

LINHA DE PESQUISA: CARACTERIZAÇÃO, COLETA E CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA

ANÁLISE MORFOANATÔMICA DA CALOGÊNESE EM *PLINIA PERUVIANA* (POIR.) GOVAERTS

Daniele Damian dos Santos^{1*}, Márcia Regina Faima², Luana Oliveira de Oliveira³, Dalvan Carlos Beise⁴, Valdir Marcos Stefenon⁵

RESUMO: A espécie *Plinia peruviana* é pertencente à família Myrtaceae, conhecida popularmente como jabuticabeira. Sua produção comercial é escassa e dependente do desenvolvimento de atividades e tecnologias, que incluam a caracterização de germoplasma, seleção de genótipos superiores e desenvolvimento de métodos eficientes de propagação. Análises morfoanatômicas são importantes para caracterizar o processo e as vias de regeneração de plantas *in vitro*, para assim melhorar as condições de cultivo e o estabelecimento de protocolos eficientes na indução e conversão de plantas. O estudo teve como objetivo realizar a caracterização morfoanatômica de calos obtidos a partir de sementes maduras de *P. peruviana*, a fim de avaliar seu potencial embriogênico. Amostras de calos, aos 90 dias após a inoculação (d. a. i.), em meio de indução contendo 10 μ M, 20 μ M e 30 μ M de 2,4-D foram fixadas em formaldeído 4 % em tampão fosfato 0,1 M (pH 7,2), sob vácuo por 24 h. Desidratadas em série etílica (40 %, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 90 % e 100 %) por 1 h em cada concentração e infiltradas com resina de hidroxietil metacrilato. Cortes de 6 μ m de espessura obtidos com micrótomo rotativo e corados com azul de toluidina a 0,05 % em tampão fosfato 0,1 M (pH 6,8). A análise e documentação fotográfica foram realizadas em microscópio óptico Zeiss equipado com software Guide ZEN 2. A coloração dos calos variou desde o amarelo claro até o marrom claro e/ou escuro, e em sua maioria com aparência compacta, independentemente da concentração de 2,4-D utilizada. Calos oriundos de 10 μ M de 2,4-D, originaram calos menores, em contrapartida, os obtidos a partir de 20 μ M e 30 μ M se desenvolveram melhor. Quanto aos aspectos histológicos apresentaram características não-embriogênicas, com células parenquimáticas grandes, desorganizadas e vacuolizadas. Conclui-se que a partir do uso de sementes maduras de jabuticabeira em meio de indução com 2,4-D, não foi possível obter calos de jabuticabeira com potencial embriogênico.

Palavras-chave: *Jabuticabeira, Microscopia óptica, Embriogênese somática.*

Agradecimentos: CAPES.

Linha de pesquisa: Caracterização, Coleta e Conservação de Germoplasma.

¹ Universidade Federal do Pampa, BR290, 423, 97300-00, São Gabriel, RS, Brasil. E-mail: daniele.ds@hotmail.com

² Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: marcia.faima@gmail.com

³ Universidade Federal do Pampa, BR290, 423, 97300-00, São Gabriel, RS, Brasil. E-mail: luanadasoliveiras@hotmail.com

⁴ Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: dalvanbio@gmail.com

⁵ Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: valdir.stefenon@ufsc.br

CRIOPRESERVAÇÃO DE SEMENTES DE *Cattleya labiata* Lindl.

Rose Mari Seledes^{1*}, Rosete Pescador²; Elinton Soares Pontes³; Tainara Gris⁴

RESUMO: *Cattleya labiata* Lindl. é uma orquídea ornamental endêmica da Mata Atlântica, atualmente em risco de extinção. A criopreservação é uma técnica com potencial para assegurar a conservação *ex situ* de recursos genéticos vegetais por longos períodos de tempo. O objetivo deste estudo foi verificar a eficiência da criopreservação por meio da imersão direta em nitrogênio líquido (NL) de sementes de *Cattleya labiata*. Para isso, sementes provenientes de polinização assistida, contendo 9% de umidade, foram depositadas em criotubos de 1,5 mL e imersas em NL. Após 48 horas, os criotubos foram descongelados em banho-maria a 40°C por 2 minutos. Os tratamentos consistiram em sementes criopreservadas em NL e sementes não criopreservadas, mantidas em temperatura de 4 °C. Amostras de 10 mg de sementes foram submetidas ao teste de viabilidade em tetrazólio e ao teste de germinação *in vitro*, em frascos de cultivo contendo meio de cultura MS^{1/2} enriquecido com vitaminas de Morel, sacarose e carvão ativado e mantidos em sala de crescimento, com fotoperíodo e temperatura controlados. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com quatro repetições. Os resultados foram submetidos à análise de variância e ao Teste de Skott e Knott ($p \leq 0,05$). Não houve diferença significativa para a viabilidade, tampouco para a taxa de germinação. O teste de tetrazólio mostrou viabilidade inicial média de 40,06% das sementes não criopreservadas e viabilidade média de 36,10% das sementes após serem expostas à criopreservação em NL. Aos 30 dias, ambos os tratamentos exibiram os protocormos desenvolvidos e taxa de germinação de 35,46% e 38,93% para as sementes criopreservadas e não criopreservadas, respectivamente. Ademais, o teste de viabilidade correspondeu ao teste de germinação, confirmando a consistência do método de tetrazólio. Portanto, a utilização da imersão direta das sementes em NL foi eficaz para a conservação de *Cattleya labiata* nas condições descritas neste trabalho.

Palavras-chave: *Orchidacea*; *Conservação ex situ*; *Viabilidade*; *Germinação in vitro*.

Agradecimentos: Programa de Assistência Financeira Estudantil do Ensino Superior de Santa Catarina.

Linha de pesquisa: Coleta e Conservação de Germoplasma.

¹ Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, CEP 88034-000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: rosemariseledes@gmail.com.

*Apresentador(a)

² Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, CEP 88034-000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: rosete.pescador@ufsc.br

³ Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, CEP 88034-000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: tainaragris95@gmail.com

⁴ Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, CEP 88034-000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: elintonpon@gmail.com

DESENVOLVIMENTO EMBRIÃO E RELAÇÃO COM A INDUÇÃO DE EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA EM *Araucária araucana* (MOLINA) KOCH.

Daniela Riffo^{1*}, Jaime Espejo², Priscila Cartes³, Pamela Quiroga⁴, Manuel Sánchez⁵, Neusa Steiner⁶

RESUMO: *Araucária araucana* (Molina) K. Koch. é nativa do Chile, devido às alterações climáticas e principalmente à ação antrópica nas áreas costeiras onde está distribuída, a espécie está em perigo de extinção. Inúmeras iniciativas têm sido desenvolvidas por instituições públicas e privadas para a conservação *ex situ* desta espécie, considerando que a araucária é patrimônio nacional e tem grande importância ecológica e cultural. Contudo, a falta de conhecimento detalhado sobre o desenvolvimento das sementes (pinhões) e a baixa regeneração natural são limitações à propagação desta espécie. A utilização de ferramentas biotecnológicas como o resgate de embriões e a embriogênese somática permite a conservação e propagação de genótipos valiosos de interesse para a manutenção da diversidade e a criação de programas de melhoramento genético. Neste trabalho foi avaliado o desenvolvimento de sementes e embriões durante 22 meses em três populações diferentes de *A. araucana* (Cordilheira de Nahuelbuta, Villa Las Araucarias e Malalcahuello). Os estróbilos foram coletados e analisados morfológicamente para a caracterização do ciclo embrionário. Embriões zigóticos em diferentes estágios de desenvolvimento foram extraídos e isolados para sua indução *in vitro* nos diferentes meios de cultura testados (BM modificado), que continham diferentes auxinas (NAA; 2,4-D) para desencadear a extrusão das linhagens celulares. Os resultados mostram que a maturidade dos estróbilos é assíncronica e diferente em cada ecoregião avaliada, por sua vez o estágio inicial de desenvolvimento do embrião zigótico permitiu a iniciação e multiplicação de linhagens celulares com potencial embriogênico (PEMs) após 45 dias em indução em meio BM com 1,1 mgL⁻¹ de NAA. Estes resultados são promissores para a aplicação precisa de técnicas de micropropagação como a embriogênese somática nesta conífera.

Palavras-chave: *Ex-situ* conservação; pinhão; semente.

Agradecimentos: UFSC, UDEC, Florestal Mininco SPA e Laboratório Bio-vitro SPA.

Linha de pesquisa: Caracterização, Coleta e Conservação de germoplasma.

¹Laboratório de cultura de tecidos vegetais, Universidade de Concepción, 40730386, Concepción, Chile. E-mail: danriff@udec.cl *Apresentador(a).

²Laboratório de Botânica e Produtos Naturais. Faculdade de Agronomia e Engenharia Florestal. Universidade Pontificia Católica do Chile, 7820436, Santiago, Chile. E-mail: jespejoc@uc.cl

³Laboratório Bio-vitro SpA, 4600000, Concepción, Chile. E-mail: pcartes.r@gmail.com

⁴Laboratório Bio-vitro SpA, 4600000, Concepción, Chile. E-mail: pamelaquirogae@hotmail.com

⁵Laboratório de cultura de tecidos vegetais, Universidade de Concepción, 40730386, Concepción, Chile. E-mail: msanche@udec.cl

⁶Laboratório de Fisiologia Vegetal, Universidade Federal de Santa Catarina, SC 88040-900, Florianópolis, Brasil. E-mail: neusasteiner@yahoo.com.br

DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE MONTAGEM DO GENOMA TOTAL DE *Feijoa sellowiana* (O. Berg) Burret

Suelen Martinez Guterres^{1*}, Yohan Fritsche², Humberto Ribeiro³, Joel Donazzolo⁴, Rubens Onofre Nodari⁵, Valdir Marcos Stefenon⁶

RESUMO: A goiaba-serrana (*Feijoa sellowiana* (O. Berg) Burret) pertence a família Myrtaceae, tribo Myrteae. No Brasil, tem ocorrência conhecida no sul do país, sendo o estado de Santa Catarina o maior produtor nacional. Seus frutos apresentam propriedades farmacológicas, antibacterianas, antioxidantes e antitumorais. É uma espécie diploide ($2n=22$), com genoma haploide aproximado de 246 Mpb. Embora a espécie se mostre relevante para a produção agrícola catarinense, estudos de caráter genômico são escassos. Logo, realizar o sequenciamento do seu genoma permitirá conhecer a organização, estrutura e função dos seus genes. Neste trabalho foi realizado o sequenciamento e montagem do genoma de *F. sellowiana*. O DNA total foi extraído a partir de folhas jovens e saudáveis de uma planta adulta, coletada no BAG/EPAGRI/SJ através do método CTAB. O sequenciamento do genoma ocorreu em plataforma Oxford Nanopore seguindo as orientações do fabricante. O basecalling e a retirada dos adaptadores foi realizada utilizando o software Guppy 6.5.7. A montagem do genoma foi realizada em diferentes montadores: Canu, Flye, Raven e Shasta, e o polimento através do software Medaka. A qualidade da montagem foi avaliada utilizando o software Quast e a completude através do Universal Single-Copy Orthologs BUSCO[®] utilizando a linhagem Embryophyta como comparação, que possui 1614 genes. Os melhores resultados foram obtidos com o software Flye com o polimento realizado pelo Medaka, sendo possível obter 1484 contigs, comprimento total 318.442.443 pb, conteúdo GC 40,09 %, tamanho do fragmento que corresponde a metade do genoma total (N50) de 1.330.549 pb com uma completude do genoma de 98,8 %, e *Missing* BUSCO de 0,4 %. Concluiu-se que a estratégia de sequenciamento e montagem do genoma de *F. sellowiana* utilizando o flye e o polimento foi a mais acurada foi eficiente e a partir disso, serão realizadas as análises de genômica funcional visando a identificação de genes de interesse agrônomo.

Palavras-chave: NGS, goiabeira-serrana, myrtaceae.

Agradecimentos: CAPES, CNPq e EPAGRI.

Linha de pesquisa: Caracterização, Coleta e Conservação de germoplasma

¹Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, 88034000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: suelenguterres1996@gmail.com.

*Apresentadora

² Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, 88034000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: yfritsche@gmail.com

³ Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina, Rua João Araújo Lima, 102, 88600000, São Joaquim, SC, Brasil. E-mail: hnr@epagri.sc.gov.br

⁴ Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Estr. p/ Boa Vista, km 04, 85660000, Dois Vizinhos, PR, Brasil. E-mail: joel@utfpr.edu.br

⁵ Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, 88034000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: rubens.nodari@ufsc.br

⁶ Universidade Federal de Santa Catarina, Rodovia Admar Gonzaga, 1346, 88034000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: valdir.stefenon@ufsc.br

LFDGV E NBA: A BIOTECNOLOGIA NOSSA DE CADA DIA

Valdir Marcos Stefenon¹, Yohan Fritsche^{2*}, Thiago Sanches Ornellas^{3*}, Gustavo Pitta Reis de Azevedo⁴,
Lilian Oliveira Machado⁵

RESUMO: O Laboratório de Fisiologia do Desenvolvimento e Genética Vegetal (LFDGV), criado no ano de 1984, é um dos pioneiros dentro do Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais no uso de ferramentas da biotecnologia para o desenvolvimento de pesquisas básicas e aplicadas. Iniciou atividades focado na propagação clonal *in vitro* de plantas e no uso de marcadores moleculares para a caracterização genética de espécies vegetais silvestre e cultivadas. Hoje, o laboratório é reconhecido pelos avanços obtidos na compreensão e desenvolvimento da embriogênese somática em diversas espécies de importância econômica e ambiental, pelo uso de métodos avanços de micropropagação e pelas pesquisas na área de genômica, transcriptômica e bioinformática em estudos de espécies vegetais nativas. Em sinergia e unindo esforços com o olhar para o futuro, o Núcleo de Biotecnologia Aplicada (NBA), implantado no ano de 2021, vem utilizando ferramentas biotecnológicas diversas e realizando pesquisas que visam resolver problemas complexos como a coordenação de uma rede de genômica e biotecnologia envolvendo Universidades nacionais e internacionais (Rede SeqBio) ou pontuais, como a identificação molecular de leveduras de fermentação de cachaça artesanal, a caracterização genética das *Ostras de Floripa* e a identificação taxonômica da lendária Figueira da Praça XV através do sequenciamento parcial do seu genoma nuclear e completo do plastoma. Nessas décadas, centenas de pesquisadores circularam por suas bancadas produzindo conhecimento, e agora, estão espalhados pelo mundo empregando ciência e tecnologia na resolução de novos problemas, básicos e aplicados, tornando a biotecnologia uma ferramenta do cotidiano, mesmo que passe, por vezes, despercebida aos olhos leigos. Hoje, um seletivo grupo de jovens pesquisadores desenvolve a biotecnologia nossa de cada dia com as mais avançadas tecnologias disponíveis para continuarmos resolvendo problemas da sociedade.

Palavras-chave: *Biotecnologia Vegetal, Genética, Genômica*

Agradecimentos: CAPES, CNPq e UFSC

Linha de pesquisa: Caracterização, Coleta e Conservação de Germoplasma

¹Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, LFDGV, NBA, UFSC, Rod. Admar Gonzaga, nº 1346, 88034-000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: valdir.stefenon@ufsc.br

²Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, LFDGV, NBA, UFSC, Rod. Admar Gonzaga, nº 1346, 88034-000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: yfritsche@gmail.com. *Apresentador

³Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, LFDGV, NBA, UFSC, Rod. Admar Gonzaga, nº 1346, 88034-000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: thisorn@gmail.com.

⁴Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, LFDGV, NBA, UFSC, Rod. Admar Gonzaga, nº 1346, 88034-000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: pitta.gustavo1@gmail.com;

⁵Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais, LFDGV, NBA, UFSC, Rod. Admar Gonzaga, nº 1346, 88034-000, Florianópolis, SC, Brasil. E-mail: lilian.o.machado@gmail.com

O TAMANHO GENÔMICO ESTÁ RELACIONADO COM O GRAU DE DOMESTICAÇÃO EM PUPUNHA (*Bactris gasipaes*)?

Leila do Nascimento Vieira^{1*}, Hugo Pacheco de Freitas Fraga², Glaucio Valdameri³, Julia de Paula Dutra⁴, Doriane Picanço Rodrigues⁵, Charles Roland Clement⁶

RESUMO: Variações no tamanho do genoma de plantas estão principalmente relacionadas à duplicação do genoma completo e/ou à amplificação diferencial e retenção de DNA repetitivo. Em palmeiras, foi sugerido que o tamanho do genoma pode estar relacionado com o estresse hídrico. Para palmeiras domesticadas, no entanto, é provável que exista uma relação entre a variação do tamanho do genoma e a domesticação. A pupunha (*Bactris gasipaes*) tem uma única origem de domesticação e duas rotas de dispersão (oriental e ocidental). Para inferir e comparar a variação do tamanho do genoma em pupunha, analisamos o progenitor silvestre (var. *chichagui* tipo 1) de pupunha domesticada e quatro variedades locais, as populações domesticadas. Estas populações domesticadas representam a dispersão oriental e ocidental, e foram mantidas no Banco Ativo de Germoplasma da Pupunha (INPA). A estimativa do conteúdo de DNA nuclear foi feita por citometria de fluxo, em triplicada técnica e biológica e utilizando *Petroselinum crispum* como padrão interno. O tampão LB01 foi usado para isolamento dos núcleos, que foram tratados com Hoechst 33342 (5 µg mL⁻¹) antes da leitura em citômetro de fluxo FACS Celesta. Para cada amostra, foram adquiridos 12.000 eventos. O tamanho do genoma foi estimado utilizando o histograma gráfico de UV 450/50 para obtenção da fluorescência relativa. Os tamanhos dos genomas não apresentaram diferenças entre os táxons intraespecíficos incluídos na análise. Há uma pequena tendência para uma diminuição na variabilidade (CV menor) à medida que a distância do centro de domesticação aumenta na dispersão ocidental: da planície da Bolívia descendo o rio Ucayali (variedade local Pampa Hermosa) para o norte alcançando o oeste da Amazônia (variedade local Putumayo) e continuando ao noroeste até América Central (variedade local *Utilis*). Dessa forma, não há indícios de alteração no tamanho do genoma da pupunha relacionado ao processo de domesticação e a redução da variabilidade reflete a dispersão.

Palavras-chave: *Palmeiras, citometria, c-value*

Agradecimentos: CNPq [processos LNV 402642/2021-0, CRC 303477/2018-0]

Linha de pesquisa: Caracterização, Coleta e Conservação de Germoplasma.

¹ Universidade Federal do Paraná, Avenida Coronel Francisco H. dos Santos, 100, 81531-980, Curitiba, PR, Brasil. E-mail: leilavieira@ufpr.br. *Apresentador(a)

² Universidade Federal do Paraná, Avenida Coronel Francisco H. dos Santos, 100, 81531-980, Curitiba, PR, Brasil. E-mail: hugofraga@ufpr.br

³ Universidade Federal do Paraná, Rua Prefeito Lothário Meissner, 632, 80210-170, Curitiba, PR, Brasil. E-mail: gvaldameri@ufpr.br

⁴ Universidade Federal do Paraná, Rua Prefeito Lothário Meissner, 632, 80210-170, Curitiba, PR, Brasil. E-mail: juliadutra@ufpr.br

⁵ Universidade Federal do Amazonas, Avenida General Rodrigo Otávio Jordão Ramos, 3000, 69077-000, Manaus, AM, Brasil. E-mail: prdoriane@ufam.edu.br

⁶ Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Avenida André Araújo, 2936, 69067375, Amazonas, AM, Brasil. E-mail: cclement@inpa.gov.br

PROSPECÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA *Dyckia brevifolia* BAKER

Liana Bittencourt Petrarca¹, Joana Zeist², Suelen Guterres³, Yohan Fritsche⁴, Tiago Montagna⁵, Valdir Marcos⁶

RESUMO: *Dyckia brevifolia* Baker é uma bromélia réofita, endêmica com adaptações a ambientes extremos. Atualmente a espécie é considerada “Criticamente Em Perigo” (CR) e pode ser encontrada em áreas disjuntas na extensão de 80 km ao longo do Rio Itajaí-Açu, em Santa Catarina. Encontra-se ameaçada como resultado das atividades humanas que ocorrem na Bacia deste rio para construção de uma usina hidrelétrica. Assim, levando em consideração a importância ecológica e ornamental de *D. brevifolia*, e o alarmante estado de conservação da espécie, fazem-se necessárias estratégias para o conhecimento do genoma dessa espécie. Neste estudo, foi caracterizado o genoma parcial desta espécie para prospecção de marcadores moleculares Single Sequence Repeats (SSR). Para isso, foram coletadas amostras de plantas adultas a margens do rio Itajaí-Açu. O genoma parcial foi sequenciado utilizando a plataforma Oxford Nanopore Technologies e a posterior montagem utilizando o software Canu. Os primers para os loci SSR identificados foram projetados procurando alelos com tamanho variando a 90 a 280 pb utilizando o software GMATA. Loci SSR identificados foram testados para amplificação *in silico* utilizando os contigs obtidos a partir do presente sequenciamento dos genomas no software SPCR. A origem genômica dos loci SSR prospectados foi determinada a partir da comparação da sequência dos contigs correspondentes com sequências depositadas no GenBank. Do sequenciamento obteve-se 337.697.189 pb distribuídos em 22.459 contigs após a montagem e trimagem. Foram gerados 17.115 marcadores di e tri-nucleotídeos, destes 84,7 % foram di-nucleotídeos. Foram selecionados 10 marcadores nucleares e 9 organelares passíveis de serem utilizados como marcadores SSR. Os dados obtidos neste estudo abrem novas perspectivas para garantir a preservação e o conhecimento sobre esse grupo de bromélias ameaçadas. Além disso, a validação na bancada está atualmente acontecendo para determinar polimorfismos dos marcadores.

Palavras-chave: *Bromeliaceae*; *Conservação*; *Reófito*; *Ameaçada*; *Sequenciamento de Nova Geração*.

Agradecimentos: CAPES e FAPESC por financiarem este projeto maior.

Linha de pesquisa: Caracterização, Coleta e Conservação de Germoplasma.

¹ Universidade federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Rod. Admar Gonzaga, 1346 - Itacorubi, 88034-000, Florianópolis – SC lianabtpetrarca@gmail.com *Apresentadora

² Universidade federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Rod. Admar Gonzaga, 1346 - Itacorubi, 88034-000, Florianópolis – SC ojoana140@gmail.com

³ Universidade federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Rod. Admar Gonzaga, 1346 - Itacorubi, 88034-000, Florianópolis – SC suelenguterres1996@gmail.com

⁴ Universidade federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Rod. Admar Gonzaga, 1346 - Itacorubi, 88034-000, Florianópolis – SC yfritsche@gmail.com

⁵ Universidade federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Rod. Admar Gonzaga, 1346 - Itacorubi, 88034-000, Florianópolis – SC monttagna@gmail.com

⁶ Universidade federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Agrárias, Rod. Admar Gonzaga, 1346 - Itacorubi, 88034-000, Florianópolis – SC valdirstefenon@gmail.com