel — 290
Carlos Colombo — 50
Carlos Enrique Cardona-Ayala — 58
Carlos Fellipe Meurer de Lima — 162, 163
Carlos Humberto Aires Matos Filho — 194, 353
Carlos Zacarias Joaquim Junior — 123, 139, 140, 156
Carmen E. Barragán-Ruiz — 266, 325
Carmen Lucia Queiroga — 205
Carolina Almeida — 396
Carolina Amorim Silva — 455
Carolina González Aquino — 464, 472
Carolina Müller Zimmermann — 240, 349, 351
Carolina Oliveira de Alcântara — 365
Carolina Paola Trentini — 580
Carolina Prado de Almeida — 96, 393
Carolina Rafaela Barroco Soares — 95, 97
Caroline Bertocco Garcia — 361
Caroline Bertoco Garcia — 50
Caroline Bogo Rota — 373
Caroline de Araujo Machado Brandão — 315
Caroline dos Santos — 246, 261, 541, 550
Caroline Ferreira Medina — 477
Caroline Isabela Favetti — 250, 251
Caroline Pilatti Rovani — 133, 151
Caroline Schmaedeck Lara — 331, 338, 339, 341, 342, 344
Cássia Ângela Pedrozo — 362
Cassia Maria Brito Araújo — 435
Cássia Nogueira de Abreu — 54
Catalina María Zuluaga Amaya — 232
Catarina de Matos Torres — 490
Catiuscia Marcon — 204, 258, 264, 389
Cejana Rayssa de Jesus Barbosa — 542
Celia Raquel Quirino — 427, 428
César Augusto Vergara-Córdoba — 58
Charles Lima Ribeiro — 297
Charles Ortiz Novinski — 448, 484
Charles R. Clement — 290
Chiara A. A. Oliveira — 414
Cibele Lima da Silva — 164, 165
Cibelle Azamora dos Santos — 373
Cícero Deschamps — 60, 98, 172
Cimara S. Vieira — 266
Cindy Amorim Martins — 270
Cinthia Cazal — 390
Cinthia Riguetti Marcondes — 413, 438
Cintia Paula Feitosa Souza — 541
Cintia Paula Feitosa Souza Araújo — 180, 261
Cintia Pelegrineti Targueta — 266, 325, 356
Cipriano Ramón Enciso-Garay — 390, 391
Cirilo Tullo Arguello — 390, 391
Clara Inés Medina-Cano — 233
Clara Pritsch — 90, 148
Clara R. Cuzzuol — 456
Clarissa Silva Pires de Castro — 196
Claudete Clarice Mistura — 62
Cláudia Pombo Sudré — 268, 269, 295, 296
Claudia Ruta — 389
Claudia Simões-Gurgel — 146, 147, 227
Claudinei Kurtz — 494, 495
Cláudio Roberto Fonseca Sousa Soares — 507, 545, 580
Clayton Queiroz Alves — 171
Cleber N. Correa — 397
Cleiton Diego Prado — 366
Cleiton Vasconcelos Vieira — 268, 269
Cleriston Vitor dos Santos — 44, 45

Cleuza Samai Alves Souza — 403, 404
Cleverson Busso — 272
Cleverton França Vaz — 67, 102, 135, 136
Clodoaldo Leites Pinheiro — 372, 379
Concepta McManus — 402, 406
Cristiane dos Santos — 73
Cristiane Helm — 98
Cristielen Montes Frota — 364, 384
Cristielly de Oliveira Silva Machado — 308, 309, 575, 576
Cristina Fachini — 131
Cristina Magalhães Ribas dos Santos — 305
Cristina Trujillo — 128
Cynthia Aparecida Arossa Alves Soares — 254
**D**
Daiane Rodeghiero Vahl — 163, 168, 169
Daisy Christiane Zambiazi — 51
Daisy Letícia Ramirez Mónzon — 236
Daisy Sotero Chacon — 248
Dalvan Carlos Beise — 77
Daniel de Oliveira Garcia — 92
Daniel dos Santos Liuti — 255
Daniel Finazzi Postigo — 196
Daniel Schmechel Affeldt — 277, 282, 283
Daniela Dal Castel Krein — 175, 176
Daniela Garcia Collares — 395
Daniela Krein — 335
Daniela Oliveira Brandão — 451, 458
Daniela Silvia de Oliveira Canuto — 374
Daniele dos Santos Martins — 423
Daniele Hneda — 521, 536, 538
Daniele Ribeiro de Lima Reis Faza — 458
Danielle Almeida de Oliveira — 421, 425
Danielle Assis de Faria — 402, 406, 429, 432, 433, 447
Danielle da Silva — 369
Danielle Velloso Moreira — 381
Danilo Tosta Souza — 509
Danyele Silva Durães Pacheco — 159, 161, 200, 226
Darcilha Wassori — 144
Darilene Ursula Tyska — 460, 461, 466, 467, 482
Darlan Scussel — 85
Davi Ferreira Amorim — 83, 503
Davi Henrique de Souza Amâncio — 350, 481
David Moreno Mateos — 290
Dayane de Assis Cirino — 103
Débora Araújo de Carvalho — 451, 458, 474
Débora Ferreira de Souza — 320, 321, 322, 337, 572
Deisellane da Silva Dias — 146, 147
Deivison Borge da Silva Almeida — 193
Delio Endres Júnior — 258, 264
Demerson Arruda Sanglard — 337
Demilson Lemos de Araujo — 249
Dener Júnior Ribeiro — 60, 172
Denilson Gouvea Anthonisen — 196
Denis Dall Agnolo — 500
Denysson Wandysson dos Santos da Silva — 170
Denyus Augusto de Oliveira Padilha — 485
Dhandara Antonieta Rodrigues Arcanjo — 97
Diego Chagas Batista — 268
Diego Gabriel Kleemann — 124
Diego Ladeira da Silva — 477
Dielly Mayara Comelli Alves — 178, 179, 236, 244, 556
Dilson Antônio Bisognin — 392, 393
Diogo Gonçalves de Sousa Costa — 429
Diogo Keiji Nakai — 559
Diogo Robl — 549, 566
Dirce Ferreira Luz — 426
Domingos Savio Leitão Machado da Silva Filho — 181, 182
Doriane Batista Rodrigues — 361
Douglas Caixeta Nunes — 449, 450
Douglas Silva Domingues — 248
**E**
Edenilson Meyer — 494, 495
Eder Marques — 520, 542
Edésio Fialho dos Reis — 356
Edicleide Macedo da Silva — 173, 174
Edimar Olegário de Campos Júnior — 298
Edivaldo Galdino Ferreira — 230, 249
Edmilson Gomes de Oliveira — 353
Edson B. Silva — 398
Edson Bertolini — 110
Edson Perez Guerra — 186
Eduarda Acosta Soares — 395, 584
Eduarda Schönwald — 367
Eduardo Andrade Franco Severo — 181, 182
Eduardo Antonio Monge-Castro — 50, 333
Eduardo Aragão — 267
Eduardo Aragão Telmo de Carvalho — 211, 212, 359
Eduardo Feliphe Ninos de Souza — 154
Eduardo Figueiredo — 449, 450
Eduardo João Moro — 82, 104
Eduardo José Dias da Silva — 373
Eduardo Lima Bomfim — 332, 383
Eduardo Luis Cupertino Ballester — 440
Eduardo Martins — 553, 554

Eduardo Salomão Soares Filho — 268, 269, 295, 296
Eduardo Vinicius Kuhn — 272
Edvan Assis de Oliveira — 130
Eimear Nic Lughadha — 168
Einstein Bravo Campos — 314
Elaine Mantovani Satorres — 265
Elena Charlotte Landau — 207, 208
Elena Paola González Jaimes — 232
Eliane Aparecida Gomes — 560
Eliane Gomes Fabri — 205
Elias Cruz — 217
Elias da Cruz Ribeiro — 197, 198
Eline Maria Finco — 421, 422, 424, 425
Elinton Soares Pontes — 88, 299
Elisa Ferreira Moura — 167
Elisangela Chicaroni de Mattos Oliveira — 415, 416, 419, 420
Elisete Pains Rodrigues — 498, 505, 506, 534, 535
Elivelton de Souza Lima — 364, 384
Elizangela Zayana Lima D'suze — 421, 425
Elsio Antonio Pereira de Figueiredo — 408, 409, 443, 444
Ely Simone Cajueiro Gurgel — 164
Elyabe Monteiro de Matos — 111
Emanuel M. Souza — 510
Emanuel Maltempi de Souza — 517, 525
Emanuel Scalfi Santos — 190, 326, 377, 507
Emanuela Pille da Silva — 545
Emanueli Marchioro — 229, 507, 545
Emanueli Pereira da Silva — 178
Emanuelle Torres Leal — 95
Emanuelle Veronica Panisson — 552
Emerson Brito Ribeiro — 320, 321, 322, 337, 572
Emerson Gabriel Fidencio — 544
Emille Begnini Zingler — 160, 277, 282, 283
Emilly Adrielly de Campos — 126, 134, 255, 257, 259, 260, 316
Emily Carvalho Da Silva — 368, 570
Enderson Petronio de Brito Ferreira — 519, 522, 543
Ênio Egon Sosinski Júnior — 62, 162
Enzo Gonçalves Luciano — 51, 69, 70, 71
Erialdo de Oliveira Feitosa — 67
Érick Fernando Sartoretto — 150
Erivan Souza de Lima — 373
Eryc Luan Dias — 113, 175, 176, 335
Ester dos Santos Coêlho — 173, 174
Ester Otto de França — 448
Ester Wickert — 336
Estevão Martins Maciel — 144, 300
Eula Regina Cararra — 488, 489
Eulina Brito Marinho — 327, 328
Eva Maria Costa — 246
Evandro Neves Muniz — 100, 101, 400
Evellin Carolini Jacintho — 343
Evellyn Richelly Ferreira Bastianel — 472
Evelyn Lopes dos Santos — 285
Everton Diel Souza — 256
Everton Hilo de Souza — 312, 313
Éverton Luis da Silva Celmer — 52
Everton Soares — 92

**F**

Fabián Domingues — 448, 484
Fabiana Alves de Almeida — 448
Fabiana Michelsen de Andrade — 460, 461
Fabiane Aparecida Greselle — 126, 134, 255, 257, 259, 260, 316
Fabiane Pinto Lamego — 533
Fábio Barros Britto — 473
Fabio Cleisto Alda Dossi — 101
Fábio de Lima Gurgel — 67, 102
Fabio de Mello — 316
Fábio de Oliveira Freitas — 48, 195
Fabio Dias Melo Carvalho — 381
Fabio Feltrin Fabro — 110
Fábio Garske Fonseca — 372
Fábio Ribeiro de Freitas — 578, 583
Fabricio Augusto Hansel — 191
Fabricio Fuzzer de Andrade — 52
Fabricio Hansel — 99, 152
Fausto Henrique Silva Galhardi — 283
Federico Condón — 128
Felipe Bonini da Luz — 515, 516
Felipe Keine — 152, 153
Felipe Perin — 152, 153
Felipe Perin Santos — 191, 225
Felipe Rodrigues Dias — 298
Felipe Silveira — 335
Felipe Willean Calazans Guimarães Lopes — 435
Félix Gonçalves de Siqueira — 559
Fermín J. Chamorro — 275
Fernanda Catarina Krug — 486
Fernanda Cortez Roriz Pontes — 440
Fernanda dos Santos Dourado — 496
Fernanda Espíndola Assumpção Bastos — 88
Fernanda Gabriela Silva Guimarães — 207
Fernanda Gorges — 204
Fernanda Hvala Figueiredo Fafarão — 419, 420
Fernanda Lara dos Santos — 509

Fernanda Maria Cordeiro de Oliveira — 88, 89, 370
Fernanda Moralez Leme Gomes — 413, 439
Fernanda Mulinari Fontana — 569
Fernanda Neves Lima — 375
Fernanda Vargas Valadares — 122
Fernanda Vidigal Duarte Souza — 180, 246, 261, 262, 284, 313, 323, 324, 541, 550
Fernanda Wilkens Costa — 116, 188, 192, 199
Fernando Almeida Negrini — 343
Fernando Andrade Souza — 483
Fernando Dini Andreote — 306
Fernando Henrique Silva Garcia — 103
Fernando Miranda de Vargas Junior — 453, 456, 464, 472
Fernando Niella — 276
Fernando Puzzo — 276
Fernando Ribeiro Nunes de Araújo — 318
Fernando Sebastian Rey Baldi — 415, 416
Fernando Teruhiko Hata — 149
Flávia B. C. Cordeiro — 414
Flávia Brilhante Florenciano — 364
Flávia Camila Schimpl — 279
Flávia e Silva Sieracki — 412
Flávia Eduarda Martins — 126, 134, 255, 257, 259, 260
Flávia Fernanda Carneiro Santana — 413, 438, 439
Flavia França Teixeira — 207, 208
Flávia Melo Rodrigues — 254
Flaviane Malaquias Costa — 43, 290, 306
Flaviano Williams Fernandes — 187, 189
Flávio Dessaune Tardin — 247
Flávio Magalhães Costa — 342
Flávio Ricardo da Costa Oliveira Santos — 193, 346, 352, 354
Flora Wenderosck S. de Oliveira — 192
Florencia Diano — 43
Franceli da Silva — 83, 503
Francesco Bianchini Orlandi — 578, 579, 582, 583
Francieli Alves Caldeira Saul — 74, 86
Francieli Barbieri Martini — 304
Francisca Aparecida de Sousa Alves — 61
Francisca das Chagas dos Santos Fonseca — 384
Francisco Adriano de Souza — 497
Francisco Araújo Neto — 438
Francisco C. M. Chaves — 397, 398
Francisco Davi Freitas Alves — 44, 45
Francisco de Araujo Neto Rodrigo Giglioti — 413
Francisco Erick Santos Ferreira — 181, 182
Francisco Gregório do Nascimento Neto — 170, 171
Francisco Lanzer Machado — 228, 229, 238, 239
Francisco Marcos dos Santos Delvico — 559
Francisco Matheus Medeiros de Freitas — 496
Francisco Rafael Inácio de Araújo — 44, 45
Francisco Rosa — 459, 476
Francisco Sebastian Montoya-Serrano — 529
Francisco Walisson de Melo Sousa — 219, 221
Francisco Wilson Reichert Júnior — 113, 175, 176, 335
Freddy Mora — 546

**G**

Gabriel Alves de Souza da Silva — 166
Gabriel Bousse Picanço — 67, 102
Gabriel Ciappesoni — 480
Gabriel Costa Medeiros — 415, 416, 419, 420
Gabriel Dal Puppo Pelisser — 124, 150, 151
Gabriel de Resende Baroni — 97
Gabriel Dias Gomes — 107, 127
Gabriel Gonçalves Moreira — 421
Gabriel Henrique Ribeiro — 479
Gabriel Meneguso Girardello — 351
Gabriel Menegusso Girardello — 190, 307, 326, 334, 357, 365, 368, 369, 371, 377, 570
Gabriel Rodrigues Klem — 60, 172
Gabriel Santos de Souza — 213
Gabriel Torma Aquere — 395
Gabriel Virginio Pereira — 540
Gabriel Virginio-Pereira — 537, 538
Gabriela Benecioto — 153
Gabriela Cavalcanti Alves — 496
Gabriela de Oliveira Belo — 380, 382
Gabriela de Oliveira Fornazier — 333
Gabriela Peres Benecioto — 98, 99, 225
Gabriela Rodrigues Sonda — 93
Gabriela Speroni — 148
Gabriela Torres da Silva — 80, 81
Gabriela Torres-Silva — 111
Gabriela W. Arruda — 116
Gabriela Woiczack — 240
Gabriela Woiczack de Arruda — 188, 192, 199, 201, 206, 349, 351
Gabriela Yumi — 517
Gabriela Yumi Nomi — 510, 525, 526
Gabrielle Gonçalves — 370
Gabrielle Lemes — 435
Gabrielle Vitória Nascimento de Andrade — 79
Geís Ferreira Neves — 385
Genésio Borges Pacheco — 542

Georgia Pacheco — 106, 227
Geovana Menegão de Souza — 413, 438, 439
Geraldo Magela Cortes Carvalho — 405, 407, 430, 431, 441, 442, 445, 446, 468, 473
Géssica Aline Nogueira dos Santos — 279
Gilberto Antonio Peripolli Bevilaqua — 120
Gilberto Ken Iti Yokomizo — 67, 102
Gilberto Romeiro de Oliveira Menezes — 435
Gilmar C. M. Dalla Maria — 375
Gilsane Garcia Morais — 560
Giovani Benin — 556
Giovani Henrique Dias de Oliveira — 498
Giovanna Amaral Filipe — 566
Giovanna dos Anjos Bonachela de Carvalho — 375
Giovanna Dumere Esteves dos Santos — 423
Giovanna Rabelo Barbosa — 254
Giovanni Donizete Funatsu Nunes — 453, 456, 464
Giulia de Castro Conceição — 460, 461, 466, 467
Giuliano Pereira de Barros — 457
Giustino Tribuzi — 470, 471
Glaciela Kaschuk — 558
Glauber Henrique de Souza Nunes — 44, 45
Gloria Cecilia Macia Ruiz — 338, 339, 341, 342, 344
Grace Karina Kleber Romani — 336
Grace Kelly Munaretto — 82, 104
Grasielly Queiroz Pereira Salgado — 300
Gregório Miguel Ferreira de Camargo — 436, 437, 454, 455
Guilherme Amulssa Leite Torres — 265
Guilherme Antonio Lappe — 63
Guilherme H. M. B. C. de Oliveira — 308, 309, 575, 576
Guillermo Andrés Enciso-Maldonado — 390, 391
Günther Gehlen — 258
Gustavo Amaral Pinto — 565
Gustavo Daniel V. Britez — 456
Gustavo Dias da Silva Lima — 146
Gustavo Dias Lima — 147
Gustavo Heiden — 168, 169, 177
Gustavo Henrique Carvalho Borges — 488, 489
Gustavo Henrique de Souza Moreli — 363
Gustavo Henrique Mozzer Regazolli — 92, 93, 94, 96, 347, 348, 392
Gustavo Hossel — 126, 134, 220, 243, 245, 250, 251, 252, 253, 255, 257, 259, 260, 316
Gustavo José Piovezan Alves — 517
Gustavo Maruyama Mori — 573, 574
Gustavo Morais da Silva — 346, 352
Gustavo Mozzer Regazolli — 396
Gustavo Nicolodelli — 272
Gustavo Pavan Mateus — 378
Gustavo Pitta — 571
Gustavo Pitta Reis de Azevedo — 357, 368, 369, 578, 580, 583
Gustavo Vano Zacarias Jolvino — 66
H
Hairon Antonio Friedrich Rodrigues — 164, 165, 166, 167
Hannah Arlt Mignoni — 263, 457
Héctor Antônio Assunção Romão — 356
Heitor Mancini Teixeira — 273, 274
Helen Sandi — 85
Helena de Azevedo Perleberg — 533
Hélio Coelho da Silva — 265
Hellen Cristina Silva da Cruz — 167
Hellena N. de Melo — 472
Hellyemrai Valentim Althaus — 538
Helmut Schuckar — 310, 358
Heloísa Vitória da Silva Ferreira — 464
Helyemari Valentim Althaus — 521, 536
Henrique Belmonte Petry — 110
Henrique Belmonte Pety — 240
Henrique da Silva Argenta — 52, 53, 317
Henrique Giombelli Lorenzett — 82, 104
Henrique Torres Ventura — 403, 404, 425
Humberto R. Bizzo — 398
I
Iago Velho de Lima — 95
Ianê Valente — 84
Ianê Valente Pires — 64, 67, 102, 135, 136
Iasmin Tassi Grott — 204, 264, 389
Idael Matheus Góes Lopes — 482
Ignacio Naya — 76, 132, 137
Igor Danilenko — 459, 465, 475, 476
Igor Poletto — 570
Igor Vasconcellos Pellegrini — 385
Ilara Gabriela Frasson Budzinski — 248
Ilyas Siddique — 278
Inaê Mariê de Araujo Silva Cardoso — 198, 218
Inaê Mariê de Araújo Silva-Cardoso — 217
Indyra Giácomo Monteiro Dias — 491, 492
Ingrid Belchior dos Santos Silva — 54, 55
Ingrid Justino Gomes — 173, 174
Ingrid Lohani Degering Brand — 91, 307, 334, 357, 368, 369, 371, 580
Ingrid Pereira Pinto Oliveira — 455
Ingrid Pitta — 436, 437
Ingridy Cristina de Alvarenga — 294
Inoá Victória Martins — 272

Irajá Ferreira Antunes — 120
Irene Maria Cardoso — 274
Isa Silva Costa — 46, 47, 56
Isabel Silva Pereira — 327, 328
Isabela de Almeida Oliveira — 111
Isabela Maria da Silva Santos — 213
Isabela Souza Coccorese Conceição — 80, 81
Isabela Turatto — 366
Isabela Volpi Furtini — 247
Isabele da Rosa Schadek — 349, 351
Isabele de Rosa Schadek — 91
Isabele R. Schadek — 75, 116, 188, 206
Isabele Schadek — 199
Isabella Blagiem de Campos — 510, 517, 525
Isabella Mel de Oliveira Lima — 203
Isabella Sobreira Alexandre Assis — 54
Isabella Turatto Becker — 92, 392
Isabelle Cristina Rodrigues da Silva Fernandes — 439
Isabelle Satie Gomes Otani — 521, 536, 538, 561
Israeli Ingrid Costa de Brito — 164, 165, 166, 167
Ítalo de Oliveira Braga — 185
Ítalo dos Santos Coutinho — 427
Itamar Soares de Melo — 509, 518
Itamara Bomfim Gois — 315
Ivan Carvalho Filho — 435
Ivan de Lima Felix — 477
Iván Javier Pastrana-Vargas — 58
Ivan Venson — 343
Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes — 46, 47, 56
Ivar Wendling — 152, 153, 191, 526
Ivonaldo Lazaro Martins — 385
Ivonete Berto Menino — 230, 249
Izabela Cristina Pires Gomes — 320, 321, 322, 337, 572
Izabelle Colmanetti — 99, 152
Izanna Araujo De Macedo — 194
Izanna Araujo Macedo — 318

**J**

Jaciane Lutz Ienczak — 566
Jack Plummer — 168
Jackeline Alves de Oliveira — 436, 437
Jackeline Santos Alves — 452, 455
Jackson de Araujo dos Santos — 64, 84
Jackson Felipe Cardoso — 234, 235
Jacson Rondinelli da Silva Negreiros — 118, 119
Jadel Oliveira Santos — 353
Jader Rogério Cappi Moraes — 439
Jaiane Sampaio França — 46, 47, 56
Jailton de Jesus Silva — 280, 281, 340
Jaime Araujo Cobucci — 460
Jaime Araujo Cobuci — 461, 466, 467
Jakson Moraes de Souza — 364, 384
Jalison Lopes — 425
James Stahl — 511, 512
Jamille Cardeal da Silva — 280, 281, 340
Jamille da Silva Marques — 91
Jamille Marques Rosete Pescador — 299
Jamille S. Marques — 75
Jamilly Cavanholi Valadares — 247
Jamily Micheli Pontes — 512
Jamine Pettinelli — 146, 147, 227
Janaína Braga de Araújo — 221
Janay Almeida dos Santos Serejo — 323, 324
Jane de Oliveira Peixoto — 429, 443
Jane Peixoto de Oliveira — 408, 409, 444
Jaqueline Gleice Aparecida de Freitas — 254
Jardel Oliveira Santos — 346, 352
Jarno Winkel — 273
Javier Do Canto — 128
Jeferson Ricardo Martini — 260
Jefferson Fernando Naves Pinto — 356
Jefferson Luís Meirelles Coimbra — 123, 139, 140, 156, 222, 224
Jefferson Pietroski Mota — 278
Jeovani Silva Almeida — 286, 289
Jerri Édson Zilli — 496
Jesiane Stefania da Silva Batista — 501, 502, 530, 531, 544, 548, 553, 554, 567
Jessica Moraes Malheiros — 478, 479
Jesus Hernando Gómez-Llano — 153
Jhon P. M. Delgado — 397
Jhonatan Marins Goulart — 385
Jhonathan Carvalho Senger — 421, 425
Joana Camila Lopes — 566
Joana D'ark Nunes da Silva Lima — 320, 322, 572
Joana D’ark Nunes da Silva Lima — 321, 337
Joana Nascimento Oliveira Zeist — 105, 231
Joana Oliveira Zeist — 248
Joana Zelma Figuerêdo Freitas — 48
Joanir Pereira Eler — 419, 420
João Alves Carvalho — 193
João Antonio Rodrigues Santos — 94, 348, 366, 393
João Batista de Souza — 559
João Bento Pagnoncelli de Godoy — 220, 243, 245, 250, 251, 252, 253
João Carlos Bespalhok Filho — 99, 336
João Carlos Cardoso Galvão — 273
João Carlos Martins — 484
João de Paula Monteiro de Castro — 54
João Everthon da Silva Ribeiro — 173, 174

João Filho Neto Falcão — 565, 569
João Gilberto Soares Xavier — 345
João Gomes da Costa — 213, 237, 360
João Humberto Teotonio de Castro — 487
João Iganci — 168, 169
João Marcos Von Pinho Hostalácio — 95
João Mateus Ferreira Ribeiro — 427
João Paulo Castanheira Both — 142
João Pedro Antoniutti — 68
João Pedro de Almeida Silva — 557
João Pedro dos Santos Silva Cavalcante — 364, 384
João Santos — 394, 396
João Victor Sartori de Souza — 435
João Vitor de Andrade Soares — 64, 79, 136
João Vitor Morais Sousa — 318, 345, 346, 352, 353
Joara Milena da Silva Alves — 61
Joel Barbosa Cancio Pereira Soares — 268, 269
Joel Donazzolo — 126, 134, 214, 255, 257, 259, 260, 270, 301, 316
Joice Alessandra Zart — 220, 243, 245, 250, 251, 252, 253
Joilson Ferreira Batista — 451, 458
Jonathan André Morales-Marroquín — 50
Jonathan E. G. Mueller — 349
Jonathan Eduardi Giehl Mueller — 351
Jonathan Eduardo Giehl Mueller — 377, 578, 579, 582, 583
Jonathan Eduardo Giehl Müller — 240
Jonny E. S. Pereira — 308, 309, 575
Jonny E. Scherwinski Pereira — 576
Jonny Everson Scherwinski-Pereira — 159, 161, 197, 198, 200, 202, 203, 215, 216, 217, 218, 226
Jordán Pérez — 546
Jordana Caroline Nagel — 59
Jorge Andres Betancur Gonzalez — 105, 186, 231, 241, 242
Josana de Castro Peixoto — 144, 254, 288, 297, 300
Josane Biavatti — 57, 65, 72, 183
José A. de Siqueira Filho — 312
José Ângelo Nogueira de Menezes Júnior — 247
José Arimatéia Rabelo Machado — 310, 311, 358
José Bento Sterman Ferraz — 415, 416, 419, 420
José Braccini Neto — 482
José C. R. Soares — 398
José Cambuim — 66, 378, 388
José Carlos de Oliveira Júnior — 363
José Duarte Reis — 64, 102, 135, 136
José Felinto Barbosa — 187, 189
José Henrique Melo Salvador — 214
José Lindenberg Rocha Sarmento — 405, 407, 441, 442, 445, 446, 468, 473, 474
José Luis Moletta — 483
Jose Luiz Marcon Filho — 192
José Maria Vanderley da Silva — 473
José Miguel Cotes Torres — 232, 233
José Reis — 84
José Ribamar de Assunção Filho — 61
José Teodoro de Paiva — 421, 422, 424, 425
José Victor Vieira Isola — 408, 409, 444
Joseane Faria Silva — 320, 321, 322, 337, 572
Josileia Acordi Zanatta — 511, 512, 515, 516
Josson Torobari — 144
Joyce Fernanda Kielt — 502, 548
Juçara Jordânia Nascimento Silva — 380, 382
Jucinei José Comin — 494, 495
Julia Aparecida Calixto — 359
Julia Araujo Petreca — 66, 74, 86, 388
Julia Bastos dos Santos — 528, 562
Julia Benini dos Santos Cardoso — 49
Júlia de Paula Soares Valente — 489
Julia França Silva — 383
Julia Goetten Wagner — 51
Julia Heduarda Giacomel Balbinotti — 510, 526, 558
Júlia Nunes Fernandes de Oliveira — 434
Júlia Pádua Gouveia — 144, 300
Juliana Castelo Branco Villela — 120
Juliana Cristiane Liberato Quihue — 279
Juliana de Farias Machado — 519, 532, 539, 543
Juliana Degenhardt — 98, 99, 152, 153, 191, 225
Juliana Degenhardt Goldbach — 513, 514
Juliana Degenhardt-Goldbach — 330, 526
Juliana Lopes Souza — 158, 399
Juliana Machado Ferreira — 228, 229, 238, 239
Juliana Marques Serqueira — 534
Juliana Petrini — 403, 404
Juliana Piris — 276
Juliana Silva — 204
Juliana Sperotto Brum — 412, 482, 486, 487
Juliana Vitória Messias Bitencourtt — 287, 521, 536
Juliana Vitória Messias Bittencourt — 527, 528, 537, 538, 540, 555, 561, 562, 564
Juliano Galina — 186, 241, 242
Juliano Issakowicz — 465
Juliano Tadeu Vilela de Resende — 105, 149
Julie Gabrielly Camargo Vieira — 60, 172
Julieta Andrea Silva de Almeida — 265
Júlio César dos Santos — 577, 581

Júlio César Mistro — 265
Julyana Beatriz Cirino do Nascimento — 143
Júnia Mariza Alves Araújo — 354
Junior Ismael Ferreira — 53, 317
Jussara Érica Vezaro — 92
Jussara Vezaro — 366
Jussicleide Rabelo Teles — 170
**K**
Kaio dos Santos Ribeiro Silva — 295, 296
Kalil Ley Vasconcelos de Sousa — 79, 103
Kalindi Linara Schwaizer — 63
Kaline Alessandra Lima de Sá — 487
Kamilla Rasmussem Mendonça — 523, 524, 539, 563
Kamilla Rasmussen Mendonça — 522
Kamylla Rosas Vieira Guedes — 338, 339
Karina Branco de Almeida — 154
Karina Kazue Nakamura Fukuji — 269, 295, 296
Karine Aparecida Obalhe da Silva Piorski — 254
Karine Aparecida Rodrigues de Souza — 482
Karine Louise dos Santos — 51, 69, 92, 93, 94, 96, 552
Karl Kemmelmeier — 504
Karolayne Ribeiro Caetano — 193
Karoline Raiol de Souza — 79
Karolyne Wanessa de Jesus — 399, 400
Karyna Evellin Alves da Silva — 237
Kássia Lorrany Marques de Paula — 519, 522, 523, 524, 532, 539, 563
Kássia Marques Corrêa Miranda — 356
Kassiely Vitória de Matos Gnadt — 370
Katherine Duarte Salvan — 139, 140, 156
Katherine Victoria Valadares Inglis — 432, 433
Kauane Chicora — 501, 530, 531, 544, 567
Kauanna Brok Ferreira Pepe — 513, 514, 515, 516
Kayo Murilo Almeida de Souza Cruz Morais — 421
Kayra Gomes Alves — 219, 221, 223
Keila Aloy — 201
Kelen Haygert Lencina — 92, 93, 94, 96, 347, 348, 366, 375, 392, 393
Kelen Lencina — 394, 396
Keny Henrique Mariguele — 209, 210
Kethelyn Rafaela Sudário de Oliveira — 310, 358, 363
Kezia dos Santos Souza — 437
Kleibe de Moraes Silva — 462, 463
Kleyton Farias Barbosa — 79, 103
Krisle da Silva — 510, 513, 514, 515, 516, 517, 525, 526
Krisle Silva — 511, 512
Kuhanama Karajá — 144
**L**
L. A Wolters — 376
Laércio Duarte Souza — 550
Laieskha Ferreira dos Anjos — 216
Laila Iasmin Pires Silva — 550
Laila Talarico Dias — 474, 480, 485
Laís Lara Jesus Barros Freitas — 95, 97
Laísa Maria de Resende Castro — 164
Laíza Ramos Soares — 439
Lana Bonfim da Silva — 385
Lara Gabriele de Sousa Venancio — 382
Lara Laís Schünemann — 186
Larissa Cabreira Schönhofen — 533
Larissa Gabrielly Sporne — 294
Larissa Lührse — 375
Larissa Oliveira Mendes — 150
Larissa R Carvalho — 325
Larissa Wanderley Soares — 413, 438
Larisse Maria de Azevedo Cavalcante — 278
Laryssa dos Santos Rudek — 464
Laura Abatti — 178, 179, 236, 244, 556
Laura Cristina da Silva Almeida — 524
Laura de Moraes Guazzelli — 447
Laura de Paula Rodrigues da Silva — 130
Laura Eliza de Oliveira Alves — 285
Laura Espitia-Negrete — 233
Laura Gonzalez-Garcia — 248
Laura Ortega Pereira — 435
Laurival Antônio Villas-Boas — 505
Lauro Euclides Soares Barata — 331
Lavínia Barbosa de Jesus Ferreira — 455
Lavínia Barbosa Oliveira — 95, 97
Leandra Gonçalves Franco — 519, 522, 532, 539, 543
Leandro Pin Dalvi — 122
Leandro Tavares Caldas — 64, 67, 84, 102, 135, 136
Léia Cecilia de Lima Fávaro — 559, 568
Leila Garcês de Araújo — 557
Leila Priscila Peters — 573, 574
Lenaldo Muniz de Oliveira — 129, 130
Lenira El Faro Zadra — 479, 488, 489
Lenita Cabral dos Anjos — 75, 91, 326
Leocir José Welter — 371, 392, 578, 579, 582, 583
Leomar Karine Reis da Cruz — 64, 67, 84, 102, 135, 136
Leonardo André Schneider — 110
Leonardo Araujo — 93, 94, 329
Leonardo Barros Dobbss — 107

Leonardo C. J. Corvalán — 266, 325
Leonardo Floriano de Azevedo — 328
Leonardo Khaoê Giovanetti — 365, 494, 495
Leonardo Magalhães Cruz — 510, 515, 516, 517, 525
Leonardo Ribeiro — 93, 366, 393, 394, 396
Leonardo Talavera Campos — 350, 481
Letícia Andreia Nichele — 196
Leticia Cristina Apostólico Cabral — 540
Letícia Fonseca Barbosa — 185
Leticia Jungmann Cançado — 568
Letícia Kida Pereira — 181, 182
Letícia Martins Mizael — 97
Leticia Miranda — 510, 517, 525
Leticia Prestes — 530, 531, 544
Lettícia Marques da Silva — 534
Levi de Souza Costa — 396
Levi Lemuel de Souza Costa — 96, 347, 348, 392
Lhorranny de Castro Costa — 411
Liana Bulcão Bittencourt Petrarca — 114
Liana Hilda Golin Mengarda — 54, 55
Liane Bahr Thurow — 190, 377
Lídia Klestadt Laurindo — 504
Lidyanne Yuriko S. Aona — 313
Ligia S. Funch — 312
Liliam Telles — 491, 492
Lilian Cristina Anefalos — 205
Lilian Iara Bet Stedille — 292, 293
Linda Maria Oliveira — 565
Lindomar Maria da Silveira — 173, 174
Lírio Luiz Dal Vesco — 329
Lis Macedo Mendes — 88
Lísia Castro Krebs — 454
Livia Castelani — 438, 439
Lívia Cordeiro — 227
Lívia da Silva Cordeiro — 146, 147
Liz Centurión — 417, 418
Loeni Lüdke Falcão — 565, 569
Logan Kistler — 195
Loisiana Feuser — 116, 199, 201
Loisiana Feuser dos Santos — 188, 206, 240, 349, 351, 377
Lorena Araújo Peixoto Correia — 83, 503
Lorena Becerra-Valdivia — 290
Lorena Carolyne Pereira — 363
Lorena Costa Garcia — 568
Louis Pergaud Sandjo — 549
Luan Andrade Teixeira — 345
Luan Demarco Fiorentin — 558
Luan Gustavo Popp — 124, 150, 151
Luan Tiago dos Santos Carbonari — 123, 139, 140, 156, 222, 224
Luana Alessandra Barros de Souza Corrêa — 106
Luana Aparecida Castilho Maro — 271, 291
Luana de Souza Marinke — 149
Luana Luz — 566
Luana Piana Cristina do Amaral — 330
Luana Santos Dayrell — 273, 274
Lucas Amaral de Melo — 95, 97
Lucas Batista Rocha — 497
Lucas da Costa Oliveira — 346, 352
Lucas da Silva Domingues — 220, 243, 245, 250, 251, 252, 253
Lucas Gabriel Oliveira Carlos — 478
Lucas Gaia Romagnoli — 107, 127
Lucas Kennedy Silva Lima — 286, 289
Lucas Macedo Santos Basílio — 405, 407, 430, 431
Lucas Montani Leston Belmar — 577
Lucas Nogueira Silva — 181, 182
Lucas Pereira de Alencar — 46, 47, 56
Lucas Piovesan Lago — 53, 317
Lucas Raimundo Rauber — 494, 495
Lucas Santos Castiglioni — 54
Lucas Silva dos Santos — 223
Lucélia Hauptli — 470, 471
Luciana Cardoso Nogueira Londe — 320, 321, 337
Luciana Gutterres de Azevedo — 529
Luciana Napitango João Faustino — 547
Luciana Nogueira Londe — 322, 572
Luciana Pereira da Silva — 88
Luciano Brandão da Cruz — 154
Luciano Coutinho Silva — 164, 165
Lucio Flavio Macedo Mota — 485
Lucymeire Souza Morais Lino — 323, 324
Ludimilla Laís Motta Nascimento — 122
Ludmilla Costa Brunes — 462, 463
Luidy Carlo de Azevedo Lima — 441, 442
Luis Alberto Martins Palhares de Melo — 145, 569
Luis Felipe Ritta Gonçalves — 395
Luis Fernando Batista Pinto — 452
Luís Gustavo Dobginski — 187, 189
Luís Gustavo Sales Souza — 261, 284
Luis Willian Pacheco Arge — 178
Luiz Alberto Colnago — 478, 479
Luiz Antônio Josahkian — 403, 404
Luiz Antonio Souza Santana — 83, 503
Luiz Felipe Inácio — 277, 282, 283
Luiz Fernando Brito — 419, 420, 452

Luiz Gabriel Medeiros Fermon — 564
Luiz Gustavo Paulon Rezende — 306
Luiz Paulo da Silva — 277, 282, 283
Luiz Ramon Gama Carneiro — 64, 84, 135, 136
Luiza Bussadori Guidolin — 60, 172, 376
Luiza M. Feitosa Ribeiro — 427
Luiza Moreira de Almeida — 72, 109
Luiza Teixeira-Costa — 89
Luz Fanny Orozco-Orozco — 233
Lyderson Facio Viccini — 111
Lyssandra Mhara Silva de Oliveira — 194, 318, 345

**M**

Magali Gonçalves Garcia — 166
Magdalena Vaio — 43, 76, 90, 132, 137, 148
Magnólia Aparecida Silva Da Silva — 77, 78, 87
Maíra Maciel Tomazzoli Specht — 190, 377
Makeli Garibotti Lusa — 89
Manoel Braz da Silva Júnior — 468, 473
Manoel José Pereira Neto — 61
Manoel Teixeira Souza Júnior — 184, 185
Marahia Isabel Guevara Robayo — 49
Marcela Pedroso Resende — 387
Marceli Raquel Burin — 578, 579, 582, 583
Marcelo Augusto Pires Feletti — 55
Marcelo Brigido — 576
Marcelo Dourado de Lima — 482
Marcelo José Pena Ferreira — 248
Marcelo Perrone Ricalde — 584
Marcelo Souza Rocha — 355
Marcia Flores da Silva Ferreira — 54
Marcia Neves Guelber Sales — 491, 492
Marcia Reed Rodrigues Coelho — 496
Márcia Regina Faita — 477, 571
Marciano Toledo da Silva — 469
Marciel de Jesus Nunes Ribeiro — 380, 382
Márcio Cinachi Pereira — 410
Marcio Gilberto Saatkamp — 444
Marcio Silva — 564
Marcio Vinicius de Carvalho Barros Cortes — 523, 524
Marco Antônio Adorno Cardoso — 522, 563
Marco Antônio Lourenço Clementino de Oliveira — 197, 198, 218
Marcos A. Gimenes — 308, 309, 575, 576
Marcos Antônio Oliveira Rodrigues Gomes — 333
Marcos F. M. G. Magalhães — 414
Marcos Gabbardo — 372
Marcos Gomes da Cunha — 542
Marcos Paulo Dela Justina — 220, 243, 245, 250, 251, 252, 253
Marcos Paulo Mingote Julio — 247
Marcos Vinicius Bohrer Monteiro Siqueira — 298
Marcos Vinicius Carvalho Castro — 318, 345
Marcos Vinícius Carvalho de Castro — 193, 194, 346, 352
Marcos Vinicius de Oliveira Ribeiro — 354
Marcos Vinícius de Sousa Farias — 533
Marcos Vinícius Gualberto Barbosa da Silva — 458
Marcos Vinicius Silva Meleiro — 395
Marcus Vinicius Morais de Oliveira — 426
Marcus Vinicius Salomon — 265
Margarida Fumiko Ito — 205
Mari Lúcia Campos — 139, 140
Maria Alice Neves — 370
Maria Angélica P. de C. Costa — 313
Maria Augusta Andrade — 54, 55
Maria Beatriz Barbosa de Barros Barreto — 497
María Belinda González — 391
Maria Carolina de Oliveira Ribeiro — 540
Maria Clara Cezário Ribeiro — 122
Maria Clara Coutinho Moura — 473
Maria Clara de Almeida Lima Rocha — 129
María de los Ángeles Florentín Arce — 391
Maria del Pilar Rodriguez-Rodriguez — 451
Maria Eduarda Alves Paixão — 491, 492
Maria Eduarda Baldissar Hamud — 220, 243, 245, 250, 251, 252, 253
Maria Eduarda Bosquetti Bittencourt — 326, 329
Maria Eduarda Caetano Betinardi — 513
Maria Eugênia Zerlotti Mercadante — 478
Maria Fernanda Grocoske Gonzatto — 225
Maria Fernanda Leal Lacerda — 320, 321, 322, 337, 572
Maria Fernanda Rodrigues De Tomasi — 108, 121, 125, 141
Maria Gabriela Campolina Diniz Peixoto — 403, 404
Maria Gabriela Rossetti Rogerio — 449, 450
Maria Hérika da Silva Bastos — 346, 352
Maria Imaculada Zucchi — 50, 290, 333, 361
Maria Júlia Carvalho Ramos Benedito — 559
Maria Laura Turino Mattos — 533
Maria Lúcia Rangel Ferreira Gomes — 268
Maria Luísa Matos da Silva — 107, 127
Maria Luisa Zamboni da Rocha — 393
Maria Luiza Andreis — 57, 65, 72, 109
Maria Luiza Dalsenter Souza — 188, 206
Maria Luiza Gomes Carvalho — 346, 352
Maria Luiza Zamboni da Rocha — 94
Maria Marta Loddi — 459, 465, 475, 476, 487

Maria Paula Domene — 131
Maria Teresa G. Lopes — 397
Maria Umpierrez — 76
Maria Vitória Elias de Araújo — 424
Maria Vitória Kleinschmitt — 150
Maria Vitória Marques Pacheco — 453, 464
Mariana Godoy — 201
Mariana Groke Marques — 408, 409, 443, 444
Mariana Guimarães Moreira — 115
Mariana Machado Fidelis do Nascimento — 528, 537, 538, 551, 555, 561, 562, 564
Mariana Machado Fidelis Nascimento — 527
Mariana Machado Fidellis do Nascimento — 540
Mariana Martins Rêgo Jesus — 436, 437
Mariana N. M. Godoy — 116, 188, 206
Mariana Nata Berbert — 145
Mariana Pires de Campos Telles — 254, 266, 297, 325, 356
Mariana Vilaró — 128
Mariane Campos Carneiro — 534
Marianela Scharschinger — 276
Marikena Rodriguez — 76
Marilei Suzin — 113, 175, 176, 335
Marilene Hilma dos Santos — 327, 328
Marilene Santos de Lima — 364, 384
Marília C. R. Pappas — 308, 309, 575, 576
Marília Gabriela Pereira — 66, 74, 86, 374
Marilia Rodrigues de Silva — 113, 335
Marília Silva — 175, 176
Marília Zamora — 566
Marina Alves da Silva — 478, 479
Marina Jordem Almança Possatti — 122
Marina Lima Nogueira — 79, 103
Marina Martinello Back — 240
Marina Mattiello Crestani — 160, 277, 282, 283
Marina Parra — 276
Mario Dobner Jr — 375
Mario Luiz Teixeira de Moraes — 66, 74, 86, 311, 374, 378, 388
Mário Sérgio Carvalho Dias — 320
Mario Staindel — 566
Marissonia de Araújo Noronha — 237
Marli Costa Poltronieri — 142
Marlon Roger Geraldo — 573, 574
Marson Bruck Warpechowski — 412, 448, 469, 470, 471, 482, 484, 486, 487
Marta Cristina Corsi de Filippi — 532, 539, 563
Mateus Marques da Silva — 64, 135
Mateus Rosante Grisang — 270, 301
Mateus Tonini — 299
Matheus Gustavo Quinalha — 265
Matheus Keller Fernandes — 225
Matheus Lopes Machado — 283
Matheus Matos do Nascimento — 364, 384
Matheus Ribeiro da Silva — 92, 93, 94, 96, 392
Matheus Skaketti — 290
Matheus Tirado — 227
Mauricio Bonifacino — 148
Maurício Egídio Cantão — 429
Mauricio Pesce — 90
Maurício Sedrez dos Reis — 51, 71, 229, 238, 239, 275
Mauro Bitencourt de Souza — 123, 139, 140, 156, 222, 224
Mauro Soares Neto — 455
Maxsueli Machado — 449, 450
Maxwel Rodrigues Nascimento — 84, 136
Maycon Campos Oliveira — 560
Mayne Barbosa Sarti — 438
Mayne Barboza Sarti — 413, 439
Maysa de Sousa Dias — 441
Maysa Dias Sousa — 442
Melissa Martins — 528, 561, 562
Mercedes Rivas — 128
Mercedes Souza Pérez — 148
Michael Matheus Pereira de Souza — 79, 103
Michele Barbosa Teixeira Loss — 349, 351
Michele Couto Machado — 403, 404
Michele dos Santos Ferreira — 261, 262, 541
Michelle Barbosa Teixeira Loss — 116, 188, 206, 240
Michelle Barbosa Teixeira-Loss — 192
Michelle Christine de Almeida Mota — 69
Michelle da Costa Dantas — 354
Michelle Loss — 199, 201
Mickaelly Jordanya Guimarães Silva — 321, 322, 337, 572
Mickaelly Jornanya Guimarães Silva — 320
Miguel Luiz Menezes de Freitas — 374
Miguel Luiz Menezes Freitas — 310, 311, 358
Miguel Pedro Guerra — 285, 371, 377, 500
Milena dos Santos Lerin — 211, 267
Milena Trindade Silva — 324
Milene Machado — 211, 267, 558
Milenka Rivera — 546
Miriam Suzane Vidotti — 387
Mirian Oliveira Santos — 74, 86
Mirian Perez Maluf — 212
Moisés Rodrigues Silva — 520, 542
Moisés Teixeira Rolim — 338
Mônica Corrêa Ledur — 408, 409, 429, 443, 444
Monica Costa Padilha — 344

Murillo Lobo Junior — 523, 524
Murilo Dalla Costa — 271
Murilo do Canto Batista Alves — 381
Mylla Ferreira Macedo — 354
**N**
Naiara Jacinta Clerici — 577, 581
Nancy Yohana Grisales-Vasquez — 233
Natal João Magnanti — 51
Natália Barros de Souza — 202, 203
Natalia Camargo Rodrigues — 51
Natália Carolina. de Almeida Silva — 273
Natália de Almeida — 43, 76
Natália Ferreira dos Santos — 496
Natália Florêncio Martins — 185
Natália Hilgert de Souza Carnevali — 165
Natália Pereira de Morais — 473
Natália Sabrina dos Santos — 149
Natália Seeger Duarte — 263, 457
Natalino da Silva Reis — 135
Natalino Reis — 84
Natasha Verdasca Meliciano — 490
Nathalyê Fraccanabbia — 564
Nathan Aiko Hotta — 505
Nathan Lamounier Lima — 247
Natoniel Franklin de Melo — 155, 157
Nayara Alves dos Santos — 71
Nayara Dorigon Rodrigues — 358, 363
Nayara Lopes de Castro — 491, 492
Nazareno de P. Braga — 397
Nélida Richardt — 276
Nelson Feldberg — 98
Neomar Pinto Ribeiro — 69
Nerinéia Dalfollo Ribeiro — 52, 53, 317
Nestor Valtir Panzenhagen — 110
Neusa Steiner — 236
Newton Clovis Freitas da Costa — 292, 293
Nicácio Silva Brito — 360
Nicholas Maciel Michel — 258
Nicolas Ferreira Polidorio — 505
Nicolás Glison — 76
Nicolas Pamponet Silva — 455
Nicolly da Silva Araújo — 456
Nicoly Rafaelly Roberto Sovinski — 459
Nicoly Schelbauer D'Oliveira — 329
Nilsa Duarte da Silva Lima — 421, 425
Nilson Borlina Maia — 205
Nina Costa de Brito Barbosa Alves — 578, 583
Noeliton Teixeira de Araújo Júnior — 442
Noeliton Teixera de Araújo Júnior — 441
Norma Albarello — 146, 147, 227
Norma I. Hilgert — 275
Núbia Michelle Vieira da Silva — 453, 456, 464, 472
**O**
Og De Souza — 477
Olevardo Facó — 463
Olimpia Lima Silva Filha — 469
Olivardo Facó — 462
Oliveiro Guerreiro Filho — 248
Onildo Nunes de Jesus — 286, 289
Oriel Filgueira de Lemos — 142
Oriel Filgueira Lemos — 143
Orivan Lemos Brasil — 290
Orzenil Bonfim da Silva Junior — 440
Osmar Vilas Boas — 310, 311, 358
Otávio Lucio Cossentin — 251
Otavio Lucio Cossetin — 220, 243, 245, 250, 252, 253
Otniel Freitas Silva — 272
**P**
Pablo Alves de Magalhães — 422
Pablo González Barrios — 128
Pablo Henrique de Almeida Oliveira — 173, 174
Pablo Jose de Sousa Oliveira — 223
Pablo Smircich — 132, 137
Pamela Carla Machado — 483
Paolo Margaria — 180
Patrícia de Jesus Pontes — 498
Patrícia Ianella — 405, 407, 440, 441, 442, 445, 446, 468
Patrícia Marluci da Conceição — 386
Patrícia Martins da Silva — 120
Patricia Rocha — 276
Patrícia Santos de Oliveira — 261, 262
Patrick Cavalcante Andrighetti — 472
Patrik Francisco de Almeida Marques — 186, 231
Patrizia Ana Bricarello — 263, 457
Paula Aparecida Muniz de Lima — 55
Paula da Silva Mendel Soares — 122
Paula Fernandes Franco — 568
Paula Nascimento da Silva Jacintho — 327, 328
Paulo Augusto Almeida Santos — 315
Paulo Augusto Vianna Barroso — 509
Paulo de Moraes Ferreira — 145
Paulo de Tarso Barbosa Sampaio — 117, 331, 338, 339, 341, 342, 344, 508
Paulo Egdio Araujo Ferreira — 194
Paulo Emílio Lovato — 365, 494, 495
Paulo Henrique — 246
Paulo Henrique da Silva — 261, 284, 541
Paulo Henrique da Silva Câmara — 192
Paulo Mioto — 91

Paulo Ricardo dos Santos — 64, 67, 84, 102, 135, 136
Paulo Roberto Ribeiro Mesquita — 83, 503
Paulo Roberto Silveira Pimentel — 380, 382
Paulo Tamaso Mioto — 75, 370
Paulo Victor Evangelista de Castilho — 95, 97
Paulo Vinicius Fontenele Figueira — 219, 221, 223
Paulo Vinicius Semblano Martins — 79
Pedro Affonso Cardoso Moretzsohn — 273
Pedro Alexander Velasquez Vasconez — 103
Pedro Augusto Senger Piana — 272
Pedro Batista Rosa de Brito — 435
Pedro Henrique Silvestre Duhatschek — 108, 121, 125, 141
Peggy N. Thalmayr — 275
Peggy Thalmayr — 276, 334, 580
Pierre M. B. Boisson — 206
Plinio Rodrigues dos Santos Filho — 103
Poliene Soares dos Santos Bicalho — 144
Polyana de Souza Amoedo — 279
Priscila Cordeiro Gomes — 247, 560
Priscila Grynberg — 575, 576
Priscilla Santana Santos — 158

**Q**

Qudsia Kanwal — 357

**R**

Rafael Antonio Nieri — 509, 518
Rafael Dantas dos Santos — 451, 458
Rafael de Souza Miranda — 193, 194
Rafael Espigolan — 419, 420
Rafael Fontana — 396
Rafael Fontoura — 393, 394
Rafael Guimarães Vizoná — 403, 404
Rafael Nunes de Almeida — 385
Rafael Pereira Fontoura — 93, 366
Rafael Reyno — 128
Rafael Scur Ortiz — 549
Rafael Vidal — 43, 76
Rafaela Caroline Ragni Moltocaro Duarte — 509
Rafaela da Mota Andrade — 100, 101
Rafaela de Santana Sacramento — 246
Rafaela Longo — 480, 482
Rafaela Martins — 483
Rafaela Nunes dos Santos Santiago — 187
Rafaela Priscila Antonio — 155, 157
Rafaella Costa Bonugli Santos — 49
Raimundo Nonato Oliveira Silva — 61, 353
Raírys Cravo Herrera — 164, 165, 166, 167
Raissa Matos Monção — 346, 352
Ramayana Menezes Braga — 421, 432, 433
Ramilla dos S. Braga-Ferreira — 266, 325
Ramon Felipe Scherer — 234, 235, 336
Raphael Bermal Costa — 436, 437, 454
Raquel Araujo Gomes — 280, 281, 340
Raquel da Silva Medeiros — 338, 339
Raquel Lins — 302, 303
Raquel Moura Machado — 148
Raynara Ellen da Silva Macedo — 425
Rayssa Gomes Vasconcelos — 331, 338, 339, 341, 342, 344
Rebeca dos Santos Gabriel — 519, 543, 557
Regina Caetano Quisen — 117, 508, 510, 513, 514, 517, 525, 526
Regina Lucia Ferreira Gomes — 61, 193, 194, 318, 345, 353, 354
Regivan Antonio de Saul — 74, 86
Rejane Siqueira Bernardes Masson — 385
Renan Felipe Barili Giarreta — 179
Renan Rangel Moraes — 106
Renan Wassori — 144
Renata Aparecida Neres Faria — 320, 321, 322, 337, 572
Renata Carvalho — 76
Renata de Oliveira Dias — 266, 325, 356
Renata de Oliveira Garcia — 106
Renata dos Santos — 558
Renata Garcia — 227
Renata Micketen — 527, 538, 555
Renata Ruiz Silva — 310, 358
Renata Stolf Moreira — 534
Renato de Carvalho Menezes — 387
Renato Gomide de Sousa — 387
Renato Kovalski Ribeiro — 294
Renato Oliveira de Sousa — 318, 345
Renes Rossi Pinheiro — 302, 303
Rennan Oliveira Meira — 202, 203, 215, 216
Rhewter Nunes — 266, 325
Ricardo Bittencourt — 204, 258, 264, 389
Ricardo Elesbão Alves — 213, 360
Ricardo Giacomitti Noleto — 362
Ricardo Lopes — 373, 397
Ricardo Noleto — 363
Ricardo Schneider — 272
Rita Carolina de Melo — 92, 93, 94, 96, 347, 348, 366, 392, 393
Rita de Cássia Souza Dias — 154
Rita Melo — 394
Roberta Aparecida de Sales — 268
Roberta da Silva Leite Cardoso — 491, 492
Roberta Sales Guedes Pereira — 304
Roberto Coiti Togawa — 184, 185

Roberto Martínez-López — 417, 418
Roberto Moreira — 290
Robin Allaby — 195
Robson Marcelo Di Piero — 319, 499
Rodney A. F. Rodrigues — 397
Rodrigo Andreo Santos — 453, 456, 464, 472
Rodrigo Areze da Silva Santos — 77, 78, 87
Rodrigo de Almeida Teixeira — 474, 485
Rodrigo Giglioti — 438, 439
Rodrigo Mendes — 509
Rodrigo Rasia Cossio — 62
Roger Cipriano — 98
Roger Raupp Cipriano — 60, 172, 211, 267, 558
Roger Vieira Brandão — 138
Rogério R. Vicentini — 488
Rogério Sálvio Martins da Silva — 372, 379
Romain Guyot — 248
Romildo T. Gama — 397
Roque Junior Sartori Bellinaso — 116, 188, 199, 201, 206, 349, 351
Rosa Lía Barbieri — 62, 120, 162, 163, 177
Rosalinda Arévalo Pinedo — 453
Rosana Blawid — 180
Rosana Rodrigues — 268, 269, 295, 296
Rosane Costa Lima — 223
Rosane Maia Pereira — 170, 171
Rosângela Dallemole Giaretta — 556
Rosenilda de Souza — 385
Rosete Pescador — 75, 88, 91, 302, 303, 367
Rosiele Farias da Silva — 270
Rosimeri de Oliveira Fragoso — 553, 554
Ruan Camilo Silva — 247
Rubens Onofre Nodari — 214, 571, 578, 579, 582, 583
Rubia Sara Jankoviski — 392
Rubia Sara Jankovski — 92
Ryan Miranda Hammoud — 514

**S**

Sabrina Lambert — 436, 437
Sâmela Aldrea Leite de Oliveira — 537, 538, 561, 562
Samuel Felipe Dias Hermann — 126, 134, 255, 257, 259, 260, 316
Samuel Henrique Kamphorst — 49, 219, 221, 223
Samuel Rezende Paiva — 402, 406, 411, 429, 432, 433, 434, 447
Samy Pimenta — 321
Sandra Cabel — 191
Sandra Maria Mazieiro — 317
Sandra Maria Maziero — 52, 53
Sandra Regina Cabel — 225, 330
Santelmo Vasconcelos — 342
Sanzio Carvalho Lima Barrios — 108, 121, 125
Sara Regina Barth — 276
Saulo Alves Santos de Oliveira — 180
Sebastiana Arielly do Nascimento Silva — 445, 446
Sebastião Ferreira Magagnin — 470, 471, 484
Selma Maria Bozzite de Moraes — 74, 86
Semíramis Rabelo Ramalho Ramos — 213, 237, 360
Sergio Augusto Ferreira de Quadros — 410
Sergio Duvoisin Junior — 331
Sergio Francisco Schwarz — 77, 78, 87, 110
Sérgio Tadeu Sibov — 73, 112, 115, 138
Serinei César Grigolo — 126, 134, 255, 257, 259, 260, 270, 301, 316
Sidney Luiz Stürmer — 504
Silel Vinícius — 436, 437
Silel Vinícius Simões Andrade Maciel — 455
Silvana dos Santos Moreira — 187, 189, 294
Silvana Slowik — 304, 305
Sílvio Silvério da Silva — 577, 581
Simone de Miranda Rodrigues — 142
Simone Soares Chaves da Silva — 474, 485
Sinara Miranda Lima — 83, 503
Síntique Maressa Alves Soares — 262, 284
Sofia Cortiza — 76
Sofía Cortizas — 43
Sofia Ribeiro — 366
Sofia Ribeiro da Silva — 96, 393
Sol Anahí Quesnel Kiefl — 190, 326, 329, 369, 377
Solange C. B. R. José — 308, 309
Sophia Cassol — 59, 307, 334, 357, 365, 368, 369, 371, 570, 580
Stefany Ferreira Silva — 442
Stefeson Bezerra de Melo — 44, 45
Stefhania Alzate-Lozano — 197, 217, 218
Suelen Alves Vianna — 50
Suelen Martinez Guterres — 368
Suellen Rodrigues Ferreira — 519
Susana Amaral Teixeira Manso — 435
Susana Rodríguez Decuadro — 132, 137
Suzana Struiving — 527, 538, 555

**T**

Taciane Beatriz Ferreira — 526
Taciane Finatto — 178, 179, 236, 244, 556
Tainá Burgardt — 75, 91
Tainá Caroline Khun — 75, 91
Tainá Teixeira Rocha — 166
Tainara Feldmann — 57, 65

Tainara L. S. Soares — 488
Taís Cristina Bastos Soares — 122
Talita Carvalho de Souza — 362
Talita Carvalho de Souza Santos — 310, 311, 358, 363, 378, 388
Talita de Souza Mendes da Silva — 541
Tamara S. Dantas — 308, 309
Tania Marina Jungblut Schuh — 276
Tânia Silva Santos — 280, 281, 340
Tássia Fernanda Santos Neri Soares — 399, 400
Tayara C. Nunes — 308, 309, 575, 576
Tayd Dayvison Custódio Peixoto — 219, 221, 223
Thainara Curty Vimercati — 122
Thais Bergamin Lima — 145
Thais Demarchi Mendes — 559, 568
Thaís Mariane Bialozur — 59
Thais Millena Marques Couto — 107, 127
Thaís Rocha Cruz — 146, 147
Thais Rodrigues Oliveira — 297
Thales Lima Rocha — 145
Tháliton Martins Morais — 330
Thalliton Luiz Carvalho da Silva — 184, 185
Thalmaturgo Fernando Portes Cristo — 385
Thâmara Figueiredo Menezes Cavalcanti — 131, 268, 269
Thamires Ferreira da Silva — 164, 165
Thannya Nascimento Soares — 325, 356
Thayná Sayuri Shinohara Alves — 74, 86, 374, 378, 388
Thaynara Cristina de Carvalho — 49
Thiago Almeida de Mesquita — 462, 463
Thiago Bet Haag — 501, 531, 567
Thiago da Silva Nascimento — 339
Thiago Fernandes — 534, 535
Thiago Franco de Paula — 327, 328
Thiago Hernandez Dias e Silva — 73
Thiago Sanches Ornellas — 75, 91, 116, 329, 367, 529, 547
Thyago Xavier Porto — 411
Tiago Benedito dos Santos — 105
Tiago Montagna — 51, 114, 228, 229, 238, 239, 368, 369
Tiago Olivoto — 160, 190, 241, 242, 277, 282, 283, 481
Till Opatz — 549
Tuane Reis de Souza — 386

**V**

Valdemiza da Silva Campelo — 61
Valderês Aparecida de Sousa — 375
Valdir Florêncio da Veiga Junior — 344
Valdir Marcos Stefenon — 59, 77, 105, 114, 307, 329, 334, 357, 365, 368, 369, 371, 500, 529, 549, 570, 571, 578, 579, 580, 582, 583
Valentina Martínez — 43, 76
Valentina Nieto Marin — 112, 115, 138
Valéria Aparecida da Silva Reis — 375
Valeriano Espínola — 390
Valter Jário de Lima — 219, 221, 223
Vanessa Aragão Shany — 200, 226
Vanessa de Oliveira do Lago — 323
Vanessa Gabriela Borges — 160, 277, 282, 283
Vanessa Galli — 386
Vanessa Gomes de Moura — 353
Vanessa Maria de Oliveira — 112
Vanessa Vaz Leonel — 528, 551, 562
Vania Aparecida Vicente — 527, 537, 538, 573, 574
Vanildo Silveira — 285
Vanislene Borges da Silva — 522, 523, 524, 532, 539, 563
Verônica Brito da Silva — 193, 194, 318, 345, 353, 354
Veronica Massena Reis — 496
Veruza Oliveira de Melo — 304
Victor Augusto Forti — 131, 386
Victor Hugo Fernandes — 327
Victor Santos dos Anjos — 261
Victoria Bernardin Von Holleben — 287
Victoria Freitas de Oliveira — 177
Victória Manzan Sabino — 410
Victoria Teixeira Ryll — 410
Vinicios Ferreira da Silva — 237
Vinicius Adriano Gorte — 459, 465, 475, 476
Vinicius Costa Cysneiros — 70
Vinícius Lopes Beckmann — 565, 569
Virgínia Santiago Silva — 429
Vitor Carlos Brito — 263, 457
Vitor Oliveira dos Santos — 81, 171
Vitória Garcia Barbosa — 122
Vitória Letícia Guimarães Ugarte — 64, 67, 84, 102, 135, 136
Vitória Moreira Tamarindo Sena — 247
Vitória Paz Brasil — 199
Vitoria Salina Macoelho — 472
Vitória Soares — 426
Vivian Almeida — 277, 282, 283
Vivian Nunes Sampaio — 374, 388
Viviane Ligori — 478, 479, 488, 489
Vlayrton Tomé Maciel — 559
Volmir Kist — 57, 63, 65, 72, 82, 85, 104, 109, 124, 133, 150, 151, 183

**W**
Wagner Patrick de Cabrera — 175
Wallace Batista Nascimento — 399, 400
Walter Pereira — 417, 418
Wanderley dos Santos — 343, 358, 363, 378, 388
Wanessa Kleyciani Magalhães Alves — 143
Wanessa Lemes Ferreira Rosa — 557
Wanessa Roxa Teixeira — 385
Wellington Ferreira Campos — 107, 127
Wellington Rangel dos Santos — 184, 185
Wellynthon Machado da Cunha — 372
Willame dos Santos Candido — 68
William Koury Filho — 485
William Santos Cabral — 75, 88, 89, 91, 299
Willian de Miranda Trindade Carneiro — 181, 182
Willian Rodrigues Macedo — 552
Willian Valdemar Cristo Mittmann — 362
Wuengredes Vanessa Carvalho Silva — 373
**X**
Ximena Castro — 43
Xiomara Chacón Nieves — 278
**Y**
Yanina Villalba Duarte — 390
Yanka Gabryella de Souza Pinheiro — 94, 392
Yanka Rocha Kondo — 573, 574
Yasmin Aparecida Kuhn — 553, 554
Yasmin Feitosa — 435
Yasmin Moura dos Santos — 490
Yasmin Pincegher Siega — 72, 85, 109, 183
Ygor Egídio de Oliveira — 327, 328
Yohan Fritsche — 59, 240, 307, 334, 357, 368, 369, 371, 547, 571, 579, 580, 582
Yu Fukusawa — 573, 574
Yuri Barbosa Ireno — 208
Yuri Porto — 449, 450
**Z**
Zirlane Portugal da Costa — 333

**Agradecimentos e instituições parceiras**

A Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos agradece aos autores, revisores, palestrantes, participantes, comissões e instituições que contribuíram para a realização do IX CBRG.

**Realização**

Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC)

**Apoio Financeiro**

Interprise
Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq)
Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA)
Ministério do Desenvolvimento Agrário e Agricultura Familiar (MDA)

**Instituições Parceiras**

Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa)
Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri)
Universidade do Estado de Santa Catarina (UDESC)
Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS)
Universidade Federal de Goiás (UFG)
Universidade Federal de Grande Dourados (UFGD)
Universidade Federal de Viçosa (UFV)
Universidade Federal do Pampa (UNIPAMPA)
Universidade Federal do Paraná (UFPR)
Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB)
Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)
Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR)
Programa Iberoamericano de Ciencia y Tecnología para el Desarrollo (CYTED)

**Fundações**

Fundação RTVE (Rádio e Televisão Educativa e Cultural)
Fundação de Apoio à Pesquisa (FUNAPE)

**Agência**

Infobibos - Organização de Eventos Científicos