



III ENCONTRO DA REDE CENTRO-OESTE DE
RECURSOS GENÉTICOS
Livro de Resumos

ORGANIZADORAS

Leila Garcês de Araújo

Eli Regina Barboza de Souza



UFG Universidade Federal de Goiás

Reitora

Angelita Pereira de Lima

Vice-Reitor

Jesiel Freitas Carvalho

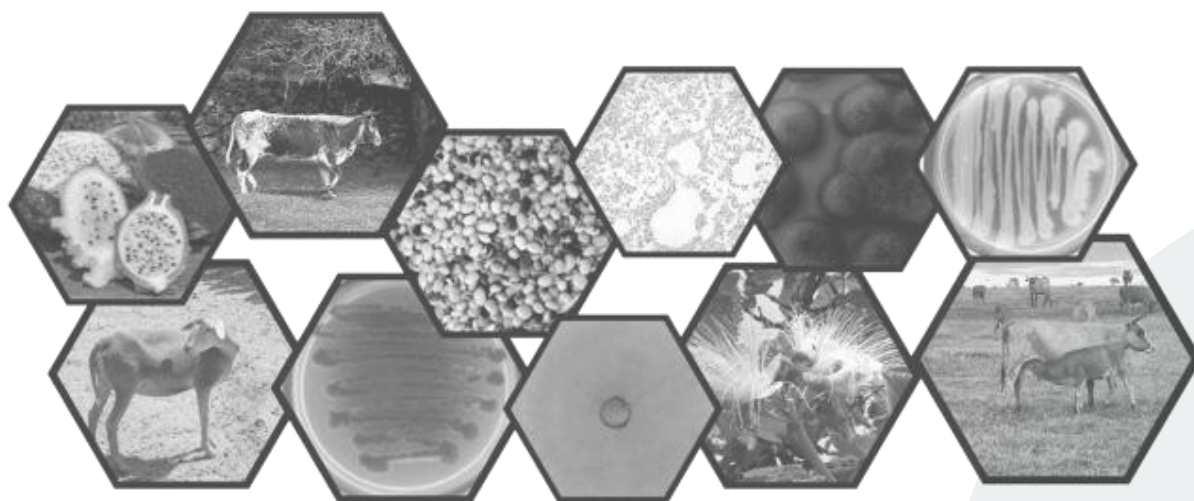
Diretora do Cegraf

Mária Lucia Kons

ORGANIZADORAS

Leila Garcês de Araújo

Eli Regina Barboza de Souza



III ENCONTRO DA REDE CENTRO-OESTE DE RECURSOS GENÉTICOS

Livro de Resumos

ORGANIZADORAS

Leila Garcês de Araújo

Eli Regina Barboza de Souza

Goiânia, 2024

© Cegraf UFG, 2024

© Leila Garcês de Araújo, Eli Regina Barboza de Souza, 2024

Capa, projeto gráfico e diagramação

Alessandra Gonçalves Ribeiro, Sandy da Silva Soares

Comissão organizadora do III Encontro da Rede Centro-Oeste de Recursos Genéticos

Presidente: Leila Garcês de Araújo

Vice-presidente: Eli Regina Barboza de Souza

Adriane Wendland	Letícia de Maria Oliveira Mendes
Alessandra Gonçalves Ribeiro	Marília Ribeiro Rodrigues Paixão
Cristiane Rachel de Paiva Felipe	Marta Cristina Filippi Corsi
Daniela Melo	Reinaldo Farias Paiva de Lucena
Eulalia Soler Sobreira Hoogerheide	Rita Maria Devos Ganga
Géssica Xavier Torres	Samuel Rezende Paiva
Gislene Auxiliadora Ferreira	Sandy da Silva Soares
Juliana Borges Pereira Brito	Sylluana Ribeiro Corrêa
Lais Gabriela Ramos Ferreira	Wagner Nunes Ribeiro
Laysla Morais Coelho	

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

Encontro da Rede Centro-Oeste de Recursos Genéticos
(3. : 2023 :

III Encontro da Rede Centro-Oeste de Recursos
Genéticos [livro eletrônico] : livro de resumos /
organização Leila Garcês de Araújo, Eli Regina
Barboza de Souza. -- 1. ed. -- Goiânia, GO :
Cegraf UFG, 2024.

PDF

Vários colaboradores.
Bibliografia.
ISBN 978-85-495-0933-8

1. Ciências biológicas 2. Genética 3. Genética -
Estudo e ensino I. Araújo, Leila Garcês de.
II. Souza, Eli Regina Barboza de. III. Título.

24-204802

CDD-575.1

Índices para catálogo sistemático:

1. Genética : Ciências biológicas 575.1

Aline Grazielle Benitez - Bibliotecária - CRB-1/3129

SOBRE O EVENTO

O III Encontro da Rede Centro-Oeste de Recursos Genéticos (III ERCORG) foi realizado virtualmente, durante os dias 06 a 08 de dezembro de 2023 e contou com o apoio de doze instituições de pesquisa. Teve como principal objetivo possibilitar a disseminação de conhecimento na área de recursos genéticos: conservação *in situ* e *on farm*, conservação *ex situ* e exploração e uso de recursos. O evento reuniu um conjunto de palestras e apresentações de trabalhos nas áreas vegetal, animal e de microrganismos, constituindo-se em um espaço fundamental para a discussão e troca de conhecimentos. Ao todo foram apresentados 31 resumos advindos de instituições distribuídas por todo o país.

Com mais de 200 inscritos, o encontro proporcionou um espaço de diálogo e colaboração entre estudantes, professores, agricultores, pesquisadores, técnicos, formuladores de políticas públicas e organizações não governamentais (ONGs), abordando temas cruciais relacionados à conservação e utilização dos recursos genéticos.

A comissão organizadora expressa sua sincera gratidão a todos os participantes e colaboradores cujo empenho e contribuições foram essenciais para viabilizar e garantir o sucesso do III ERCORG.

SUMÁRIO

Área: Animal	6
1. DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE UM PAINEL DE SNPS ASSOCIADOS À PROLIFICIDADE EM OVINOS DO BRASIL	7
2. DIVERSIDADE GENÉTICA DO NÚCLEO CONSERVAÇÃO DA RAÇA SINDI NA EMBRAPA.....	8
3. EDUCAÇÃO AMBIENTAL COMO INSTRUMENTO ATIVO NAS PAUTAS SOBRE IMPACTOS AMBIENTAIS E O CONSUMO DE PROTEÍNA ANIMAL	9
4. ESTUDO GENÉTICO DE DOIS NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO DE OVINOS DA EMBRAPA COM MARCADORES MOLECULARES DO TIPO SNP	10
5. MANEJO GENÉTICO DE NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO DE CAPRINOS NORDESTINOS	11
Área: Micro-organismos	12
6. ÂNGULOS RADICULARES E RAÍZES NODAIS DE GENÓTIPOS DE MILHO EM RESPOSTA À <i>Azospirillum brasiliense</i>	13
7. CONTROLE SUSTENTÁVEL DE <i>Meloidogyne enterolobii</i> DO TOMATE UTILIZANDO A MICORRIZA <i>Waitea circinata</i>	14
8. EFEITO DA MICORRIZA <i>Waitea circinata</i> NA BIOFERTILIZAÇÃO DE <i>Cattleya walkeriana</i> : UMA ABORDAGEM SUSTENTÁVEL	15
9. EFEITO DO FUNGO MICORRÍZICO DE ORQUÍDEA <i>Waitea circinata</i> (En07) NA PRODUTIVIDADE DE PLANTAS ARROZ	16
10. FUNGO MICORRÍZICO ORQUIDOIDE <i>Waitea circinata</i> NO CONTROLE DO NEMATOIDE <i>Meloidogyne enterolobii</i>	17
11. VARIABILIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS DE MILHO QUANTO A EFICIÊNCIA DE USO DO NITROGÊNIO E RESPONSIVIDADE À INOCULAÇÃO COM <i>Azospirillum brasiliense</i>	18
Área: Vegetal	19
12. AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CEBOLA QUANTO À PRODUTIVIDADE EM ITUPORANGA, SANTA CATARINA	20
13. CARACTERIZAÇÃO COMPLETA DO GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE <i>Mouriri elliptica</i> MARTIUS (MELASTOMASTACEAE)	21
14. CARACTERIZAÇÃO DO GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE <i>Platonia insignis</i> MART. (CLUSIACEAE).....	22
15. CARACTERIZAÇÃO DO GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE <i>Simarouba versicolor</i> (SIMAROUBACEAE).....	23

16. CARACTERIZAÇÃO ETNOBOTÂNICA DE BURITI (<i>Mauritia flexuosa</i>) EM COMUNIDADES RURAIS DO LESTE MARANHENSE	24
17. <i>Caryocar cuneatum</i> (CARYOCARACEAE): GENOMA CLOROPLASTIDIAL E ANÁLISES COMPARATIVAS	25
18. CONSERVAÇÃO <i>in situ</i> DO ALGODOEIRO <i>Gossypium barbadense</i> L. PARA FIAÇÃO MANUAL EM GOIÁS	26
19. CONSERVAÇÃO <i>in situ</i> E DIVERSIDADE MORFOLÓGICA DO ALGODOEIRO <i>Gossypium barbadense</i> L. NO PANTANAL MATOGROSSENSE	27
20. CULTIVO <i>in vitro</i> FOTOAUTOTRÓFICO DE <i>Physalis angulata</i>	28
21. FILOGENIA DE <i>Mimosa</i> SECT. <i>Mimosa</i> SER. MIMOSA SUBSER. <i>Polycephalae</i> (BENTH.) BARNEBY (LEGUMINOSAE, CAESALPINIOIDEAE)	29
22. GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE <i>Parkia platycephala</i> BENTH. E REGIÕES REPETITIVAS DO PLASTOMAS DO CLADO MIMOSOIDE (FABACEAE, CAESALPINIOIDEAE)	30
23. IDENTIFICAÇÃO DE SNPS NO GENOMA DE DUAS ESPÉCIES DE <i>Campomanesia</i>	31
24. INTERFERÊNCIA DO CULTIVO <i>in vitro</i> NO CICLO CELULAR DE <i>Libidibia ferrea</i> (MART. EX TUL.) L.P.QUEIROZ	32
25. INTRODUÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE ACESSOS DE TOMATEIRO EM UMA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA	33
26. MONTAGEM E ANOTAÇÃO GÊNICA DO GENOMA MITOCONDRIAL DO <i>Caryocar brasiliense</i> CAMB. E ANÁLISE COMPARATIVA ENTRE MITOGENOMAS DA ORDEM MALPIGHIALES	34
27. OFICINA DE PRODUÇÃO DE MUDAS ORNAMENTAIS POR PROPAGAÇÃO ASSEXUADA	35
28. PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS PARA RESINA EM TESTE DE <i>Pinus elliottii</i> var. Engelm. <i>elliotti</i>	36
29. PROPAGAÇÃO VEGETATIVA DE MANGABEIRA UTILIZANDO A TÉCNICA ALPORQUIA	37
30. SABER LOCAL NA IDENTIFICAÇÃO DE PLANTAS MEDICINAIS PRIORITÁRIAS PARA A CONSERVAÇÃO <i>in situ</i> EM REMANESCENTES DE CERRADO DA APA POUSO ALTO, CAVALCANTE DE GOIÁS, BRASIL	38
31. TECNOLOGIA DE IMAGEM NA IDENTIFICAÇÃO DO POTENCIAL PRODUTIVO DE GENÓTIPO DE MILHO ANTES DA MATURIDADE FISIOLÓGICA	39

Área: Animal

DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE UM PAINEL DE SNPS ASSOCIADOS À PROLIFICIDADE EM OVINOS DO BRASIL

Camila S. Rodrigues^{1*}; Danielle A. Faria²; Samuel R. Paiva²; Alexandre R. Caetano²; Concepta McManus³.

¹Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília; ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ³Departamento de Ciências Fisiológicas, Universidade de Brasília; *rodriguesscamila@outlook.com

A espécie ovina é uma das que mais respondem, em termos de alterações fenotípicas e fisiológicas, a adaptações ambientais dentre todas as principais espécies de produção animal. A cadeia produtiva de ovinos deslanados se localiza especialmente no Nordeste brasileiro, com raças e cruzamentos localmente adaptados, eficientes no clima semiárido, com chuvas escassas e irregulares. A prolificidade é uma característica interessante para otimizar sistemas de produção na espécie ovina. Existem pelo menos três genes ligados a essa característica: fator de crescimento e diferenciação 9 (GDF9), proteína morfogenética óssea 15 (BMP15) e proteína morfogenética óssea, tipo 1B (BMP1B). Polimorfismos de base única (SNPs) nesses genes vem sendo estudados com a finalidade de estabelecer correlação com a prolificidade nas raças brasileiras. O objetivo deste estudo foi dar continuidade à pesquisa e genotipar 35 mutações previamente selecionadas nos três genes supracitados em 15 raças de ovelhas usando o Banco Genético Animal (BGA), localizado na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. No total 1.112 amostras de DNA foram genotipadas e foi obtida uma taxa de sucesso de 73% das amostras e 78% dos SNPs. Dos 27 SNPs que tiveram sinal significativo, 14 foram monomórficos, e todos os animais de todas as raças genotipadas apresentaram-se como não portadores para variantes como o Booroola (FecBB) e o Vacaria (FecGV). A validação confirma a importância da variante FecGE (GDF9), associada a uma elevada taxa de nascimentos gemelares em ovinos brasileiros deslanados e que apresentou polimorfismos nas amostras analisadas. O alelo mutante G da variante FecGE (GDF9), foi mais frequente nas raças Barriga Negra (0,76), Morada Nova (0,71), Rabo Largo (0,43), Santa Inês (0,31) e Somalis Brasileira (0,30). Além disso, o alelo também está presente na coleção de sêmen do BGA (0,39). A raça Crioula Lanada não apresentou o alelo G, e na raça Pantaneira ele ocorre com baixa frequência (0,07), o que confirma que nas raças ovinas brasileiras esse alelo está ligado também à ausência de lâ. Nenhuma raça de origem Europeia (Hampshire, Corriedale, Texel etc.) apresentou a mutação. De maneira geral, o trabalho permitiu a validação do painel e a seleção de marcadores informativos para a característica nas raças brasileiras. Evidenciando que grande parte dos alelos dos marcadores já descritos para raças lanadas europeias não são encontrados nas raças brasileiras. Portanto, não estão associados com a hiperprolificidade desses animais.

Palavras-chave: FecGE; genotipagem; recursos genéticos.

DIVERSIDADE GENÉTICA DO NÚCLEO CONSERVAÇÃO DA RAÇA SINDI NA EMBRAPA

Gustavo de Sousa Lisboa^{1,2*}; Danielle Assis de Faria³; Rafael Dantas dos Santos⁴; Josir Laine Aparecida Veschi⁴; Samuel Rezende Paiva¹.

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ²Universidade Católica de Brasília; ³Universidade de Brasília; ⁴Embrapa Semiárido; *gustavo.lisboa@colaborador.embrapa.br

A raça Sindi é reconhecida por sua adaptabilidade a diversas condições climáticas e ambientes, e, recentemente, foi inserida no programa nacional de conservação de recursos genéticos animais da Embrapa. Neste estudo, foram usadas tecnologias avançadas de genotipagem, utilizando marcadores de polimorfismo único (SNP), para aprofundar a compreensão da diversidade genética do Núcleo de Conservação da Embrapa Semiárido e contribuir com estratégias eficazes de conservação e uso da raça. Os dados genéticos brutos foram gerados a partir do uso de um SNP Chip customizado da Embrapa (Embrapa Multi-espécie) em 102 animais do Núcleo de Conservação da raça Sindi para 3.749 marcadores SNP. O tratamento dos dados brutos envolveu rigorosos critérios de controle de qualidade, com filtros aplicados para garantir a confiabilidade das análises. Foram excluídas amostras com “*Call Rate*” inferior a 94% e identidade de animais entre 0,7 e 0,9, além do descarte de marcadores com “*Call Rate*” inferior a 93%. Os valores de heterozigosidade esperada ($HE=0,33$) foram ligeiramente inferiores aos valores de heterozigosidade observada ($HO=0,35$) para a raça Sindi, e confirmaram a aplicação do chip para a raça, uma vez que captou um nível razoável de diversidade genética intra-populacional. Os resultados sugerem que não ocorreu uma perda significativa nem uma fixação notável de alelos no rebanho analisado. O coeficiente de endogamia (Fis) apresentou um valor de 0,0525, sugere que há uma leve presença de endogamia na população estudada, mas não em um nível alarmante. Esses resultados fornecem informações valiosas sobre a estrutura genética da raça Sindi e variabilidade genética atual do rebanho de forma que os marcadores poderão ser usados, por exemplo, para selecionar acasalamentos e reduzir a endogamia e auxiliar na seleção de animais para coleta e conservação de germoplasma no Banco Genético Animal da Embrapa.

Palavras-chave: *Bos taurus indicus*; recursos genéticos animais; manejo genético.

Agradecimentos: À Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e à Universidade Católica de Brasília.

EDUCAÇÃO AMBIENTAL COMO INSTRUMENTO ATIVO NAS PAUTAS SOBRE IMPACTOS AMBIENTAIS E O CONSUMO DE PROTEÍNA ANIMAL

Marianny Rodrigues Costa Amorim¹; G Lily Menglynn McKeral-Gould^{2*}; Maria João Santos³; Josana de Castro Peixoto⁴; Andreia Juliana Rodrigues Caldeira⁵.

¹Universidade Estadual de Goiás - UEG; ²Campus Henrique Santillo-Anápolis- GO; ³CIIMAR, Departamento de Biologia, Faculdade de Ciências, Universidade do Porto; ⁴Centro Interdisciplinar de Investigação Marinha e Ambiental (CIIMAR), Laboratório de Patologia Animal, Universidade do Porto; ⁵lilymckeralgould@gmail.com

A conscientização dos impactos ambientais relacionados à pecuária, uma causa principal do desmatamento e degradação no bioma, pode ser promovida por meio da educação ambiental. Isso envolve informar e sensibilizar a população sobre práticas sustentáveis, como a redução do consumo de carne vermelha, a preferência por alimentos de origem vegetal e o apoio a sistemas agroflorestais. Objetivo: O objetivo deste trabalho foi avaliar o nível de conhecimento que os participantes têm sobre impactos ambientais e o consumo de proteína animal. Metodologia: Os dados foram coletados por meio de questionários de pesquisa em que 168 voluntários participaram. O questionário foi disponibilizado em plataforma on-line. Resultados: Constatou-se que a maioria dos inquiridos são do sexo feminino (71,9%), com idade mais frequente entre 18 e 29 anos (39, 4%). Citaram como principais impactos associados ao consumo de proteína animal, o aumento do nível da emissão de carbono (59%) e redução na biodiversidade (58,3%). As principais medidas citadas pelos participantes como caminhos para a diminuição do impacto ambiental causado pela produção de carne foram: curso de formação para produtores focando o a agricultura e pecuária sustentáveis (17%), legislações que aumentem a área de preservação ambiental (60%), intensificar programas de comunicação científica para população em geral focando as problemáticas envolvendo o consumo de carne (8,0%), divulgar mais receitas veganas e vegetarianas (9,0%). Discussão: A educação ambiental representa um dos caminhos para a sensibilização dos indivíduos quanto aos impactos ambientais ao consumo de proteína animal, bem como discutir alternativas sustentáveis para mitigar tais problemáticas. Além disso, a educação ambiental no Cerrado pode capacitar comunidades locais e agricultores para o manejo sustentável dos recursos naturais, fortalecer políticas públicas de conservação e envolver a sociedade na tomada de decisões relacionadas ao Cerrado. Conclusão: Há uma parcela expressiva do grupo estudado que possui conhecimento em relação aos impactos ambientais relacionados ao consumo de proteína animal, contudo ainda há lacunas que precisam ser preenchidas para uma real mudança de comportamento em prol da sustentabilidade socioambiental.

Agradecimentos: Ao CNPq, ao MCTI e à UEG.

ESTUDO GENÉTICO DE DOIS NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO DE OVINOS DA EMBRAPA COM MARCADORES MOLECULARES DO TIPO SNP

Eduarda Barcelos Rêgo^{1,2*}; Danielle Assis de Faria³; Milena Barbosa Rocha⁴; Olivardo Facó⁴; Kleibe de Moraes Silva⁴; Samuel Rezende Paiva¹.

¹Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ²Centro Universitário do Distrito Federal; ³Universidade de Brasília; ⁴Embrapa Caprinos e Ovinos; *barceloseduarda28@gmail.com

Raças exóticas de ovinos foram introduzidos no Brasil ainda no período de colonização, passando por processos de adaptação às condições climáticas do habitat desde então. Assim, originaram-se raças locais brasileiras como, por exemplo, Morada Nova (MN) e Somalis Brasileira (SO), que possuem adaptações ao clima semiárido, além de desempenhar um papel de relevância no âmbito social e econômico, principalmente na região Nordeste do Brasil. Nesse contexto, a Embrapa incluiu essas raças em seu programa de conservação desde 1980. Pensando nessas questões, este trabalho teve por objetivo subsidiar planos de manejo para a conservação *in situ* do núcleo de conservação das raças MN e SO. Foram analisados dados genéticos desses rebanhos utilizando marcadores moleculares de polimorfismo único (SNP) e estimativas de índices de diversidade, da investigação da similaridade genética entre os indivíduos de cada raça e da análise da estrutura genética entre populações. Os dados brutos foram obtidos a partir do uso de um SNP Chip customizado da Embrapa (Embrapa Multi-espécie), com 71 amostras para MN, 76 para SO e um total de 2.931 SNPs. Os critérios para filtragem foram, *Call Rate* <95% e alto valor de identidade (0,8 e 0,9), e para marcadores *Call Rate* <98%. Os resultados obtidos revelaram que ambas as raças mostraram valores de heterozigiosidade esperada (HE) inferiores à heterozigiosidade observada (HO) (MN: HO= 0,36, HE=0,35; SO: HO= 0,35, HE=0,34). Isso sugere que não há perda significativa ou fixação de alelos nos rebanhos. A endogamia foi reduzida, uma vez que o coeficiente de endogamia (Fis) foi de próximo a zero em ambas as raças (MN= -0,038; SO= -0,039). Observou-se uma maior proximidade genética entre os indivíduos da raça SO, enquanto a raça MN demonstrou uma maior heterogeneidade entre seus membros. Além disso, a análise não demonstrou fluxo gênico entre as duas populações que estão na mesma fazenda experimental. O uso de marcadores moleculares pode auxiliar a implementação dos sistemas de acasalamentos e reduzir ainda mais endogamia. Em conclusão, fica evidenciado o potencial dos SNPs em programas de manejo genético. A análise das raças MN e SO revela índices de diversidade moderada e baixa endogamia. Esses dados oferecem uma base para contribuir com a conservação da diversidade genética e manejo dos rebanhos, sendo uma ferramenta, interessante para futuros programas de melhoramento genético, e na seleção de doadores para o Banco de Germoplasma.

Palavras-chave: *Ovis aries*; manejo genético; recursos genéticos.

Agradecimentos: À Embrapa, ao CNPq e à UDF.

MANEJO GENÉTICO DE NÚCLEOS DE CONSERVAÇÃO DE CAPRINOS NORDESTINOS

Ana Clara de Araújo Casimiro^{1*}; Danielle Assis de Faria²; Camila S. Rodrigues¹; Kleibe de Moraes Silva²; Olivardo Facó²; Samuel Rezende Paiva².

¹Universidade de Brasília; ²Embrapa; *anaclaraaraujocasimiro@gmail.com

Desde a década de 1980 a Embrapa investe em recursos genéticos animais, com finalidade em preservar raças de animais domésticos nacionais. Essas raças evoluíram de animais trazidos por colonizadores, desenvolvendo características adaptativas às diversas condições ambientais do território brasileiro. As raças nacionais possuem potencial comercial e de desenvolvimento de programas de melhoramento genético que justificam sua conservação e utilização. Uma das formas de conservação é *in situ*, em Núcleos de Conservação distribuídos pelo país, em unidades da Embrapa ou em Instituições de Ensino, Pesquisa e Extensão. Este trabalho teve como objetivo auxiliar na conservação de populações de animais de raças nacionais. Para isso, foi feita a análise de dados genéticos de duas raças de Caprinos (*Capra hircus*) do Núcleo de Conservação da Embrapa Caprinos e Ovinos (Sobral, Ceará). Foram genotipados 40 animais da raça Canindé, 48 da raça Moxotó, com um total de 1492 marcadores genéticos do tipo SNP. As análises foram feitas com auxílio dos softwares SNP & Variation Suite (SVS), Arlequin e Structure. Inicialmente foi feita uma análise de qualidade dos dados no SVS, onde amostras com *call rate* < 0,90 e marcadores com *call rate* < 1,00 foram eliminados. O banco de dados final continha 36 cabras Canindé, 38 Moxotó e 1020 SNPs. As matrizes de parentesco para cada raça não apresentaram nenhuma anormalidade e relativamente baixa relação parental entre os animais. As heterozigosidades esperada e observada foram, respectivamente, 0,42 e 0,45 para Canindé e 0,44 e 0,45 para Moxotó, FIS com valores significativos próximos a zero em ambas as raças e FST de 9% entre elas. Na análise de componente principal, as duas raças formam dois grupos distintos, como esperado. Porém, um indivíduo Canindé aparece isolado entre os dois agrupamentos. Ao analisar os dados no Structure, onde estima-se a estruturação genética de cada indivíduo em relação à raça de origem, observamos que indivíduo Canindé é um animal cruzado. O resultado da análise indica que o animal contém 45% do seu genoma remetendo ao agrupamento Canindé e 55% de ancestralidade Moxotó. As fêmeas de ambas as raças são mantidas juntas no Núcleo, enquanto os reprodutores ficam separados. Contudo, o animal mestiço foi adquirido de um produtor local, excluindo erro de manejo do Núcleo. Esta ferramenta se mostrou extremamente sensível para monitoramento genético fino dos núcleos de conservação e será validada para testes de paternidade e seleção de doadores de germoplasma.

Agradecimentos: À Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia pela oportunidade de estágio, no qual pude desenvolver habilidades essenciais para minha carreira e aprender além do esperado.

Área: Micro-organismos

ÂNGULOS RADICULARES E RAÍZES NODAIS DE GENÓTIPOS DE MILHO EM RESPOSTA À *Azospirillum brasilense*

Marco Aurélio Pureza Inácio^{1*}; Mariana Zago Marchi¹; Miriam Suzane Vidotti².

¹Curso de graduação em Agronomia, Universidade Federal de Goiás; ²Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás; * marcoinacio@discente.ufg.br

Azospirillum brasilense é amplamente utilizado como inoculante na cultura do milho e um dos seus principais benefícios é incremento do sistema radicular. Contudo, há poucas informações se essa bactéria altera a arquitetura do sistema radicular, especialmente ângulos radiculares e raízes nodais, os quais possuem grande papel na Eficiência do Uso de Nitrogênio (EUN) dos genótipos de milho. O objetivo deste trabalho foi de verificar a responsividade de híbridos de milho à inoculação de *A. brasilense* com base em características das raízes nodais e de ângulos radiculares. Quatro híbridos de milho comerciais foram avaliados em telado sob dois níveis de inoculação (com e sem *A. brasilense*) em um esquema fatorial 4x2, em que foi adotado o delineamento inteiramente casualizado com seis repetições. O número de raízes nodais por nó, o comprimento médio das raízes nodais, o comprimento total do sistema radicular, o total de raízes nodais e o ângulo radicular foram avaliados no estágio V7 de desenvolvimento. Foi realizada análise de correlação entre caracteres, bem como análise de variância ou de *deviance*, dependendo da característica inerente de cada um deles. Observou-se correlação negativa entre o comprimento total de raízes e o comprimento médio das raízes do segundo nó com o ângulo radicular quando os genótipos foram inoculados com *A. brasilense*. A inoculação com *A. brasilense* afetou significativamente o número de raízes nodais do primeiro nó, sendo também verificada interação significativa entre híbridos x inoculação para esse caractere. Portanto, esses resultados indicam que os híbridos de milho avaliados possuem variabilidade genética quanto a responsividade a inoculação com *A. brasilense* e, desta forma, características relacionadas à arquitetura do sistema radicular podem ser alteradas de forma genótipo-específica e, conseqüentemente, isso poderia influenciar a EUN.

Palavras-chave: bactérias diazotróficas; fixação biológica de nitrogênio; eficiência de utilização de nitrogênio; *Zea mays*.

Agradecimentos: À Universidade Federal de Goiás (UFG) e à Associação Nacional dos Produtores e Importadores de Inoculantes (ANPII).

CONTROLE SUSTENTÁVEL DE *Meloidogyne enterolobii* DO TOMATE UTILIZANDO A MICORRIZA *Waitea circinata*

Gianluca De Urzêda Alves¹; Felipe Gonçalves de Carvalho^{2*}; Mara Rúbia da Rocha³; Leila Garcês de Araújo⁴.

¹Doutorando do programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas (PPGGMP-UFG); ²Estagiário da Biotrop; ³Docente da Universidade Federal de Goiás (UFG), coordenadora do Laboratório de Nematologia; ⁴Docente da UFG, coordenadora do Laboratório de Genética de Microrganismos; *felipe.gcc@gmail.com

O tomate é um vegetal economicamente importante mundialmente, com significativa relevância socioeconômica. No Brasil, Goiás é o principal Estado produtor; no entanto, sua produção é prejudicada por fatores bióticos de impacto econômico substancial, como nematoide-das-galhas. Esses nematoides podem causar destruição de até 80% de lavouras inteiras, e seu controle depende muito de agroquímicos como avermectinas, benzofuranil metilcarbamato, fluoroalquilas e isotiocianato de metila, com poucos genes de resistência eficazes. No entanto, essas estratégias podem ser complementadas pelo controle biológico com fungos. Os resultados de uso da micorriza orquidoide, *W. circinata*, no biocontrole de doenças do arroz são promissores, sustentáveis e inovadores. Este estudo teve como objetivo avaliar o efeito da suspensão micelial de *W. circinata* em suprimir a reprodução de *Meloidogyne enterolobii*. Foi realizado um ensaio com sementes de tomate da cultivar suscetível Santa Cruz que foram semeadas e, após 21 dias, transplantadas para vasos de um litro com uma mistura igual de areia e solo, com delineamento inteiramente casualizado com quatro tratamentos e seis repetições. Os tratamentos incluíram Água = controle negativo, Me (*M. enterolobii*) = 2000 J2+ovos de *M. enterolobii*, Wc (*W. circinata*) = micorriza aplicada por rega (15 g.L⁻¹) e Wc+Me = micorriza (rega com 15 g.L⁻¹) e *M. enterolobii* (2000 J2+ovos). Após sete dias, as plantas Me e Wc+Me foram inoculadas com 2000 juvenis do segundo estágio (J2) + ovos de *M. enterolobii*. No terceiro ensaio, as plantas tratadas com micorriza por rega (15 g.L⁻¹) mostraram redução de 71,13% e 76,96% no fator de reprodução e densidade populacional, respectivamente. Portanto, a micorriza suprimiu *M. enterolobii*, uma espécie de nematoide-das-galhas de importância econômica, oferecendo uma alternativa eficaz e sustentável para o manejo desses nematoides em cultivos de tomate.

Palavras-chave: tomateiro; nematoide das galhas; controle biológico.

Agradecimentos: À Universidade Federal de Goiás, à Fundação de apoio à Pesquisa de Goiás, à CNPq e à Ballagro.

EFEITO DA MICORRIZA *Waitea circinata* NA BIOFERTILIZAÇÃO DE *Cattleya walkeriana*: UMA ABORDAGEM SUSTENTÁVEL

Kaynã Oliveira Borges¹; Wanessa Lemes Ferreira Rosa^{1*}; Letícia de Maria Oliveira Mendes¹; Felipe Gonçalves de Carvalho; Emilly Ferreira Braga Rios¹; Gianluca de Urzêda Alves¹; Leila Garcês de Araújo¹.

¹Universidade Federal de Goiás; *wanessa.lemes@discente.ufg.br

A *Cattleya walkeriana*, orquídea endêmica do Brasil conhecida por seu alto valor ornamental e comercial, encontra-se entre as espécies da flora brasileira em risco de extinção. Diante dessa preocupação, a implementação de medidas protetivas ao meio ambiente e à biodiversidade desempenha um papel fundamental na conservação dos recursos genéticos da espécie. A biofertilização emerge como uma alternativa promissora para viabilizar a produção em escala comercial de maneira sustentável, atendendo à demanda crescente do mercado ornamental. O trabalho teve como objetivo a micorrizar de plantas de *C. walkeriana* durante a fase de aclimatização com *W. circinata*. Plantas axênicas foram submetidas à micorrização, utilizando suspensão micelial de *W. circinata*. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado com seis tratamentos e vinte plantas para cada tratamento (repetições). Os tratamentos foram: água sem fungo (T1: 0 g/L) e cinco suspensões miceliais da micorriza em água destilada e autoclavada (T2: 5 g/L, T3: 10 g/L, T4: 15 g/L, T5: 20 g/L e T6: 25 g/L). Foram analisadas o porte da planta, o número de brotos, o número de raízes e a sobrevivência, nove meses da aplicação dos tratamentos. Os resultados revelaram que as plantas submetidas à micorrização apresentaram desempenho visual significativamente superior em comparação com o grupo controle. O Teste Tukey demonstrou diferenças estatísticas significativas no porte da planta e no número de raízes no tratamento T5 (20 g/L), em comparação com o controle T1. A análise multivariada revelou uma correlação positiva entre a altura e o número de brotos, sugerindo uma interdependência entre esses fatores. Além disso, a análise multivariada permitiu observar que a altura da planta, o número de brotos e a sobrevivência estão fortemente correlacionados. Esses resultados demonstram o potencial da micorrização em plantas de *C. walkeriana* durante a fase de aclimatização momento no qual se observam os maiores índices de perdas na produção de orquídeas, contribuindo para a conservação dos recursos genéticos dessa espécie.

Palavras-chave: orquídea; micorrização; fungo orquidoide.

Agradecimentos: À Universidade Federal de Goiás, à Fundação de apoio à Pesquisa de Goiás, ao CNPq e à Ballagro.

EFEITO DO FUNGO MICORRÍZICO DE ORQUÍDEA *Waitea circinata* (EN07) NA PRODUTIVIDADE DE PLANTAS ARROZ

Isadora Pacheco Fernandes^{1*}; João Abrão Batista Gundim¹; Amanda Abdallah Chaibub¹; Felipe Gonçalves de Carvalho¹; Leila Garcês de Araújo¹.

¹Universidade Federal de Goiás; *isadora_pacheco@discente.ufg.br

O Brasil é o maior produtor de arroz fora do continente asiático. Um dos desafios de sua produção é reduzir riscos de contaminação ambiental em decorrência do elevado uso de insumos químicos, principalmente agrotóxicos e fertilizantes químicos. Neste contexto, o uso de microrganismos benéficos deve ser explorado visando redução de custos, aumento da produtividade e sustentabilidade. *Waitea circinata* é um agente de controle biológico que controlou todos os patógenos do arroz, por meio da síntese de enzimas, toxinas e metabólitos, que auxiliam na competição, parasitismo, antibiose e indução de resistência contra os patógenos. Além disso, o mesmo agente produziu ácido indol acético (AIA), 2.4 µg ml⁻¹, tendo assim, um altíssimo potencial na promoção de crescimento de plantas. Portanto, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o efeito de *W. circinata* em diferentes formas de aplicação em promover o crescimento de plantas de arroz. As plantas de arroz da cultivar BRS Tropical foram cultivadas em vasos de 8 litros, sob condições de casa de vegetação e conduzidas em DIC. O ensaio foi realizado com seis tratamentos e 5 repetições: 1) Controle (água), 2) Sementes microbiolizadas (SM) com suspensão micelial de *W. circinata* (20 g L⁻¹), 3) Micorrização (M) com discos de *W. circinata* 20 DAP (dias após o plantio), 4) Rega com suspensão micelial de *W. circinata* (20 g L⁻¹) no momento do plantio (R0); 5) Rega com suspensão micelial de *W. circinata* (20 g L⁻¹) 20 DAP e sementes microbiolizadas + rega 20 DAP. A maioria dos tratamentos contendo a micorriza para as variáveis estudadas diferiram do controle. Quanto ao comprimento da planta o controle apresentou 100,14cm enquanto SM foi de 145,4 com aumento de 45,20%. Para número de panículas por planta o controle apresentou 11,2 e SM foi de 14,4 com incremento de 28,6%. Os tamanhos de panículas foram de 20,8 e 25 cm para o controle e REG0, respectivamente representando 19,9% de aumento. O número de grãos por panícula no controle foi 1,44, enquanto no tratamento SMR20 foi de 1,964 com aumento de 36%. Dessa forma conclui-se que a micorriza aumenta os caracteres reprodutivos com potencial efeito de promoção de crescimento.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; biofertilização; micorriza.

Agradecimentos: À Universidade Federal de Goiás, à Fundação de apoio à Pesquisa de Goiás, ao CNPq e à Ballagro.

FUNGO MICORRÍZICO ORQUIDOIDE *Waitea circinata* NO CONTROLE DO NEMATOIDE *Meloidogyne enterolobii*

Denner Robert Faria^{1*}; Maria Paula Camargo Araújo¹; Felipe Gonçalves de Carvalho²; Gianluca de Urzeda Alves²; Leila Garcês de Araújo²; Mara Rúbia da Rocha¹.

¹Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás; ²Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás; *denner.robertfaria@gmail.com

O tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é uma das olerícolas mais produzidas e consumidas no Brasil e no mundo. O nematoide *Meloidogyne enterolobii* é um patógeno que ataca diversas culturas, incluindo o tomate, causando grandes perdas de produtividade. Os fungos micorrízicos estão entre os bioagentes promissores que podem ser utilizados no controle de nematoides. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito do fungo micorrízico orquidoide (FMO) *Waitea circinata* no parasitismo de ovos e J2 e eclosão e mortalidade de J2 de *M. enterolobii*, *in vitro*. Os experimentos foram conduzidos em delineamento inteiramente casualizado, com seis tratamentos (0, 5, 10, 15, 20 e 25 g de suspensão micelial L⁻¹) e sete repetições. Para isso, 4 mL de suspensão micelial + 1 mL de suspensão de nematoides contendo 200 ovos ou J2 foram transferidos para tubos Falcon e mantidos sob agitação constante a 150 rpm a 28 °C. As avaliações foram feitas às 24, 48, 168 e 336 h após a incubação através da contagem do número de ovos e J2 parasitados, J2 eclodidos, vivos e mortos. A taxa de parasitismo de ovos e J2 e mortalidade de J2 aumentaram à medida que as concentrações de FMO aumentaram em todos os tempos de avaliação, com maior parasitismo de ovos e J2, assim como mortalidade de J2, na maior concentração do FMO (25 g L⁻¹) e na última avaliação (336 h), com valores iguais a 35,43; 2,89 e 73,45%, respectivamente. A taxa de eclosão diminuiu à medida que as concentrações de FMO aumentaram, variando entre 87,86% (controle às 336 h) e 1,29% (25 g L⁻¹ às 24 h). *W. circinata* foi eficaz no controle *in vitro* de *M. enterolobii*, sendo um eficiente agente de biocontrole.

Palavras-chave: controle biológico; micorriza; nematoide das galhas.

Agradecimentos: À Universidade Federal de Goiás, à Fundação de apoio à Pesquisa de Goiás, ao CNPq e à Ballagro.

VARIABILIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS DE MILHO QUANTO A EFICIÊNCIA DE USO DO NITROGÊNIO E RESPONSIVIDADE À INOCULAÇÃO COM *Azospirillum brasilense*

Mariana Zago Marchi^{1*}; Miriam Suzane Vidotti².

¹Curso de graduação em Agronomia. Universidade Federal de Goiás; ²Escola de Agronomia. Universidade Federal de Goiás; *marianazago@discente.ufg.br

A adubação química de nitrogênio além de ser um dos principais custos de produção da cultura do milho, pode gerar uma série de impactos ambientais negativos. Portanto, a caracterização de linhagens de milho para a eficiência no uso de nitrogênio (EUN) e em resposta à inoculação a bactérias diazotróficas é um dos passos primordiais para o desenvolvimento de cultivares que necessitem de um menor aporte de fertilizantes nitrogenados. O objetivo deste trabalho foi investigar a variabilidade genética de linhagens de milho tropical quanto a EUN e sua influência na responsividade à inoculação com *Azospirillum brasilense* em dois níveis de adubação nitrogenada. Oito linhagens de milho foram avaliadas considerando dois níveis de N (ideal e baixo) e dois níveis de inoculação (com e sem *A. brasilense*), caracterizando um fatorial 8 x 2 x 2. O experimento foi conduzido em telado, na Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, utilizando-se o delineamento experimental de blocos completos casualizados, com quatro repetições. No estágio V7 de desenvolvimento foram analisados o teor de clorofila, altura de planta e as seguintes características relacionadas ao sistema radicular: comprimento de raízes laterais, comprimento de raízes axiais, diâmetro médio radicular e volume radicular com o auxílio do software WhinRHIZO Pro®. Também foram determinadas as massas secas de parte aérea e de raiz, bem como a EUN das linhagens. Os dados foram submetidos à análise de variância complementando-se com o teste de Tukey a 5%, quando necessário. Houve variabilidade genética entre as linhagens para todos os caracteres avaliados. A inoculação com *A. brasilense* afetou significativamente a altura das plantas e teor de clorofila, sendo isso possivelmente resultado da habilidade de algumas linhagens em estabelecerem associação e usufruírem dos hormônios vegetais e o nitrogênio oriundo da fixação biológica proporcionado pelas bactérias. As linhagens diferiram significativamente entre si quanto a EUN e foi verificada alteração no desempenho dos genótipos em ambos os níveis de N. Portanto, as linhagens de milho avaliadas possuem variabilidade genética quanto aos caracteres avaliados e podem potencialmente serem empregadas em programa de melhoramento genético, por exemplo, como parentais em populações de seleção recorrente ou para a síntese de híbridos.

Palavras-chave: bactérias diazotróficas; fixação biológica de nitrogênio; eficiência de utilização de nitrogênio; *Zea mays*.

Agradecimentos: À Universidade Federal de Goiás (UFG) e à Associação Nacional dos Produtores e Importadores de Inoculantes (ANPII).

Área: Vegetal

AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CEBOLA QUANTO À PRODUTIVIDADE EM ITUPORANGA, SANTA CATARINA

Daniel Pedrosa Alves^{1*}; Gerson Henrique Wamser¹; Edivânio Rodrigues de Araújo¹; Fábio Satoshi Higashikawa¹.

¹Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina – EPAGRI;

*danielalves@epagri.sc.gov.br

O Estado de Santa Catarina é o maior produtor de cebola do Brasil, sendo responsável por mais de 35% da área plantada. Contudo, o Estado apresenta uma produtividade por área considerada baixa (27,95 t.ha⁻¹), quando comparada às outras regiões produtoras, como Bahia (44,19 t.ha⁻¹), Goiás (52,89 t.ha⁻¹) e Minas Gerais (56,49 t.ha⁻¹). As altas produtividades obtidas nestes Estados podem ser atribuídas às diversas condições, sobretudo, por utilizarem híbridos adaptados. Estima-se que em Santa Catarina apenas 2% da área seja cultivada com cebolas híbridas. A baixa adesão aos híbridos pelos cebolicultores catarinenses se deve à baixa adaptabilidade desses ao clima de Santa Catarina, sendo que os cultivares OP possuem desempenho produtivo superior aos híbridos comerciais. A Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão Rural de Santa Catarina (Epagri) possui um conceituado e estabelecido programa de melhoramento de cebola que conta com um banco ativo de germoplasma (BAG-cebola). Desta forma, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a produtividade de 13 genótipos de cebola, sendo cinco híbridos experimentais, dois cultivares comerciais, cinco populações avançadas e um acesso do BAG-cebola. O trabalho foi realizado na Estação Experimental da Epagri de Ituporanga, que fica a 475m de altitude, no ano de 2021. O experimento foi delineado em blocos inteiramente casualizados com três repetições. Para separação dos cultivares quanto à produtividade comercial foi realizado o agrupamento de médias de Scott-Knott com a utilização do aplicativo computacional GENES®. O agrupamento permitiu a separação de quatro grupos, em que o grupo de maior produtividade foi composto por somente um tratamento, sendo ele um híbrido experimental, HS20185, com produtividade de 54,29 t.ha⁻¹. segundo grupo (41,08 a 44,26 t.ha⁻¹) ficaram dois tratamentos, um cultivar comercial, SCS379 Robusta e outro híbrido experimental, HS20140. Esses resultados demonstram que os dois híbridos experimentais que ocuparam os grupos de maior produtividade têm potencial de serem lançados como comerciais, uma vez que são melhores ou tão produtivos quanto um cultivar comercial de uso atual no Estado.

Palavras-chave: *Allium cepa* L.; melhoramento de plantas; competição de cultivares.

Agradecimentos: À FAPESC/2021TR000580 e à FAPESC/2023TR000180.

CARACTERIZAÇÃO COMPLETA DO GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE *Mouriri elliptica* MARTIUS (MELASTOMASTACEAE)

Juliana Borges Pereira Brito^{1,2*}; Adriana Maria Antunes^{1,2}; Ramilla dos Santos Braga Ferreira²; Mariana Pires de Campos Telles²; Cíntia Pelegrineti Targueta²; Thannya Nascimento Soares^{1,2}.

¹Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás; ²Laboratório de Genética e Biodiversidade, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás; *freitas.juliana@discente.ufg.br

Mouriri elliptica Martius, popularmente conhecida como croada ou coroa de frade, é uma espécie arbórea encontrada no Centro-Oeste, Sudeste, Norte e Nordeste do Brasil. Além de ser utilizada na medicina popular para tratamentos gastrointestinais, essa planta possui qualidades paisagísticas. Os objetivos deste trabalho foram realizar a montagem do genoma cloroplastidial de *M. elliptica* e caracterizar seus recursos genéticos. O DNA foi extraído de folhas jovens e saudáveis, a biblioteca genômica foi preparada visando o sequenciamento com o kit *Miseq* v3 de 600 ciclos, na plataforma *Illumina*. A montagem do genoma foi realizada com o montador *GetOrganelle*. Para a caracterização do genoma, realizou-se a anotação das regiões microssatélites e a análise da diversidade nucleotídica das regiões gênicas entre duas espécies do mesmo gênero, *Mouriri pusa* e *M. elliptica*. A escolha dessas espécies próximas em parentesco permite uma comparação mais precisa e imediata, com o intuito de discernir discrepâncias e similaridades presentes nos genomas. O genoma cloroplastidial de *M. elliptica* apresentou estrutura típica, totalizando 156.791 pares de bases (pb). Essa estrutura é formada por duas regiões invertidas IRA (26.306 pb) e IRB (26.307 pb), separadas por uma região de cópia única curta de 17.235 pb e uma região de cópia longa de 85.303 pb. Foram identificados 130 genes, dos quais 85 são genes codificadores de proteínas e 37 são genes de RNA transportador. Além disso, foram encontrados 8 genes de RNA ribossômico, sendo que 17 desses genes estão duplicados nas regiões invertidas. Analisando as regiões repetitivas, foram descobertas 76 regiões microssatélites. A diversidade genética avaliada entre as duas espécies do mesmo gênero destacou o gene *rps3* com a maior diversidade ($\pi=0,57$). A disponibilização do genoma cloroplastidial de *M. elliptica* representa significativo avanço na caracterização dessa espécie. Essas informações genéticas fornecem insights valiosos sobre sua diversidade genética, abrindo caminho para futuras investigações nesta área. Ressalta-se a importância dos recursos genéticos vegetais e seu potencial para aplicações em estudos evolutivos, conservação e melhoramento genético.

Palavras-chave: anotação genômica; genoma cloroplastidial; recursos genéticos vegetais.

Agradecimentos: Este trabalho foi realizado pelo grupo Genética e Genômica Evolutiva, do INCT - Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (CNPq/FAPEG). PPGMP - UFG.

CARACTERIZAÇÃO DO GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE *Platonia insignis* MART. (CLUSIACEAE)

Joyce Martins Rezende^{1*}; Ramilla Santos Braga Ferreira^{1,2}; Marla Arianne Almeida-Silva¹; Rhewter Nunes^{1,3}; Cintia Pelegrineti Targueta¹; Mariana Pires Campos Telles^{1,4}.

¹Universidade Federal de Goiás; ²Universidade Federal de Rondonópolis; ³Instituto Acadêmico de Ciências da Saúde e Biológicas (IACSB), Universidade Estadual de Goiás - Unidade Universitária de Iporá; ⁴Escola de Ciências Médicas e da Vida, Pontifícia Universidade Católica; *joycemrezende4@gmail.com

Platonia insignis Mart., conhecida popularmente como bacuri, pertence à família Clusiaceae e é a única espécie representante do gênero com ocorrência nas regiões norte e nordeste do Brasil, dentro dos biomas da Amazônia e Cerrado, na Guiana Francesa, e de forma mais rara na Amazônia colombiana, equatoriana e peruana. O bacuri é um fruto importante tanto por suas propriedades medicinais quanto alimentícia. Assim, o objetivo deste trabalho foi fornecer recursos genômicos para *P. insignis*, caracterização do seu genoma cloroplastidial. Para isso, foi realizada a montagem do genoma cloroplastidial usando a abordagem de novo em *Platonia insignis*. Para isto, foi realizada a extração do DNA, através das folhas de um indivíduo da espécie, realizou-se o preparo da biblioteca genômica com o sequenciamento (na plataforma *Illumina MiSeq* v3 600 ciclos). A montagem e a anotação do genoma cloroplastidial foi realizada com as ferramentas *NOVOPlasty* v.4.2 e a *GeSeq*. Os genomas foram reanotados e inspecionados utilizando o *Geneious Prime* 2021.1.1. O genoma do cloroplasto de *P. insignis* possui estrutura quadripartida com 155.754 pb de tamanho e conteúdo GC de 36.1%, similar às 12 espécies de Malpighiales com genoma disponível. A região *Large Single Copy* (LSC) possui 85.440 pb, a *Small Single Copy* (SSC) 16.856 pb e as regiões *Inverted Repeat* (IR) apresentaram 26.729 pb. Quanto ao número total de genes, *P. insignis*, possui 113 genes, 77 genes codificadores de proteínas, 30 genes de RNA transportadores e 4 de RNA ribossomal, com o *rpl32* ausente. A caracterização de regiões microssatélites identificou um total de 123 SSRs perfeitos e 26 SSRs compostos em *P. insignis*. Foram encontradas 16 repetições diretas para *P. insignis*, 11 reversas, 22 palindrômicas e uma complementar no que se referem às sequências repetitivas complexas. Assim, as informações geradas do genoma de cloroplasto de *P. insignis* e sua caracterização, podem subsidiar estudos evolutivos e de conservação para a espécie dentro da família Clusiaceae e na subfamília Symphonieae.

Palavras-chave: bacuri; Cerrado; plastoma; genômica comparativa; recursos genéticos.

Agradecimentos: À CNPq INCT EECBio, à Universidade Federal de Goiás (UFG), ao Programa de Pós-graduação em Genética e Biologia Molecular (PPGBM) e ao Laboratório de Genética & Biodiversidade – UFG (LGBio).

CARACTERIZAÇÃO DO GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE *Simarouba versicolor* (SIMAROUBACEAE)

Marla Arianne Almeida-Silva^{1*}; Ramilla Santos Braga-Ferreira^{1,2}; Cíntia Pelegriñeti Targueta¹; Carlos M. Silva-Neto⁶; Edivani V. Franceschinelli⁴; Rhewter Nunes^{1,3}; Mariana Pires Campos Telles^{1,5}.

¹Laboratório de Genética & Biodiversidade, Universidade Federal de Goiás; ²Universidade Federal de Rondonópolis; ³Instituto Acadêmico de Ciências da Saúde e Biológicas (IACSB), Universidade Estadual de Goiás; ⁴Laboratório de Biologia Reprodutiva de Plantas, Universidade Federal de Goiás; ⁵Escola de Ciências Médicas e da Vida, Pontifícia Universidade Católica de Goiás; ⁶Instituto Federal de Goiás; *marla.arianne@ufg.discente.br

Simarouba versicolor pertence à família Simaroubaceae, ordem Sapindales. A espécie é encontrada na Bolívia e Brasil e está distribuída em formações florestais e eventualmente em formações abertas. É considerada um recurso genético relevante, principalmente, pelo uso da madeira e entrecascas, esse último com atividades citotóxicas e antitumorais. Este trabalho teve como objetivo a obtenção e caracterização do plastoma de *S. versicolor*. Nesse intuito, após a extração de DNA, a partir de folhas, realizou-se o preparo da biblioteca genômica seguido do sequenciamento (plataforma *Illumina MiSeq* v3 600 ciclos). A montagem e a anotação do genoma cloroplastidial foram conduzidas com o auxílio das ferramentas *NOVOPlasty* v.4.2 e *GeSeq*, respectivamente. As anotações foram inspecionadas utilizando *Geneious Prime* 2021.1.1. A extensão do plastoma de *S. versicolor* é de 159.693 pares de bases, exibindo a típica estrutura circular quadripartida: região *Large Single Copy* (LSC) (87.419 pb) e *Small Single Copy* (SSC) (17.516 pb) separadas por duas regiões *Inverted Repeat* (IR) (27.379 pb). O conteúdo GC foi de 37,7%. O plastoma de *S. versicolor* apresentou o total de 132 genes, 87 regiões codificantes de proteínas, 37 genes de RNA transportadores (tRNA), oito genes de RNA ribossomal (rRNA). Foram identificados três eventos de pseudogenização nos genes *infA*, *ycf1* e *rpl22*, provavelmente, devido às duplicações incompletas das cópias originais e o gene *rsp12* se apresentou *trans-spliced*. O cpDNA possui 18 genes com íntrons, incluindo genes com dois íntrons (*ycf3* e *clpP*) e códon de início alternativos nos genes *rps19* e *ndhD*. Nossos resultados forneceram recursos genômicos e informações relevantes sobre a organização do genoma cloroplastidial de *S. versicolor*, com grande potencial para serem utilizadas em pesquisas de diversidade genética e análises filogenômicas no grupo botânico.

Palavras-chave: estrutura de genomas; plastoma; pseudogenização; *trans-splicing*.

Agradecimentos: À CNPq INCT EECBio, à Universidade Federal de Goiás, ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular e ao Laboratório de Genética & Biodiversidade- UFG.

CARACTERIZAÇÃO ETNOBOTÂNICA DE BURITI (*Mauritia flexuosa*) EM COMUNIDADES RURAIS DO LESTE MARANHENSE

Maria da Piedade dos Santos Silva^{1*}; Fabrícia Mesquita da Silva¹; Beatriz da Luz Lopes¹; Marilha Vieira de Brito^{1,2}; Verônica Brito da Silva²; Gisele Holanda de Sá²; Isis Gomes de Brito Souza²; Eliete da Silva Brito¹; Gérson do Nascimento Costa^{1,2}.

¹Universidade Estadual do Maranhão; ²Universidade Federal do Piauí; *piedadesilva528@gmail.com

As palmeiras apresentam grande variedade morfológica, sua distribuição ocorre em todos os ecossistemas terrestres, além de serem de grande importância alimentar, medicinal, sociocultural e econômica para as populações locais. O presente estudo objetivou verificar os conhecimentos etnobotânicos sobre o uso das palmeiras de buriti (*Mauritia flexuosa* L. f.) em comunidades rurais do leste maranhense. Foram realizadas entrevistas semiestruturadas, com a aplicação de questionários *online* e presenciais em seis comunidades rurais do município de Coelho Neto (Engenho Olho d'Água Grande, Pindaré, Quatis e Santa Maria), Afonso Cunha (São Francisco do Braga) e Aldeias Altas (Lagoa do Arroz). Dos 50 entrevistados, 37 eram do sexo feminino e 13 eram do sexo masculino, com idade variando entre 18 à 52 anos. As partes mais utilizadas pelos entrevistados para a palmeira buriti foram os frutos, folhas secas (palhas) e folhas jovens (brotos). As principais finalidades apontadas foram a produção de sucos e outros derivados com a polpa do buriti, as folhas secas utilizadas para a cobertura de casas, as folhas jovens (brotos) utilizadas para a confecção de *cofos* (cestos), abanos, esteiras, vassouras. Com base nas propriedades medicinais do óleo extraído do buriti, os entrevistados citaram que utilizavam como remédio contra as picadas de lacraias e cobras, cansaço, asma, irritação na pele, verminose e gripe. Os produtos cosméticos mais utilizados pelos entrevistados a base de buriti foram perfumes, hidratantes, óleo corporal, produtos para cabelo e sabonete. Quanto às coletas dessa planta, 50% responderam que essas atividades podem reduzir seu estágio de desenvolvimento. Todos os entrevistados das seis comunidades estudadas relataram que adotam medidas de conservação para essa espécie de palmeira. Com esse estudo foi possível verificar as potencialidades da palmeira buriti nas comunidades rurais, além de coletar informações da população local sobre a importância dessa espécie para a região leste maranhense.

Palavras-chave: conservação; recursos genéticos; usos.

Agradecimentos: À Universidade Estadual do Maranhão.

Caryocar cuneatum (CARYOCARACEAE): GENOMA CLOROPLASTIDIAL E ANÁLISES COMPARATIVAS

Leonardo C. J. Corvalán^{1*}; Millena Silva Mendes¹; Marla Arianne Almeida Silva¹; Cíntia Pelegrineti Targueta¹; Ariany Rosa Gonçalves²; Rhewter Nunes^{1,3}; Mariana P. de C. Telles^{1,4}.

¹Laboratório de Genética & Biodiversidade - Universidade Federal de Goiás; ²Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária arroz e feijão; ³Universidade Estadual de Goiás; ⁴Escola de Ciências Médicas e da Vida, Pontifícia Universidade Católica de Goiás; * leonardocorvalan@discente.ufg.br

O gênero *Caryocar* distribuído em todo neotrópico apresenta 12 espécies. Muitas destas espécies são popularmente conhecidas como pequi, nos qual seus frutos são muito apreciados apresentando valor na economia local. Entre as espécies do gênero *Caryocar* apenas as espécies *Caryocar brasiliense* e *Caryocar glabrum* apresentam o genoma cloroplastidial disponíveis. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi sequenciar, montar e caracterizar o genoma cloroplastidial de *Caryocar cuneatum*, bem como compará-lo com plastomas de outras Malpighiales. Para isso, folhas de *C. cuneatum* foram coletadas em Teresina de Goiás (GO), em seguida, o DNA total extraído, a biblioteca de sequenciamento preparada (Kit *Nextera flex*) e o material genético sequenciado (*Illumina MiSeq*). A montagem e anotação do genoma foram realizados utilizando o programa *NovoPlasty* e *GeSeq*, respectivamente. As análises comparativas foram conduzidas, utilizando plastomas de 8 espécies da ordem de Malpighiales (*C. brasiliense*, *C. glabrum*, *Lophopyxis maingayi*, *Drypetes indica*, *Aspidopterys concava*, *Byrsonima crassifolia*, *Balanops balansae*, *Couepia ovalifolia*), disponíveis nos bancos *National Center for Biotechnology Information*. O genoma cloroplastidial de *C. cuneatum* apresentou tamanho de 165.767 pb com uma estrutura quadripartida dividida em uma região grande de cópia única (83.968 pb), uma região curta de cópia única (11.854 pb) e duas regiões invertidas repetidas (34.973 pb). Dentre as espécies do gênero *Caryocar* todas obtiveram a mesma quantidade de genes, com 90 genes codificadores de proteínas, 33 codificadores de tRNA e 8 genes codificadores rRNAs, sendo conteúdo CG para as 3 espécies de 36,7%. Entre os plastomas da ordem Malpighiales identificamos variação na estrutura dos genomas, destacando-se as espécies *Lophopyxis maingayi* e *Drypetes indica* que não apresentaram a típica estrutura quadripartida. Neste trabalho fornecemos pela primeira vez o genoma cloroplastidial de *C. cuneatum*, o que permitirá estudos para o desenvolvimento de marcadores moleculares para gênero *Caryocar* contribuindo com a conservação e manejo de espécies de pequis, além de fornecer recursos genômicos para estudos posteriores do grupo.

Palavras-chave: cpDNA; pequi; pequi; recursos genômicos.

Agradecimentos: Ao INCT EECBio, CNPQ e à FAPEG (#202110267000863).

CONSERVAÇÃO *in situ* DO ALGODOEIRO *Gossypium barbadense* L. PARA FIAÇÃO MANUAL EM GOIÁS

Kálita Cristina Moreira Cardoso¹; Guilherme Hoffmann Barroso²; Fábio Oliveira Freitas³; Ivandilson Pessoa Pinto de Menezes⁴; Catarina Fernandes Silva⁵; Debora Fernandes Lima^{5*}; Nair Helena Castro Arriel⁶; Valdinei Sofiatti⁷; Lúcia Vieira Hoffmann⁸.

¹Bolsista CNPq Embrapa Algodão – Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás/GO; ²Universidade de São Paulo; ³Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ⁴EBTT do IFCE - Acopiara; ⁵UFG, Goiânia, ⁶Embrapa Algodão – Campina Grande/PB; ⁷Embrapa Algodão – Núcleo Cerrado, Palmas/TO; ⁸Embrapa Algodão – Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás/GO; *deborafernandes325@gmail.com

A manutenção doméstica de sementes de algodão é praticada no Brasil para o uso medicinal, ornamental e fiação manual, e a espécie *Gossypium barbadense* L. é a mais frequentemente encontrada, com distribuição em todo país. A preservação do algodoeiro é realizada com o objetivo de fiar, com seleção para comprimento, resistência e uniformidade de fibra, características importantes tanto para a fiação manual como para a indústria. Para entender se existe preservação *in situ* associada à fiação no Brasil, sua relevância para a preservação da espécie, sua representação em bancos de germoplasma e a perspectiva de sua continuação, montamos um formulário para entrevista com fiandeiras e artesãs de algodão. Foram realizadas 29 entrevistas com mantenedores de plantas de algodoeiro, fiandeiras e tecelãs, no estado de Goiás e Pará. Em Goiás, foram realizadas 19 entrevistas, sendo 17 com fiandeiras residentes nos municípios de Guaraita, Itapuranga, Teresina de Goiás e Cavalcante. No estado do Pará, não encontramos fiandeiras, mas apenas manutenção para uso medicinal, nos municípios de Santana do Araguaia, Barreira e Santa Maria da Barreira, foram entrevistados 11 mantenedores de algodão em fundo de quintais, relataram que mantinham as plantas para uso medicinal. Para dez fiandeiras que armazenam sementes, sendo 4 de sementes coladas chamadas de rim-de-boi e 4 possuindo folhas arroxeadas, coerente com avaliação e identificação botânica de que esses algodoeiros são da espécie *G. barbadense*. A venda de produtos do algodão é praticada pela maioria das fiandeiras (16), sendo que a renda média é de cerca de duzentos reais por ano, não sendo essa a atividade principal de nenhuma delas. Predominam nessa atividade mulheres. Na PNAD, até 2015 existia dados para “trabalhadores artesanais da tecelagem” (V9906=7681), e cerca de 95,1% eram mulheres. A prática de artesanato pode ser incentivada para dar continuidade à preservação *in situ* das sementes, assim como renda adicional e patrimônio cultural. As sementes foram coletadas e as sementes oriundas de coletas no estado de Goiás foram realizadas o plantio a fim de obter uma multiplicação de sementes e está sendo preservadas de forma *ex situ*.

Palavras-chave: algodão; preservação; fiandeiras.

CONSERVAÇÃO *in situ* E DIVERSIDADE MORFOLÓGICA DO ALGODOEIRO *Gossypium barbadense* L. NO PANTANAL MATOGROSSENSE

Kálita Cristina Moreira Cardoso^{1*}; José Jaime Vasconcelos Cavalcanti²; Debora Fernandes Lima³; Lúcia Vieira Hoffmann².

¹Bolsista CNPq Embrapa Algodão – Núcleo Cerrado, Santo Antônio de Goiás/GO; ²Embrapa Algodão – Campina Grande/PB; ³UFG, Goiânia, Bolsista CNPq Embrapa Algodão;

*kalita.crismoreira@gmail.com

No Sudoeste do Estado do Mato Grosso há seis municípios que têm em parte do território o bioma Pantanal. O Pantanal estende-se também no Mato Grosso do Sul, Leste da Bolívia e ao Norte do Paraguai. possui a maior área úmida de planície de inundação do planeta com 250 mil km², no Brasil está localizado ao Sul do Mato Grosso e Noroeste do Mato Grosso do Sul, mas se estende até o Leste da Bolívia e ao Norte do com ampla biodiversidade de fauna e flora e características únicas, com influência dos Biomas Cerrado e Amazônia. O algodoeiro, *Gossypium barbadense* L., é plantado em todo o Brasil, como medicinal e algumas localidades é usado para fiação manual. Na plataforma online *SpeciesLink* estavam documentadas ocorrências da espécie em Nossa Senhora do livramento (1), Poconé (2) e Barão de Melgaço (1). Com o objetivo de documentar a ocorrência da espécie e sua diversidade, realizamos expedição para as cidades de Nossa Senhora do Livramento, Itiquira, Santo Antônio do Leverger, Barão de Melgaço, Poconé e Cáceres, anotando as características botânicas. Foram localizadas 102 plantas da espécie, dentro e fora de comunidades tradicionais (ribeirinha, quilombolas e indígena). Foi encontrada uma planta híbrida, aparentemente resultante de cruzamento entre a espécie *G. barbadense* e o algodoeiro herbáceo (*G. hirsutum*). Algumas das plantas apresentaram características morfológicas diferentes das quais conhecemos de outros locais. O tamanho das folhas era variável, como também o número de lóbulos. Em uma planta, próxima à fronteira com a Bolívia, encontramos pilosidade abaxial das folhas acentuada, sendo esta característica mais comum no algodão nativo brasileiro, endêmico da região nordeste. Nas flores, uma das plantas apresentava estigmas bem mais altos. A coloração do línter também era variável, em tons de verde e marrom, e frequentemente agregados na extremidade da semente. Uma das plantas apresentou sementes estriadas. Sementes foram coletadas e permitirão preservação *ex situ*.

Palavras-chave: algodão; conservação *in situ*; Pantanal.

Isabela Souza Coccoresse Conceição^{1*}; Gabriela Torres Silva²; Alone Lima-Brito¹.

¹Universidade Estadual de Feira de Santana; ²Universidade Federal de Viçosa;
*isabelauefs@hotmail.com

A *Physalis angulata* é amplamente utilizada na medicina popular em muitos países, pois apresenta características nutracêuticas bem como potencial farmacológico. A utilização da técnica da cultura de tecidos vegetais possibilita o cultivo em ambiente controlado, aumentando a produtividade de compostos químicos e metabólitos. Uma das técnicas é a micropropagação fotoautotrófica, caracterizada pela ausência de sacarose no meio de cultura, a qual promove maior crescimento de plantas *in vitro*, diminuição da contaminação do meio, aumento da taxa de multiplicação, além de posterior fase de aclimatização com maiores taxas de sobrevivência. Portanto, o objetivo desse trabalho foi procurar melhores condições para crescimento fotoautotrófico de plantas de *P. angulata*. Dessa forma, sementes de *P. angulata* desinfestadas foram inoculadas em frascos de vidro de 800 mL com 100 mL de meio de cultura MS ½ na ausência e presença de 30 g.L⁻¹ de sacarose; solidificado com ágar ou adsorvido em vermiculita e vedados com duas camadas de policloreto de vinila (filme PVC) ou tampas de plástico com dois poros de 0,45 µm cobertos com membranas fluoroporo hidrofóbica (PTFE; MilliSeal® Air Vent, Tóquio, Japão). O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com arranjo fatorial 2 x 2 x 2 (sacarose x solidificação x vedação), totalizando oito tratamentos. Cada tratamento foi composto por oito repetições com quatro amostras cada. As culturas foram mantidas em sala de crescimento com temperatura de 25 ± 2 °C e fotoperíodo de 16 horas/luz. Após 30 dias de cultivo, foram avaliados parâmetros de crescimento da planta: comprimento (cm) da parte aérea, massa seca (mg) da parte aérea e raiz e quantidade de folhas verdes e senescentes. Foi observada interação entre os fatores para todas as variáveis analisadas. As maiores médias para comprimento da parte aérea (9,84 cm) e massa seca da parte aérea (0,380 mg) e da raiz (0,515 mg) foram obtidas em meio com sacarose solidificado com ágar. A membrana nos potes permitiu trocas gasosas favorecendo o crescimento das plantas na maioria dos tratamentos. O tratamento com membrana, ágar e ausência de sacarose apresentou maior média para a variável quantidade de folhas verdes (4,85) além de ausência de folhas senescentes, apresentando folhas visivelmente maiores que os outros tratamentos.

Palavras-chave: camapú; vermiculita; vedação; fotoautotrofia.

Agradecimentos: Agradeço ao CNPq pela concessão da bolsa e à Universidade Estadual de Feira de Santana pelo apoio ao desenvolvimento da pesquisa.

FILOGENIA DE *Mimosa* SECT. *Mimosa* SER. MIMOSA SUBSER.
Polycephalae (BENTH.) BARNEBY (LEGUMINOSAE, CAESALPINIOIDEAE)

Thainara Policapo Mendes¹; Marcos José Da Silva^{2*}.

¹Universidade Estadual Paulista; ²Universidade Federal de Goiás; *marcos_agrorural@hotmail.com

Mimosa L. possui distribuição Pantropical, compreende aproximadamente 600 espécies, e é um dos gêneros mais diversos do clado mimosoide. O gênero circunscreve cinco seções, 41 séries e 37 subséries, sendo *M. subser. Polycephalae*, a maior delas com 32 espécies distribuídas no Brasil Central. Embora espécies de *Polycephalae* sejam facilmente reconhecidas morfológicamente, em estudos filogenéticos a série emergiu como polifilética com seus táxons mixados aos das subséries *Discobolae*, *Dicerastae*, *Hirsutae* e da série *Modestae*. Compreender a filogenia de grupos vegetais nos auxilia na identificação e conservação da diversidade genética, o que garante a sobrevivência das espécies vegetais, especialmente, considerando-se as mudanças ambientais e ameaças à biodiversidade. Sendo assim, realizamos uma reconstrução filogenética para *M. subser. Polycephalae* objetivando recircunscrevê-la a um táxon monofilético e compreender a relação entre suas espécies. Para tanto, amostramos 30 espécies de *M. subser. Polycephalae*, 22 de grupos imediatamente relacionados e fizemos análises isoladas e combinadas pelos métodos de Máxima Verossimilhança (MV) e Inferência Bayesiana (IB) para os marcadores ITS (nrDNA) e trnD-trnT (cpDNA); e para estimar os tempos de divergência usamos uma abordagem Bayesiana a partir da matriz combinada. Nossas análises apontam para o polifiletismo de *Mimosa* subser. *Polycephalae*, com seus táxons mixados com táxons das subséries *Discobolae*, *Dicerastae* e *Hirsutae* e da série *Modestae*. Assim, para tornar *Polycephalae* monofilética excluímos *M. brevicalyx* e *M. cyclophylla* do seu conceito e reconhecemos um clado que designamos de clado *Polycephalae* que inclui os táxons das subséries previamente citadas. A análise do tempo divergência sugere que o clado *Polycephalae*, conforme definido, originou-se por volta de 3,8 milhões de anos atrás, e teve dois principais eventos de diversificação por volta de 3,2 e 2,4 Ma. Resultados como estes já foram sugeridos por outros autores, porém todos com baixa amostragem. Sendo assim, com maior número de táxons amostrados, *Mimosa* subser. *Polycephalae*, passa a compreender 40 espécies distribuídas principalmente no Cerrado brasileiro, sendo muitas delas endêmicas e/ou ocorrentes em áreas de preservação ambiental. A filogenia desse grupo nos possibilita desenvolver estratégias mais eficazes para a conservação de recursos genéticos do gênero, haja vista muitas de suas espécies serem classificadas em alguma categoria de ameaça.

Palavras-chave: Cerrado; clados morfológicos; diversificação; Fabaceae; filogenia molecular.

Agradecimentos: À CAPES pela bolsa concedida ao primeiro autor e ao CNPq pela bolsa de produtividade do segundo.

GENOMA CLOROPLASTIDIAL DE *Parkia platycephala* BENTH. E REGIÕES REPETITIVAS DO PLASTOMAS DO CLADO MIMOSOIDE (FABACEAE, CAESALPINIOIDEAE)

Leonardo C. J. Corvalán¹; Aline Menegat de Araújo¹; Cíntia Pelegrineti Targueta¹; Rhewter Nunes^{1,2*}; Mariana P. de C. Telles^{1,3}.

¹Laboratório de Genética & Biodiversidade - Universidade Federal de Goiás; ²Universidade Estadual de Goiás; ³Escola de Ciências Médicas e da Vida, Pontifícia Universidade Católica de Goiás; *rhewter@gmail.com

Parkia platycephala Benth, pertencente ao clado Mimosoide (Fabaceae), é popularmente conhecida com fava de bolota. É uma espécie utilizada para alimentação alternativa do gado e apresenta potencial utilização no tratamento da doença de Alzheimer. Com isto, objetivo deste trabalho foi montar e anotar o genoma cloroplastidial de *P. platycephala* e compará-lo com outras espécies do clado Mimosoide. Para isto, uma amostra foliar foi coletada de um indivíduo, localizado em Filadélfia (TO) e seu DNA extraído. A biblioteca de sequenciamento foi preparada utilizando Kit *Nextera flex* e posteriormente sequenciado na plataforma *Illumina Miseq*. O Genoma cloroplastidial foi montado utilizando o programa *Novoplasty* e anotado utilizando o *GeSeq*. Para análises comparativas foram adicionados genomas das seguintes espécies: *Acacia dealbata*, *Adenanthera microsperma*, *Cylicodiscus gabunensis*, *Dichrostachys cinérea*, *Inga leiocalycina*, *Leucaena trichandra*, *Mimosa pudica*, *P. javanica*, *P. timoriana*, *Piptadenia communis*, *Piptadeniastrum africanum*, *Prosopis farcta*, *Stryphnodendron adstringens*, *Vachellia seyal* e *Xylia xylocarpa* obtidos do NCBI. A identificação das repetições complexas e microsatélites (SSR) nestes 16 genomas foram conduzidas utilizando o *REPuter* e *MISA*. O genoma cloroplastidial de *P. platycephala* possui a típica estrutura quadripartida de genomas cloroplastidiais de plantas com semente fotossintetizante. Ao total o genoma cloroplastidial teve um tamanho de 161.899 pb (GC= 35,9), com 83 gene codificadores de proteínas, 40 genes codificadores de tRNA e 8 genes codificadores de rRNAs. Entre as espécies comparadas o número de genes variou de 127 (*Prosopis farcta*) a 143 (*S. adstringens* e *P. platycephala*). Em geral, o número de repetições complexas variou de 53 (*P. africanum* e *P. communis*) a 299 (*X. xylocarpa*). Entre as 3 espécies do gênero *Parkia* foram encontrados os 4 tipos de repetições complexas (*forward*, *reverse*, *palindromic* e *complemente*) e assim como as demais espécies as repetições mais abundantes foram as *forward* e *palindromic*. O número total de SSRs variou de 85 (*X. xylocarpa*) a 175 (*M. pudica*). Com este trabalho foi possível sequenciar, montar e anotar o genoma cloroplastidial de *Parkia platycephala* pela primeira vez e identificar grande semelhanças com espécies do gênero e da ordem.

Palavras-chave: cpDNA; fava de bolota; recursos genômicos.

Agradecimentos: Ao INCT EECBio CNPQ e à FAPEG (#202110267000863).

IDENTIFICAÇÃO DE SNPs NO GENOMA DE DUAS ESPÉCIES DE *Campomanesia*

Jefferson Fernando Naves Pinto^{1*}; Alexandre Siqueira Guedes Coelho²; Edésio Fialho dos Reis¹.

¹Universidade Federal de Jataí; ²Universidade Federal de Goiás; *jeffnaves@gmail.com

O desmatamento vem ocasionando a perda da variabilidade genética das espécies vegetais do Bioma Cerrado, o qual já perdeu 46% da vegetação nativa. Com efeito, pode haver o desaparecimento de espécies com importância social. Dentre estas espécies podemos destacar a gabirobeira (*Campomanesia adamantium* e *Campomanesia pubescens*), que são amplamente utilizadas na alimentação e estudadas como planta medicinal, por possuir potencial farmacológico para o possível tratamento de leucemia e câncer de próstata. Estas espécies ainda apresentam a peculiaridade de terem os seus limites taxonômicos pouco compreendidos, o que é agravado pelo fato do conhecimento acerca da genética e do seu genoma ser limitado. No entanto com o advento das novas tecnologias de sequenciamento NGS, podemos obter informações relevantes sobre o genoma de forma rápida e consistente, além de poder identificar SNPs. O objetivo deste estudo foi realizar a descoberta e a caracterização de SNPs no genoma total de duas espécies de *Campomanesia*, gerando dados genômicos que possam ser utilizados em futuros estudos de genômica de populações, além de subsidiar a correta classificação das espécies. Para isso foram sequenciadas oito bibliotecas, sendo duas de *C. adamantium* e seis de *C. pubescens* (morfotipos I, III e IV). A estratégia de sequenciamento utiliza a tecnologia NanoBall da empresa BGI. A chamada dos SNPs foi realizada utilizando o GATK, utilizou-se o genoma de *Psidium guajava* como referência. Com o intuito de se obter os SNPs e *InDels*, de alta qualidade foram utilizados os filtros de qualidade do VCFtools e o pacote vcfr. A divergência genética e estrutura populacional foram analisadas entre os indivíduos estudados, com base no SNPs identificados. Com base nos resultados foram identificados 136.050 SNPs. A densidade observada no genoma de *Campomanesia* foi de 01 SNP a cada 3,24 kb bases. A taxa Ts/Tv foi de 2,02. Os SNPs identificados são altamente relevantes, sendo capazes de explicar a estrutura populacional dos dados com elevada eficiência, a qual obteve $k=2$, indicando forte estruturação da diversidade genética entre os grupos identificados. Os grupos não foram constituídos exclusivamente por indivíduos de uma mesma espécie, indicando que a classificação botânica ainda apresenta inconsistências em relação aos limites entre as espécies. Estes resultados permitem novos estudos que possam abordar caracterização genética, a genotipagem em larga escala e a genômica de populações.

Palavras-chave: BGISeq; gabiropa; Myrtaceae; sequenciamento.

INTERFERÊNCIA DO CULTIVO *in vitro* NO CICLO CELULAR DE *Libidibia ferrea* (MART. EX TUL.) L.P.QUEIROZ

Max Fernando de Pinho^{1*}; Tiago Ribeiro².

¹Mestrando no Programa de Pós-Graduação em Biologia Vegetal (PPGBV), IB-UFMT; ²Docente do Departamento de Botânica e Ecologia / Programa de Pós-Graduação em Biologia Vegetal (PPGBV), IB-UFMT; *max.pinho@sou.ufmt.br

A citogenética desempenha um papel fundamental no melhoramento vegetal ao permitir a identificação de alterações cromossômicas em condições controladas, como na cultura de tecidos *in vitro*. *Libidibia ferrea* é amplamente utilizada na ornamentação urbana e em construções. Neste estudo, exploramos a caracterização citogenética dessa espécie em meio de cultura, examinando o seu ciclo celular e fornecendo informações preliminares quanto ao seu desenvolvimento em ambiente artificial. A coleta de material foi realizada em duas etapas: para o controle, pontas de raízes foram obtidas diretamente de sementes germinadas. O material foi fixado em Carnoy (Etanol; Acético; 3:1) e submetido à digestão enzimática (celulose 2%/ pectinase 20%). As lâminas foram preparadas pelo método de esmagamento. Em seguida, foi gerado um explante, que foi incubado em meio de cultura *in vitro*. Raízes foram coletadas após 17 dias e processadas como descrito anteriormente. As lâminas foram coradas com DAPI e fotografadas em um microscópio de fluorescência equipado com câmera digital. Um total de ~ 9.000 células foi analisado em cada grupo. O índice mitótico (IC) foi de ~ 5,20% no controle e de 3,61% no material do primeiro repique. Quanto aos percentuais de aberrações cromossômicas (AC), os valores foram de 0,03% e 0,33 %, respectivamente. No controle, foram identificadas apenas 3 células com aderência cromossômica em metáfase. Já no primeiro repique, foram encontradas 32 variantes, abrangendo metáfases e anáfase, todas com aderência cromossômica. O IC no grupo controle foi superior ao do primeiro repique, indicando uma maior atividade mitótica naquela situação. Além disso, as ACs aumentaram significativamente após o desenvolvimento em meio de cultura. Em suma, a análise fornece informações valiosas sobre o comportamento cromossômico/desenvolvimento celular durante a cultura *in vitro*, apontando para um aumento significativo de erros celulares a curto prazo e sugerindo uma dinâmica exponencial e influência do ambiente artificial ao longo dos ciclos de repique *in vitro*.

Palavras-chave: divisão celular; mitose; explantes *in vitro*; erros.

Agradecimentos: Ao Prof. Paulo Cesar Venere (LabGen, Dept. de Biologia e Zoologia, IB-UFMT) pelo uso do microscópio de fluorescência e sistema de captura de imagens.

INTRODUÇÃO E CARACTERIZAÇÃO MORFOLÓGICA DE ACESSOS DE TOMATEIRO EM UMA COLEÇÃO DE GERMOPLASMA

Paula Nascimento da Silva Jacintho^{1*}; João Victor Baptista Silveira¹; Ygor Egídio¹; Isabella Cardoso de Oliveira¹; Mayara Berbert Lucas¹; Thiago Franco de Paula¹; Marilene Hilma dos Santos¹; Bruna Rafaela da Silva Menezes¹.

¹Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro; *paulansj@gmail.com

A conservação de Recursos Genéticos Vegetais constitui uma atividade essencial para assegurar a segurança alimentar. Em programas de Melhoramento Genético essa atividade é primordial para garantir a matéria-prima a ser utilizada para atender a demanda da população. A coleta e introdução de genótipos devem ser praticadas rotineiramente para enriquecer as coleções, ademais conhecer a variabilidade conservada tem igual importância para o uso. O objetivo deste trabalho foi introduzir e caracterizar acessos em uma coleção de tomateiro do Laboratório de Genética e Melhoramento Vegetal da Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro. Foram introduzidas 10 variedades de *Solanum lycopersicum*, sendo sete provenientes de São Paulo, SP; dois de Nova Petrópolis, RS e um (Ch152) do *World Vegetable Center*, Taiwan, China. As mudas foram produzidas e transplantadas em vasos 5L em um delineamento inteiramente ao acaso, com três repetições e duas plantas por repetição. A caracterização dos frutos foi feita usando a lista de descritores para *Solanum lycopersicum* L. (IPGRI, 1996): formato, cor e intensidade, cor e intensidade do pericarpo, formato do corte transversal, presença e intensidade de ombro verde e formato. Os dados coletados foram submetidos ao complemento do índice de similaridade (Cruz, 2014). Foi possível introduzir os 10 genótipos na coleção, uma vez que as sementes estavam viáveis, com boa germinação. Além disso, ao final da caracterização constatou-se que fenotipicamente os materiais diferiam entre si. Essa confirmação alcançou-se com a aplicação da matriz de distância gerada pelo índice, nenhuma duplicata foi identificada. Os materiais mais próximos foram as variedades 01 e 02 (distância 0,20), ambas tomate cereja de coloração vermelha, divergindo para o formato do fruto e do ápice do fruto (variedade 01 – formato redondo e ápice levemente deprimido e variedade 02 – formato alongado e ápice moderadamente deprimido). A distância máxima encontrada (0,78) ocorreu entre os materiais 05 e 08, similares apenas para intensidade da cor da polpa. O trabalho realizado permitiu introduzir os novos acessos na coleção e disponibilizou informações fenotípicas prévias que permitirão o uso desses materiais em novos ensaios de avaliação morfoagronômica para posterior uso em programas de Melhoramento Vegetal.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*; variabilidade genética; conservação.

Agradecimentos: À Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro e ao Setor de Grandes Culturas do Instituto de Agronomia pelo apoio na condução desta pesquisa.

MONTAGEM E ANOTAÇÃO GÊNICA DO GENOMA MITOCONDRIAL DO *Caryocar brasiliense* CAMB. E ANÁLISE COMPARATIVA ENTRE MITOGENOMAS DA ORDEM MALPIGHIALES

Larissa R. Carvalho^{1,3}; Leonardo C.J. Covalán^{1,3}; Mariane B. Sobreiro³; Amanda A. Melo-Ximenes^{1,3}; Cíntia P. Targueta³; Renata O. Dias^{1,3}; Mariana P. C. Telles^{1,3,4}; Rhewter Nunes^{1,2,3*}.

¹PPG em Genética e Biologia Molecular – Universidade Federal de Goiás; ²Instituto Acadêmico de Ciências da Saúde e Biológicas, Universidade Estadual de Goiás - Unidade Universitária de Iporá; ³Laboratório de Genética & Biodiversidade, Universidade Federal de Goiás; ⁴Escola de Ciências Médicas e da Vida, Pontifícia Universidade Católica de Goiás; * rhewter@ueg.br

Os genomas mitocondriais de plantas (mtDNA), apresentam uma grande variação em termos de tamanho, conteúdo gênico e estrutura. O pequizeiro (*Caryocar brasiliense*) desempenha um importante papel ecossistêmico e socioeconômico, definido pelo Ministério do Meio Ambiente do Brasil, como uma das espécies prioritárias para cultivo e exploração econômica, evidenciando a necessidade de estudos genéticos e genômicos para a espécie. Assim, o objetivo do trabalho foi realizar a montagem e a anotação do mtDNA do *C. brasiliense*. Para tanto, foi utilizado material foliar de um indivíduo de *C. brasiliense*, coletado na Escola de Agronomia da Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO, Brasil. O material genético foi extraído pelo método CTAB. A biblioteca genômica foi construída com os kits de DNA genômico SQK-LSK114 e NEBNext Companion Module. O sequenciamento foi realizado na plataforma MinIon MK1C, com a flow cell R10.4.1. A montagem do mtDNA foi realizada com os softwares Canu v2.2. e Pilon. A anotação genômica foi realizada no software Mitofy e na plataforma CHLOROBX no programa GeSeq, conferidas manualmente no programa Geneious prime v.2023.2.1. O mtDNA apresentou um tamanho 308.958 pb e o conteúdo GC de 42,8%. O genoma apresentou um total de 47 genes, dos quais 21 correspondem a genes codificadores de proteínas, 23 a genes de RNA transportador e 3 de RNA ribossomal. O tamanho do mtDNA entre as espécies da ordem Malpighiales variou de 308.958 pb em *C. brasiliense* à 838.420 pb em *Populus alba*. Já o conteúdo gênico codificador de proteínas, variou de 21 em *C. brasiliense* à 37 genes em *Mercuriales annua* e *Ricinus communis*. Em comparação com as demais espécies da ordem Malpighiales, os genes atp6, ccmB, ccmC, ccmFc, cox1, cox3, matR, nad2, nad3, nad7, nad9, rps7, rps10, rps12, rps13 e rps19 estão ausentes em *C. brasiliense*. Já os genes cox2, nad4, nad5 e rps3 apresentam íntrons, similar às demais espécies. Os dados gerados neste trabalho aumentam os recursos genômicos para a ordem Malpighiales, e podem contribuir com o entendimento da história evolutiva do grupo.

Palavras-chaves: mtDNA; recurso genético; pequi.

Agradecimentos: Ao INCT-EECBio FAPEG/CNPq (°435477/2018-8) e à CAPES (PPGS CAPES/FAPEG(#08/2014)).

OFICINA DE PRODUÇÃO DE MUDAS ORNAMENTAIS POR PROPAGAÇÃO ASSEXUADA

Edileide De Carvalho Cerqueira^{1*}; Beatriz Castro dos Santos Silva¹.

¹Universidade Estadual de Feira de Santana; *leidemimo@gmail.com

A propagação de plantas é um processo importante para o cultivo de mudas. As plantas podem ser propagadas por meio de sementes (propagação sexuada) ou por partes vegetativas (propagação assexuada), em ambientes abertos ou protegidos (Senar, 2018). Segundo o IBRAFLOR - Instituto Brasileiro de Floricultura (2022), o Brasil conta, nas proximidades de 8 mil produtores de flores e plantas. Juntos, eles cultivam mais de 2.500 espécies com cerca de 17.500 variedades. Sendo assim, o mercado de flores é uma importante engrenagem na economia brasileira, responsável por empregos diretos. Conceição do Jacuípe é um município da Bahia, onde um dos setores que movimenta sua economia é a agricultura familiar, principalmente devido à produção de hortaliças. Durante a pandemia da COVID 19, aumentou-se o número de pessoas que começaram a resgatar a cultura de cuidar das plantas ornamentais cultivadas em suas residências. Em virtude disso, este trabalho teve por objetivo realizar uma oficina de produção de mudas ornamentais no estabelecimento comercial Mudas para Mesa, no município de Conceição de Jacuípe, no ano de 2023. No total, quinze alunos da idade entre 25 a 65 anos foram capacitadas quanto ao modo de retirar mudas de plantas, pelo método assexuado, e como preservar até sua fase adulta. As plantas utilizadas durante a oficina, foram: planta tapete (*Episcia cupreata*) e clorofito (*Chlorophytum comosum*) - mudas retiradas a partir dos estolões; Suculenta Echeveria (*Echeveria green rose*), Peperômia Melancia (*Peperomia argyreia*) e Violeta (*Saintpaulia ionantha*) - retirado mudas à partir das folhas; Antúrio (*Anthurium andraeanum*) - retirado mudas a partir de separação as raízes; Orquídea olho de boneca (*Dendrobium mobile*) - retirado mudas a partir das estacas dos pseudobulbos. Foi ensinado também como realizar o preparo do substrato adequado para o plantio das mudas, utilizando a proporção 1:1:1 composto por areia, torta de mamona e o substrato comercial floreira premium. Todas as partes vegetativas foram plantadas em copos descartáveis. Esta oficina proporcionou a aprendizagem dos capacitados, de modo a desenvolverem as habilidades do cultivo de espécies ornamentais.

Palavras-chave: substrato; plantas ornamentais; cultivo *ex situ*.

Agradecimentos: À loja mudas para mesa por conceder a oficina, ao Abraão por ceder o espaço e a equipe que ajudou a acontecer.

PREDIÇÃO DE GANHOS GENÉTICOS PARA RESINA EM TESTE DE *Pinus elliottii* VAR. ENGELM. *elliottii*

Erick Phelipe Amorim^{1*}; João Roberto Menucelli¹; Rafael Dias Moura²; Bruno Marchetti de Souza²; Eduardo Luiz Longui³; Wanderley dos Santos⁴; Jarbas Yukio Shimizu⁴; Ananda Virginia de Aguiar⁴.

¹UFSCar, Sorocaba; ²UNESP, Ilha Solteira; ³IPA, São Paulo ⁴EMBRAPA, Colombo;

*erick.amorim95@hotmail.com

Pinus elliottii var. *elliottii* é uma importante espécie da silvicultura brasileira para a produção de madeira serrada de excelente qualidade físico-mecânica e extração de goma-resina. O melhoramento genético é o procedimento aplicado para aumentar a produção de madeira e resina por meio da seleção de progênies e indivíduos ao longo das gerações e é um assunto da silvicultura nesta espécie no Brasil. A proposta é estimar a predição dos ganhos genéticos em teste de progênies para produção de resina a partir da mensuração do fluxo de resina. O teste é composto por 75 progênies e uma testemunha comercial dispostos em 40 blocos, com uma planta por bloco, e espaçamento de plantio de 3 x 3 metros. O experimento foi instalado em março de 2009. O fluxo de resina foi determinado por meio da metodologia de microrresinagem aos 12 anos, que consiste em fazer uma pequena incisão entre a casca e o câmbio da árvore e, posteriormente, alocar um tubo Falcon cortado e envolvido com um saco plástico por 24 horas para a determinação do fluxo de resina. Em laboratório a resina foi pesada. Após a pesagem, os valores de resina por árvore foram submetidos às análises genéticas-estatísticas, por meio do programa SELEGEN- REML/BLUP. Foram aplicadas para predição dos ganhos genéticos de seleção, sendo quatro métodos (individual, entre, dentro e combinada) e cinco intensidades de seleção (2%, 5%, 10%, 25% e 50%). O fluxo médio de resina foi 1,58 gramas, sendo os valores mínimo de 0,01 e máximo de 9,95 gramas. Observou-se diferenças entre as progênies para o fluxo de resina ao nível de 5% de probabilidade. O cenário de seleção que possibilitou maior diversidade genética para manter o tamanho efetivo populacional (N_e) foi a estratégia dentro de progênies, sendo adequada quando o objetivo do melhoramento for a conservação genética. Contudo, pelas curvas de otimização de seleção a estratégia que possibilitará maiores ganhos de seleção é a seleção individual com ganho de 5,66% e diversidade genética de 0,37%. O teste de progênies de *Pinus elliottii* var. *elliottii* apresenta variabilidade significativas para fluxo de resina e formação de pomares de sementes por mudas e clonais com ganhos genéticos significativos a serem explorados.

Palavras-chave: silvicultura; melhoramento genético florestal; progresso genético.

Agradecimentos: À CAPES-pela bolsa de pesquisa aos três primeiros autores, à FAPESP-pela bolsa de doutorado ao quarto autor, ao CNPQ pela bolsa de produtividade em pesquisa ao quinto e oitavo autor e ao Funpinus, EMBRAPA, IPA e a empresa PINARA pelo suporte prestado.

PROPAGAÇÃO VEGETATIVA DE MANGABEIRA UTILIZANDO A TÉCNICA ALPORQUIA

Helenice Moura Gonçalves^{1*}; Fabiana de Gois Aquino¹; Eli Regina Barboza de Souza²; Bruno dos Santos Tiago²; Alberto Magno de Faria Neto².

¹Embrapa Cerrados; ²Universidade Federal de Goiás; *helenice.goncalves@embrapa.br

A mangabeira (*Hancornia speciosa* Gomes) é uma espécie nativa dos biomas Amazônia, Cerrado e Mata Atlântica, a qual apresenta seis variedades botânicas com características morfológicas definidas: *speciosa*; *cuyabensis*; *pubescens*; *gardneri*; *lundii* e *maximiliani*. De grande relevância para as comunidades extrativistas do Cerrado, sua cadeia produtiva necessita de investimentos quanto à cultivares, aprimoramento e otimização de sistemas produtivos e de métodos de propagação vegetativa em larga escala e sazonalidade da produção. Este trabalho teve como objetivo a utilização da alporquia para a produção de mudas clonadas de matrizes de mangabeira. O experimento foi realizado na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, em maio de 2022. Foram selecionadas dez plantas de duas variedades botânicas da espécie: cinco matrizes de *gardneri* e cinco matrizes de *pubescens*. Obteve-se material a partir de ramos semilenhosos, e deu-se preferência por aqueles sem frutos. Os ramos foram anelados com auxílio de um alicate de alporquia, e no local aplicado um dos três tratamentos: T1 (testemunha com 5 mL/água destilada); T2 (5 mL/AIB concentração de 9 mg L⁻¹) e T3 (5 mL/ANA concentração de 9 mg L⁻¹). O experimento foi conduzido com três repetições de cada tratamento, totalizando nove alporques por matriz. O local anelado foi envolvido por sacos pretos, contendo substrato esfagno umedecido, fechados com barbante e fita adesiva resistente. Após 60 dias, os alporques receberam reaplicação de água destilada e dos hormônios. Na estação seca, a cada 15 dias, os alporques recebiam 15 ml de água destilada. Aos 335 dias os alporques foram avaliados individualmente para verificação de primórdios radiculares e emissão de raízes. A variedade *pubescens* apresentou 51,1% de emissão de primórdios radiculares e 15,5% de densidade de raízes independente do tratamento aplicado. Enquanto, *gardneri* apresentou 44,4% de emissão de primórdios radiculares e 13,3% de densidade de raízes. Independentemente das variedades, o enraizamento das plantas foi maior na ausência de regulador vegetal/T1 (33,3%) seguido do tratamento AIB/T2 (10%). A propagação vegetativa em mangabeira via alporquia é promissora para as variedades estudadas, sendo que *pubescens* apresentou maior percentagem de enraizamento.

Palavras-chave: *Hancornia speciosa*; clonagem; enraizamento; frutífera nativa.

SABER LOCAL NA IDENTIFICAÇÃO DE PLANTAS MEDICINAIS PRIORITÁRIAS PARA A CONSERVAÇÃO *in situ* EM REMANESCENTES DE CERRADO DA APA POUSO ALTO, CAVALCANTE DE GOIÁS, BRASIL

Eduardo Nogueira Cavalcanti^{2*}; Marcio Junior Pereira¹; Eliane Rosa de Deus¹; Andreia Juliana Rodrigues Caldeira¹; Josana de Castro Peixoto^{1,2}.

^{1,2}Universidade Estadual de Goiás - LabSACER-; ¹Universidade Estadual de Goiás; ²Universidade Evangélica de Goiás – LaPeBIO – Laboratório de Pesquisa em Biodiversidade;

*edwardr.cavalcanti@gmail.com

O Cerrado é uma das regiões mais ricas do Brasil quanto à diversidade de plantas medicinais, requerendo esforços para a conservação a exemplo da incorporação do conhecimento que as populações tradicionais detêm. É essencial a valorização do saber popular, haja vista que este possibilita conhecer melhor o uso das espécies nativas. Estudar a relação humana com os recursos naturais revelam práticas de manejo únicas, adquiridas com suas experiências na busca de sanar necessidades de povos ao longo do tempo. Este estudo visa identificar o repertório terapêutico local, bem como as espécies medicinais prioritárias para manejo e conservação *in situ*, através da percepção dos informantes e índice de prioridade de conservação. A área de estudo foi a comunidade do município de Cavalcante, em Goiás, na Área de Proteção Ambiental Pouso Alto, que engloba o Parque Nacional da Chapada dos Veadeiros. O acesso ao conhecimento local se deu por meio do uso de lista livre, entrevista semiestruturada e oficina participativa. Foram obtidos dados socioeconômicos e informações sobre plantas medicinais da região. Na análise da lista livre, foram identificadas 16 espécies medicinais nativas, arbustivas e herbáceas. Em análise do conhecimento local em relação ao gênero, idade e atividade profissional, constatou-se que as mulheres agricultoras conhecem mais plantas medicinais do que os homens agricultores ($Z(U) = 2,9100$; $p = 0,0045$) e que não existe diferença no conhecimento entre os homens agricultores e não agricultores ($Z(U) = 0,1607$; $p = 0,8243$). Na percepção dos informantes, as espécies (*Pterodon emarginatus*; *Hymenaea stigonocarpa*; *Stryphnodendron adstringens*; *Xylopia aromatica*; *Bowdichia virgilioides*; *Hancornia speciosa* e *Copaifera langsdorffii*) foram indicadas para estratégias conservacionistas. As pessoas são capazes de eleger espécies e diferenciar prioridades de conservação de plantas medicinais, mas a percepção delas nem sempre coincide com o ranking de prioridade baseado em dados científicos. Para a população, apenas uma delas, *P. emarginatus*, teria urgência quanto ao estabelecimento de estratégia de conservação. Combinar dados etnobotânicos, percepção da comunidade local e dados de disponibilidade ambiental das espécies pode ser uma ferramenta viável na busca em estabelecer espécies para estratégias de manejo e conservação *in situ*, uma vez que o manejo sustentável é uma necessidade atual frente à demanda de exploração dos recursos naturais.

Palavras-chave: conhecimento local; flora do Cerrado; sustentabilidade socioambiental.

Agradecimentos: Os autores agradecem à Fapeg e à UEG.

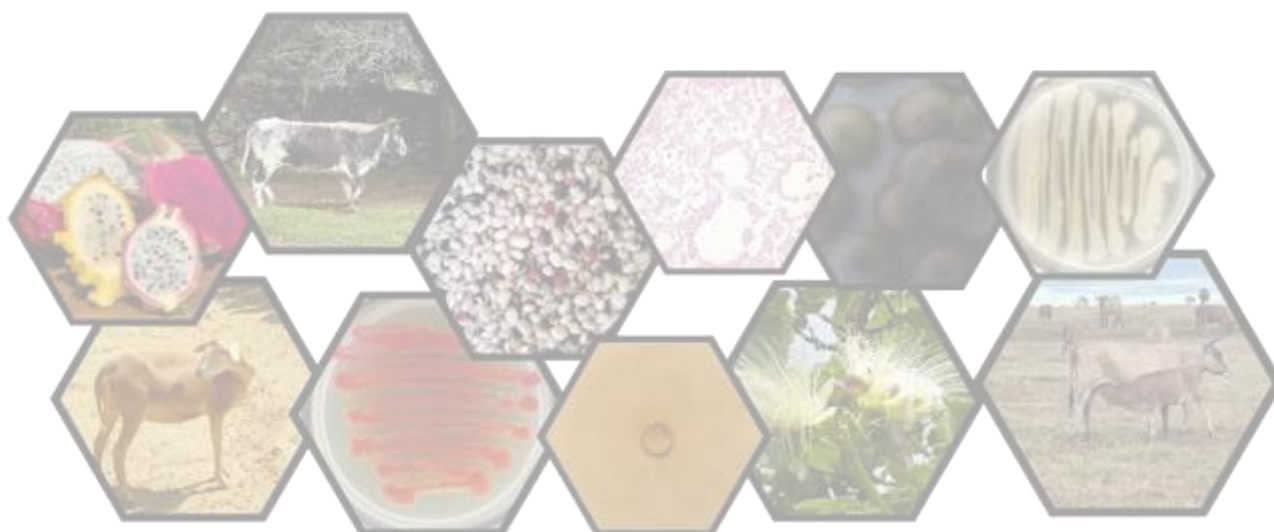
TECNOLOGIA DE IMAGEM NA IDENTIFICAÇÃO DO POTENCIAL PRODUTIVO DE GENÓTIPO DE MILHO ANTES DA MATURIDADE FISIOLÓGICA

Barbara Nascimento Santos^{1*}; Nartênia Susane Costa Aragão¹; Mário Sérgio Rodrigues Barreto¹; Jessica dos Santos Oliveira¹; Mikaely dos Santos Rosendo¹; José Jairo Florentino Cordeiro Junior²; Gustavo Hugo Ferreira de Oliveira².

¹Graduando (a) em Engenharia Agrônômica, Departamento de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe; ²Professor adjunto do Departamento de Engenharia Agrônômica do Sertão, Universidade Federal de Sergipe; *barbaranascimento2804@gmail.com

A fenotipagem de alto rendimento por imagem tem sido utilizada na agricultura como ferramenta tecnológica inovadora, tanto na conservação como na exploração de recursos genéticos. Este trabalho tem como objetivo criar e validar um protocolo de processamento de imagens obtidas por drone para identificação precoce de genótipos potenciais de milho. O trabalho foi implantado na Fazenda Experimental da Embrapa Semiárido, em Nossa Senhora da Glória – SE, em duas diferentes safras. O protocolo foi realizado na safra de 2021, onde se avaliou quatro genótipos de milho, em três espaçamentos (0,60; 0,70 e 0,80 m) dispostos em um delineamento de blocos casualizados (DBC), com quatro repetições, em esquema de faixas. Realizou-se 7 voos durante o ciclo da cultura (26; 43; 57; 62; 69; 75 e 107 dias após o plantio - DAP) com altitudes de 60 e 80 m. A validação foi conduzida na safra de 2022, avaliou-se 50 genótipos de milho, em um delineamento DBC, com duas repetições. Realizou-se voos com 27 e 46 DAP, a altitudes de 40; 60 e 80 m. Com as imagens RGB, foram extraídos 29 índices de vegetação selecionados a partir de suas repetibilidades. Verificou-se que os voos na altitude de 80 m apresentaram performances satisfatórias dos índices. Não obstante, percebeu-se que os índices selecionados entre os dois experimentos variaram, dessa forma, selecionou-se o índice TGI, que demonstrou boa reprodutibilidade. Observou-se a diferenciação precoce dos genótipos quanto a sua produtividade tanto no estabelecimento (em 43 DAP) quanto na validação do protocolo (em 27 DAP), por meio dos *Blups* temporais dos índices, ambos estando em estádios fenológicos iniciais da cultura para realização dos voos. Destaca-se a efetividade do uso de imagens aéreas na identificação de genótipos potenciais de forma rápida e não destrutiva, antes mesmo de atingir a maturidade fisiológica.

Palavras-chave: melhoramento vegetal; RGB; VANT's; *Zea mays* L.



III ENCONTRO DA REDE CENTRO-OESTE DE RECURSOS GENÉTICOS

Sobre o e-book

Tipografia: Edwardian Script ITC, Century Gothic
(Títulos), Georgia Pro, Georgia Pro
(Corpo), Times New Roman.

Publicação: Cegraf UFG
Campus Samambaia, Goiânia - Goiás
Goiânia - Goiás Brasil. CEP 74690-900
Fone: 3521-1358
<https://cegraf.ufg.br/>