

***I ENCONTRO DA SOCIEDADE BRASILEIRA  
DE MELHORAMENTO DE PLANTAS  
REGIONAL DF***

República Federativa do Brasil  
*Luiz Inácio Lula da Silva*  
Presidente

**Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**  
*Roberto Rodrigues*  
Ministro

**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária**

**Conselho de Administração**

*Luis Carlos Guedes Pinto*  
Presidente

*Silvio Crestana*  
Vice-Presidente

*Alexandre Kalil Pires*  
*Ernesto Paterniani*  
*Helio Tollini*  
*Marcelo Barbosa Saintive*  
Membros

**Diretoria-Executiva da Embrapa**  
*Silvio Crestana*

Diretores Executivos  
*José Geraldo Eugênio de França*  
*Kepler Euclides Filho*  
*Tatiana Deane de Abreu Sá*

**Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**

*José Manuel Cabral de Sousa Dias*  
Chefe-Geral

*Maurício Antônio Lopes*  
Chefe-Adjunto de Pesquisa e Desenvolvimento

*Maria Isabel de Oliveira Penteado*  
Chefe-Adjunto de Comunicação e Negócios

*Maria do Rosário de Moraes*  
Chefe-Adjunto de Administração

# ***Documentos*144**

## **I ENCONTRO DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE MELHORAMENTO DE PLANTAS REGIONAL DF**

**16 a 18 de novembro de 2005**

### **Comissão Organizadora**

Alessandra Pereira Fávero  
Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira  
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Eduardo Leonardecz Neto  
Universidade Católica de Brasília

Exemplares desta edição podem ser adquiridos na

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia  
Serviço de Atendimento ao Cidadão  
Parque Estação Biológica, Av. W/5 Norte (Final) –  
Brasília, DF CEP 70770-900 – Caixa Postal 02372 PABX: (61) 448-4600 Fax: (61)  
340-3624 <http://www.cenargen.embrapa.br>  
e.mail:sac@cenargen.embrapa.br

### **Comitê de Publicações**

**Presidente:** *Maria Isabel de Oliveira Penteado*

**Secretário-Executivo:** *Maria da Graça Simões Pires Negrão*

**Membros:** *Arthur da Silva Mariante*

*Maria Alice Bianchi*

*Maria de Fátima Batista*

*Maurício Machain Franco*

*Regina Maria Dechechi Carneiro*

*Sueli Correa Marques de Mello*

*Vera Tavares de Campos Carneiro*

**Supervisor editorial:** *Maria da Graça S. P. Negrão*

**Normalização Bibliográfica:** *Maria Alice Bianchi - Maria Iara Pereira Machado*

**Editoração eletrônica:** *Maria da Graça S. P. Negrão*

**Capa CD:** Altevir Carvalho Freitas

E 56 Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas Regional DF. Encontro (1 :  
2005 : Brasília, DF).

I Encontro da Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas Regional DF,  
16 a 18 de novembro de 2005 / organizadores Alessandra Pereira Fávero ...  
[et al.]. – Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005.

Xx p. – (Documentos / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia,  
ISSN 01020110; 144).

1. Melhoramento de plantas. I. Fávero, Alessandra Pereira. II. Título. III.  
Série.

631.52 CDD – 21.

## **Comissão Organizadora**

Alessandra Pereira Fávero  
Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira  
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Eduardo Leonardecz Neto  
Universidade Católica de Brasília

## PROGRAMA

<b>DIA 16/11/2005</b>	<b>Quarta-feira</b>
8:00 – 9:00	<b>Inscrição e Entrega de Material</b>
9:00 – 9:30	<b>Abertura Oficial</b> Ruy de Araújo Caldas Universidade Católica de Brasília José Manuel Cabral de Souza Dias Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia Alessandra Pereira Fávero Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
9:30 – 10:30	<b>Palestra de Abertura</b> <b>Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal no Distrito Federal e Entorno: Situação Atual e Perspectivas</b> Mauricio Antonio Lopes Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
10:30 – 11:00	Café
11:00 – 12:00	<b>Palestra</b> <b>Fomento à Pesquisa com Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal no Distrito Federal e Entorno</b> Izalci Lucas Secretário de Ciência e Tecnologia do Distrito Federal
12:00 – 14:00	Almoço
14:00 – 16:00	<b>Mesa Redonda I</b> <b>Recursos Genéticos Vegetais de Importância para o Distrito Federal e Entorno</b> <b>Moderador</b> Roberto Fontes Vieira Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia <b>Hortaliças</b> Leonardo da Silva Boiteux Embrapa Hortaliças <b>Fruteiras Nativas</b> Linda Styer Caldas Universidade de Brasília <b>Medicinais, Aromáticas e Condimentares</b> Jean Kleber Mattos Universidade de Brasília <b>Ornamentais</b> José Amauri Buso Embrapa Hortaliças <b>Amostragem em Recursos Genéticos Vegetais</b> Alexandre Siqueira Guedes Coelho Universidade Federal de Goiás
16:00 – 16:30	Café

16:30 – 17:15	<b>Palestra</b> <b>Legislação de Acesso ao Patrimônio Genético</b> Eduardo Vélez Martin Conselho de Gestão do Patrimônio Genético
17:15 – 18:00	<b>Palestra</b> <b>Sistema Brasileiro de Informações em Recursos Genéticos (SIBRARGEN)</b> Eduardo Vaz de Mello Cajueiro Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
<b>DIA 17/11/2005</b>	<b>Quinta-feira</b>
8:00 – 10:00	<b>Mesa Redonda II</b> <b>Intercâmbio de Germoplasma</b> <b>Moderador</b> Maurício Antonio Lopes Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia <b>Etapas do Processo de Intercâmbio na Embrapa</b> Cilas Camargo Pacheco Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia <b>Etapas do Processo de Quarentena na Embrapa</b> Marta Aguiar Sabo Mendes Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia <b>Etapas do Processo de Intercâmbio no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento</b> Girabis Evangelista Ramos Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento <b>Experiências em Processos de Intercâmbio na Empresa Pública</b> Paulo Eduardo de Melo Embrapa Hortaliças <b>Experiências em Processos de Intercâmbio na Empresa Privada</b> A definir
10:00 – 10:30	Café
10:30 – 11:15	<b>Palestra</b> <b>Melhoramento de tomate para resistência a doenças e qualidade nutricional</b> Leonardo de Brito Giordano Embrapa Hortaliças
11:15 – 12:00	<b>Palestra</b> <b>Recursos Genéticos e Melhoramento de Pseudocereais</b> Carlos Roberto Spehar Embrapa Cerrados
12:00 – 14:00	Almoço
14:00 – 16:00	<b>Mesa Redonda III</b> <b>Atividades de Pré-Melhoramento de Germoplasma Vegetal no</b>

	<p><b>Distrito Federal e Entorno</b></p> <p><b>Moderador</b> Luciano de Bem Bianchetti Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia</p> <p><b>Arachis</b> Alessandra Pereira Fávero Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia</p> <p><b>Citrullus</b> Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia</p> <p><b>Manihot</b> Rui Américo Mendes Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia</p> <p><b>Oryza</b> Márcio Elias Ferreira Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia</p> <p><b>Passiflora</b> Fábio Gelape Faleiro Embrapa Cerrados</p>
16:00 – 16:30	Café
16:30 – 17:15	<p><b>Palestra</b></p> <p><b>Alimentos Nutraceuticos</b> Damares de Castro Monte Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia</p>
17:15 – 18:00	Sessão de Pôster
<b>DIA 18/11/2005</b>	<b>Sexta-feira</b>
8:00 – 10:00	<p><b>Mesa Redonda IV</b></p> <p><b>Melhoramento Genético Vegetal para as Condições do Cerrado</b></p> <p><b>Moderador</b> Carlos Roberto Spehar Embrapa Cerrados</p> <p><b>Melhoramento de espécies forrageiras</b> Cláudio Takao Karia Embrapa Cerrados</p> <p><b>Perspectivas para o melhoramento genético de trigo</b> Walter Quadros Embrapa Cerrados</p> <p><b>Expansão da cultura do trigo no Cerrado</b> Júlio César Albrecht</p> <p><b>Melhoramento da soja</b> Plínio Itamar de Mello de Souza Embrapa Cerrados</p> <p><b>Melhoramento genético da manga</b> Alberto Carlos Queiroz Pinto</p>



	Embrapa Cerrados
10:00 – 10:30	Café
10:30 – 11:15	<b>Palestra</b> <b>Importância da Expansão da Cultura da Soja no Cerrado para o Agronegócio Brasileiro</b> Antonio Carlos Roessing Embrapa Soja
11:15 – 12:00	<b>Palestra</b> <b>Legislação Brasileira sobre Proteção de Cultivares</b> Gisele Ventura Garcia Grilli Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento
12:00 – 14:00	Almoço
14:00 – 16:00	<b>Mesa Redonda V</b> <b>Marcadores Moleculares nos Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal</b> <b>Moderador</b> David John Bertoli Universidade Católica de Brasília <b>Mapeamento genético em <i>Arachis</i></b> Márcio de Carvalho Moretzsohn Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia <b>An analysis of Resistance Gene Analogs in <i>Musa acuminata</i> var. Calcutta 4</b> Robert Neil Gerard Miller Universidade Católica de Brasília <b>SNPs no melhoramento vegetal. Onde estamos?</b> Rinaldo Wellerson Pereira Universidade Católica de Brasília <b>Desafios da integração genômica-melhoramento na área florestal</b> Dário Grattapaglia Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia <b>Biologia Computacional e Análise estatística de dados moleculares</b> Eduardo Leonardecz Neto Universidade Católica de Brasília
16:00 – 16:30	Café
16:30 – 18:00	Síntese do Encontro e Assembléia
18:00 – 18:30	Encerramento Oficial

## APRESENTAÇÃO

O Bioma Cerrado ocupa cerca de 24% do território brasileiro e quase 100% da área do Distrito Federal e Entorno, com uma biodiversidade de plantas estimada entre 5.000 a 7.000 espécies diferentes. No entanto, poucas dessas espécies são utilizadas e na maioria das vezes por meio do extrativismo. Além disto, a área original do Cerrado é reduzida consideravelmente a cada ano. Tais fatos levam a uma erosão genética e conseqüentemente a uma perda da variabilidade de várias espécies que podem ser utilizadas pelas populações locais e por grandes produtores.

Por outro lado, as pesquisas contribuíram para o avanço da fronteira agrícola no Cerrado, sendo atualmente o terceiro maior produtor de grãos do país além de possuir mais de 40% do rebanho nacional em virtude da seleção de forrageiras adaptadas às condições da região e ao desenvolvimento de técnicas de manejo do gado.

Sendo assim, o Bioma Cerrado apresenta grande potencial para a produção de alimentos seja para consumo interno seja para exportação, tanto de recursos genéticos autóctones quanto exóticos.

É primordial, contudo, que a comunidade científica do Distrito Federal e Entorno tenha uma oportunidade de firmar parcerias e programar atividades de pesquisa que sejam relevantes para o desenvolvimento socioeconômico local. Para tanto, propõe-se a realização do I Encontro da Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas – Regional DF, cujo tema é Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal no Distrito Federal e Entorno. O evento será realizado na Universidade Católica de Brasília, no período de 16 a 18 de novembro de 2005, com o apoio da Embrapa e suas Unidades Descentralizadas (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Embrapa Cerrados e Embrapa Hortaliças).

## **Objetivo Geral**

Reunir a comunidade científica que trabalha na área de Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal na região do Distrito Federal e Entorno para discutir temas de interesse, divulgar as pesquisas realizadas, debater assuntos relevantes da área, incentivar a formação de parcerias e contribuir para a formação de novos recursos humanos.

## **Objetivos Específicos**

Divulgar a Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas no Distrito Federal e Entorno;

Apresentar pesquisas realizadas na área de Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal nas instituições de pesquisa do Distrito Federal e Entorno;

Discutir temas relevantes e polêmicos da área de Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal;

Identificar demandas da Comunidade Científica da região na área de Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal;

Incentivar o ingresso de novos membros na Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas e a publicação na revista da SBMP (*Crop Breeding and Applied Biotechnology*).

*Palestras*

## **A PESQUISA EM RECURSOS GENÉTICOS E MELHORAMENTO VEGETAL - SITUAÇÃO ATUAL E PERSPECTIVAS -**

Maurício Antônio Lopes, PhD  
Chefe Adjunto de P&D  
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia  
Av. W5 Norte - Final - Plano Piloto, 70770-900 - Brasília, DF - Brasil

### **1. Introdução**

A pesquisa em recursos genéticos e melhoramento vegetal é atividade das mais relevantes do sistema de inovação agropecuária no país, tendo produzido resultados que contribuíram significativamente para os principais ganhos qualitativos e quantitativos alcançados pela agricultura brasileira ao longo das últimas décadas. Apesar do grande sucesso dos programas de recursos genéticos e melhoramento vegetal no país, muitos eventos têm modificado o equilíbrio deste segmento de inovação, alterando as relações entre a oferta e a demanda de insumos e tecnologias. Estes eventos incluem: a) a implementação do novo arcabouço legal de proteção do conhecimento, representado pelas legislações de propriedade industrial (patentes) e proteção de cultivares, na segunda metade dos anos 90, e, mais recentemente, pela implementação da legislação de acesso ao patrimônio genético nacional; b) os avanços nas técnicas biotecnológicas, incluindo os marcadores moleculares, a engenharia genética e, mais recentemente, a genômica e vertentes de inovação associadas (proteômica, bioinformática, etc); c) a dinâmica do mercado de cultivares que, em função do crescimento da agricultura brasileira e da abertura de novas perspectivas tecnológicas se torna a cada dia mais sofisticado e competitivo; d) o processo de integração industrial influenciado pela revolução biotecnológica, levando a uma crescente participação de conglomerados transnacionais no mercado nacional de sementes e, e) o intenso processo de reorganização do estado brasileiro, verificado ao longo dos anos 90, que tem gerado desafios e pressões consideráveis para as instituições dedicadas à Ciência, Tecnologia e Inovação no Brasil.

O conjunto desses eventos modifica as relações, o desempenho e o espaço que as instituições públicas e privadas ocupam neste segmento de inovação tecnológica e induzem uma reflexão mais aprofundada sobre quais desdobramentos e impactos poderão ser provocados nas atividades de desenvolvimento de cultivares e produção de sementes, que são vitais para o desempenho e a competitividade da economia do país. Para se posicionarem em um ambiente de crescente complexidade as organizações de pesquisa e seus programas de recursos genéticos e desenvolvimento de cultivares vão demandar informações acerca da evolução futura dos eventos que estão promovendo mudanças no desempenho do setor. Tal conhecimento será essencial para possibilitar às organizações a elaboração de estratégias de re-configuração da sua prática de melhoramento genético de plantas, permitindo ajustes em estruturas, métodos e capacidades, ocupação de novos nichos e busca de novas oportunidades em resposta a possíveis trajetórias futuras do setor.

Este trabalho apresenta uma análise dos novos conhecimentos e fronteiras para a pesquisa agrícola, com ênfase nos desafios para a pesquisa em recursos

genéticos e melhoramento vegetal. A abordagem se concentrará na trajetória e estado atual da atividade e em necessidades futuras de aprimoramento e incorporação de métodos, além de formação e composição de competências essenciais que garantam um posicionamento competitivo do país neste importante segmento de inovação tecnológica.

## **2. Grandes Desafios para a Pesquisa em Recursos Genéticos e Melhoramento Vegetal no Brasil**

O esforço de pesquisa em recursos genéticos e melhoramento vegetal no Brasil gerou ganhos extraordinários, como o desenvolvimento de cultivares que atenderam às necessidades de uma agricultura em expansão, agregando produtividade, diversidade, adaptação a estresses bióticos e abióticos, possibilidades de modernização dos sistemas de cultivo como mecanização e plantio direto, etc. É preciso no entanto que se avalie o futuro da pesquisa em recursos genéticos e melhoramento vegetal frente ao avanço muito rápido do conhecimento nos campos da biotecnologia moderna e da tecnologia da informação, levando ainda em conta o grande crescimento nas expectativas da sociedade em relação a aspectos como meio ambiente, segurança alimentar, etc. O desenvolvimento tecnológico está na ordem do dia e ocupa espaço considerável na mídia e nas discussões de interesse da sociedade (vide discussões em torno da biossegurança e clonagem terapêutica). Isso traz desafios consideráveis para as organizações de inovação tecnológica que, em certa medida, dão tratamento excessivamente acadêmico e disciplinar aos problemas da sociedade. A realidade é que, cada vez mais, essas organizações serão forçadas a migrar de um modelo de atuação disciplinar e pontual, para um modelo de operação mais complexa, alinhando múltiplas disciplinas e competências, em redes de inovação que as permitam tratar problemas de natureza cada vez mais complexa.

Os programas pesquisa em recursos genéticos e melhoramento vegetal deverão inevitavelmente se ajustar a esta lógica, incorporando capacidade para tratar desafios multi e transdisciplinares, como a promoção do uso mais sustentável da base de recursos naturais, a superação de barreiras para acesso a mercados, a busca de soluções para os problemas decorrentes das mudanças climáticas globais, que levarão a significativa intensificação de estresses térmicos, hídricos e nutricionais nos trópicos; a promoção da competitividade dos nossos produtos nos aspectos qualidade e segurança para o mercado interno e para alcance e manutenção de mercados internacionais.

### **2.1. Sustentabilidade de Sistemas**

Hoje, há a necessidade premente de se produzir volumes crescentes de alimentos e matérias-primas e de se gerar superávits econômicos que aumentem a capacidade de investimentos do país. Não há dúvidas de que o agronegócio brasileiro se definirá, cada vez mais, pela capacidade do país incorporar, de forma contínua, inovações tecnológicas que permitam atender às crescentes demandas do mercado interno e desafiar os subsídios dos competidores e a tendência histórica de preços decrescentes no mercado internacional de produtos agrícolas. Em futuro próximo, as inovações demandadas da pesquisa agropecuária terão que propiciar a incorporação de avanços simultâneos nas vertentes da produtividade e da

qualidade, com uma velocidade comparável ou superior à velocidade de avanço tecnológico dos competidores.

No entanto, é provável que uma avaliação cuidadosa da economicidade dos sistemas de produção nos países em desenvolvimento venha mostrar que os insumos ambientais, isto é, os recursos naturais (água, solo, biodiversidade, etc) e os serviços ambientais (reciclagem de materiais, produção de água, qualidade da atmosfera, etc) utilizados na produção do agronegócio brasileiro estejam sendo sub-remunerados. Isso decorre entre outras coisas das distorções de preços no agronegócio provocadas pelos subsídios oferecidos pelos países desenvolvidos aos seus produtores. É, portanto, necessário para se garantir a sustentabilidade futura da atividade produtiva que se invista em conhecimento científico e tecnológico que permita desenvolver sistemas de produção inovadores, voltados para o aumento da produtividade dos recursos naturais e serviços ambientais utilizados pelo agronegócio. Isso implica não só na intensificação dos sistemas de produção pelas vias clássicas, mas também na busca de rotas tecnológicas inovadoras, no que diz respeito aos modelos e estratégias de produção, materiais utilizados, insumos, etc.

## **2.2. Qualidade e Funcionalidade de Alimentos e Matérias Primas**

A pesquisa em recursos genético e melhoramento vegetal voltados para a produção de alimentos deverá se concentrar cada vez mais na promoção da segurança alimentar, da saúde e da prevenção de doenças. A integração dos conceitos de alimentação-nutrição-saúde aparenta ser um caminho inevitável visto que a insistência no “paradigma da cura”, fundamentado nos avanços da medicina e da indústria farmacêutica, mostra ineficiência diante da persistência da exclusão e da pobreza em grande parte do globo, além de fadiga diante das mudanças demográficas (aumento da idade média das populações) e consequente exaustão dos sistemas de saúde e seguridade social, até nos países desenvolvidos.

A gradual migração para um paradigma de prevenção de doenças e males demandará que os alimentos, cada vez mais, se adequem às necessidades da legião de excluídos nos países em desenvolvimento (alimentos biofortificados com vitaminas, sais minerais e proteínas de melhor qualidade), às mudanças demográficas (população cada vez mais idosa) e ao aumento de performance em várias funções (física, intelectual, etc). O melhoramento genético e atividades relacionadas deverão, ainda, se concentrar em desenvolvimento de alimentos e matérias primas que aliem conveniência com alta qualidade, que possam ser disponibilizados com rapidez na forma adequada para consumo, que tenham longa vida de prateleira com alta qualidade, que produzam um mínimo de resíduos, que permitam fabricação a baixo custo, com alta produtividade e qualidade; etc.

## **2.3. Especialização e Diversificação da Agricultura**

Conforme aumenta o interesse por diversificação e agregação de valor à agricultura, na forma de novos alimentos, fibras, aromas, biomateriais e outras matérias primas aplicáveis a diversos ramos industriais, o interesse do melhoramento genético se voltará inevitavelmente para a biodiversidade, buscando diversificação de espécies, sistemas e processos. Muitas funções biológicas importantes, adequadamente estudadas e conhecidas através da genômica,

poderão ser mobilizadas entre diferentes espécies e gradualmente incorporadas à agricultura.

A Biotecnologia Moderna, conforme suas primeiras conquistas estão indicando, pode estabelecer uma base científica e tecnológica radicalmente nova, que vai muito além da atual transgenia aplicada às *commodities*. Entre as principais rotas que a biotecnologia deve abrir devem estar o domínio dos processos metabólicos dos organismos (plantas, animais e microrganismos) e seu direcionamento para a produção de materiais e substâncias de alto valor agregado, direcionados para usos não-alimentares (usos médicos, farmacêuticos, nutricionais e industriais). Em um cenário como esse, é plausível que o agronegócio dos países desenvolvidos, cujo dinamismo hoje está praticamente exaurido e suportado à custa de subsídios e barreiras aos mercados, ganhe nova dinâmica competitiva, colocando sob grande risco a competitividade do agronegócio brasileiro.

### **3. Conclusões e Recomendações**

- A pesquisa em recursos genéticos e melhoramento vegetal é vertente das mais relevantes do sistema de inovação agropecuária no país, seja do setor público ou privado. Apesar destes esforços terem gerado significativos ganhos quantitativos e qualitativos para o agronegócio brasileiro, diversos eventos têm modificado o equilíbrio deste setor de inovação ao longo da última década. Eventos relevantes são a aprovação e implementação do novo arcabouço legal de proteção à propriedade intelectual, os avanços nas técnicas biotecnológicas aplicadas ao melhoramento genético, o crescimento econômico do mercado de cultivares, a crescente participação de conglomerados multinacionais no mercado de sementes, e a gradual perda de capacidade das instituições de C&T no Brasil. O conjunto desses eventos modifica as relações, o desempenho e o espaço que as instituições públicas e privadas ocupam neste segmento de inovação tecnológica. Há necessidade de cuidadosa análise dos impactos desses eventos na pesquisa, visto que esta atividade tem estreita conexão com o desempenho e a competitividade do agronegócio brasileiro.
- A configuração futura dos programas de pesquisa em recursos genéticos e melhoramento vegetal deverá ser moldada pelo avanço muito rápido do conhecimento em campos como a biotecnologia moderna e a tecnologia da informação, além de influenciada pelo grande crescimento de expectativas da sociedade em relação a segurança alimentar e ambiental. As instituições de pesquisa deverão inevitavelmente se ajustar a esta nova lógica, incorporando capacidade para tratar desafios cada vez mais complexos, como a promoção do uso sustentável da base de recursos naturais, a superação de barreiras para acesso a mercados, a antecipação de soluções para os problemas decorrentes das mudanças climáticas globais, que levarão a significativa intensificação de estresses térmicos, hídricos e nutricionais nos trópicos; a diversificação e especialização dos nossos produtos - para competitividade no mercado interno e para alcance e manutenção de mercados internacionais.
- Os grandes avanços da Biologia abrem significativas possibilidades para potencialização do uso da imensa variabilidade genética existente na biodiversidade, nos bancos de germoplasma e nos acervos de trabalho dos



melhoristas. A pesquisa em recursos genéticos e melhoramento vegetal poderá ampliar sua funcionalidade, desenvolvendo, em adição a coleções de base ampla, populações, linhas e cultivares comerciais, recursos genéticos adequados à caracterização de funções biológicas importantes e descoberta de mecanismos, processos e ferramentas biotecnológicas (genes, promotores, etc) que possam realimentar e dinamizar os próprios programas de melhoramento. Esta ampliação de utilidade dos recursos genéticos e do melhoramento vegetal dependerá da visão e capacidade dos profissionais envolvidos na atividade de transitarem em múltiplos ambientes de inovação, oferecendo e buscando soluções muito além da visão convencional deste setor de inovação.

# SISTEMA BRASILEIRO DE INFORMAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS – SIBRARGEN

CAJUEIRO, E. V. de M. e COSTA, I. R. S.

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília – DF, Brasil. cajueiro@cenargen.embrapa.br

## 1. Introdução

A demanda inicial, para o desenvolvimento do Sibrargen, foi gerada no âmbito dos recursos genéticos com objetivo de organizar, agrupar, categorizar e padronizar dados e informações produzidas nas atividades com germoplasma vegetal. Em 1996 iniciou o trabalho de reengenharia do sistema existente, aliando tecnologias e conceitos modernos, utilizados em sistemas semelhantes, como o *Germplasm Resources Information Network* - GRIN, do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos, do qual foi contratado um consultor para avaliar o projeto do Cenargen, hoje denominado Sibrargen. O banco de dados do sistema é centralizado e formado por bases temáticas, complementares e inter-relacionadas com informações sobre passaporte, taxonomia, intercâmbio, quarentena, caracterização, avaliação, coleta, Colbase, coleção in vitro, Bancos de Germoplasma - BAG e usos. Para tanto, é utilizado um conjunto de tecnologias integradas: sistemas de informação, banco de dados, rede de comunicação, EmbrapaSat e tecnologias da Internet como *homepage* e acesso ao banco de dados via WEB. No entanto, como na Embrapa a maioria dos curadores está também envolvida com o melhoramento, foi necessário adequar o sistema para atender, embora em parte, estes pesquisadores. É utilizado o conceito de "Passaporte Expandido" onde, além de consultas ao acervo do BAG o melhorista pode manejar dados e informações criando, no Sibrargen, coleções específicas com acesso restrito através de senha pessoal.

## 2. Banco de dados

O banco de dados do Sibrargen é centralizado e formado por bases de dados temáticas, complementares e inter-relacionadas. Estas bases de dados estão estruturadas para armazenar informações sobre os acessos que têm como elo 'identificador chave' o Código do Brasil. Este código é dado por gênero e formado pelo prefixo BRA- seguido de um número sequencial sendo que, o último algarismo é um dígito de controle. Por meio deste código é possível rastrear todas as informações geradas sobre o acesso como: taxonomia, denominações, outros códigos associados, procedências, forma de obtenção original, intercâmbio realizado, locais de conservação, dados de caracterização e avaliação entre outros. Em face a algumas limitações como por exemplo o tamanho da equipe de desenvolvimento do sistema, foi priorizado a criação das bases de dados de recursos genéticos vegetais

### **3. Dados de passaporte**

Existe um conjunto de informações que necessitam ser obtidas e/ou resgatadas e incorporadas ao acesso que são os dados de passaporte (Lleras 1988). Nestes se incluem: identificação de gênero e/ou espécie, denominações, siglas e códigos, forma de obtenção original (pré-melhoramento, melhoramento, coleta, introdução, procedimentos biotecnológicos como OGM, mutações naturais ou induzidas etc.), unidade da federação, município e coordenadas geográficas do local de coleta ou de onde foram realizados os cruzamentos, número do(s) coletor(es), posição de aperfeiçoamento (se raça local, espécie silvestre, híbrido, linhagem, clone etc.) e país e instituição de procedência. No Sibrargen é utilizado o conceito de dados de passaporte expandido, onde além das informações mencionadas existe espaço para: formas de conservação, usos do acesso e dados complementares, se fazem parte ou não da coleção de base ou de coleção nuclear, se foi realizado algum tipo de caracterização ou avaliação para componentes do rendimento e estresse causado por fatores bióticos ou abióticos. Galwey (1995) em artigo sobre verificação e validação da representatividade em uma coleção nuclear comentou: “bons dados de passaporte, provavelmente, não têm rivais como fonte concisa, reveladora e de baixo custo de informações sobre os acessos”. É importante que curadores e pesquisadores ao fazerem circular germoplasma se empenhem em obter e registrar os dados de passaporte originais do acesso. Ao adotar este procedimento, isto é, resguardar os nomes, os códigos e as siglas originais, as duplicações de acessos poderão ser evitadas e economia de tempo e de dinheiro realizadas. Costa & Morales (1994), ao fazerem o inventário das coleções de mandioca no Brasil e o levantamento dos acessos conservados verificaram, com base nos dados de passaporte, que dos 4.300 acessos existentes, 30% eram duplicações. Valls & Lopes (1994), tratando da diversidade de recursos genéticos de amendoim forrageiro, e Paganella & Valls (2002), em artigo sobre caracterização morfológica de cultivares e acessos selecionados de *Arachis pintoi* forneceram um exemplo contundente sobre a importância de se manter a(s) denominação(es) original(is) do acesso. Relataram o caso do acesso de *Arachis pintoi*, coletado por Geraldo Pinto, em Cruz das Almas - BA, à medida que foi sendo compartilhado com diferentes instituições de pesquisa no Brasil, Argentina, Estados Unidos, Austrália, Índia, Colômbia, Etiópia e Honduras, foi recebendo siglas e denominações diferentes gerando assim, duplicações desnecessárias apesar de se tratar de uma planta autógama de propagação vegetativa.

### **4. Dados de conservação**

Na atividade de conservação, estão informações sobre conservação dos acessos armazenados em longo prazo nas câmaras no Cenargen, com dados sobre poder germinativo, data de armazenamento, número de sementes armazenadas, número de sementes retiradas, teor de umidade indicação de localização nas câmaras de espera, secagem e fria, Informações sobre sanidade, tratamentos, multiplicação e/ou regeneração do acesso, empacotamento etc. Na parte de *in vitro* com informações sobre tipo de explante, meio de multiplicação e cultura, número repicagens, número de tubos por acesso, localização da estante e prateleira, temperatura da câmara etc. Em relação aos bancos de germoplasma com

informações sobre o manejo adotado e registro dos dados de caracterização e avaliação.

## **5. Dados de caracterização e avaliação**

Os dados de caracterização estão sempre associados a um dado acesso e seus descritores são aqueles de alta herdabilidade e não influenciados pelo ambiente, sejam eles morfológicos, genéticos, reprodutivos etc. Na base de dados os descritores são organizados 'de baixo para cima e de fora para dentro', isto é, descritores de raízes até descritores de folhas no sentido vertical e descritores de flores, frutos e sementes no sentido horizontal. A entrada dos valores observados para cada descritor é independente desta ordem, no entanto, a recuperação das informações ou na emissão de relatórios de consultas, os resultados são apresentados de forma sistemática. Primeiro os de raízes, se houver, depois os de caule, folhas etc. O sistema permite que fotos dos descritores sejam mostradas. Esta facilidade evita interpretações errôneas a respeito do descritor, como cor, formato de folhas, identificação de peças florais etc. Os dados e informações de avaliação também estão associados ao acesso. No entanto, como a avaliação é resultado da interação do genótipo com o ambiente, o local ou locais e as condições em que a(s) avaliação(es) foi(ram) realizada(s) são registrados. Um acesso pode ser avaliado em um ou mais ambientes ou, em um só ambiente com variação nos tratamentos. O sistema permite registrar de forma segura os dados obtidos nas condições descritas tanto, para descritores associados aos componentes do rendimento quanto, aqueles causados por estresses bióticos ou abióticos.

## **6. Dados de intercâmbio**

Os dados de intercâmbio estão relacionados à movimentação do acesso, um conjunto deles ou de outros materiais para a pesquisa. Esta movimentação pode ser de exportação, trânsito interno ou importação e, normalmente, envolve ações em dois escopos. Um, com procedimentos técnico-burocráticos relacionados a solicitações, relação dos materiais, abertura de processo, protocolo de entrada e saída, nome e endereço do solicitante e do destinatário, preparo do acordo de transferência de material etc., e outro, relacionado com procedimentos técnico-científicos, como emissão de parecer técnico, laudo sanitário, recomendação e uso de metodologias de identificação e/ou controle de pragas e doenças sugeridas pela equipe de quarentena e específicas para cada produto.

## **7. Módulo Banco de Germoplasma (Módulo BaG)**

BaG é o módulo do Sibrargen para o manejo dos dados gerados nos bancos de germoplasma e/ou coleções localizados nas unidades descentralizadas da Embrapa e de instituições parceiras. Inclui dados de passaporte, intercâmbio, conservação, caracterização e avaliação. A versão atual permite a entrada de descritores, de valores observados para cada descritor e o manejo das informações de caracterização e avaliação registradas. O Módulo BaG pode ser acessado pela Internet e, no caso das unidades descentralizadas da Embrapa, também pelo EmbrapaSat . Sua base de dados é centralizada, localizada em Brasília – DF, na

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, com alimentação e manutenção descentralizada realizada pelos curadores e pesquisadores responsáveis pelos BaG e/ou coleções por meio de senha individual.

## 8. Uso do Sibrargen

Uma das razões mencionadas por van Sloten (1987) para explicar o baixo uso do germoplasma conservado em nível mundial, é a falta de informação sobre o acervo e mesmo quando ela está disponível é inadequada ou insuficiente. Através do Sibrargen é possível integrar em um só banco de dados, todas as informações geradas nas atividades com recursos genéticos realizadas nos bancos de germoplasma ou coleções específicas e, facilitar uso destas informações por pesquisadores da academia, da extensão rural, do melhoramento de plantas, fitotecnistas, indigenistas além, dos próprios curadores em suas atividades diárias. Espera-se em um futuro próximo a adesão de outras instituições de pesquisa, mantenedoras de bancos de germoplasma e/ou coleções.

## Bibliografia Consultada

COSTA, I. R. S.; MORALES, E. A. V. Cassava Genetic Resources in South América. 1<sup>st</sup> Meeting of the International Network for Cassava Genetic Resources. p. 16-20. IPIGRI, 1994.

GLAWAY, N. W. Verifying and validating the representativeness of a core collection. In: HODKING, T.; H. D.; VAN HINTUM, T. J. L.; MORALES, E. A. V. (Eds. ) **Core collections of plant genetic resources**. New York: John Wiley & Sons, 1995, p.87-198.

LLERAS, E., 1988. Coleta de recursos genéticos vegetais. In: ENCONTRO SOBRE RECURSOS GENÉTICOS, 1., 1988. Anais...UNESP/EMBRAPA-CENARGEN, Jaboticabal, Brasil. p.23-42.

PAGANELLA, M. B.; VALLS, J. F. M. Caracterização morfológica de cultivares e acessos selecionados de *Arachis pintoi* Krapov. & Gregory. **Pasturas Tropicales**, v.24, n.2, p.23-30, 2002.

van SLOTEN, D. H. The role of curators, breeders and other users of germplasm in characterization and evaluation of crop genetic resources. IBPGR/SEAN (Special Issue): 3-8, 1987.

VALLS, J. F. M.; LOPES, C. R. Genetic resources of forage *Arachis* genetic diversity. In: KERRIDGE, P. C.; HARDY, B. (eds). **Biology and Agronomy of Forage Arachis**. Cali: CIAT, 1994. (chapter 3, p. 28-42).

## MELHORAMENTO GENÉTICO DO TOMATEIRO PARA RESISTÊNCIA A DOENÇAS E QUALIDADE NUTRICIONAL

Leonardo de Britto Giordano<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Hortaliças, C. Postal 218, 70359-970 Brasília DF.

O agronegócio tomate reveste-se de grande importância econômica, social e alimentar para a população brasileira. Anualmente, cultiva-se uma área de aproximadamente 58 mil hectares produzindo-se cerca de 3,4 milhões de toneladas. Deste total 65% destina-se ao consumo *in natura* e 35% ao processamento industrial. O valor anual da safra é estimado em cerca de US\$ 817 milhões. O tomate para mesa ocupa mais de 40 mil hectares, distribuídos, principalmente, nos Estados de São Paulo, Minas Gerais, Rio de Janeiro, Bahia, Pernambuco, Santa Catarina e Espírito Santo. A produção de tomate para processamento concentra-se, principalmente em Goiás, Minas Gerais e São Paulo onde são cultivados cerca de 18 mil hectares. No Estado de Goiás cultiva-se 60% da área nacional de tomate para processamento e produz-se 65% da safra nacional.

O mercado de sementes de tomate é de aproximadamente US\$ 11 milhões, representando cerca de 25% do total de sementes de hortaliças comercializadas, que atualmente é estimado em US\$ 44 milhões.

Nos últimos anos, presenciou-se uma acentuada desarticulação do sistema nacional de pesquisa com tomateiro no país. Como resultado, ocorreu uma intensa desnacionalização das cultivares e as sementes passaram, na sua quase totalidade, a serem importadas de outros países. O dispêndio com o item semente das cultivares destinadas ao consumo *in natura*, representava na década de 1980 cerca de 2% do custo de produção, hoje representa cerca de 20%. No segmento de tomate para consumo *in natura*, a cultivar Santa Clara desenvolvida pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), que durante aproximadamente uma década dominou o mercado de sementes, foi quase totalmente substituída por híbridos importados, cujo custo das sementes variam de R\$ 150,00 a R\$ 400,00 por mil sementes. No segmento de tomate para processamento, a cultivar IPA 5 desenvolvida pela Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária (IPA), líder de mercado durante a década 1980 até meados da década de 1990, foi também substituída por híbridos importados, cujo custo é de aproximadamente US\$ 3,5 por mil sementes.

Esta substancial alteração do panorama varietal tem causado freqüentes prejuízos econômicos para o agronegócio de tomate. No segmento de tomate para consumo *in natura*, a produção vem sendo maciçamente conduzida empregando híbridos importados, que muitas vezes apresentam sérios problemas de adaptação às condições brasileiras. Além disso, as sementes importadas são potenciais veículos de patógenos e/ou variantes de patógenos ainda não descritos no Brasil.

Diferentes espécies do gênero *Lycopersicum* vêm sendo utilizadas em programas de melhoramento, visando à introgressão de genes que conferem resistência a pragas e doenças, melhoria na qualidade dos frutos e tolerância a solos salinos (GIORDANO et al., 2003). Na Tabela 1, encontram-se relacionadas oito diferentes espécies de *Lycopersicum* e as principais contribuições e potencialidades de cada uma para os programas de melhoramento de tomate.

**Tabela 1.** Principais contribuições e potencialidades genéticas de cada espécie para programas de melhoramento do tomateiro.

Espécie	Principais resistências/tolerâncias e características de cada espécie
<i>L. peruvianum</i>	<i>Alternaria solani</i> , <i>Fulvia (Cladosporium) fulvum</i> , <i>Fusarium</i> spp., <i>Pyrenochaeta lycopersici</i> , <i>Septoria lycopersici</i> , <i>Ralstonia solanacearum</i> , <i>Erysiphe cichoracearum</i> , Tobamovirus, Tospovirus, Geminivírus, <i>Meloidogyne</i> spp.
<i>L. pimpinellifolium</i>	<i>Fusarium</i> spp., <i>Stemphylium</i> spp., <i>Pseudomonas syringae</i> pv. tomato, <i>Ralstonia solanacearum</i> , <i>Corynebacterium michiganense</i> , <i>Fulvia (Cladosporium) fulvum</i> , Geminivírus, precocidade, altos teores de ácido ascórbico.
<i>L. cheesmani</i>	Fonte do gene <i>j-2</i> , tolerância à salinidade.
<i>L. parviflorum</i>	Precocidade, altos teores de açúcares Altos teores de açúcares e ácido ascórbico.
<b>L. chmielewskii</b>	
<i>L. pennellii</i>	Tolerância à seca, resistência a <i>Xanthomonas vesicatoria</i> , resistência a mosca-branca ( <i>Bemisia argentifolii</i> ) e a traça-do-tomateiro ( <i>Tuta absoluta</i> ).
<i>L. hirsutum</i>	Resistência a insetos, <i>Pseudomonas syringae</i> pv. tomato, <i>Meloidogyne</i> spp., <i>Septoria lycopersici</i> , <i>Pyrenochaeta lycopersici</i> , <i>Oidium lycopersicum</i> , <i>Leveillulla taurica</i> , Tobamovírus, tolerância ao frio. Tobamovírus, Geminivírus.
<b>L. chilense</b>	

**Fonte:** Giordano e Silva (1999)

As principais doenças que atacam o tomateiro em nossas condições são causadas por vírus (tospovirose, begomovirose, tobamovirose e potyvirose), bactérias (mancha-bacteriana, pinta-bacteriana, cancro e murcha-bacteriana), fungos (murchas, oídios, requeima, mancha foliar de estenfilio, septoriose e pinta-preta) e nematóides. O controle via cultivares resistentes vem sendo amplamente utilizado para algumas destas doenças. A grande maioria dos fatores de resistência é do tipo monogênica e dominante. Grande parte destes genes foi obtida a partir da introgressão usando o germoplasma de espécies selvagens via cruzamentos interespecíficos convencionais e/ou via manipulação *in vitro*.

Atualmente, o controle genético efetivo da murcha-bacteriana (*Ralstonia solanacearum*) e a mancha-bacteriana (*Xanthomonas* spp.) é um dos maiores desafios para os melhoristas que trabalham com tomate no Brasil. A ausência de boas fontes de resistência qualitativa para estas doenças tem dificultado o desenvolvimento de novas cultivares, não só no Brasil, mas também nos diversos programas de melhoramento existentes no mundo. Com a utilização de novas ferramentas da biotecnologia está sendo possível aprofundar os conhecimentos a respeito da variabilidade destes patógenos bem como a localização cromossômica dos fatores de resistência quantitativa para estas doenças, o que irá permitir um avanço mais consistente nesta área.

Mais recentemente, após a introdução de um novo biótipo de mosca-branca (*Bemisia tabaci* biotipo B), ocorreu um súbito aumento da incidência de *Begomovírus* em tomateiro ocasionando severos prejuízos para os produtores. Este grupo de vírus, apresenta uma alta taxa de recombinação genética, o que favorece o surgimento de novas espécies virais mais adaptadas, agressivas e com maior número de plantas hospedeiras. Para este grupo de vírus, as fontes de resistência com o gene *Ty-1*, amplamente utilizadas nos programas de melhoramento

conduzidos no exterior, têm-se mostrado pouco eficientes nas nossas condições. Entretanto, novas fontes de resistência detectadas no Brasil vêm se mostrando bastante efetivas contra diferentes isolados de *Begomovirus*, viabilizando o desenvolvimento de genótipos resistentes em escala comercial. Este último exemplo serve também para ilustrar a necessidade de se desenvolver programas de melhoramento diretamente focados para o país.

A necessidade sempre crescente de se utilizar novas ferramentas biotecnológicas para aumentar a eficiência dos processos de seleção tem onerado os programas de melhoramento, exigindo maiores investimentos no setor. Sem estes investimentos, nossa dependência por sementes importadas será cada vez maior. Israel e Holanda são dois exemplos bem sucedidos de países que, após maciços investimentos públicos e privados em melhoramento genético clássico e molecular desta hortaliça, vêm hoje colhendo dividendos no setor de produção de sementes melhoradas.

O fruto do tomateiro é uma das mais importantes fontes de vitamina C, pró-vitamina A e antioxidantes (licopeno e luteína), compondo a dieta de diferentes classes sociais em todas as regiões do país. O tomate e seus derivados tais como sucos, sopas, molhos e 'catchups' são as principais fontes de licopeno na dieta humana, sendo que a ingestão de licopeno presente no fruto do tomateiro é mais eficiente na prevenção de certos tipos de câncer do que a administração do licopeno purificado via cápsulas (BOILEU et al., 2003). Por este motivo a Embrapa vem desenvolvendo algumas combinações híbridas visando o desenvolvimento de genótipos resistentes a doenças e com qualidade de frutos. Recentemente, foram desenvolvidos híbridos com resistência a doenças e com melhor qualidade de frutos como os híbridos San Vito e Duradoro.

Existe no país grande necessidade de investimentos na área de melhoramento genético de cultivares, por meio do revigoramento dos programas públicos e privados. Para tal é necessário o treinamento de técnicos pelas universidades e escolas de agronomia, visando alavancar a criação de pequenas empresas voltadas para a produção de sementes de cultivares melhoradas. As parcerias público-privadas poderiam fortalecer o processo de estabelecimento de novas empresas com vistas ao desenvolvimento de novas cultivares que venham atender às expectativas de nossos produtores e consumidores.

### **Bibliografia Consultada**

- BOILEAU, T.W.; LIAO, Z.W.; KIM, S.; LEMESHOW, S; ERDMAN, J.W.; CLINTON, S.K. Prostate carcinogenesis in N-methyl-N-nitrosourea (NMU)-testosterone-treated rats fed with tomato powder, lycopene, or energy-restricted diets. *Journal of the National Cancer Institute*, v.95, n.21, p.1578-1586, 2003.
- GIORDANO, L.B.; ARAGÃO, F.A.S.; BOITEUX, L.S. Melhoramento genético do tomateiro. *Informe Agropecuário*, v.24, n.219, p.43-57, 2003.
- GIORDANO, L. B.; SILVA, C. Hibridação em tomate. In: Ed. BORÉM, A. (Ed.) *Hibridação Artificial de Plantas*. Viçosa: Editora UFV, 1999. p.463-480.



## **CARACTERIZAÇÃO, SELEÇÃO, OBTENÇÃO DE CULTIVARES E AMPLIAÇÃO DO GERMOPLASMA DOS PSEUDOCEREAIS QUINOA E AMARANTO NO BRASIL**

Carlos Roberto Spehar, Embrapa Cerrados, C. Postal 08223 CEP 73310-970 Planaltina, DF email: [spehar@cpac.embrapa.br](mailto:spehar@cpac.embrapa.br)

Recomendaram-se ao cultivo comercial a quinoa, cultivar BRS Piabiru, e o amaranto, cultivar BRS Alegria, fruto de trabalho pioneiro no Brasil. Para se atingir essa meta, foi necessário realizar introdução de germoplasma (linhagens e populações); seleção de progênies, obtenção de linhagens. Estas foram avaliadas em experimentos locais e regionais, selecionadas por rendimento e estabilidade; complementou-se por validação de tecnologia e fomento ao cultivo, além da interação com a pesquisa em alimentos, para encontrar formas de utilização e criar mercado. Esses pseudocereais tornam-se novas opções ao cultivo em sucessão, cuja demanda deverá crescer baseada na multiplicidade de usos e nos efeitos positivos sobre os sistemas de produção de grãos. A primeira fase do trabalho foi marcada pela obtenção de 1.100 e 300 acessos das duas espécies. Seleção adicional, baseada em populações originárias dos centros de origem e de cruzamentos naturais ocorridas no processo de avaliação, originou considerável número de acessos com características favoráveis ao rendimento de grãos e de biomassa. Os resultados obtidos neste projeto demonstram a necessidade de se continuar o trabalho, o qual depende de variabilidade genética. Na próxima fase, espera-se ampliar o banco de germoplasma em quinoa e amaranto para cerca de 2.000 acessos, com diversidade para ciclo (número de dias entre emergência e maturação) entre precoce (90-100 dias) a tardio (140dias), cor do caule, cor e tamanho da semente, tipo de inflorescência, elevados rendimentos de grãos e de biomassa. Cruzamentos naturais entre os cultivares pioneiros com outros acessos, nas avaliações experimentais, indicam segregação para cor da panícula, cor do caule, tipo e tamanho de inflorescência. Com as novas adições, o banco de germoplasma será acrescido em 600 acessos. Em ambas as espécies, a seleção tem sido conduzida por plantas individuais, seguida por avaliação de progênies. Esta tem sido realizada pelo método de fileiras por panículas, com autopolinização de plantas ao acaso. As seleções, baseadas na exploração do germoplasma, culminarão com a recomendação varietal, ampliando as opções aos agricultores interessados no cultivo desses pseudocereais.

## ALIMENTOS NUTRACÊUTICOS E FUNCIONAIS

### MONTE, DC & ALMEIDA, ERP

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia – SAIN Parque Estação Biológica,  
Final W5 Norte, Brasília, DF, Brasil

E:mail: damares@cenargen.embrapa.br

O avanço no conhecimento sobre a bioquímica clínica já mostrou que muitos nutrientes não só agem prevenindo /corrigindo deficiências nutricionais, como também produzindo efeitos benéficos à saúde. Com base neste conhecimento, e devido ao envelhecimento da população e aumento da expectativa de vida, surgiu no Japão na década de 80 um programa de governo para desenvolvimento de alimentos saudáveis e com propriedades medicinais, quando foi cunhado o termo “Alimento Funcional”. Até o final da década de 80, vários foram os termos atribuídos a alimentos ou componentes dos mesmos que proporcionam benefícios médicos ou de saúde: “*nutraceuticals, designer food, therapeutic food, pharmafood, medical food*”. No Brasil, a Agência Nacional de Vigilância Sanitária (ANVISA) do Ministério da Saúde, emitiu a Resolução nº18 de 30/04/1999, que estabelece diretrizes básicas para a análise e comprovação de propriedades funcionais e/ou de saúde, alegadas em rotulagem de alimentos, e define como sendo “*alimento ou ingrediente que, além das funções nutritivas básicas, quando consumido como parte da dieta usual, produza efeitos metabólicos e/ou fisiológicos e/ou efeitos benéficos à saúde, devendo ser seguro para consumo sem supervisão médica.*” A regulamentação de Alimentos Funcionais e Novos Alimentos no Brasil está disponível nas seguintes Resoluções: ANVS/ MS 16/99; ANVS/ MS 17/99; ANVS/ MS 18/99; ANVS/ MS 19/99, publicadas no DOU em 03/05/99. Os efeitos positivos podem estar relacionados ao aumento da defesa orgânica, prevenção ou recuperação de doença específica, controle das condições físicas e mentais ou redução do ritmo de envelhecimento. O termo “Nutracêutico” vem de “nutri”, nutriente e “cêutico”, de farmacêutico, ou seja, alimentos que nutrem e promovem a saúde através da prevenção e/ou tratamento de doenças, mas não é reconhecido como categoria de alimentos pela ANVISA. Apesar de se pensar que os alimentos funcionais fazem parte de uma nova concepção de alimentos, o seu conceito é bastante antigo. Hipócrates, o pai da medicina (460-377 A.C.) já dizia: “*Que os alimentos sejam os vossos medicamentos e os medicamentos o vosso alimento*”. Posteriormente, Galeno (131-201 D.C.) dizia que: “*Os físicos podem promover a saúde ao preconizar dietas saudáveis*”. Hoje, consumidores cada vez mais conscientes e exigentes querem em suas mesas os alimentos nutracêuticos. A indústria estima que o mercado global desses alimentos cresce mais rapidamente que o mercado de alimentos processados como um todo, especialmente nos Estados Unidos, Europa, Japão e Canadá, respectivamente, podendo chegar à cifra de US\$167 bilhões até 2010. Segundo o Datamonitor, somente os americanos deverão gastar cerca de US\$ 40 bilhões em alimentos funcionais, bebidas e suplementos até 2008, um crescimento de 38% relativo a 2003. Este relatório informa que em especial, o consumo americano de *bebidas funcionais* quase dobrou entre 1998 e 2003 e está previsto para crescer outros 46%, US\$ 7.4 bilhões até 2008. À medida que a pesquisa avança e maiores evidências entre os componentes da dieta e benefícios para a saúde são descobertos, faz-se necessário que a rede regulatória de negócios da cadeia alimentar garantam a eficácia e segurança destes novos alimentos ou alegações, garanta uma efetiva supervisão, comunique as descobertas para os consumidores e providencie maiores incentivos para estimular a pesquisa e

desenvolvimento de novos produtos alimentícios. Recentes avanços em genômica e metabolômica têm auxiliado a dissecar rotas metabólicas complexas envolvidas com a síntese de micronutrientes. Entretanto, o desafio de desenvolvimento de novos produtos alimentícios com propriedades funcionais benéficas para a saúde apenas começou. Nesta oportunidade apresentamos a idéia de integração da varredura da biodiversidade, genômica e metabolômica no desenvolvimento de culturas alimentícias para uma melhor nutrição e saúde humana, bem como para desenvolvimento social e econômico da região.

## **A IMPORTÂNCIA DA EXPANSÃO DA SOJA NO CENTRO OESTE**

Antonio Carlos Roessing<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Pesquisador da Embrapa Soja – Caixa Postal 231. CEP: 86.001-970. Londrina PR. Fone: 0xx43 3371-6265. email: [acr@cnpso.embrapa.br](mailto:acr@cnpso.embrapa.br)

A principal mola propulsora do desenvolvimento da agricultura dos cerrados foi a criação dos programas especiais, em particular o POLOCENTRO. O POLOCENTRO foi estabelecido em janeiro de 1975. Segundo o seu regulamento, objetivava “o desenvolvimento e a modernização das atividades agropecuárias da Região Centro-Oeste e do oeste do Estado de Minas Gerais, mediante a ocupação racional de áreas com características de cerrados e seu aproveitamento em escala empresarial”.

Sua implementação se daria em áreas definidas como de fronteira e dentro da concepção de polos de desenvolvimento. Pretendia-se incorporar ao processo produtivo da agropecuária, no período 1975-79, cerca de 3,7 milhões de hectares de cerrados, dos quais, 1,8 milhão com lavouras, 1,2 milhão com pecuária e 0,7 milhão com florestamento/reflorestamento.

O principal instrumento de incentivo do POLOCENTRO foi o crédito favorecido, estendido aos que desejassem investir em exploração agropecuária empresarial nas áreas selecionadas.

Com um quadro de estímulos governamentais favoráveis, a resposta dos produtores não poderia ter sido diferente da ocorrida: aumento de produção, tanto pela incorporação de novas áreas (predominante no início do processo de ocupação dos cerrados), quanto por ganhos no rendimento físico das lavouras.

Após esse incentivo governamental, que serviu para queimar etapas no desenvolvimento agrícola da região, sabe-se que, das regiões geopolíticas brasileiras, a Região Centro-Oeste é a que acumula o maior potencial de expansão da cultura da soja no Brasil e no mundo. Somente ao norte do Estado do Mato Grosso existem cerca de 5 milhões de hectares, perfeitamente cultiváveis, suficientes para alavancar a produção brasileira de soja em 15 milhões de toneladas. Na safra de 2004/2005 a Região Centro-Oeste foi responsável por 55,50% da produção brasileira, contra 24,50% da Região Sul, sendo as demais regiões responsáveis pelos 20,00% restantes (Norte/Nordeste e Sudeste). Na safra de 1989/90, a Região Centro-Oeste foi responsável por 33,10% da produção brasileira de soja ao passo que a Região Sul produziu 58,70%. Percebe-se que a Região Centro-Oeste teve um rápido crescimento na produção de soja do Brasil.

As pesquisas geradas pela Embrapa (Embrapa Soja, Embrapa Cerrados e Embrapa Agropecuária Oeste) e suas parceiras (especialmente Fundação MT, no Estado do Mato Grosso), tiveram papel preponderante no sucesso da soja na Região Centro-Oeste, pela geração de cultivares e de processos de cultivo adaptados aos solos e clima do cerrado brasileiro. Citando o Estado do Mato Grosso como exemplo, a partir da década de 90, a soja passou a ser o seu principal produto agrícola, participando com mais de 40% do Produto Interno Bruto Agropecuário daquele estado (em 1997 a participação do Valor Bruto da Produção de Soja – R\$1,97 bilhão – foi de 40% em relação ao Produto Interno Bruto Agropecuário – R\$3,95 bilhões –). No entanto, devido aos altos custos de produção e a grande distância dos centros consumidores e dos portos, a rentabilidade da soja, por unidade produzida, tem sido baixa. Daí a necessidade da produção em alta escala.

Além da necessária redução nos custos de transporte, o que já está sendo buscado via transporte fluvial, aspectos tecnológicos fitotécnicos devem continuar sendo pesquisados, com o fim de aumentar a produtividade e/ou reduzir os custos, com o menor dano possível ao ambiente, para continuar mantendo competitividade nacional e mundial.

A cultura da soja criou e desenvolveu cidades no Centro-Oeste, principalmente no Estado do Mato Grosso, das quais pode-se citar, como exemplo, as seguintes:

Sorriso – município criado em 13 de maio de 1986, possuindo 7.751 km<sup>2</sup> ou 775.100 ha, dos quais 547.867 ha cobertos com a cultura da soja na safra de verão (IBGE, 2004), se constituiu no primeiro produtor de soja do País e do mundo, na categoria de município. Segundo dados do IBGE, em 2000 Sorriso possuía 35.397 habitantes. Em julho de 2005, a estimativa era de 48.326 habitantes, ou seja, um acréscimo de 12.929 habitantes em menos de 5 anos. Esse município é um dos exemplos mais marcantes da contribuição da ocupação do centro-oeste decorrente do avanço da soja proporcionado pela pesquisa agrícola, criando cultivares adaptadas a baixas latitudes.

O PIB do município, em 2002, (IBGE-2005) era de R\$564,00 milhões, sendo a agropecuária responsável por R\$280,00 milhões (50%), dos quais a soja participava com cerca de 90%, a indústria com R\$57,00 milhões e serviços com R\$227,00 milhões. Além disso, sabe-se que o setor de serviços está quase todo ligado à agropecuária. Dessa forma, uma análise mais detalhada, indica que não é saudável tanta dependência de um município em apenas uma atividade econômica;

Sapezal – a formação do núcleo urbano de Sapezal foi ancorada numa proposta de colonização do grupo Maggi, que deu essa denominação à cidade em referência ao Rio Sapezal. O município de Sapezal foi criado pela Lei Estadual n. 6.534, de 19 de setembro de 1994. Possui uma área de 12.325 km<sup>2</sup>, ou seja, 1.232.500 ha, 11.926 habitantes segundo estimativa do IBGE, para julho de 2005, e 7.866 habitantes no Censo Demográfico de 2000. Esse município é outro exemplo da colonização do centro-oeste baseada na agricultura, principalmente na cultura da soja cuja área ocupa 347.150 ha (IBGE, 2004), colocando-o como o segundo maior produtor de soja do Brasil. O PIB do município era da ordem de R\$295,00 milhões (PIB per capita de R\$24.500,00), sendo a agropecuária responsável por R\$172,00 milhões (58%, dos quais, 95% proveniente da soja), R\$24,00 milhões da indústria e R\$99,00 milhões dos serviços;

Primavera do Leste – sexto produtor de soja do País, o município foi criado também em 13 de maio de 1986, junto com o município de Sorriso, pela Lei Estadual 5.014. Possui uma área de 5.491,8 km<sup>2</sup>, ou 549.180 ha. A população no Censo Demográfico de 2000 era de 39.857 habitantes, sendo que a estimativa para julho de 2005 chega a 56.982 habitantes, portanto 17.125 habitantes a mais em menos de 5 anos. Possui uma área de soja de 262.680 ha (IBGE, 2004) e o PIB do município em 2002 era de R\$479 milhões (PIB per capita de R\$8.400,00), sendo R\$156,00 milhões da agropecuária (32,50%, sendo 85% referente à soja), R\$53,00 milhões da indústria e R\$270,00 milhões dos serviços;

Campo Novo do Parecis – apesar da região ter sido considerada uma vila nos fins de 1914, sua ocupação se deu somente na década de 70 com a ida de imigrantes do sul para a atividade agropecuária. O município foi criado em 04 de julho de 1988, através de Lei Estadual n. 5.315, abrangendo uma área de 10.796

km<sup>2</sup>, ou 1.079.600 ha, abrigando uma população, em 2005, de 25.202 habitantes. Seu PIB em 2002 era de R\$360,00 milhões (PIB per capita de R\$14.400,00), cuja principal participação é da agropecuária com R\$178,00 milhões (49%, quase que exclusivamente originário da soja), R\$41,00 milhões da indústria e R\$141,00 milhões de serviços. Esse município, como os anteriores, não teria se desenvolvido com tanta rapidez não fosse a cultura da soja ter se consolidado na região, tornando-o o terceiro maior produtor dessa oleaginosa no Brasil;

Lucas do Rio Verde – em 04 de agosto de 2005 Lucas do Rio Verde completou 24 anos desde sua fundação e 17 anos de emancipação. Localizado a 360km ao norte da capital do estado, Cuiabá, Lucas do Rio Verde é o oitavo produtor de soja do País, com 216.000 ha na safra 2003/2004. Com uma área de 3.660km<sup>2</sup>, ou 366.000 ha, dos quais 60% cobertos pela cultura da soja na safra de verão, Lucas possuía, em julho de 2005, 27.224 habitantes e um PIB total de R\$288,00 milhões (PIB per capita de R\$10.600,00), sendo o valor adicionado da agropecuária de R\$135,00 milhões (47%), da indústria R\$28,00 milhões e dos serviços R\$203,00 milhões, serviços esses quase totalmente originados do setor agrícola;

Nova Mutum - de acordo com o que está registrado na história local, em 1988 foi realizado um plebiscito com a inclusão de São Manuel e Gleba Ranchão, ocorrendo a emancipação de Nova Mutum, pelo Decreto Legislativo nº 2.678. O município foi oficialmente criado em 04 de julho de 1988 através da Lei nº5.321 de autoria do deputado estadual Hermes de Abreu e sancionada pelo governador Carlos Bezerra. Ocupando uma área de 9.538km<sup>2</sup>, ou 953.800 ha, onde 297.000 ha são semeados com soja na safra de verão, levando o município ao quarto produtor de soja do País, possuindo um PIB total de R\$240,00 milhões, sendo R\$121,00 da agropecuária, R\$18,00 milhões da indústria e R\$101,00 milhões de serviços. Com uma população estimada em julho de 2005 de 18.329 habitantes possui uma renda per-capita de R\$13.330,00.

Foi mencionado o Mato Grosso, porém isso se deve ao percentual que esse estado ocupa na produção total do centro-oeste. Na safra 2004-2005, o centro-oeste participou com 55% da produção total brasileira, e a participação do Mato Grosso na produção do centro-oeste foi de 62%.

O PIB do Mato Grosso chega a R\$ 40,00 bilhões e a participação do valor bruto da produção de soja é de 21,87%, ou seja, R\$ 8,75 bilhões. O Estado de Goiás, com um PIB de aproximadamente R\$ 70,00 bilhões, possui a participação bem menor do valor bruto da produção de soja, que representa R\$ 3,15 bilhões, ou seja, 4,50% do PIB total do estado.

Na verdade, essa participação em todos os estados do centro-oeste é bem maior, se for considerada toda a cadeia produtiva da soja, desde a produção de insumos até a exportação ou esmagamento e consumo, passando pelo transporte. No entanto, é possível ter-se uma idéia aproximada da importância dessa cultura na região através do cálculo do valor bruto da produção de soja, utilizando o preço histórico desse produto.

## LEGISLAÇÃO BRASILEIRA SOBRE PROTEÇÃO DE CULTIVARES

Gisele Ventura Garcia Grilli<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Eng. Agrônoma, Doutora em Agronomia; Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento; Esplanada dos Ministérios, Anexo A, Bloco D, sala 247, Brasília-DF.

Em 25 de abril de 1997, o governo brasileiro promulgou a primeira legislação que garantiu os direitos dos obtentores de novas variedades vegetais, a Lei nº 9.456, regulamentada pelo Decreto nº 2.366, de 5 de novembro de 1997. A Lei também criou, junto ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, o Serviço Nacional de Proteção de Cultivares - SNPC, a quem atribuiu a competência pela proteção de cultivares no país.

O SNPC tem como missão garantir o livre exercício do direito de propriedade intelectual dos obtentores de novas combinações filogenéticas na forma de cultivares vegetais distintas, homogêneas e estáveis, zelando pelo interesse nacional no campo da proteção de cultivares.

A UPOV (União Internacional para Proteção das Obtenções Vegetais) é uma organização internacional, que funciona junto à Organização Mundial da Propriedade Intelectual – OMPI, com sede em Genebra, na Suíça, e que, através de uma convenção internacional, disciplina a atuação da proteção de cultivares em cerca de 59 países. O Brasil aderiu à Convenção desse organismo em abril de 1999, em sua versão modificada de 1978, mais conhecida como a Ata de 1978 da UPOV.

Como consequência da adesão à UPOV, estabeleceu-se a reciprocidade do Brasil com os demais países membros. A partir desse fato, todos os países que fazem parte da UPOV obrigam-se a proteger cultivares brasileiras e, em contrapartida, o Brasil também obriga-se a proteger cultivares procedentes desses países, facilitando o intercâmbio de novos materiais gerados pela pesquisa brasileira e estrangeira.

Entre os aspectos importantes da Lei nº 9.456 podemos citar que a Lei concede e protege os direitos intelectuais, no caso de cultivar, é o direito que se efetua mediante a concessão de um certificado de proteção de cultivar. Este certificado é considerado um bem móvel para todos os efeitos legais e esta é a única forma de proteção de cultivares e de direitos que poderá obstar a livre autorização de plantas ou de suas partes, de reprodução ou multiplicação vegetativa no País.

No Brasil, são passíveis de proteção: 1) a nova cultivar, conforme está definido no artigo 3º, inciso 5º, da Lei nº 9.456/97; 2) a cultivar essencialmente derivada; e 3) as cultivares não enquadráveis nestes dois grupos, mas que seus pedidos de proteção sejam apresentados num prazo máximo de 12 meses após a divulgação dos descritores da espécie, que o prazo máximo de comercialização, a contar da data da apresentação do pedido para trás, tenha sido de no máximo 10 anos.

Outro ponto que vale ressaltar são os privilégios que a lei preservou. Um deles é o privilégio do agricultor, permitindo ao mesmo reservar material de plantio para uso próprio, sem que tenha que pagar “royalties” ao titular da proteção.

Outro privilégio preservado é o do pequeno produtor rural, pelo qual se permite que ele produza sementes e negocie estas sementes através de doação ou troca com outros pequenos produtores. Esse grupo, está fora do alcance das obrigações introduzidas com a Lei de Proteção de Cultivares.

Ainda preservaram-se privilégios para o melhorista, ou seja, qualquer empresa ou indivíduo que trabalhe com melhoramento de plantas pode fazer uso de material protegido para desenvolver pesquisa científica ou para utilizá-lo em seus trabalhos de melhoramento vegetal, sem que, com isto, tenha necessidade de pedir autorização ao titular da proteção.

No Brasil, o prazo de proteção é de 15 anos para a maioria das espécies, principalmente de grãos. Para as videiras, árvores frutíferas, florestais e árvores ornamentais, incluindo seus porta-enxertos, esse prazo estende-se para 18 anos.

A proteção pode ser interrompida a qualquer tempo, na ocorrência qualquer um dos seguintes fatores:

1) Pela extinção dos direitos de proteção

a) pela expiração do prazo de proteção estabelecido em Lei.

b) pela renúncia do respectivo titular ou de seus sucessores.

c) pelo cancelamento do Certificado de Proteção. No caso de cancelamento, ele se dá pelos seguintes motivos:

\* perda da homogeneidade ou estabilidade da cultivar;

\* ausência do pagamento da anuidade;

\* falta de um procurador devidamente qualificado e domiciliado no Brasil. Isto se aplica às cultivares estrangeiras, para as quais a lei exige que seja mantido, durante todo o período da proteção, um procurador qualificado e domiciliado no país;

\* pela não apresentação da amostra viva. A lei obriga que não só sejam entregues duas amostras vivas da cultivar ao SNPC, mas também obriga o titular da proteção a conservar em seu poder, à disposição do SNPC, durante todo o prazo de proteção, uma amostra viva da cultivar protegida;

\* comprovação de que a cultivar tenha causado impacto desfavorável ao meio ambiente ou à saúde pública.

2) Pela nulidade da proteção

Outro fator que também pode implicar na diminuição do prazo de proteção é a nulidade da proteção. A nulidade, que retroage à data do pedido de proteção, se dá nas seguintes condições:

a) quando não tenham sido observadas as condições de novidade e distinguibilidade da cultivar, fatores, que ao lado da homogeneidade e da estabilidade, são fundamentais para a concessão da proteção.

b) a proteção tiver sido concedida contrariando direitos de terceiros. Antes de conceder uma proteção definitiva o SNPC publica, no Diário Oficial da União, um extrato do pedido de proteção, no qual concede um prazo de 90 dias, para que qualquer pessoa, com interesses ou direitos contrariados, possa solicitar a impugnação do pedido.

c) quando o título não corresponde a seu verdadeiro objeto. O título é concedido com base em informações juramentadas prestadas pelo obtentor. Se, posteriormente, essas informações mostram-se inconsistentes ou inverídicas; acarreta a anulação da proteção.

d) pela omissão de qualquer providência determinada pela Lei.

No Brasil a proteção é fundamentada na declaração juramentada, ou seja, o responsável pelas informações prestadas ao Serviço é o próprio obtentor. Ele presta as informações sob Declaração Juramentada. São requisitos necessários:

a) não ter sido comercializada no exterior nos últimos 4 anos; b) não ter sido comercializada no Brasil no último ano; c) denominação apropriada; d) ser distinta; e) ser homogênea; f) ser estável. Os 2 primeiros requisitos formam o que em proteção de cultivares chamamos de novidade; e os 3 últimos são comprovados



através de experimentos específicos reunidos no que denominamos Testes de DHE - Distingüibilidade, Homogeneidade e Estabilidade (DUS - Distinctness, Uniformity and Stability Tests).

O processo se inicia pela protocolização da Solicitação de Proteção no SNPC, que constitui-se na entrega dos documentos básicos para reivindicar os direitos de propriedade intelectual sobre uma cultivar de espécie vegetal. Os documentos devem se protocolizados no SNPC, seja pelo Representante Legal, ou por seu portador. São documentos necessários:

a) Documento 1 - Formulário de Solicitação de Proteção de Cultivar; b) Documento 2 - Formulário de Solicitação de Denominação; c) Documento 3 - Relatório Técnico <sup>2</sup>; d) Formulários dos Descritores <sup>2</sup>; e) Documento 4 - Declaração de Amostra Viva <sup>1</sup>; f) Documento 5 - Declaração Juramentada <sup>1</sup>; g) Procuração do titular da cultivar para o Representante Legal; h) Comprovante de pagamento da taxa de solicitação de proteção.

<sup>1</sup>Preenchidos, rubricados e assinados pelo Representante Legal; <sup>2</sup> Preenchidos, rubricados e assinados pelo Representante Legal e pelo Responsável Técnico.

O Responsável Técnico é um profissional qualificado para prestar informações técnicas com registro no Conselho de Classe, sendo aceito o Engenheiro Agrônomo para todas as espécies e o Engenheiro Florestal somente para espécies florestais.

A procuração do titular (proprietário) da cultivar para o Representante Legal deve ser pública, reconhecida em cartório. No caso de cultivar estrangeira a procuração deverá mencionar a(s) espécie(s) e cultivar(es) a ser(em) protegida(s), poderá ser bilíngüe, devendo ser notariada no país de origem do titular e, em seguida consularizada na Embaixada ou Consulado do Brasil no país de emissão. Deverá ser entregue ao SNPC juntamente com a tradução juramentada (por tradutor oficial no Brasil) dos termos, carimbos e selos que não foram traduzidos antes da consularização.

Os testes de DHE - Distingüibilidade, Homogeneidade e Estabilidade, no Brasil, são realizados pelos melhoristas em estações experimentais. São ensaios de campo nos quais são testadas as características de Distingüibilidade (diferenças claras de qualquer outra cuja existência na data do pedido de proteção seja reconhecida), Homogeneidade (uniformidade entre plantas dentro da mesma geração) e Estabilidade (manutenção das características através de gerações sucessivas) da cultivar.

As cultivares protegidas em outros países ou com proteção em andamento, com teste de DHE realizado por instituições estrangeiras, reconhecidas perante a autoridade nacional competente, são protegidas mediante fornecimento dos resultados dos testes realizados por essas instituições. Os relatórios são solicitados pelo SNPC diretamente à instituição estrangeira. O serviço é cobrado pelas instituições estrangeiras, que enviam faturas, referentes à emissão dos relatórios e remessa ao SNPC, diretamente para o obtentor ou responsável indicado pelo mesmo. Para as providências acima, deverão ser informados:

a) País de realização dos testes; b) Autoridade Examinadora; c) Local de realização dos testes (instituição; cidade e país); d) Ano de início dos testes/Período de realização; e) Local para envio da fatura (nome, endereço, código postal, cidade e país).

*Mesa Redonda*

## RECURSOS GENÉTICOS DE HORTALIÇAS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA PARA O DISTRITO FEDERAL E ENTORNO

Leonardo S. Boiteux<sup>1</sup>; Sabrina Isabel Costa Carvalho<sup>1</sup>; Valter Rodrigues Oliveira<sup>1</sup>; Jairo Vidal Vieira<sup>1</sup>; Leonardo de Britto Giordano<sup>1</sup>; Cyro Paulino da Costa<sup>2</sup> & João Bosco Carvalho da Silva<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Pesquisadores, Embrapa Hortaliças, CP 0218, 70359-970 Brasília (DF).

<sup>2</sup>Consultor, Embrapa Hortaliças, CP 0218, 70359-970 Brasília (DF).

### Introdução

O Distrito Federal (DF) cultiva anualmente cerca de 6.900 ha de hortaliças utilizando-se de sistemas convencionais (campo aberto com e sem "mulching", cultivo protegido e hidroponia) e de sistemas orgânicos. No sistema orgânico cultiva-se um total de mais 250 ha. A análise do perfil dos produtores do DF indica uma predominância de pequenos e médios produtores, muitos com atividade tipicamente familiar. Por sua vez, a produção de hortaliças no Entorno utiliza-se de sistemas que envolvem grandes fazendas-empresas onde as condições edafo-climáticas das mesmas são altamente favoráveis, obtendo-se, portanto, níveis de produção superiores aos das regiões tradicionais. No DF destaca-se, no sistema convencional, a produção de raiz/bulbo, sendo as maiores áreas ocupadas pela cenoura (970 ha), beterraba (420 ha), alho (200 ha), batata doce (110 ha) e cebola (90 ha). No Entorno destacam-se os plantios de batata, beterraba, cenoura, alho e cebola. No grupo de hortaliças frutos destacam-se no DF as abóboras e morangas (380 ha), pimentão/pimenta (240 ha), tomate de mesa e cereja (230 ha), jiló (131 ha) e morango (90 ha). No Entorno, destaca-se a produção de abóboras/moranga e tomate industrial (em torno de 2.000 ha/ano). Entre as folhosas as brássicas (repolho, couve-flor, couve e couve-brócoli) ocupam a primeira colocação com cerca de 940 ha, seguido dos diferentes tipos de alface (americana, crespa, lisa, roxa e romana) (570 ha) e do coentro (163 ha). Entre as leguminosas mais importantes estão o feijão-de-vagem (100 ha), feijão-de-corda (72ha) e ervilha vagem (10 ha). No entorno, a ervilha de grão (2.000 ha/ano) é a cultura de maior importância econômica dentro do grupo de hortaliças leguminosas. Desta forma, os recursos genéticos deste grupo de espécies, apresentam-se como os prioritários. Um trabalho contendo uma detalhada descrição dos bancos de germoplasma de espécies hortícolas no Brasil foi apresentado no início da década de 1990 (Vieira *et al.*, 1990). O presente trabalho relata a situação atual dos recursos genéticos hortaliças de importância econômica para o DF e Entorno mantidos pelo sistema público de pesquisa.

### 1. Recursos genéticos de hortaliças raízes e bulbos

**1.1. Cenoura (*Daucus carota*):** A principal coleção de cenoura é mantida pela Embrapa Hortaliças que consta, atualmente, com 200 acessos. Diversos acessos com diferentes padrões de coloração de raiz (teor e balanço de carotenóides) estão também armazenados. A coleção de germoplasma tem sido sistematicamente avaliada para patógenos foliares e nematóide-das-galhas em condições de inóculo natural em campo. Fontes combinando resistência a dois ou mais destes patógenos foram identificadas. Cerca 900 acessos são mantidos em uma "coleção de trabalho" constituída, em sua maioria, de cenouras tropicais. Seleções dentro das cultivares 'Brasília', 'Kuronan', 'Alvorada' e 'Esplanada' também

estão sendo mantidas. Outra importante coleção de trabalho está sendo mantida na Embrapa Clima Temperado.

**1.2. Beterraba (*Beta vulgaris*):** O germoplasma nacional de beterraba é muito reduzido devido a ausência de programas de melhoramento sistemáticos no sistema público de pesquisa. Existe apenas uma coleção de cultivares produzidas fora do país. A produção doméstica de sementes é restrita devido as dificuldades de indução de florescimento nas condições brasileiras de temperatura e fotoperíodo.

**1.3. Alho (*Allium sativum*):** A Embrapa Hortaliças conta com 89 acessos mantidos desde de 1989, 50 novos acessos provenientes dos Estados Unidos e 11 acessos introduzidos da região sul, totalizando 150 acessos. Estão representados alhos nobres, de coloração branca e arroxeadas e altamente produtivos. O melhoramento genético desta cultura depende da capacidade florescimento observada em alguns clones.

**1.4. Batata doce (*Ipomoea batatas*):** A Embrapa Hortaliças mantém uma importante coleção de germoplasma. A coleção é mantida em campo, telado e *in vitro*. Estão conservados atualmente cerca de 850 acessos, recentemente enriquecida com diversos clones de raiz laranja (alto teor de beta-caroteno). Esta coleção conta com acessos com resistência a potyvirus, *Alternaria*, nematóides e insetos de solo (*Diabrotica*).

**1.5. Cebola (*Allium cepa*):** A coleção de cebola da Embrapa Hortaliças é composta por cerca de 150 acessos armazenados sob a forma de sementes. São cultivares de polinização aberta e híbridas de dias curtos dos tipos superprecoce do grupo Grano e Granex; e precoce do grupo Baía Periforme, desenvolvidas pelos diversos programas de melhoramento genético brasileiros. Também fazem parte da coleção alguns acessos do tipo semi-tardio do grupo Crioula provenientes da região Sul do Brasil e do tipo tardio provenientes de regiões de dias longos. Outras importantes coleções de trabalho são mantidas na Embrapa Clima Temperado, EPAGRI (SC) e IPA (Pernambuco).

## **2. Recursos genéticos de hortaliças frutos**

**2.1. Abóboras e morangas (*Cucurbita moschata* e *C. maxima*):** A Embrapa Hortaliças mantém mais de 1.000 acessos de abóboras e morangas, coletadas em diversas regiões brasileiras. Este germoplasma tem sido avaliado para resistência a potyvirus e murcha de Phytophthora.

**2.2. Pimentão/pimenta (*Capsicum* spp.):** A coleção de germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Hortaliças foi iniciada há 24 anos mediante expedições de coletas e intercâmbio de germoplasma com diversos países e atualmente conta com cerca de 1500 acessos. Nos últimos seis anos foram caracterizados morfológicamente 807 acessos de *Capsicum*, pertencente as espécies domesticadas: 403 de *C. annuum*, 91 de *C. baccatum*, 261 de *C. chinense* e 52 de *C. frutescens*. Outras importantes coleções de *Capsicum* são mantidas pelo Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) sob os cuidados da Dra. Arlete Marchi T. de Mello e na Universidade Federal de Viçosa (UFV) aos cuidados do Prof. Derly H. da Silva

**2.3. Tomate de mesa e cereja (*Lycopersicon* spp.):** A Embrapa Hortaliças dispõe de uma coleção de 1.638 acessos contendo todas as espécies domesticadas e selvagens. Esta coleção contém virtualmente toda variabilidade necessária para estabelecer programas competitivos de melhoramento. Outras importantes coleções estão mantidas na UFV e no IAC.

**2.4. Morango (*Fragaria x ananassa*):** As principais coleções de germoplasma são mantidas pela Embrapa Clima Temperado e pelo IAC, esta última aos cuidados do Dr. Francisco Passos. As coleções apresentam variabilidade para precocidade, tamanho e coloração de frutos e aspectos qualitativos (sabor, textura, teor de açúcares) (Medeiros, 2003).

### **3. Recursos genéticos de hortaliças folhosas**

**3.1. *Brassica oleracea* (repolho, couve-flor, couve manteiga e couve-brocoli):** A Embrapa Hortaliças possui uma coleção com centenas de populações, principalmente de repolho, algumas contendo fatores de resistência à podridão negra das crucíferas. Existe também um grande número de linhagens de couve-flor e repolho para cultivo de verão auto-compatíveis, auto-incompatíveis e macho-estéreis (citoplasmática). Outra coleção pertence a UNESP-Botucatu (Prof. Norberto da Silva).

**3.2. Alface (*Lactuca sativa*):** A Embrapa Hortaliças conserva cerca de 50 acessos de alface, contendo todos os tipos morfo-agronômicos (lisa, crespa, americana, roxa e romana). Destacam-se as características tolerância ao calor, pendoamento lento, precocidade, teor de pró-vitamina A, teor de flavonóides, genes de resistência a diversas raças de *Bremia lactuca* (mildio), *Thielaviopsis* (murchadeira) e patotipos de Lettuce mosaic potyvirus (mosaico-comum da alface). A maior coleção brasileira de *Lactuca* é mantida pela UNESP-Botucatu aos cuidados do Professor Norberto da Silva. Esta coleção abrange os principais segmentos varietais e alguns acessos de espécies selvagens.

### **4. Recursos genéticos de hortaliças leguminosas**

**4.1. Ervilha (*Pisum sativum*):** A Embrapa Hortaliças conta atualmente com 1.945 introduções de ervilha contendo fontes de resistência a várias doenças tais como: murcha de fusário, mildio, oídio e "pea seed borne". Além disso, o Banco conta com várias introduções contendo grande variabilidade em termos de tipo de sementes, mutantes foliares, tipo de vagem, coloração de flor e precocidade. O Banco vem sendo mantido em duplicata na Embrapa Hortaliças e na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Uma coleção de Ervilha torta é mantida pela UNESP-Botucatu aos cuidados do Professor Norberto da Silva.

### **Conclusões**

Uma análise comparativa indica uma gradativa redução do número e da qualidade dos bancos públicos de germoplasma. Muitos destes bancos foram desativados e/ou reduzidos nos últimos anos. Estes funcionavam sob o controle de um ou poucos abnegados pesquisadores e professores que após deixarem suas respectivas instituições não tiveram os seus trabalhos preservados. Isto demonstra a carência de iniciativas institucionais de preservação dos recursos genéticos nacionais. A desativação destas coleções com certeza levou a perda de materiais que eram exclusivamente brasileiros, não tendo, portanto, réplicas em coleções internacionais públicas.

**Referências bibliográficas**

Santos A.M. (2003) Cultivares p 24-30. *In: Morango-Produção*. Santos A.M. & Medeiros A.R.M. (editores) Embrapa Informação Tecnológica, Brasília-DF, 81pp.

Vieira J.V.; Buso J.A.; Miranda J.E.C.; Lopes J.F.; Araujo M.T.; Giordano L.B.; Reifschneider F.J.B. & Boiteux L.S. (1990). Recursos Genéticos de Espécies Hortícolas no Brasil. pp.1-14. *In: 1º Simpósio Latino-Americano sobre Recursos Genéticos de Espécies Hortícolas*. Passos F.A. (coordenador). Fundação Cargill, Campinas, SP, Brasil. 205pp.

## O MELHORAMENTO DE PLANTAS MEDICINAIS EXÓTICAS EM BRASÍLIA

Jean Kleber de Abreu Mattos,  
Dr. Em Fitopatologia  
UnB - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária  
kleber@unb.br

Os resultados relatados dos trabalhos realizados referem-se à preferencialmente à cultura das mentas (*Mentha spp*), dos manjericões e alfavacas (*Ocimum spp*) e do ginseng brasileiro (*Pfaffia glomerata*). Na cultura das mentas destaca-se a seleção de acessos de *Mentha spp* resistentes ao nematóide das galhas (*Meloidogyne incognita*), estudo que registrou 3 acessos medianamente resistentes e oito altamente suscetíveis. A *Mentha x villosa* apresentou 2 acessos resistentes e um altamente suscetível. O estudo da variabilidade de *Mentha piperita* cultivadas a partir de sementes obtidas no comércio do Distrito Federal registrou numa só envelope de 0,3 g de sementes, 12 tipos morfológicos entre 16 possíveis, combinando formato de folha, pilosidade, crisposidade e cor do talo e nervuras. Plantas com talos e nervuras verdes foram prevalentes certamente em razão das condições do ensaio em ambiente protegido e sombreado (70%). O tipo oval de folha e suas combinações, atingiu 70 % dos registros. Folhas crespas chegaram a 50% de prevalência. O estudo da variação morfológica da hortelã miúda (*Mentha x villosa* Huds.) comercializada no DF concluiu que o produto hortelãzinho comercializado em Brasília apresenta variações morfológicas importantes quanto à área do limbo foliar, formato do limbo e tamanho de pecíolo, dependendo da procedência. Em alguns locais de comercialização são encontradas outras espécies que não *Mentha x villosa* Huds, sendo comercializadas como se fossem o hortelãzinho. Considerando o direito do consumidor a um produto autêntico em razão dos diferentes perfis farmacológicos das espécies de *Mentha* constata-se a necessidade de maior divulgação sobre a espécie, bem como sobre suas propriedades condimentares e medicinais. Os trabalhos com espécies do gênero *Ocimum* iniciaram-se com a seleção de acessos de *Ocimum spp* (alfavacas e manjericões) resistentes ao nematóide das galhas (*Meloidogyne spp*), tendo relatado quatro espécies resistentes, quais sejam *O. gratissimum*, *O. viridae* (syn. *O. gratissimum* tipo timol). *O. sanctum* e *O. micranthum*, sendo os dois primeiros imunes. O estudo da variabilidade do *Ocimum minimum* comercializado no Distrito Federal concluiu que de 14 procedências analisadas, apenas três enquadraram-se no padrão eleito de *Ocimum basilicum var. minimum*: foram as procedências Ceará, Feirão e Cruzeiro. As procedências Champion e Vargem Bonita apresentaram características mais próximas de *Ocimum basilicum var. tyrsiflora*. A procedência “Híbrido” foi classificada como produto do cruzamento *Ocimum basilicum* X *Ocimum canum* e não produz sementes férteis. Iniciaram-se agora os estudos para obtenção de novos padrões de *Ocimum spp* coloridos visando também o mercado de ornamentais. Os trabalhos com *Pfaffia glomerata* (ginseng brasileiro) iniciou-se com a seleção de acessos de resistentes a *Meloidogyne spp* e à *Uromyces platensis* (ferrugem da *Pfaffia*). Tendo relatado seis acessos resistentes à ferrugem e quatro resistentes tanto à ferrugem quanto ao nematóide. O relato reação de espécies medicinais importantes no mercado mundial, ao nematóide das galhas (*Meloidogyne javanica*), flagrou a alta suscetibilidade de *Artemisia annua* (famoso antimalárico) e *Hypericum perforatum* (famoso antidepressivo) e a imunidade do *Catharanthus roseus*

(famoso anticancerígeno). Quanto aos estudos sobre a *Lippia alba* visando o conteúdo em Linalol (do perfume Chanel no. 5), de 40 acessos pesquisados, obtiveram-se 9 do tipo Linalol, com o teor variando de 59 a 83%, 19 acessos do tipo Citral /Mirceno com a composição variando de 33,8 a 71,9% de citral % e 2,6 a 13,9% de mirceno, 11 acessos do tipo Citral/Limoneno com a composição variando de 50,4 a 61,9 % de citral e 9,9 a 26,7% de limoneno e 1 acesso do tipo Mirceno com 50,5% de concentração da substância no óleo essencial. Procura-se no momento novos padrões para manjericões coloridos mediante cruzamento natural facilitado, para o mercado de ornamentais.



## GESTÃO NO INTERCÂMBIO DE GERMOPLASMA VEGETAL

Cilas Pacheco Camargo 1; Marcos Carlos 2; Tiago S. Carrijo 3.

1. Pesquisador III – Embrapa; 2. TNS I – Embrapa; 3. Contrato Especial – Embrapa.

### 1. INTRODUÇÃO

O mundo tem sofrido mudanças desafiadoras, principalmente em função da incorporação de uma série de variáveis prejudiciais ao seu meio ambiente. As águas, antes cristalinas e potáveis apresentam, hodiernamente, características físico-químicas tão alteradas que as tornam impraticáveis para consumo e outros usos. O ar, ao incorporar milhares de micro partículas e compostos químicos resultantes de combustões agro-industriais e outras fontes, interfere diretamente no processo de fotossíntese e respiração, bem como em outros processos cruciais para a sobrevivência de nossa flora e fauna. A interação destas variáveis e seus efeitos nos seres vivos tem sido motivo de preocupação constante de cientistas e cidadãos com visão de futuro.

Além dos cuidados, esmeros e metodologias científicas tradicionais e modernas observados pelos melhoristas em nossos dias, há a necessidade de se contar, cada vez mais, com a disponibilidade de grande **variabilidade genética vegetal**, para ancorar o desenvolvimento do trabalho de pré-melhoramento interface do melhoramento genético vegetal para a obtenção de genótipos com características agrônômicas, morfológicas, nutricionais, terapêuticas e outras que, contraponham aos novos desafios supra mencionados (Camargo et al, 2003).

A metodologia de trabalho utilizada no Intercâmbio de Germoplasma Vegetal (IGV) até 2003, contribuiu de forma insofismável para o enriquecimento do recurso genético nacional. Gerou, concomitantemente, uma série de problemas com reflexos na satisfação dos clientes e usuários do IGV. Alguns dos reflexos da metodologia de trabalho utilizado naquela época destacam-se: clima organizacional tenso; reclamação via telefone; demora entre pedido e atendimento; debilidade da equipe de trabalho; máquinas e equipamentos obsoletos, gerando insatisfação aos clientes.-

### 2. MÉTODO DE GESTÃO

A importância do **Intercâmbio e Quarentena** no enriquecimento do recurso genético nacional, bem como sua estreita relação com clientes vinculados aos trabalhos de melhoramento genético de plantas, levou a equipe do IGV a adotar a filosofia de melhoria contínua, emanada do **Ciclo de Deming** (PDCA) na Figura 1, servindo como âncora sistemática e contínua do IGV. (Walton, M. 1992).

O **Foco nos clientes** e a adoção do **modelo de gestão** consubstanciado no **Método de Análise e Melhoria de Processos (AMP)** a partir do ano de 2003, representaram os primeiros passos na reestruturação do IGV na Embrapa/Cenargen. As atividades foram concentradas em **macro-processos** e **processos** geradores de produtos bem definidos (figura 2) os quais serviram de base



Figura 1- Ciclo de Deming (PDCA)

para diagnosticar e solucionar problemas de Importação, Exportação e Trânsito Interno.

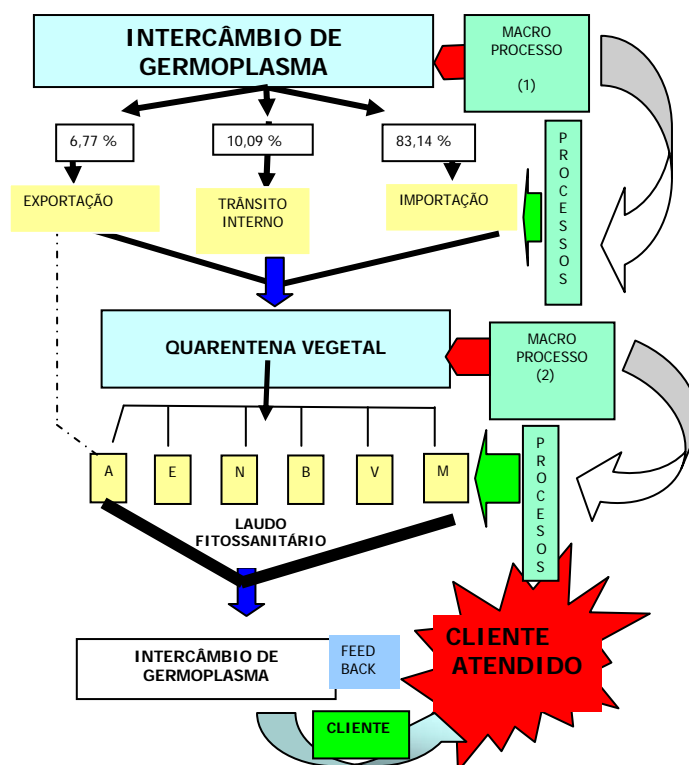
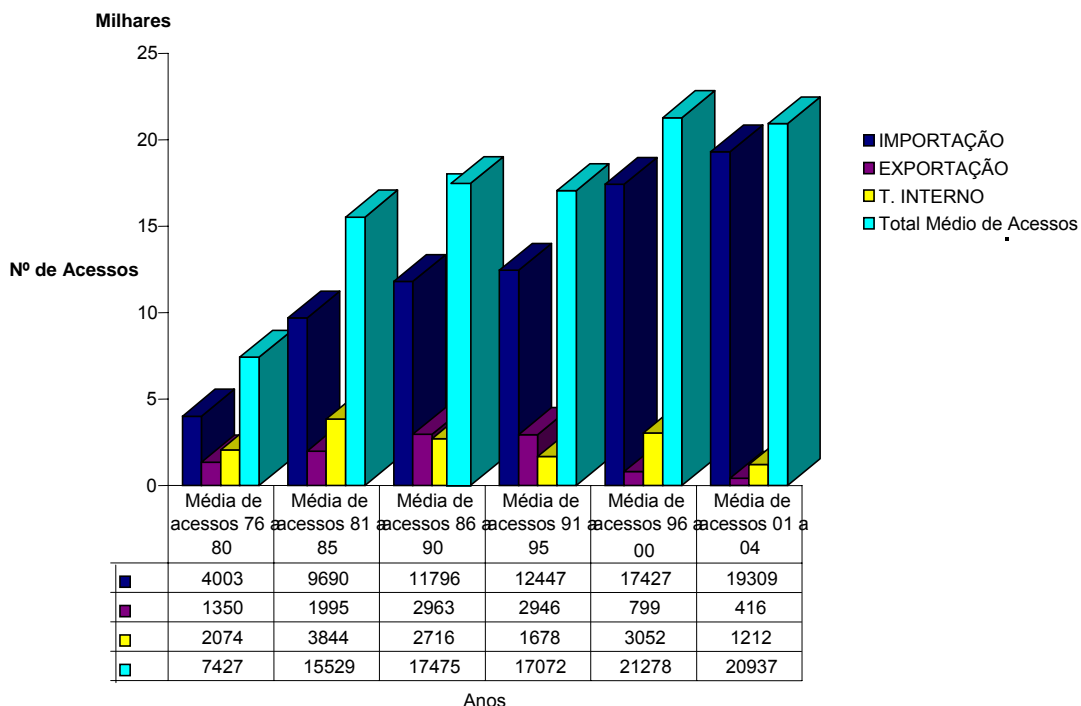


Figura 2 –Macro Processos e processos no IGV

### 3. ALGUNS RESULTADOS ALCANÇADOS

Desde 1976 a Embrapa/Cenargen vem desenvolvendo um trabalho de Intercâmbio de Germoplasma sem o qual a agropecuária brasileira jamais progrediria na produção de alimentos, fibras e energia (Lopes, M.A., 2005). Conforme especificações contidas no **Quadro I (Mix.)**, de um total de 477.651 mil acessos, 74,12% correspondem a Importação, 10,87% a Exportação e 15,00% a Trânsito Interno. A Importação representa o maior e mais relevante esforço estratégico, visando o enriquecimento do germoplasma do País.

Quadro 1 (Mix.) - Movimentação Quinquenal Média de Acessos.



Considerando-se como Índice de Eficiência Operativa (IEO) a relação entre o número de processos finalizados e o número de processos abertos no Intercâmbio de Germoplasma Vegetal (IGV), podemos verificar:

$$\blacklozenge \text{IEO}(02) = \frac{53}{483} = 10,97 \%$$

$$\blacklozenge \text{IEO}(03) = \frac{185}{393} = 47,07 \%$$

$$\blacklozenge \text{IEO}(04) = \frac{224}{384} = 58,33\%$$

Houve um maior número de clientes atendidos em um mesmo período de operação do IGV (Figura 3).

Considerando-se que o **foco no cliente** representa nosso principal direcionamento para realizações concretas, diagnosticou-se sua satisfação em relação ao trabalho de gestão desenvolvido pelo IQV, mediante a aplicação de questionários a todos os clientes internos e externos. Entende-se como satisfação do cliente a relação entre o que ele viu (percebeu) e o que ele esperava ver (expectativa). (Almeida, S. 1994).

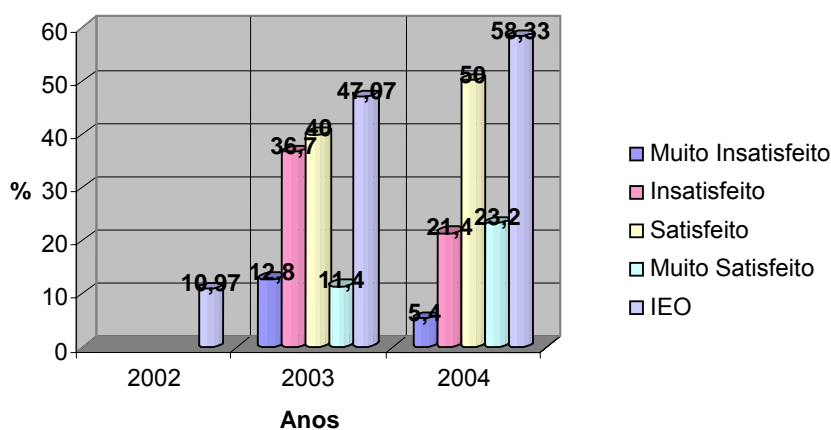


Figura 3

Houve em verdade, um maior nível de satisfação dos clientes do IGV, à medida que se diagnosticou e resolveram-se os problemas e causas prioritárias através do método de gestão AMP. Conforme podemos verificar na figura 3, houve aumento considerável na satisfação dos clientes e usuários do IGV.

Em 2003, o nível de satisfação dos clientes era de **51,4%** (muito satisfeitos e satisfeitos). Em 2004, este nível alcançou o montante de **73,2%**.

A redução de mais de 50% dos clientes muito insatisfeitos com o IGV, contribuiu de forma patente para a melhoria do clima organizacional, em função de serem estes muito rudes ao telefone quando em contato com os servidores do intercâmbio.

#### 4. CONCLUSÃO

A utilização do Método de Análise e Melhoria de processos contribuiu de forma importante para o enriquecimento do germoplasma vegetal utilizado nos trabalhos de melhoramento genético do País.

#### 5. BIBLIOGRAFIA

- Camargo, C.P. et al. **Intercâmbio de Germoplasma. Relatório de atividades 2003.** Brasília Embrapa-Cenargen. 29p.
- Lopes, M.A. **Intercâmbio de material genético é estratégico para o Brasil.** GeneBiov. Ano III N°10. Brasília, DF. Setembro 2005.
- Walton, M. **Método Deming na Prática.** Rio de Janeiro. 1992. Rio de Janeiro. Ed. Campos. 204p.

## **ETAPA DO PROCESSO DE QUARENTENA NA EMBRAPA**

Marta Aguiar Sabo Mendes<sup>1</sup>, Vera L. A. Marinho<sup>1</sup>, Maria Regina V. Oliveira<sup>1</sup>, Renata C. V. Tenente<sup>1</sup>, Maria de Fátima Batista<sup>1</sup>, Olinda Maria Martins<sup>1</sup>, Abi S. A. Marques<sup>1</sup>, Denise Návila<sup>1</sup> & Arailde F. Urban<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Pesquisadores. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CEP 70.770-900, Brasília, DF, e-mail: martamen@cenargen.embrapa.br

A maioria dos produtos que fazem parte da alimentação dos brasileiros, como o arroz, o feijão, o trigo e o milho são de origem exótica, embora o Brasil seja o país detentor da maior biodiversidade do mundo (cerca de 20%). A introdução de germoplasma vegetal no país é um processo dinâmico utilizado para se obter variedades mais produtivas, resistentes a pragas e adaptadas às nossas condições edafoclimáticas. Esta atividade permitiu que, nas últimas décadas, o país passasse da condição de importador para exportador de diversos produtos, como por exemplo soja, milho, ervilha, noz-moscada, canela, pimenta-do-reino, forrageiras, espécies florestais, frutíferas e hortaliças. No entanto, a introdução não controlada desse germoplasma vegetal, pode acarretar a entrada espécies invasoras exóticas - EIE ou pragas quarentenárias no país.

Visando minimizar estes riscos a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia realiza quarentena de todo germoplasma vegetal introduzido destinado ao Sistema Nacional de Pesquisa Agrícola - SNPA, sob legislação específica, do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA, de acordo com o Decreto N° 24.114 de 12 de abril de 1934 e de Portarias Complementares, entre elas a de N° 224 de 3 de maio de 1977. A Portaria N° 11 de 15 de fevereiro de 2002, credencia a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia como Estação Quarentenária nível I, para os procedimentos legais exigidos para a introdução de material propagativo no país.

O material vegetal ao entrar na Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal é, analisado nos seus seis Laboratórios (Acarologia, Entomologia, Bacteriologia, Micologia, Virologia e Nematologia) com a emissão do Laudo Fitossanitário. Após esse procedimento, cabe às Superintendências Federais de Agricultura nos Estados (SFA), a liberação ou não do material apreendido, baseada nas informações técnicas contidas no Laudo Fitossanitário.

Este trabalho tem como objetivo descrever as metodologias e resultados das análises fitossanitárias realizadas pela Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal.

### **Metodologias específicas são empregadas para detecção e/ou identificação de pragas no material intercambiado:**

**Acarologia:** Observação direta sob microscópio estereoscópio; observação visual com o uso de refletor com lente de aumento e peneiramento de sementes. Identificação: Características morfológicas (bibliografia especializada).

---

**Entomologia:** Observação direta sob microscópio estereoscópio; observação visual com o uso de refletor com lente de aumento. Identificação: Características morfológicas (bibliografia especializada).

**Bacteriologia:** plantio de sementes em solo esterilizado ou em rolo de papel germinador, lavagem das sementes e plaqueamento em meios seletivos, sorologia (ID, IF, ELISA), testes fisiológicos e bioquímicos, testes moleculares (PCR) e biotestes.

**Virologia:** plantio de sementes em solo esterilizado, uso da microscopia eletrônica, testes de sorologia (ID, ELISA), PCR, RT-PCR, Nucleic Acid Spot Hybridisation (não radioativo NASH) e Electroforese (R-PAGE).

**Nematologia:** Exame direto sob microscópio estereoscópio, técnica da bandeja Whitehead, centrifugação de Jenkins, técnica da trituração de raízes ou de sementes, Elutriação de Fenwick, técnica do balão, técnica do papel germinador e funil de Baermann. A identificação é feita através das características morfológicas, morfométricas e fisiológicas ou pelas características de DNA ribossomal (algumas espécies de *Ditylenchus*)

**Micologia:** Exame direto sob microscópio estereoscópio, lavagem e sedimentação, incubação em meio de cultura e plaqueamento em papel de filtro ("Blotter test"). Identificação: Características morfológicas e fisiológicas (bibliografia especializada).

### **Tratamento para controle e/ou erradicação de pragas em germoplasma vegetal**

Todo germoplasma intercambiado na forma de sementes é submetido à fumigação com fosfeto de alumínio (fosfina) por uma ou mais vezes, para a erradicação de insetos e ácaros.

Os produtos contaminados com as demais pragas exóticas, ou de propagação vegetativa, foram submetidos a tratamentos térmicos, químicos e/ou cultura de tecidos, visando à erradicação da praga detectada, dependendo da raridade do produto. Em caso que não tenha sido possível a eliminação da praga, o germoplasma foi então incinerado ou devolvido à instituição remetente, dependendo da decisão do MAPA.

Neste último ano (2004), 66% dos processos de introdução estavam contaminados, sendo que, 156 espécies de pragas foram identificadas. As pragas mais relevantes interceptadas no germoplasma vegetal estão na Tabela 1. Todas essas pragas, se introduzidas no Brasil, poderiam causar danos econômicos muito sérios e, em alguns casos, acarretar perdas irreversíveis à agricultura.

**Tabela 1. Pragas relevantes detectadas/interceptadas pelo Laboratório de Quarentena Vegetal do Cenargen, período 1976 a 2005.**

<b>Ácaros</b>	<b>Hospedeiros (germoplasma vegetal)</b>	<b>Países</b>
<i>Aculus fockeui</i> (Eriophyoidea)	<i>Prunus cerasus</i>	Bélgica
<i>Daidalotarsonemus</i> sp. (Tarsonemidae)	<i>Psidium</i> sp.	Estados Unidos
<i>Oxycenus maxwelli</i> * (Eriophyidae)	Oliveira ( <i>Olea europaea</i> )	Portugal

<b>Bactérias</b>	<b>Hospedeiros (germolasma vegetal)</b>	<b>Países</b>
<i>Burkholderia glumae</i> *	Arroz	França
<i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzae</i> *	Arroz	Filipinas, Colômbia
<i>Xanthomonas oryzae</i> pv. <i>oryzicola</i> *	Arroz	China

<b>Fungos</b>	<b>Hospedeiros (germoplasma vegetal)</b>	<b>Países</b>
<i>Tilletia indica</i> *	Trigo	Uruguai e México
<i>Phomopsis tectonae</i> *	<i>Tectonae grandis</i>	Malásia
<i>Phoma exigua</i> var. <i>foveata</i> *	Batata	França
<i>Tilletia indica</i> *	Trigo	Uruguai e México
<i>Phyllosticta panizzei</i> *, <i>Cycoconium oleaginum</i> *	Oliveira	Israel

<b>Insetos</b>	<b>Hospedeiros (germoplasma vegetal)</b>	<b>Países</b>
<i>Palpita unionalis</i> *	<i>Olea europaea</i>	Portugal

<b>Nematóides</b>	<i>Hospedeiro (germoplasma vegetal)</i>	<b>País de origem</b>
<i>Anquina tritici</i> *	Trigo	Estados Unidos
<i>Aphelenchoides bicaudatus</i> *	Videira ( <i>Vitis</i> spp.)	França
<i>Globodera</i> spp.*	Batata ( <i>Solanum tuberosum</i> )	Chile, Holanda
<i>Pratylenchus scribneri</i> *	Amendoim ( <i>Arachis pintoï</i> )	Colômbia

\* Espécies exóticas interceptadas

O desenvolvimento de novas variedades e cultivares, visando o aumento da produtividade, resistência a fatores bióticos e abióticos, se deve por sua vez à introdução de germoplasma de diferentes regiões do mundo. Nesse novo cenário mundial, a Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia desempenhou um papel difícil de ser quantificado em termos econômicos, ao impedir que pragas exóticas fossem introduzidas junto ao material intercambiado. A entrada de pragas em áreas de produção agrícola pode levar a conseqüências graves, como o desemprego, aumento nos custos de

produção, a proibição de plantios em terras agricultáveis, desequilíbrio do meio ambiente, dentre outras.

Dessa forma, é importante ressaltar que um país só se torna competitivo e fortalece sua imagem no comércio internacional, se adotar procedimentos transparentes, harmônicos e confiáveis em relação à proteção e saúde animal e vegetal.

### **Referências bibliográficas**

BATISTA, M.F.; FONSECA, J.N.L.; MENDES, M.A.S.; URBEN, A.F.; MANZO, E.S.B.G.C.; TENENTE, R.C.V.; OLIVEIRA, M.R.V.; GUIMARÃES, P.M.; FREITAS, R.D.L.; MARQUES, A.S.A. **Quarentena de Germoplasma Vegetal**. Comunicado Técnico nº 27, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; agosto, 1998. 8.11, 1998.

MARINHO, V.L.A.; MENDES, M.A.S.; TENENTE, R.C.V.; BATISTA, M.F.; OLIVEIRA, M.R.V.; MARQUES, A.S.A.; URBEN, A.F.; FONSECA, J.N.L. & GONZAGA, V. **Procedimentos e métodos utilizados no intercâmbio e quarentena de germoplasma vegetal**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, p. 40, 2003. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Documentos, 103 ).



## **ETAPAS DO PROCESSO DE INTERCÂMBIO NO MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO**

Girabis Evangelista Ramos

Engenheiro Agrônomo e Fiscal Federal Agropecuário, Diretor do Departamento de Sanidade Vegetal do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Esplanada dos Ministérios, Bloco D – Anexo B – 3o. Andar – Brasília – Fone.: 55.61.3218.2675  
girabis@agricultura.gov.br

A Palestra “Etapas do Processo de Intercâmbio no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento” deseja contribuir no sentido de apontar as principais etapas existentes no DSV para autorizar o intercâmbio internacional (exportação e importação) de germoplasma.

Neste sentido são apresentados a estrutura do DSV, suas atribuições e responsabilidades como Organização Nacional de Proteção Fitossanitária (ONPF) do Brasil, sua inserção no mundo fitossanitário internacional e legislações com interface no processo de intercâmbio de germoplasma.

O Decreto 5.351, de 21 de janeiro de 2005 atribui ao DSV a elaboração das diretrizes de ação governamental para a sanidade vegetal, com vistas a contribuir para a formulação da política agrícola além da programação, coordenação e promoção da execução das atividades de vigilância fitossanitária, prevenção e controle de pragas.

Além disso, o Instrução Normativa 09, de 17 de março de 2005, atribui ao Departamento as responsabilidades e funções inerentes à ONPF, conforme o Artigo IV da Convenção Internacional de Proteção de Plantas, e designa-o como representante em fóruns nacionais e internacionais onde estejam sendo discutidas questões de sanidade vegetal de interesse do Brasil. As atribuições da ONPF incluem, dentre outras, a emissão de certificados fitossanitários (CFs), a vigilância fitossanitária, a inspeção de cargas de vegetais, a desinfecção e desinfestação de envios de vegetais, manutenção de áreas livres e de baixa prevalência de pragas, realização de análise de risco de pragas (ARP), a capacitação e formação de pessoal, a distribuição nacional e internacional de informação fitossanitária, a pesquisa no campo da proteção fitossanitária e o desempenho de qualquer outra função que possa ser necessária para a aplicação da CIPV.

Além destas atribuições o DSV representa o Brasil no Mundo Fitossanitário Internacional, participando como ONPF da Comissão de Medidas Fitossanitárias da Convenção Internacional de Proteção de Plantas, fórum em que são discutidas e estabelecidas as Normas Internacionais de Proteção Fitossanitária, entre outros temas ligados à fitossanidade.

O DSV participa também do Comitê de Sanidade Vegetal do Cone Sul (COSAVE), que é a Organização Regional de Proteção Fitossanitária que congrega o Brasil, Argentina, Chile, Paraguai, Uruguai e Bolívia. Os Diretores de Sanidade Vegetal integram o Comitê Diretivo do COSAVE. O COSAVE têm como instância máxima o Conselho de Ministros, integrado pelos Ministros de Agricultura destes países. O Comitê discute e estabelece políticas relativas à fitossanidade para a região propondo projetos de normas internacionais, ações conjuntas e outras atividades que são elaboradas por Grupos de Trabalho Ad Hoc, compostos por técnicos da região, e elevadas ao Comitê Diretivo para avaliação e aprovação, que por sua vez, eleva ao Conselho de Ministro que as adota através de Resoluções.

O DSV, para cumprir suas atribuições, possui legislação que regulamenta o trânsito internacional de germoplasma (importação e exportação).

O Regulamento de Defesa Sanitária Vegetal (RDSV), Decreto 24.114, de 12 de abril de 1934, estabelece as normas para a exportação e importação de vegetais e suas partes; as medidas necessárias para a vigilância fitossanitária, erradicação de pragas, tratamentos fitossanitários, inspeção, quarentena, etc. O RDSV tem sido atualizado através de legislação complementar.

A Instrução Normativa 01, de 15 de dezembro de 1998, e seus anexos, estabelecem as “Normas para Importação de Material Destinado à Pesquisa Científica”. Estas Normas são aplicadas às instituições públicas e privadas no que se refere à introdução no país de vegetais e suas partes, geneticamente modificadas ou não, representados por pequenas quantidades de sementes, pólen, plantas vivas, frutos estacas ou gemas, bulbos, tubérculos, rizomas, plantas *in vitro*, ou quaisquer partes de plantas com capacidade de reprodução ou multiplicação, destinados à pesquisa científica. A IN 01, regulamenta também a introdução de organismos para controle biológico e outros fins; e de solo, inclusive substrato, destinados à pesquisa científica e doações de material destinado investigação científica.. Todos estes organismos só podem ingressar após análise e autorização do DSV.

A Instrução Normativa 06, de 06 de maio de 2005, estabelece as condições para a importação de espécies vegetais e suas partes através do estabelecimento dos Requisitos Fitossanitários. Tal estabelecimento deverá ser feito após elaboração de análise de risco de pragas pelo DSV ou por centros colaboradores credenciados. O Art. 5, em seu parágrafo 1º, excetua o caso de vegetais e seus produtos e outros organismos, importados para fins de pesquisa científica, que deverão ser tratados em regulamentação específica (IN 01/98).

A IN 16, de 29/12/1999, aprova as normas para Cadastramento e Credenciamento de Estações Quarentenárias para Vegetais, Partes de Vegetais e Organismos Vivos e, em seu anexo, dá informações sobre o cadastramento e credenciamento; classificação de Estações Quarentenárias (Estação Quarentenárias Níveis I, II e III); e deveres e cancelamento do cadastramento.

A Portaria Interministerial (Ministérios da Agricultura, Educação e Ciência e Tecnologia) 290, de 29 de dezembro de 1999, determina aos órgãos da Administração Direta e Indireta destes Ministérios, bem como as entidades conveniadas, sob cuja responsabilidade ou orientação se realizem pesquisas na área de fitossanidade ou em outra área com ela relacionada, que a detecção ou caracterização de qualquer praga, seja fungo, bactéria, vírus, viróide, nematóide, inseto ou erva daninha, até então considerada inexistente no território nacional, deve imediatamente ser notificada a sua ocorrência à Secretaria de Defesa Agropecuária do MAPA, antes de qualquer divulgação.

## **EXPERIÊNCIAS EM PROCESSOS DE INTERCÂMBIO NA EMPRESA PRIVADA**

Wagner, C.M., Seminis do Brasil Produção e Comércio de Sementes Ltda, Paulínia, Brasil.  
[caroline.wagner@seminis.com](mailto:caroline.wagner@seminis.com)

No setor agrícola brasileiro existem empresas privadas de capital nacional e de capital estrangeiro. No segmento de sementes, para fins didáticos, é possível agrupá-las em três grupos distintos: nacionais desenvolvendo pesquisa; multinacionais desenvolvendo pesquisa e empresas sem investimento em pesquisa no Brasil. O intercâmbio de germoplasma pode ser realizado dentro da empresa privada e/ou entre a empresa privada e outras instituições (públicas e/ou privadas). Em ambos os casos este intercâmbio poderá ser realizado utilizando genótipos oriundos de pesquisa básica, pré-melhoramento ou melhoramento genético. Para realizar importação de germoplasma destinado a pesquisa são necessários alguns requisitos: as amostras importadas deverão vir acompanhadas de invoice, nota fiscal e Certificado Fitossanitário de Origem (CFO), o responsável técnico pela importação deverá possuir registro no CREA, cadastro no Registro Nacional de Sementes e Mudas (Renasem- IN09 de 02/06/2005, cap. 04). O requerimento de importação deverá ser feito conforme orientação das Normas para Importação de Material Destinado a Pesquisa Científica (IN nº 01 de 15/12/1998). Após aprovação a importação poderá ser feita e deverá passar pelo serviço de quarentena em alguma Estação Quarentenária credenciada. Para exportação os requisitos são: emitir invoice, nota fiscal, pedido de permissão de trânsito (PTV), requerimento de autorização para exportação vegetal, termo aditivo ao termo de conformidade de sementes, o responsável técnico deverá possuir registro no CREA, cadastro no Registro Nacional de Sementes e Mudas (Renasem- IN09 de 02/06/2005, cap. 04) e ter feito curso que o habilite a emitir Certificado Fitossanitário de Origem (CFO). A dificuldade encontrada por parte das empresas para importação e exportação de material destinado a pesquisa científica não está associada a legislação vigente e sim a disponibilização de toda a informação num único local. A falta de periodicidade da oferta dos cursos de CFO impedem que novos profissionais se credenciem para importação e exportação de sementes destinados a pesquisa. Outro fator limitante, principalmente para intercâmbio de germoplasma oriundo de programas de melhoramento genético é o tempo entre os ciclos das culturas. Isso ocorre especialmente no caso de espécies olerícolas, no qual são realizados vários ciclos da espécie por ano. O tempo entre um ciclo e outro é o mesmo necessário para importação e dificilmente é superior a 30 dias. Como forma de amenizar este problema sugiro trabalhar com pedidos de importação com cronograma para um ano e credenciar a Estação de Pesquisa como Estação Quarentenária.

## PRÉ-MELHORAMENTO DE AMENDOIM NO BRASIL

Alessandra Pereira Fávero

Pesquisadora Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Pq. Estação Biológica, W5 Norte Final, 70.770-900, Brasília-DF. Email: favero@cenargen.embrapa.br

### INTRODUÇÃO

O gênero *Arachis* vem sendo estudado com intensidade crescente, graças ao potencial demonstrado por algumas de suas espécies silvestres para o melhoramento do amendoim (*Arachis hypogaea* L.). Várias das espécies possuem níveis de resistência a pragas e doenças superiores aos encontrados em acessos de germoplasma de *A. hypogaea* (Stalker & Moss, 1987). O principal problema dos produtores de amendoim desse estado e no mundo é o ataque de doenças fúngicas, como a mancha barrenta, mancha castanha, mancha preta, ferrugem e verrugose. O objetivo deste trabalho foi testar espécies silvestres diplóides e tetraplóides da secção *Arachis*, de genomas "A" e "B", assim como diversas variedades de *A. hypogaea*, quanto ao nível de resistência de cada uma das três doenças fúngicas - mancha castanha (*Cercospora arachidicola*), mancha preta (*Cercospora personatum*), ferrugem (*Puccinia arachidis*), cruzar espécies pertencentes aos dois genomas, duplicar cromossomos dos híbridos estéreis obtidos, cruzar os anfidiplóides sintéticos entre si e com *Arachis hypogaea*, visando a introgressão de genes de resistência às doenças no amendoim cultivado.

### MATERIAL E MÉTODOS

Cento e dois acessos foram selecionados para o experimento conduzido em telado. A técnica escolhida para o desenvolvimento dos testes de resistência foi desenvolvida por Moraes & Salgado (1982). Para testes feitos com *Puccinia arachidis*, o período de avaliação foi de 20 e 27 dias. Para *Cercospora arachidicola* e *Cercosporidium personatum*, o período foi de 27 dias e 42 dias respectivamente. Para avaliação de *Puccinia arachidis*, foi considerado o número de lesões por mm<sup>2</sup> e para *Cercospora arachidicola* e *Cercosporidium personatum*, fez-se uma relação entre área de lesão (mm<sup>2</sup>) e área foliolar (mm<sup>2</sup>). Utilizou-se o programa SAS para a análise dos dados. Para as comparações entre médias, usou-se o Método de Scott & Knott (1974).

A escolha das espécies e combinações de cruzamentos usou-se a avaliação de resistência às doenças, diversidade genética, ciclo, prolificidade, evolução, e preferência por acessos brasileiros. Foram utilizadas 12 espécies de genoma "A" como genitores masculinos e seis espécies de genoma "não-A" como genitores femininos, totalizando 26 combinações de cruzamentos diferentes. Os híbridos foram identificados por caracteres morfológicos e análise molecular por microssatélites.

A observação da viabilidade de pólen por coloração foi feita mediante a coleta ao acaso de 8 flores por tipo de cruzamento e coloração com carmin acético 2%. A análise estatística foi feita pela utilização da análise de variância e do teste de Tukey. O protocolo para germinação dos grãos de pólen consistiu no preparo de

meio 11 com adição de 0,15 g/ml de sacarose no momento do preparo das lâminas. Manteve-se os grãos de pólen em câmara úmida por duas horas e contou-se como viáveis, os grãos de pólen com tubos polínicos maiores que o próprio grão.

Para a duplicação dos cromossomos, estacas foram isoladas com aproximadamente 20 cm de comprimento, colocadas em tubos de ensaio fechados com solução de colchicina a 0,2% e condições de luz branca e temperatura entre 28 e 30°C por 8 e 12 h. As estacas foram lavadas em água corrente por 20 minutos e levadas ao telado, com hormônio enraizador ácido indol-butírico. Os copos foram acondicionados em bandejas envoltas em plástico por 20 dias aproximadamente.

Para a identificação da ploidia das estacas tratadas com colchicina, folhas novas das estacas foram cortadas e colocadas em copinhos com substrato vegetal. As raízes foram coletadas entre às 10 h e 14 h. As metodologias de tratamento de raízes e confecção de preparações citológicas foram relatados em Fávero et al. (2004). Algumas estacas foram identificadas como próprias para cruzamentos. Os acessos de *A. hypogaea* escolhidos foram quatro cultivares: BR 1, IAC-Tatu-ST, IAC-Caiapó e IAC-Runner. Os híbridos foram identificados por marcadores moleculares.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pode-se observar que para a maioria dos acessos de espécies silvestres foram significativamente mais resistentes que os acessos de *A. hypogaea*. *Arachis ipaënsis*, um dos candidatos a ancestral de *A. hypogaea*, também mostrou-se mais suscetível a *Cercospora arachidicola* e *Puccinia arachidis* quando comparados a muitas das espécies silvestres.

O número de polinizações foi diferente entre as combinações híbridas, de acordo com o número de flores que os genitores apresentavam. Foram feitas 3633 polinizações. Obteve-se 136 plantas, sendo 91 híbridas, com eficiência de hibridação de 66,91%. A média total de porcentagem de sucesso foi de 7,48%. Dos 26 cruzamentos planejados, 17 resultaram em híbridos, totalizando uma eficiência de 65,38%. A utilização de microssatélites na detecção de híbridos mostrou-se eficiente.

Pode-se dividir os cruzamentos em três grandes grupos em função dos resultados. O primeiro grupo engloba aqueles que mostraram as maiores porcentagens de sucesso (*A. batizocoi* X *A. cardenasii* (30,77%), *A. batizocoi* X *A. kempff-mercadoi* (28%), *A. batizocoi* X *A. helodes* (22,86%), *A. aff. magna* X *A. duranensis* (22,22%), *A. batizocoi* X *A. duranensis* (21,05%), *A. ipaënsis* X *A. duranensis* (20,83%), *A. ipaënsis* X *A. villosa* (19,32%)). Um segundo grupo, considerado intermediário, com porcentagens de sucesso entre 0,38% e 9,84% (*A. magna* (V 13751) X *A. stenosperma* (9,84%), *A. aff. magna* X *A. aff. diogoi* (7,69%), *A. magna* (V 13751) X *A. aff. diogoi* (7,69%), *A. magna* (V 13751) X *A. cardenasii* (3,70%), *A. aff. magna* X *A. stenosperma* (V 12488) (1,32%), *A. aff. magna* X *A. villosa* (0,92%), *A. hoehnei* X *A. simpsonii* (0,44%), *A. aff. magna* X *A. kuhlmannii* (V 13721) (0,39%), *A. hoehnei* X *A. helodes* (0,38%) e *A. hoehnei* X *A. cardenasii* (0,38%)). Há um terceiro grupo em que nenhum híbrido foi obtido (*A. batizocoi* X *A. stenosperma* (Lm 3), *A. batizocoi* X *A. villosa*, *A. aff. magna* X *A. cardenasii*, *A. aff. magna* X *A. diogoi*, *A. hoehnei* X *A. stenosperma* (V12488), *A. magna* (KG 30097) X

*A. diogoi*, *A. magna* (KG 30097) X *A. kempff-mercadoi*, *A. magna* (KG 30097) X *A. kuhlmannii* (V 10506) e *A. magna* (KG 30097) X *A. simpsonii*). Observa-se que *A. magna* (KG 30097) não produziu híbridos com nenhuma das espécies em suas combinações.

Foi possível observar alta porcentagem de grãos de pólen com morfologia considerada normal em todos os cruzamentos tendo o genótipo KG 30006 como genitor. Os cruzamentos envolvendo os genitores V 6389 e V 13751 apresentaram porcentagem de pólen com morfologia normal intermediária. Os cruzamentos com a participação dos genitores K 9484 e KG 30076 apresentaram as mais baixas taxas de pólen com morfologia anormal. Na viabilidade de pólen por germinação, não houve diferença significativa entre qualquer uma das combinações híbridas e zero.

A utilização de folhas destacadas para a obtenção de pontas de raiz, as quais permitem a observação de células em metáfase mitótica, mostrou-se altamente eficiente. O protocolo de pré-tratamento e coloração das células mostrou-se também muito adequado. O tratamento com colchicina visando à duplicação dos cromossomos foi eficiente, porém foram observadas plantas quiméricas. Apenas a combinação híbrida *A. ipaënsis* e *A. duranensis* teve suas células duplicadas com 8 horas de exposição à colchicina. Todas as demais combinações híbridas necessitaram de um período 12 horas de exposição à colchicina para a duplicação dos cromossomos.

O tamanho das flores tetraplóides também é significativamente maior que das flores diplóides. Fazendo teste de viabilidade de pólen por coloração, também foi possível a distinção entre plantas diplóides e tetraplóides. Foi possível obter anfidiplóides das combinações *A. ipaënsis* e *A. duranensis* (KG 30076 x V 14167), com 97,74% de pólen corado, *A. aff. magna* e *A. aff. diogoi* (V 6389 x V 9401) com 73,78% , *A. hoehnei* e *A. cardenasii* (KG 30006 x GKP 10017), com 82,17% e *A. hoehnei* e *A. helodes* (KG 30006 x V 6325), com 96,57% e *A. hoehnei* e *A. simpsonii*.

Os cruzamentos em que se observou híbridos foram: *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *fastigiata* cv. BR 1 x [*A. aff. magna* (V 6389) x *A. villosa* (V 12812)]<sup>c</sup>, *A. hypogaea* cv. BR 1 x [*A. ipaënsis* (KG 30076) x *A. duranensis* (V 14167)]<sup>c</sup>, *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* var. *hypogaea* cv. IAC-Caiapó x [*A. ipaënsis* x *A. duranensis*]<sup>c</sup>, *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* var. *hypogaea* cv. IAC-Runner x [*A. ipaënsis* x *A. duranensis*]<sup>c</sup>, *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *fastigiata* cv. IAC-Tatu-ST x [*A. ipaënsis* x *A. duranensis*]<sup>c</sup>, *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *peruviana* Mdi 1560 x [*A. ipaënsis* x *A. duranensis*]<sup>c</sup>, *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* var. *hirsuta* Mdi 1538 x [*A. ipaënsis* x *A. duranensis*]<sup>c</sup>, *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* var. *hypogaea* V 12548 x [*A. ipaënsis* x *A. duranensis*]<sup>c</sup>, *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* var. *hypogaea* tipo Xingu V 12549 x [*A. ipaënsis* x *A. duranensis*]<sup>c</sup>, cv. BR 1 x [*A. hoehnei* (KG 30006) x *A. cardenasii* (GKP 10017)]<sup>c</sup>, cv. IAC-Caiapó x [*A. hoehnei* (KG 30006) x *A. cardenasii* (GKP 10017)]<sup>c</sup>, cv. IAC-Runner x [*A. hoehnei* x *A. cardenasii*]<sup>c</sup>, *A. hypogaea* cv. IAC-Tatu-ST x [*A. hoehnei* x *A. cardenasii*]<sup>c</sup>, cv. IAC-Tatu-ST x [*A. aff. magna* (V 6389) x *A. aff. diogoi* (V 9401)], IAC-Caiapó x [*A. aff. magna* x *A. aff. diogo*], IAC-Runner x [*A. aff. magna* x *A. aff. diogo*], cv. BR 1 x [*A. aff. magna* x *A. aff. diogo*], cv IAC-Tatu-ST x [*A. hoehnei* x *A. cardenasii*], cv. IAC-Tatu-ST x [*A. hoehnei* (KG 30006) x *A. helodes* (V 6325)], cv. IAC-Caiapó x [*A. hoehnei* x *A. helodes*], cv. Tatuí x [*A. ipaënsis* x *A. duranensis*] e *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *aequatoriana* Mdi 1678 x [*A. ipaënsis* x *A. duranensis*]. Quatro materiais de retrocruzamentos já foram obtidos. Foram realizados também cruzamentos entre

anfidiplóides sintéticos, para reunir em uma só planta, caracteres de alta cruzabilidade com *Arachis hypogaea* e alta resistência a doenças. Todas as combinações de híbridos entre espécies silvestres e o amendoim cultivado estão conservadas *in vitro* para sua manutenção e multiplicação.

Pode-se concluir que há espécies silvestres resistentes às doenças estudadas comparando-se com *A. hypogaea*, é possível obter híbridos entre espécies silvestres de genoma "A" e "B", poliploidizar e gerar híbridos entre *A. hypogaea* e anfidiplóides sintéticos férteis, gerando novas combinações híbridas e ampliando a variabilidade genética a ser utilizada em programas de melhoramento.

### **PRINCIPAIS REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS**

FÁVERO, A.P. ; CUCO, S.M.; AGUIAR-PERECIN, M.R.L.; VALLS, J.F.M.; VELLO, N.A.. Rooting in leaf petioles of *Arachis* for cytological analysis. **Cytologia**, v. 69, n. 2, p. 215-219, 2004.

MORAES, S. de A.; SALGADO, C. L. Utilização da técnica de folhas destacadas de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) para inoculações com *Cercospora arachidicola* Hori e *Cercospora personata* (Bert. & Curt.) Ell. & Ev. **Summa Phytopathologica**, v.8, p.39-55, 1982.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, v.30, n.3, p.507-512, 1974.

STALKER, H. T.; MOSS, J. P. Speciation, cytogenetics and utilization of *Arachis* species. **Advances in Agronomy**, v.41, p.1-40, 1987.

## PRÉ-MELHORAMENTO DE GERMOPLASMA DE MELANCIA

Maria Aldete Justiniano da Fonseca Ferreira

Dra., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Pq. Estação Biológica, W5 Norte Final, 70.770-900, Brasília-DF. Email: aldete@cenargen.embrapa.br

No gênero *Citrullus*, nativo da África, estão incluídas quatro espécies diplóides: *Citrullus lanatus*, *C. colocynthis*, *C. ecirrhosus* e *C. rehmii*. A melancia cultivada (*C. lanatus*), apresenta grande distribuição em todo o mundo e é considerada cosmopolita. No Brasil, foi introduzida em duas épocas e situações distintas. A primeira aconteceu durante o Brasil Colônia com o tráfico de escravos (1551-1857), quando foram trazidos materiais, de base genética ampla, cultivados por pequenos agricultores em diferentes regiões da África (Romão, 1995). A outra introdução ocorreu na década de 50 do século XX, quando foram introduzidos, dos Estados Unidos no Estado de São Paulo, germoplasma de melancia de base genética mais estreita, uma vez que era resultante de programas de melhoramento dos Estados Unidos e do Japão.

A variabilidade genética introduzida no nordeste brasileiro pelos africanos tem sido ampliada em virtude da ocorrência de fatores evolutivos aliados à seleção artificial praticada pelos agricultores tradicionais e às hibridizações que ocorrem entre populações cultivadas e populações sub-espontâneas resultantes da germinação de sementes dormentes. Além disto, o sistema de cultivo praticado no nordeste, livre de insumos, propicia uma interessante pressão de seleção. Desse modo, esse germoplasma constitui importante fonte para programas de pré-melhoramento especialmente pela possibilidade de existir germoplasma mais adaptado e com resistência genética às pragas que ocorrem no Brasil. De fato, já foram identificadas, no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Semi-Árido, fontes de resistência ao oídio, a micosferela e aos vírus PRSV-w (*Papaya ringspot virus – Type watermelon*), ZYMV (*Zucchini yellow mosaic virus*) e WMV (*Watermelon mosaic virus*), assim como variabilidade para prolificidade, precocidade, expressão sexual e para formato, tamanho, cor externa e interna e teor de sólidos solúveis dos frutos (Borges 1997; Dias et al. 1996; Ferreira 1996; Ferreira et al. 2002; Queiroz 1993, 1998; Queiroz et al. 1999; Romão 1995).

Sendo assim, programas de pré-melhoramento com diferentes objetivos têm sido conduzidos. Portanto, serão apresentados alguns resultados alcançados, assim como atividades de pesquisa em andamento.

Ferreira (1996), estudou a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação entre sete acessos de germoplasma de melancia, com relação à precocidade, características de fruto e produção, utilizando cruzamento dialélico completo. Também investigou a ocorrência ou não de efeitos recíprocos (ER), avaliou a heterose em relação à média dos pais, ao melhor pai e a cultivar padrão Crimson Sweet; determinou e analisou a divergência genética entre os acessos e determinou o grau de correlação entre as características. Foram realizados todos os cruzamentos possíveis entre os acessos B9 (1), Charleston Gray (2), Crimson Sweet (3), New H. Midget (4), M7 (5), P14 (6) e B13 (7). Os genitores e os 21 híbridos F<sub>1</sub>'s e seus recíprocos foram avaliados em campo, empregando-se o delineamento em blocos ao acaso com quatro repetições, sendo cada parcela constituída por uma fileira com seis plantas. Foram avaliados: o número de dias para o aparecimento da primeira flor feminina (FF); número de frutos por planta (NF); peso de frutos (PF); cor da polpa (CP), espessura da polpa (EP), diâmetro longitudinal (DL) e transversal



(DT) de frutos; teor de sólidos solúveis (TS); número de sementes (NS) e peso de cem sementes (PS) por fruto.

Todas as características avaliadas por Ferreira (1996), com exceção do NF, apresentaram efeito da CGC, CEC e ER significativos. Efeitos gênicos aditivos foram detectados para NF, PF, CP, EP, DL, TS e PS, enquanto que para FF, DT e NS ocorreu predominância de efeitos gênicos não-aditivos. A heterose em relação à média dos pais foi positiva na maioria dos híbridos para NF, PF, EP, DT, NS e PS, em relação ao pai superior para NS e em relação a cultivar-padrão para NF, CP, NS e PS. As características PF, CP, DT e PS contribuíram mais para a divergência genética entre os genitores. Correlações genotípicas que podem facilitar o processo de seleção ocorreram entre algumas das características, como: correlação positiva entre FF e CP, correlações negativas entre NF e PF, NF e DL, NF e DT, CP e EP, CP e TS, DT e PS.

Em síntese, com base nos resultados da pesquisa desenvolvida por Ferreira (1996) é possível indicar alguns genitores e híbridos com potenciais para programas de pré-melhoramento. Assim, se destacaram os genitores Charleston Gray, New H. Midget e B13 para precocidade; P14 e B9 para maior número de frutos por planta e menor peso de frutos; Charleston Gray e Crimson Sweet para maior peso de frutos, cor vermelha da polpa e maior teor de sólidos solúveis. Vale salientar que apesar dos genitores B9 e P14 apresentarem peso de frutos menor que os demais, em termos produtivos eles superaram os outros, já que produziram, respectivamente, 12 e 15 kg/planta, assim como B13. Evidentemente que a cor da polpa e o teor de sólidos solúveis desses genitores podem ser melhorados por meio do cruzamento deles com outros materiais mais promissores. Por exemplo, com o avanço de gerações das combinações híbridas indicadas abaixo, provavelmente irão surgir linhagens transgressivas que sejam mais produtivas e tenham cor da polpa e teor de sólidos solúveis conforme a exigência do mercado consumidor, especialmente se esse mercado preferir frutos menores de melancia:

- (a) 1x3 (FF = 29,2 dias; NF = 5,8 frutos; PF = 3,3 kg; CP = 2,4; TS = 7,3);
- (b) 1x4 (FF = 27,5 dias; NF = 6,7 frutos; PF = 1,9 kg; CP = 1,4; TS = 7,2);
- (c) 3x7 (FF = 32,5 dias; NF = 3,6 frutos; PF = 4,4 kg; CP = 1,7; TS = 8,4);
- (d) 4x1 (FF = 27,2 dias; NF = 7,8 frutos; PF = 1,8 kg; CP = 1,5; TS = 7,5);
- (e) 4x6 (FF = 26,2 dias; NF = 5,9 frutos; PF = 1,8 kg; CP = 1,3; TS = 7,0);
- (f) 4x7 (FF = 27,0 dias; NF = 2,8 frutos; PF = 3,7 kg; CP = 1,2; TS = 8,0).

Contudo, se a finalidade for obter frutos maiores, a combinação híbrida 3x2 é a mais promissora, já que alia essa característica com a cor vermelha da polpa e o alto teor de sólidos solúveis (TS = 10,4°Brix), apesar de ter uma produtividade de 8,1 kg por planta. A combinação híbrida mais produtiva foi a 2x6 com produção de 21,8 kg por planta.

Dando seguimento, Ferreira (2000) estudou a população base oriunda do cruzamento entre P14 e Crimson Sweet (população PCS) com o objetivo de estimar a taxa de fecundação cruzada natural e o coeficiente de endocruzamento; averiguar a variabilidade genética existente nessa população pela análise de progênies de polinização livre (PL) e progênies autofecundadas (AF); estimar a depressão endogâmica; indicar progênies com potencial genético para serem exploradas em programas de melhoramento; investigar a adequação de modelos genéticos empregados na estimação dos componentes da variância genética e estimar o progresso genético. Da população PCS foram obtidas 64 progênies PL e as

correspondentes progênies AF, as quais foram avaliadas em campo, de acordo com o delineamento em faixas, com três repetições e cinco plantas por parcela. As progênies foram avaliadas em relação aos caracteres: estande final (S); produção de frutos por planta (PP); peso de frutos (PF); número de frutos por planta (NF); cor (CP) e teor de sólidos solúveis (TS) da polpa; diâmetro longitudinal (DL), diâmetro transversal (DT) e formato (FO) do fruto; espessura da polpa (EP); número de sementes (NS) e peso de cem sementes (PS) por fruto.

As estimativas da taxa de fecundação cruzada ( $t_s$  e  $t_m$ ) e do coeficiente de endocruzamento ( $F$ ), foram obtidas pela análise de nove locos marcadores RAPD em doze progênies PL constituídas cada uma por vinte e três indivíduos, por meio do programa MLDT (*Multilocus Estimation of Outcrossing with Dominant Markers*). De acordo com estes parâmetros populacionais ( $\hat{t}_m = 0,765 \pm 0,056$  e  $\hat{F} = 0,091 \pm 0,079$ ), verificou-se que a população PCS pratica sistema misto de reprodução, sendo mais próxima da alogamia. Tal fato viabiliza a utilização de seleção recorrente com recombinações naturais. As estimativas dos homólogos dos coeficientes de herdabilidade ao nível de médias das progênies PL, bem como das correlações genéticas entre estas últimas e as progênies AF, indicaram que a seleção poderá ser efetuada apenas com base nas médias fenotípicas das progênies PL. Isso facilitará a condução de um programa de seleção recorrente com esta população. A depressão endogâmica observada, em termos médios, não foi tão drástica como em populações de espécies tipicamente alógamas. Entretanto, os efeitos depressivos variaram entre as progênies, indicando a possibilidade de selecionar progênies agronomicamente boas e com pouca depressão. A maioria das progênies foi superior às testemunhas em relação aos caracteres PP, NF e PF, porém inferior em relação aos caracteres CP e TS. Mesmo assim foi possível identificar algumas progênies que agregaram, simultaneamente, caracteres desejáveis como CP vermelha, TS superior a 8°Brix e PP acima de 17 kg. Verificou-se que essa população apresenta alto potencial para o melhoramento, inclusive para obtenção de linhagens. Contudo, verificou-se a não adequação dos modelos estudados aos dados experimentais. Apesar disto, os progressos genéticos estimados apresentaram valores altos e animadores para um programa de seleção recorrente.

Dando continuidade a programas de pré-melhoramento, atualmente algumas pesquisas estão em andamento. Uma destas está relacionada à avaliação de acessos de germoplasma para resistência a insetos-praga (tripes, pulgão, mosca-branca e lagarta minadora) e a doenças (oídio, micoserela, mancha aquosa, viroses). Identificadas fontes de resistência são obtidas populações base para os programas de melhoramento.

Por outro lado, têm-se aliado os programas de pré-melhoramento a programas de melhoramento participativo com assentados da reforma agrária e comunidades locais, mais especificamente do Estado de Goiás e do Norte de Minas Gerais, respectivamente. Nesses programas são avaliados e melhorados, conforme critérios do agricultor, acessos conservados nos Bancos de Germoplasma, assim como variedades locais. Dessa forma, um programa contribui para o avanço do outro e vice-versa.

Estes trabalhos vêm sendo desenvolvidos em parceria com outras Unidades da Embrapa (Clima Temperado, Hortaliças e Semi-Árido) além da Universidade do Estado da Bahia e Universidade Federal do Ceará.

## Referências Bibliográficas

- Borges, R.M.E. 1997. Estudo da herança da resistência ao oídio *Sphaerotheca fuliginea* (Schelecht. ex fr.) Poll em melancia *Citrullus lanatus* Thunb. Mansf. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Pernambuco. Recife, Pernambuco. 46 p.
- Dias, R. de C. S.; Queiroz, M. A. de ; Menezes, M. 1996. Fontes de resistência em melancia a *Didymella bryoniae* . Horticultura Brasileira, (14) 1: 15 –18.
- Ferreira, M. A. J. da F. 2000. Sistema reprodutivo e potencial para o melhoramento genético de uma população de melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai. Ph.D. Diss. Universidade de São Paulo, Piracicaba, Brasil.
- Ferreira, M. A. J. da F., Queiróz, M. A., Vencovsky, R., Braz, L. T., Vieira, M. L. C., Borges, R. M. E. 2002. Sexual expression and mating system of watermelon: implications in breeding programs. Crop Breeding and Applied Biotechnology, (2) 1: 39 – 48.
- Ferreira, M.A.J. da F. 1996. Análise dialélica em melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Mansf. Dissertação de Mestrado. Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária de Jaboticabal. Jaboticabal, São Paulo. 83p.
- Queiróz, M. A. 1998. Cucurbitáceas no semi-árido do Nordeste brasileiro: resgate, conservação e uso. p.1-12. In: Encontro sobre Temas de Genética e Melhoramento, 15. Piracicaba, São Paulo. Resumos.
- Queiróz, M. A. de. 1993. Potencial do Germoplasma de Cucurbitáceas no Nordeste Brasileiro. Horticultura Brasileira, (11) 1: 7-9.
- Queiróz, M.A. de; Dias, R. de C.S.; Souza, F. da F; Ferreira, M.A.J. da F.; Assis, J.G. de A.; Borges, R.M.E.; Romão, R.L.; Ramos, S.R.R.; Costa, M.S.V. & Moura, M. de C.C.L. 1999. Recursos genéticos e melhoramento de melancia no nordeste brasileiro. In: M.A. de Queiróz; C.O.Goedert; S.R.R. Ramos. Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro (on line). Versão 1.0. Embrapa Semi-Árido, Petrolina. Home page:\www.cpatsa.embrapa.br
- Romão, R. L. 1995. Dinâmica evolutiva e variabilidade de populações de melancia *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum & Nakai em três regiões do Nordeste brasileiro. Dissertação de Mestrado. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz. Piracicaba, São Paulo. 75p.

## **PRÉ-MELHORAMENTO EM *Manihot esculenta* Crantz**

Rui Américo Mendes<sup>1</sup>

Eng° Agr°, D.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

[rmendes@cenargen.embrapa.br](mailto:rmendes@cenargen.embrapa.br)

### **INTRODUÇÃO**

Segundo dados arqueológicos, a agricultura começou independentemente em vários locais da Terra. Na América Central e Oriente Próximo, devido as condições climáticas, o processo é melhor conhecido. Nos últimos quinze a dez mil anos, a domesticação das plantas e seu “melhoramento genético” sofreram um avanço muito grande. Foram os agricultores primitivos que domesticaram a maioria das plantas que hoje são cultivadas essencialmente para a produção de alimento. Foi, a maneira de propagação sexual das plantas, associada a uma pressão de seleção que possibilitou a evolução das plantas de baixas produtividades para as atuais variedades de elevadas produtividades (Hoyt, 1988). No caso de plantas de propagação vegetativa, desde que obtida uma planta com características desejáveis ou superiores, a variedade está fixada pela sua clonagem.

O melhoramento científico de plantas, baseado em cruzamentos dirigidos e não na simples seleção de genótipos, começou na Europa nos séculos XVIII e XIX. Hoje em dia, para preencher as lacunas que aparecem em cultivares melhoradas devido ao estreitamento da base genética, há necessidade de lançar mão dos recursos genéticos ainda não completamente explorados como as espécies silvestres e desenvolver metodologias criativas para transferir as características mais importantes para as plantas cultivadas (Esquinas-Alcazar, 1981; Ford-Lloyd e Jackson, 1986; Hoyt, 1988 e Stalker, 1980).

A hibridação interespecífica teve começo no início do século XVIII. Atualmente ela tem sido utilizada principalmente com o objetivo de transferência de genes específicos de uma espécie para outra por meio de cruzamento, retrocruzamento e seleção. Assim, características da espécie silvestre aparentada puderam ser transferidas, conferindo resistência a determinados estresses, melhoria nas suas qualidades nutricionais e mesmo uma arquitetura que se adaptasse melhor ao sistema de cultivo utilizado (Allard, 1960).

### **ESPÉCIES SILVESTRES NO MELHORAMENTO DA MANDIOCA**

É limitado o uso de espécies silvestres de *Manihot* em programas de melhoramento genético principalmente por elas não estarem disponíveis para os melhoristas ou não se estabelecerem facilmente fora de seu ambiente natural. Além disso, pouco se conhece sobre os aspectos de biologia reprodutiva, constituição genômica e relação filogenética.

Devido a doença virótica Mosaico Africano (ACMV) que ataca a mandioca na África, um grande projeto para obter variedades resistentes começou em 1937 em Amani, na Tanzânia, onde foram desenvolvidos vários trabalhos envolvendo a hibridação de *M. esculenta* com as espécies *M. dichotoma*, *M. melanobasis*, *M. glaziovii* e *M. saxicola* (Jennings, 1970). Assim, a curto prazo foi adotada a estratégia de cruzamentos controlados das variedades mais resistentes disponíveis na área e, a longo prazo, o estudo da resistência de outras espécies do gênero *Manihot* às estirpes do vírus da região. Com a eclosão da II Guerra Mundial, os trabalhos em Amani foram desacelerados e pequeno programa foi continuado.

Os cruzamentos interespecíficos de *M. dichotoma* X *M. esculenta* e recíprocos foram os mais interessantes do ponto de vista do melhoramento, porque alguns clones individuais F<sub>1</sub> e a progênie do primeiro cruzamento foram, com certeza, imunes àquelas estirpes de vírus. Três genótipos de *M. dichotoma* e vários de mandioca foram inicialmente usados nos cruzamentos, com sucesso da hibridação em ambas direções. *M. saxicola* cruzada com mandioca produziu híbridos de pouco valor porque aquela se mostrou muito suscetível ao ACMV. A grande vantagem no uso dessa espécie seria o aumento do teor de proteína nas raízes. A completa esterilidade de híbridos F<sub>1</sub> originados de cruzamentos interespecíficos foi de ocorrência comum, mas ela pode ser superada de forma artificial ou casual, permitindo a obtenção de gerações avançadas.

Os resultados indicam que retro-cruzamentos continuados dos genótipos resistentes com a mandioca poderia restaurar o sistema de raízes acumuladoras de amido sem perda da característica de resistência. Com base nesses resultados, a elevada resistência e não a completa imunidade foi o que se obteve nos cruzamentos entre mandioca X mandioca-de-sete-anos (supostamente um híbrido natural de *M. esculenta* X *M. glaziovii*, que é encontrado em vários lugares da África) e entre *M. esculenta* e *M. glaziovii* (Nichols, 1947).

Na Índia, teve início um programa de melhoramento de mandioca em 1944. A hibridação interespecífica usando-se *M. glaziovii* como mãe e *M. esculenta* como pai, não apresentou resultados na produção de frutos. O cruzamento recíproco apresentou algum sucesso, porém a produção de frutos foi muito baixa, somente 1% (Abraham, 1957)

No Brasil em 1968, foram realizados no IAC, cruzamentos de *M. esculenta* com *M. glaziovii*, *M. anomala*, *M. dichotoma* e outros três genótipos, presumivelmente híbridos interespecíficos naturais. Contudo essa linha de pesquisa foi interrompida sem chegar a alguma conclusão (Normanha, 1972 e Valle, 1991).

## **UM CASO DE SUCESSO**

Em programas de melhoramento de plantas, a técnica da utilização de espécies silvestre relacionadas à espécie cultivada, tem proporcionado sucessos em algumas culturas econômicas como: algodão, aveia, batata, cana-de-açúcar, mandioca, trigo, tomate e trigo (Esquinas-Alcazar, 1987; Frey, 1976; Jennings, 1972; Rick et al., 1977 e Stalker, 1980). A utilização de uma espécie exótica no melhoramento se torna necessária quando no germoplasma da espécie cultivada não se encontram os alelos para a característica desejada. Na grande maioria dos casos, a sua utilização é realizada quando não se encontram fontes de resistência a determinadas pragas ou doenças, ou a sua ocorrência é em um grau muito baixo, quando comparada à reação de resistência das espécies silvestres. Um caso clássico do uso de espécie silvestre no melhoramento genético da mandioca foram os trabalhos realizados na Tanzânia, na Costa Leste de África, com a utilização de cruzamento de *M. esculenta* X *M. glaziovii* e três retro-cruzamentos, com o objetivo de incorporar a resistência à doença ACMV. Amostras de sementes híbridas foram distribuídas para diferentes países da África sem muito sucesso. Porém, na Estação Experimental "Moor Plantation" em Ibadan na Nigéria, um clone, identificado pelo número 58308, originado de um lote de sementes se mostrou resistente. Esse clone foi multiplicado e conservado por 20 anos em um processo de sucessivas multiplicações vegetativas sob uma forte pressão de infecção natural (Ekandem, 1970; Hahn et al., 1979; Jennings, 1959 e Jennings, 1972). Com a instalação do IITA

(Instituto Internacional de Agricultura Tropical) naquela cidade, esse clone passou a ser o pilar do programa de melhoramento, visando a resistência da mandioca ao ACMV. Descobriu-se mais tarde, que esse clone era também resistente à bacteriose (CBB) e que se tratava de um caso de ligação (Hahn e Howland, 1972).

### ESPÉCIES COM POTENCIAL DE UTILIZAÇÃO NO PRÉ-MELHORAMENTO

Com toda certeza, os melhoristas de mandioca nunca utilizarão parentes silvestres para conseguir a variabilidade genética desejada, se essa variabilidade pode ser facilmente encontrada no germoplasma de *M. esculenta*. Porém, apesar da utilização de parentes silvestres no melhoramento genético não ser prática comum, atualmente, esse panorama mostra claras tendências de mudanças em futuro próximo. A utilização de parentes silvestres em programas de melhoramento genético poderia ser aprimorada se houvesse paralelamente um programa para a produção de linhagens pré-melhoradas, com a incorporação das características desejadas da silvestre e eliminação das características indesejáveis (Ladizinsky, 1989).

Chaves (1990), Gulick et al. (1983), Nassar (1978a,b), Nassar (1979) e Nassar e Costa (1977) sugerem com base nas observações de campo, a utilização de outras espécies silvestres do gênero *Manihot* em programa de melhoramento genético da mandioca, visando à incorporação de algumas características específicas. Também, relacionam algumas espécies cujas características poderiam ser usadas (Tabela 1)

TABELA 1 – Características de algumas espécies do gênero *Manihot* para utilização em programas de melhoramento genético da mandioca.

Características	Espécie(s)
Adaptada a condições de seca	<i>M. caerulescens</i> , <i>M. carthaginensis</i> , <i>M. dichotoma</i> , <i>M. pseudoglaziovii</i>
Adaptada a diferentes ecossistemas	<i>M. alutacea</i>
Adaptada a solos ácidos	<i>M. irwinii</i> , <i>M. orbicularis</i>
Adaptada a solos alcalinos	<i>M. chlorostica</i> , <i>M. pentaphylla</i> , <i>M. pruinosa</i>
Adaptada a solos drenados	<i>M. falcata</i>
Adaptada a solos pobres	<i>M. caerulescens</i> , <i>M. paviaefolia</i> , <i>M. procumbens</i>
Baixo teor de HCN	<i>M. pringlei</i>
Porte baixo	<i>M. falcata</i> , <i>M. paviaefolia</i> , <i>M. oligantha</i>
Alto teor de amido	<i>M. anomala</i> , <i>M. tripartita</i> , <i>M. oligana</i> , <i>M. tristis</i> , <i>M. zehntneri</i>
Produtora de látex	<i>M. caerulescens</i> , <i>M. dichotoma</i> , <i>M. glaziovii</i>
Resistente às pragas comuns	<i>M. dichotoma</i> , <i>M. glaziovii</i>
Tolerante ao frio	<i>M. anisophylla</i> , <i>M. attenuata</i> , <i>M. grahamii</i> , <i>M. rubricaulis</i> , <i>M. stipularis</i>

### REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABRAHAM, A. Breeding of tuber crop in Índia. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, New Delhi, v.178, p.212-217, 1957.

- ALLARD, R.W. Principles of plant breeding. New York: John Wiley, 1960. Cap. 34, p.434-443.
- CHAVÉS, R. Especies silvestres de *Manihot*: un recurso valioso. Yuca Boletín Informativo, Calli, v.14, n.1, p.2-5, 1990.
- EKANDEM, M.J. Cassava research in Nigeria before 1967. Ibadan:Federal Department of Agricultural Research, 1970, 16p. (memorando 103, mimeografado).
- ESQUINAS-ALCAZAR, J.T. Recursos genéticos vegetais: base de la seguridad alimentaria. Ceres, Roma, v.20, n.4, p.39-45, 1987.
- ESQUINAS-ALCAZAR, J.T. Los recursos fitogeneticos una inversion segura para el futuro. Espanha, Madrid:IBPGR/INIA, 1981. 44p.
- FORD-LLOYD, B.; JACKSON, M. Plant genetic resources: an introduction to their conservation and use. Baltimore:Edward Arnold, 1986. 152p.
- FREY, K.J. Plant breeding in the seventies: useful genes from wild plant species. Egyptian Journal of Genetics and Cytology, Alexandria, v.5, p.460-482, 1976.
- GULICK, P.; HERSHEY, C.H.; ESQUINAS-ALCAZAR, J.T. Genetic resources of cassava and wild relatives. Roma:IBPGR, 1983, 56P. (AGPG:IBPGR/82/111).
- HAHN, S.K.; TERRY, E.R.; LEUSCHNER, K.; AKOBUNDU, I.O.; AKALI, C.; LAL, R. Cassava improvement in Africa. Field Crops Research, Amsterdam, v.2, p.193-226, 1979.
- HAHN, S.K.; HOWLAND, A.K. Breeding for resistance to cassava mosaic. In: CASSAVA MOSAIC WORKSHOP, Ibadan, 1972. Proceedings... Ibadan:IITA, 1972. p.37-39.
- HOYT, E. Conserving the wild relatives of crops. Roma:IBPGR/IUCN/WWF, 1988. 46p.
- JENNINGS, D.L. Cassava in East Africa. In: PLUCKNETT, D.L. International Symposium on Tropical Root Crops, 2, 1970, v.1, p.64-65.
- JENNINGS, D.L. *Manihot melanobasis* Mull.Arg.: a useful parent for cassava breeding. Euphytica, Wageningen, v.8, p.157-162, 1959.
- JENNINGS, D.L. Breeding for resistance to cassava viruses in East Africa. In: CASSAVA MOSAIC WORKSHOP, Ibadan, 1972. Proceedings... Ibadan:IITA, 1972. p.40-42.
- LADIZINSKY, G. Ecological and genetic considerations in collecting and using genetic resources. Cambridge:Cambridge University, 1989. p.297-305.
- NASSAR, N.M.A. A wild *Manihot* species of Central Brazil for cassava breeding. Canadian Journal of Plant Science, Ottawa, v.58, p.257-261, 1978a.
- NASSAR, N.M.A. Some further species of *Manihot* with potential value to cassava breeding. Canadian Journal of Plant Science, Ottawa, v.58, p.915-916, 1978b.
- NASSAR, N.M.A. Three Brazilian *Manihot* species with tolerance to stress conditions. Canadian Journal of Plant Science, Ottawa, v.59, p.553-555, 1979.
- NASSAR, N.M.A.; COSTA, C.P. Tuber formation and protein content in some wild cassava (*Mandioca*) species native of Central Brazil. Experientia, Basel, v.30, p.1304-1305. 1977.
- NICHOLS, R.F.W. Breeding cassava for virus resistance. East African Agricultural Journal, Kenia, v.12, n.3, p.184-194, 1947.
- NORMANHA, E.S. *Mandioca (Manihot esculenta Crantz)*: melhoramento genético. In: REUNIÃO DA COMISSÃO NACIONAL DA MANDIOCA, 6, Recife, 1972. Anais... Recife:IPEAN, 1972. p.35-43.
- RICK, C.M.; DAVIS, J.F.F.; HOLLEM, M. Genetic variation in *Licopersicon pimpinellifolium*: evidence of evolutionary change in mating system. Plant Systematic and Evolution, New York, n.127, p.139-170, 1977

STALKER, H.T. Utilization of wild species for crop improvement. *Advances in Agronomy*, New York, v.33, p.111-147, 1980.

VALLE, T.L. Utilização de espécies selvagens no melhoramento de mandioca: passado, presente e futuro. In: HERSHEY, C.H. *Mejoramiento genético de la yuca en América Latina*. Cali:CIAT, 1991, p.163-176.



## **PRÉ-MELHORAMENTO DE *Passiflora***

Fábio Gelape Faleiro, Nilton Tadeu Vilela Junqueira, Marcelo Fideles Braga  
Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, 73310-970, Planaltina, DF.  
e-mail: ffaleiro@cpac.embrapa.br

### **Introdução**

As atividades de pré-melhoramento são essenciais para subsidiar a utilização prática dos recursos genéticos nos programas de melhoramento. Nesse sentido, as pesquisas envolvendo a prospecção, conservação e caracterização de germoplasma assumem importância estratégica. Para a caracterização, a utilização de características agrônômicas relacionadas à produtividade, qualidade de frutos e resistência a estresses bióticos e abióticos é fundamental. No caso do maracujazeiro (*Passiflora* spp.), a importância das atividades de pré-melhoramento é ainda maior, considerando a exploração diversificada do maracujá na produção de polpa para sucos (maracujazeiro azedo), de frutos para consumo *in natura* (maracujazeiro doce) e de plantas com potencialidade ornamental e medicinal.

Com o avanço das fronteiras agrícolas no Centro-Norte do Brasil (principal centro de distribuição geográfica do maracujá), os trabalhos visando à conservação de recursos genéticos tornaram-se estrategicamente importantes. Recursos genéticos valiosos e muito pouco estudados estão sendo perdidos. Estima-se que o gênero *Passiflora* é composto por 465 espécies, das quais, aproximadamente 200, são originárias do Brasil e apresentam potencial de uso como alimento, além das propriedades medicinais e ornamentais. Cerca de 70 espécies produzem frutos comestíveis (Cunha et al. 2002). Existe uma ampla variabilidade genética de *Passiflora* spp. a ser conhecida, caracterizada, protegida, conservada e convenientemente utilizada comercialmente ou em programas de melhoramento genético como fornecedoras de genes relacionados a características de interesse.

### **Potencial econômico de *Passiflora***

Muitas das espécies de *Passiflora* são cultivadas pelas propriedades alimentícias, ornamentais e medicinais, mas principalmente pela qualidade de seus frutos (Souza e Meletti, 1997). Os frutos, além de consumidos *in natura*, são usados para fazer sucos, doces, refrescos, sorvetes, etc. O valor ornamental é conferido pelas belas flores que a planta produz, que exercem atração pelo seu tamanho, pela exuberância de suas cores e pela originalidade de suas formas. O uso medicinal, bastante difundido, baseia-se nas propriedades calmantes, sendo um sedativo natural encontrado nos frutos e nas folhas (Souza e Meletti, 1997).

No Brasil, as espécies com maior expressão comercial são a *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* (maracujá-amarelo ou azedo) e a *Passiflora alata* (maracujá-doce). O cultivo do maracujazeiro em escala comercial teve início no começo da década de 70, com o maracujá azedo. Atualmente, o agronegócio do maracujá no Brasil gera R\$500 milhões, emprega 250.000 pessoas e pode gerar de 5 a 6 empregos diretos e indiretos por hectare.

### **Variabilidade genética de espécies comerciais e silvestres**

No caso do maracujá azedo, algumas variedades botânicas como Gigante Amarelo, Redondão, Moranga, Vermelho, Marília Longo, Marília Seleção Cerrado, IAC 277, IAC 275 têm sido avaliados para a produtividade e resistência a doenças.

Estudos preliminares têm mostrado que existe pouca variabilidade genética entre as cultivares atuais para a resistência a doenças (Junqueira et al., 2003). Estudos de genótipos de maracujazeiro azedo cultivados no Rio de Janeiro, baseados em características morfo-agronômicas e marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) também não mostraram expressiva variabilidade genética (Pio Viana et al., 2003).

Por outro lado, espécies silvestres do gênero *Passiflora* (*P. laurifolia*, *P. nitida*, *P. tenuifolia*, *P. mucronata*, *P. gibertii*, *P. amethystina*, *P. quadrangularis*, *P. setacea*, *P. coccinea*, *P. caerulea*, entre outras) têm apresentado, com base em estudos preliminares, variabilidade para resistência às principais doenças do maracujazeiro (Cunha et al., 2002; Santos Filho e Junqueira, 2003) e também variabilidade ao nível do DNA (Crochemore, 2002; Pio Viana et al., 2003; Faleiro et al. 2004a; 2005a). Várias destas espécies têm sido citadas como potenciais fontes de resistência que podem contribuir para o controle de doenças causadas por fungos, bactérias e por alguns vírus. Além disso, tais espécies também poderiam ser testadas como porta-enxertos visando a resistência a fungos de solo e à morte precoce, considerando que existe um potencial já referenciado na literatura. Nas revisões de literatura feitas por Oliveira et al. (1994) e Oliveira e Ruggiero (1998), são citadas várias utilizações de germoplasma de *Passiflora* como potenciais fontes de resistência a doenças em programas de melhoramento genético ou como porta-enxertos. Estes resultados mostram que tais espécies, apresentam um grande potencial, entretanto estudos básicos e essenciais de caracterização agrônômica e molecular de tais espécies são essenciais.

### **Conservação da variabilidade genética**

Apesar da grande variabilidade genética natural do maracujá, a preocupação em mantê-la não tem sido expressiva, em âmbito nacional e mundial, visto que o material mantido em coleções é modesto (Souza e Meletti, 1997). Segundo Ferreira (1994), apesar da importância da cultura do maracujá para o Brasil, nota-se uma carência de pesquisa, notadamente nas áreas básicas, principalmente com relação a germoplasma e taxonomia. Tais estudos são fundamentais para a utilização da variabilidade genética em programas de melhoramento e para subsidiar uma futura e estratégica relação de intercâmbio de germoplasma a nível mundial, uma vez que a demanda por esses materiais tem sido cada vez maior. Segundo Cunha (1998), aumentar a variabilidade genética existente nas coleções, caracterizar e avaliar o germoplasma e utilizá-los em programas de melhoramento são prioridades da pesquisa relacionada a recursos genéticos do maracujá.

### **Uso da variabilidade genética**

Para que toda esta variabilidade genética para resistência a doenças seja aproveitada em programas de melhoramento, torna-se necessário a realização de hibridações intra-específicas ou o uso da biotecnologia moderna na obtenção de híbridos somáticos ou na utilização da tecnologia do DNA recombinante e engenharia genética. Oliveira e Ferreira (1991) obtiveram muitos híbridos interespecíficos. Priolli (1991) caracterizou plantas oriundas de cruzamentos entre *P. edulis* e *Passiflora* sp. e de *P. edulis* e *P. gibertii*. Por sua vez, Oliveira e Ruggiero

(1998) relataram alguns problemas com os híbridos interespecíficos, como a suscetibilidade à doença, falta de adaptação, baixo vigor, macho esterilidade, produção de pólen inviável, entre outros. No programa de melhoramento genético do maracujazeiro realizado na Embrapa Cerrados, híbridos inter-específicos de *P. edulis* f. *flavicarpa* com *P. setacea*, *P. coccinea* e *P. caerulea* têm sido obtidos com sucesso e confirmados com base em marcadores moleculares (Faleiro et al., 2004b; Faleiro et al., 2005b; Lage et al., 2005)

Com relação à utilização da biotecnologia moderna na obtenção de híbridos somáticos, vários autores têm obtido sucesso utilizando as espécies *P. edulis* f. *flavicarpa*, *P. incarnata*, *P. alta*, *P. amethystina*, *P. cincinnata*, *P. gibertii* e *P. coccinea*. Híbridos somáticos envolvendo a espécie cultivada e espécies selvagens de *Passiflora*, devido à sua natureza tetraplóide se prestam, em princípio, como porta-enxertos, uma vez que mostram caules mais vigorosos do que o parental selvagem resistente. Com relação à engenharia genética, grupos de pesquisa da ESALQ e da UFV têm trabalhado com obtenção de plantas transgênicas para resistência à bacteriose e para resistência a PWV. Sendo o maracujá uma cultura em franca expansão, muito pouco estudada e com ampla base genética a ser explorada, acreditamos que muito ainda deve ser feito em estudos básicos e melhoramento genético convencional com boas perspectivas de ganhos genéticos.

Segundo Oliveira e Ruggiero (1998), estudos detalhados de biologia floral e cruzamentos controlados precisam ser realizados para incorporar genes favoráveis de espécies silvestres nas espécies *P. edulis* f. *flavicarpa* e *P. alata*. A auto-incompatibilidade também é uma característica importante que tem implicações importantes nas metodologias de melhoramento genético por induzir a alogamia e o alto grau de heterozigose, além de ter influências na compatibilidade entre cruzamentos. Estudos detalhados de caracterização genética da resistência em espécies cultivadas e silvestres são essenciais para subsidiar a utilização do germoplasma de *Passiflora* em programas de melhoramento genético e como porta-enxerto visando a resistência a doenças.

### **Referências bibliográficas**

- CROCHEMORE, M.L. Diversidade genética do maracujazeiro (*Passiflora* spp.). In: REUNIÃO TÉCNICA DE PESQUISA EM MARACUJAZEIRO, 3, 2002. **Anais...** Viçosa: UFV, 2002. p.69-74.
- CUNHA, M.A.P. da. Prioridades de pesquisa por subárea e objetivo. In: REUNIÃO TÉCNICA: PESQUISA EM MARACUJAZEIRO NO BRASIL, 1, 1997, Cruz das Almas, BA: EMBRAPA/CNPMPF, 1998. p.11-14 (EMBRAPA-CNPMPF. Documentos, 77).
- CUNHA, M.A.P.; BARBOSA, L.V.; JUNQUEIRA, N.T.V. Espécies de maracujazeiro. In: LIMA, A.A. (Ed.). **Maracujá Produção: Aspectos Técnicos**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 104p. (Frutas do Brasil; 15).
- FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BELLON, G.; BORGES, T.A.; ANJOS, J.R.N.; PEIXOTO, J.R.; BRAGA, M.F.; SANTOS, D.G. Diversidade genética de espécies silvestres de maracujazeiro com resistência múltipla a doenças com base em marcadores RAPD. **Fitopatologia Brasileira** v. 29 (suplemento), p. S325, 2004a.
- FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BELLON, G.; KRALH, L.L.; ANJOS, J.R.N.; PEIXOTO, J.R.; BRAGA, M.F.; REZENDE, A.M. Utilização de marcadores

moleculares em retrocruzamentos visando a resistência do maracujazeiro-azedo a múltiplas doenças. **Fitopatologia Brasileira** v. 29 (suplemento), p. S325, 2004b.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; BELLON, G.; LAGE, D.A.C.; FERREIRA, U.O.C.; SANTOS, J.B. Caracterização molecular e morfológica da espécie *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* silvestre no cerrado. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 3, Gramado, 2005. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, CD-ROM (Artigo 7398), 2005a.

FALEIRO, F.G.; JUNQUEIRA, N.T.V.; BRAGA, M.F.; BELLON, G.; PEIXOTO, J.R.; BARROS, A.M.; BORGES, T.A.; ALMEIDA, D.A.; COSTA, B. Obtenção de populações de retrocruzamentos e confirmação da fecundação cruzada no maracujazeiro com base em marcadores moleculares. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 3, Gramado, 2005. **Anais...** Passo Fundo: Embrapa Trigo, CD-ROM (Artigo 4398), 2005b.

JUNQUEIRA, N.T.V.; ANJOS, J.R.N.; SILVA, A.P.O.; CHAVES, R.C.; GOMES, A.C. Reação às doenças e produtividade de onze cultivares de maracujá-azedo cultivadas sem agrotóxico. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, n.8, p. 1005-1010, 2003.

OLIVEIRA, J.C. e FERREIRA, F.R. Melhoramento genético do maracujazeiro. In: **A cultura do maracujá no Brasil**. Ribeirão Preto: FUNEP – Tipografia Offset São Francisco, 1991. p. 211-239.

OLIVEIRA, J.C. e RUGGIERO, C. Aspectos sobre o melhoramento do maracujazeiro amarelo. In: RUGGIERO, C. (Ed.) **Maracujá: do plantio à colheita**. Jaboticabal: FUNEP. Anais do 5º Simpósio Brasileiro sobre a cultura do maracujazeiro, 1998. p. 291-310.

OLIVEIRA, J.C.; NAKAMURA, K.; MAURO, A.O.; CENTURION, M.A.P.C. Aspectos gerais do melhoramento do maracujazeiro. In: SÃO JOSE, A.R. (Ed.) **Maracujá: produção e mercado**. Vitória da Conquista: Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia. 1994. p.27-37.

PIO VIANA, A.; PEREIRA, T.N.S.; PEREIRA, M.G.; SOUZA, M.M.; MALDONADO, F.; AMARAL JÚNIOR, A.T. Diversidade entre genótipos de maracujazeiro amarelo (*Passiflora edulis* f. *flavicarpa*) e entre espécies de passifloras determinada por marcadores RAPD. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 25, p. 489-493. 2003.

PRIOLLI, R.H.G. Avaliação morfológica de híbridos entre *Passiflora* spp. E comportamento em relação ao nematóide formador de galhas *Meloidogyne incógnita* Kofoid, White (1919) Chitwood (1949) raça 1. 1991. 88p. Dissertação (Mestrado) – FCAV/UNESP, Jaboticabal, 1991.

SANTOS FILHO, H.P. e JUNQUEIRA, N.T. Maracujá: Fitossanidade. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2003. 86p. (Série Frutas do Brasil, 32).

SOUZA, J.S.I. e MELETTI, L.M.M. **Maracujá: espécies, variedades, cultivo**. Piracicaba: FEALQ, 1997. 179p.

## **PERSPECTIVAS PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO DE ESPÉCIES FORRAGEIRAS PARA AS CONDIÇÕES DO CERRADO**

Cláudio Takao Karia<sup>1</sup>; Marcelo Ayres Carvalho<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Cerrados, BR 020, Km 18, Caixa. Postal 08223, CEP. 73.301-970. Planaltina – DF (karia@cpac.embrapa.br)

<sup>2</sup> Embrapa SPD, Parque Estação Biológica, Av. W3 Norte, CEP. 70770-901. Brasília – DF (marcelo.carvalho@embrapa.br)

A pecuária é uma das atividades econômicas mais importantes do país e passa por profundas transformações decorrentes do processo de globalização da economia mundial, em que os mercados competitivos e demandadores por qualidade exigem freqüentes mudanças nos sistemas de produção e beneficiamento de carnes.

De acordo com o IBGE (2005), o rebanho nacional, em 2003, era de 195.552 mil cabeças e produziram-se 22,2 bilhões de litros de leite. Em 2004, a produção de carne bovina, em equivalente carcaça, foi de 5,92 milhões de toneladas. No mesmo ano, o consumo interno foi de aproximadamente 4,8 milhões de toneladas, as importações de 44.389 t e as exportações de 1,16 milhões de toneladas (ABIEC, 2005). O valor das exportações de carne atingiu US\$ 2,49 bilhões, o que garantiu ao país a permanência como o maior exportador de carne bovina do mundo, em volume comercializado. Para a abertura de novos mercados e sua manutenção, é necessário que o tripé, em que se baseia a produção pecuária, ou seja, genética animal, sanidade e nutrição, esteja em constante aprimoramento.

No Brasil, mais de 90% da carne é produzida em sistemas cuja alimentação do rebanho está baseada exclusivamente em pastagens. O processo de terminação em confinamento é responsável por apenas 5% da produção e quase a totalidade dos processos de cria e recria são baseados no uso de pastagens. Estima-se que a área de pastagens no Brasil seja em torno de 259 milhões de hectares, sendo 144 milhões de hectares em pastagem nativa e 115 milhões de hectares em pastagens cultivadas. Na região do Cerrado, que detém 35% do rebanho nacional, a área de pastagem cultivada é de 49,6 milhões de hectares (Sano et al., 1999). A participação relativa de espécies do gênero *Brachiaria* é da ordem de 85%, em que grande parte é representada por apenas duas cultivares, *B. brizantha* cv. Marandu e *B. decumbens* cv. Basilisk (Macedo, 1995).

As principais cultivares de gramíneas forrageiras possuem modo de reprodução apomítico, ou seja, são cópias geneticamente idênticas às plantas mães (clones). Assim, a uniformidade genética dentro das cultivares, o reduzido número de cultivares em uso e as extensas áreas de pastagens existentes evidenciam a vulnerabilidade de toda a base alimentar da pecuária nacional. Torna-se clara a necessidade de maior diversificação de cultivares de forrageiras, para os sistemas brasileiros de produção.

Estima-se que 80% das pastagens da região do Cerrado encontram-se em algum estágio de degradação. Atribui-se a perda da capacidade produtiva a diversos fatores, dentre os mais importantes, o plantio de cultivares não adaptadas para o local, o manejo inadequado das pastagens, correção e manutenção da fertilidade do solo inadequadas ou inexistentes. Em relação à fertilidade do solo, a deficiência de nitrogênio e de fósforo é o principal problema que causa a diminuição da produção de forragem (Barcellos, et al., 2001). A solução desse problema se agrava devido à impossibilidade da aplicação de nitrogênio mineral nas extensas áreas de pastagens. A aplicação de apenas 50 kg de nitrogênio por hectare ao ano, nos 50

milhões de hectares de pastagens cultivadas do Cerrado, implicaria em 2,5 milhões de toneladas de nitrogênio por ano a mais de importação, ou seja, mais que o dobro importado em 2003. A degradação ambiental é fator preocupante na exploração pecuária, haja vista não somente os danos causados diretamente à natureza, mas também a grande pressão da sociedade mundial sobre processos de produção que degradam o meio ambiente, podendo se tornar uma barreira aos produtos brasileiros.

O desenvolvimento de alternativas para o restabelecimento da capacidade produtiva das pastagens cultivadas é fundamental para alcançar a sustentabilidade e a intensificação da atividade pecuária no Cerrado. A utilização de leguminosas para a incorporação de nitrogênio biológico no sistema e a integração dos sistemas de produção de grãos e pecuária despontam como opções viáveis. O trabalho de melhoramento genético de espécies forrageiras deve, portanto, buscar genótipos que sejam adaptados às condições edafoclimáticas da região e que também que possam atender às necessidades dos produtores inseridos nesse novo cenário.

A maioria das cultivares existentes no mercado é oriunda de coleta e introdução de germoplasma. Milhares de introduções foram avaliados nos últimos trinta anos, principalmente acessos pertencentes aos gêneros *Brachiaria*, *Paspalum*, *Panicum*, *Stylosanthes*, *Centrosema*, *Desmodium*, *Calopogonium*, *Arachis* e *Leucaena*. Somente na Embrapa Cerrados foram introduzidos e avaliados mais de 5000 acessos de espécies com potencial forrageiro. Durante esse período, buscaram-se selecionar materiais com alta capacidade de produção de forragem, de boa qualidade nutricional, resistentes às pragas e doenças, tolerantes aos solos ácidos e de baixa fertilidade, tolerantes à seca, tolerantes ao fogo, persistentes, perenes, bons produtores de sementes e com ampla adaptação às diversas condições edafoclimáticas da Região. Muitas dessas características ainda são importantes para a seleção de plantas, entretanto, considerando-se as mudanças que se passam no sistema de produção animal no Cerrado, outros atributos devem ser observados.

Em sistemas de integração lavoura-pecuária, por exemplo, algumas características passam a ter um peso maior, como busca de cultivares que se propagam por sementes; que possam ser semeadas em conjunto com as culturas anuais, mas que não provoquem redução da produtividade de grãos (competição); que sejam positivamente responsivos à fertilização do solo; que possam ser controladas com a utilização de herbicidas; que não sejam hospedeiras de pragas e doenças que atacam os cultivos de grãos. Outras características, no entanto, deixam de ser importantes, como por exemplo, a persistência e a resistência ao fogo.

Para uma rápida resposta às demandas emergentes, alguns gargalos metodológicos do melhoramento devem ser superados. Nesse novo cenário, espera-se um processo de especialização das cultivares, por condições ambientais e por sistema de utilização. No modelo de seleção preconizado pela RIEPT (Red Internacional de Evaluación de Pastos Tropicales), coordenado pelo Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), com a participação de várias instituições nacionais de pesquisa dos países da América Latina e do Caribe, a variabilidade genética da espécie é bastante reduzida logo no início das etapas de avaliação, não permitindo o estudo adequado das interações entre os genótipos e os ambientes (solo, temperatura, precipitação, sistema de utilização, competição, pragas e doenças). Logo, a seleção de plantas generalistas, isto é, que têm ampla adaptação de ambientes, é favorecida. Ademais, o sistema possui muitas etapas, tornando o processo bastante lento e extremamente caro.

Por outro lado, no Brasil, a diversidade ambiental, econômica, social e as interações entre esses fatores provocam grande variabilidade de situações que, aliada à necessidade de se aumentar a eficiência e a eficácia do negócio, cria-se uma enorme diversidade de possibilidades de sistemas de produção. Assim, os desafios do melhoramento de plantas forrageiras são enormes, são urgentes as mudanças no esquema de avaliação e de seleção, bem como a incorporação de novas ferramentas para o desenvolvimento de produtos que venham melhor atender às necessidades, cada vez mais específicas, dos exigentes produtores. Essas mudanças, no entanto, devem ser bastante estudadas e discutidas, pois na Austrália, após nove anos de discussão, optou-se por um esquema em que a nova cultivar deve ser bem caracterizada quanto à sua contribuição potencial à produção de pastagem; porém, testes exaustivos de desempenho animal, de alto custo, não são exigidos. Como consequência, muitos materiais foram transferidos da pesquisa para o mercado de forma rápida, mas, o tempo de sobrevivência das cultivares no mercado caiu e várias delas não corresponderam às expectativas (Valle & Souza, 1995). Coincidentemente, o governo australiano encerrou as atividades de pesquisa voltadas para o lançamento de cultivares de espécies forrageiras e este país, que no passado era grande exportador de sementes forrageiras para o mundo tropical, cedeu a posição ao Brasil.

Um elo fundamental no lançamento de cultivares é o envolvimento do setor privado, seja no financiamento das atividades de pesquisa, seja na criação de equipes próprias de pesquisa e desenvolvimento (P&D). Esse setor está em contato direto com os usuários e, hoje, são os principais agentes de difusão de tecnologia e de retro-alimentação de demandas para a pesquisa. Assim, será possível gerar produtos de melhor qualidade e esses produtos poderão ser mais bem utilizados em benefício da sociedade.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS EXPORTADORAS DE CARNE. **Estatísticas**. São Paulo, ABIEC, 2005. Disponível em: <[http://www.abiec.org.br/abiec/estatisticas/vol\\_export.htm](http://www.abiec.org.br/abiec/estatisticas/vol_export.htm)>. Acesso em 2 out. 2005. BARCELLOS, A. de O.; VILELA, L. LUPINACCI, A. V. Produção animal a pasto: desafios e oportunidades. In: ENCONTRO NACIONAL DO BOI VERDE: A PECUÁRIA SUSTENTÁVEL, 3., 2001. Uberlândia. **Anais...** Uberlândia: Sindicato Rural de Uberlândia, 2001. p. 29-64.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. **Pesquisa Pecuária Municipal**. Rio de Janeiro, IBGE, 2005. Disponível em: <<http://www.ibge.gov.br>>. Acesso em: 2 out. 2005

MACEDO, M. C. M. Pastagens no ecossistema Cerrado: pesquisa para o desenvolvimento sustentável. In: SIMPÓSIO SOBRE PASTAGENS NOS ECOSSISTEMAS BRASILEIROS, 1995, Brasília. **Anais...** Brasília: SBZ, 1995. p. 28-62.

SANO, E. E.; BARCELLOS, A. de O.; BEZERRA, H.S. **Área e distribuição espacial de pastagens cultivadas no Cerrado brasileiro**. Planaltina: Embrapa Cerrados, 1999. 21p. (Embrapa Cerrados – Boletim de Pesquisa n.3).

VALLE, C. B. do; SOUZA, F. H. D. de. Construindo novas cultivares de gramíneas forrageiras para os cerrados brasileiros. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 32., 1995, Brasília. **Anais...** Brasília: SBZ, 1995. p. 3-7.

## MELHORAMENTO DE TRIGO PARA O CERRADO BRASILEIRO

Walter Quadros Ribeiro Júnior<sup>1</sup>

Pesquisador da Embrapa Trigo - Cerrados – PhD em Genética e Melhoramento de Plantas

### Origem genética

O trigo (*Triticum aestivum*), é uma espécie hexaplóide, com 3 conjuntos distintos de cromossomos (genomas A,B e D), sendo os 2 primeiros derivados de um trigo tetraplóide (*triticum turgidum*) e o genoma D, derivado de um trigo diplóide (*Triticum tauschii*), que sofreu um processo de duplicação de cromossomos para tornar-se fértil.

F1g.1: Origem genética do trigo

(?) BB x AA (*Triticum monococcum*)

F1 AB (Duplicação de cromossomos)

AABB (*Triticum turgidum*)

AABB x DD (*Triticum tauschii*)

F1 ABD (Duplicação do número de cromossomos)

AABBDD (*Triticum aestivum*)

### Centros de Origem e Domesticação

O trigo teve como centros de origem e domesticação o Irã, Iraque e Sudeste do Mediterrâneo, sendo que o trigo domesticado apresentou como vantagens sementes sem casca, perda de deiscência, sincronia na germinação, florescimento e maturação, além de espigas e grãos grandes, como principais características.

### Melhoramento no Brasil

No Brasil, o primeiro cultivar surgiu no Paraná em 1914 (Nova Tirol) mas em 1924 surgiu o cultivar Frontana que devido a resistência à Ferrugem, precocidade, porte baixo e resistência ao Alumínio, teve ampla adaptação no RS.

Trabalhos posteriores desenvolvidos pelo Instituto Agrônomo de Campinas, Fecotrigo, Instituto Agrônomo do Paraná, e nas estações experimentais em Erechin, Pelotas, Passo Fundo e Bagé, entre outras, tiveram impacto favorável na área plantada e produtividade nas regiões de atuação. A partir de 1975 foi criada a Embrapa Trigo, que com a cooperação de diversas Instituições de pesquisa, tem desenvolvido trabalhos de pesquisa no Sul, Centro-Sul e Centro-Oeste. A Embrapa e Instituições cooperantes lançaram um total de 100 cultivares no Brasil, sendo que ainda estão sendo cultivadas 74, sendo 25 para o RS, 21 para o PR, 11 para o MS, 5 para SP, e 11 para a Região Centro-Oeste, sendo para esta última, 3 cultivares para sequeiro e 8 cultivares para o sistema irrigado no plantio de inverno. Estimou-se que o programa de melhoramento da Embrapa tem gerado um ganho genético variando de 29 a 45 Kg/ha/ano.



A iniciativa privada também tem desenvolvido novos materiais como a OCEPAR, OR Sementes, COODETEC e Fundação Meridional.

### **Melhoramento no Cerrado**

O melhoramento teve início nos anos 60 com o Dr Ady Raul da Silva, na Embrapa Cerrados, utilizando o sistema de irrigação por corrugação, com produtividades médias de 2000 Kg/ha. Desde então, devido ao trabalho de pesquisadores das Embrapas Cerrado, Trigo, Arroz e Feijão, Uberlândia, UEPAE Dourados, além de empresas estaduais como Epamig e universidades como Univ. Federal de Viçosa e Fesurv de Rio Verde, e devido à injeção de materiais genéticos do Centro Internacional (CIMMYT), ocorreram lançamentos de cultivares que nos proporcionaram genótipos altamente produtivos.

### **Cultivares da Embrapa e/ou instituições colaboradoras atualmente no mercado**

Na região Centro Oeste, há cultivares recomendados e em utilização pelos agricultores em ambos os sistemas (sequeiro e irrigado), sendo que os materiais com áreas mais significativas estão descritos no Quadro 1 (Informações Técnicas do trigo 2005/6).

Quadro1: Relação de cultivares de sequeiro ou irrigadas, indicadas para o Brasil Central, estados, ciclo, altura, reação ao acamamento e classe comercial.

Cultivar	Época	Estados	Ciclo	Altura	Acamamento* <sup>4</sup>	Classe
Aliança	Sequeiro	MG,GO,DF,MT	Precoce	Baixa	MR	Pão
Brilhante	Sequeiro	MG,GO,DF,MT	Precoce	Média	R	Pão
BR18	Sequeiro	MG,GO,DF,MT	Precoce	Baixa	MS	Pão
Embrapa 22	Irrigado	MG,GO,DF,MT,BA	Precoce	Baixa* <sup>3</sup>	MR	Pão
Embrapa 42	Irrigado	GO. DF	Precoce	Baixa	R	Melhorador
BRS207	Irrigado	MG, GO,DF	Médio	Baixa* <sup>2</sup>	R	Pão* <sup>5</sup>
BRS 210	Irrigado	MG,GO,DF	Médio	Baixa* <sup>2</sup>	R	Pão
BRS 254	Irrigado	MG,GO,DF,MT	Precoce	Baixa	MR	Melhorador
BRS 264	Irrigado	MG,GO,DF,MT,BA	Precoce* <sup>1</sup>	Baixa	MR	Pão

1) Aproximadamente uma semana mais precoce que os demais cultivares classificados como precoces 2) Aproximadamente 10 cm mais baixas que os demais materiais classificados como baixos 3) Aproximadamente 10cm mais alta que os demais materiais classificados como baixos. 4) R= Resistente, MR= Moderadamente resistente, MS= moderadamente sensível ao acamamento. 5) Qualidade de panificação inferior aos demais materiais classificados como pão.

Pode se verificar que os materiais para esta região plantados em áreas mais representativas tem alta qualidade de panificação além de não sofrem chuvas na colheita. Buscou-se materiais de porte baixo pois a alta adubação nitrogenada e irrigação estimulam o acamamento Adicionalmente buscou-se precocidade para fugir à chuva na colheita no plantio irrigado ou stress hídrico no caso do sequeiro.

Como o plantio irrigado tem tido melhores produtividades, um número maior de materiais tem sido desenvolvidos para esta época de plantio.

Quadro1: Relação de cultivares de sequeiro ou irrigados, indicados para o Brasil Central, com sua reação ao crestamento às doenças fúngicas.

Cultivar	Crestamento	Oídio	Ferrugem (folha)	Ferrugem (colmo)	Giberela	Helmintosporiose	Bruzone
Aliança	R* <sup>2</sup>	S	S	-	-	MS* <sup>1</sup>	MS
Brilhante	R* <sup>1</sup>	R	MR* <sup>1</sup>	-	-	MS* <sup>1</sup>	MS* <sup>1</sup>
BR 18	MS	MR	MR	S	S	S	MS/MR
BRS207	MS	S	S* <sup>1</sup>	-	S	MS* <sup>1</sup>	S
BRS210	MS	MR	MR	R	S	S	S
BRS254	S	S	S	-	S	MS	S
BRS264	MS	S	S	S	S	S	S
Embrapa 22	MS	AS	S	S	-	S	S
Embrapa 42	MS	S	S	S	-	S	S

1) Classificação preliminar 2) R=Resistente, MR=Moderadamente resistente, S=Susceptível,

MS= Moderadamente susceptível

Pode-se verificar pelo quadro 2, que para a Bruzone, doença fúngica considerada mais restritiva para o desenvolvimento do trigo nas condições do cerrado, só existe um material (BR18), com uma resistência intermediária, o que limita ganhos no programa de melhoramento, principalmente no sequeiro.

Os cultivares BRS 254 e BRS 264, ainda estão em fase de lançamento.

### **Métodos de melhoramento**

Nos anos 20 no sul do Brasil, iniciou-se seleção de populações locais, sendo que introduções posteriores permitiram um avanço de áreas plantadas devido à introdução de tolerância à acidez. As hibridações iniciaram-se em 1925, com obtenção posterior de linhas puras. Como o método da população levava à uma seleção natural de plantas altas que é uma característica indesejável, os melhores resultados foram obtidos com o método genealógico e mais recentemente tem se utilizado método da semente única modificado, colhendo-se uma espiga por planta. O Método de retrocruzamentos tem sido utilizados para tolerância à doenças e qualidade de grãos. A utilização de obtenção de di-haplóides tem sido um atalho em termos de tempo de geração de linhagens. A Embrapa iniciou um projeto de seleção recorrente com o objetivo de concentrar genes favoráveis em um pequeno número de indivíduos.

### **Resultados de pesquisa e perspectivas para o futuro**

Considerando os resultados de pesquisa, muitos problemas práticos serão resolvidos com ganhos genéticos.

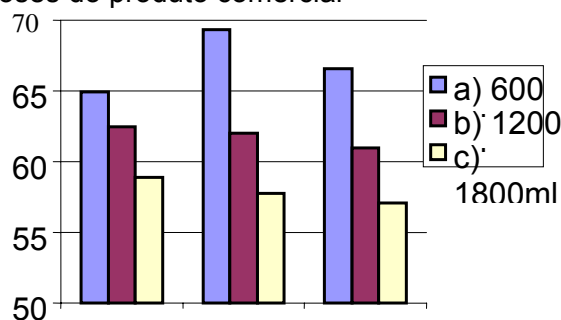
### **Perspectivas do trigo Irrigado**

O problema do acamamento, muito sério no Cerrado irrigado, tem limitado as aplicações de nitrogênio, as lâminas de água aplicadas, além de não permitir um aumento da população de plantas por área. Esta sub utilização de nitrogênio e de população por área, não tem permitido a máxima expressão da capacidade genética dos materiais em termos de produtividade. Linhagens do programa com os genes

Rht1 e Rht2, tem diminuído a altura das linhagens do programa. Linhagens anãs com palha forte vão permitir aplicações de doses maiores de nitrogênio. Estes genótipos tem alcançado produtividade de até 8 toneladas por hectare em parcelas o que pode também ser obtido a nível de lavoura. Por outro lado, linhagens de porte maior mas com alto potencial produtivo, não serão descartadas porque neste caso pode se utilizar mais N e maior população, controlando-se o acamamento com a utilização de redutor de crescimento (trinexapac-ethyl).

Com a tendência do produtor plantar o trigo de inverno o mais tarde possível para fugir da bruzone, estamos buscando genótipos resistentes à chuva na colheita, no que tange à qualidade para panificação, simulando chuva após a maturação fisiológica.

Fig 2: Altura (cm) do cultivar Embrapa 22, com utilização do redutor de crescimento em 3 doses do produto comercial



### **Perspectivas do trigo sequeiro**

O trigo sequeiro plantado em safrinha na região Centro-Oeste, com poucas exceções, tem produzido muito abaixo do trigo irrigado, entres outros motivos devido aos freqüentes veranicos na região. Nesse sentido, se a pesquisa de melhoramento mais manejo obtiver 2000kg/ha, poderíamos obter uma produção total, muito maior que no plantio de inverno, devido à área potencial em sequeiro de milhões de hectares. Para isto estamos buscando genótipos tolerantes à seca e alumínio que possuem sistemas radiculares profundos, obtendo assim, maior estabilidade de produtividade.

### **Biotechnologia**

A introdução de novos genes de tolerância ao alumínio por biobalística ou pela utilização de *Agrobacterium* deve resultar em genótipos com sistemas radiculares profundos que devem auxiliar a viabilizar o trigo sequeiro. Trigos tolerantes à herbicidas podem ser uma opção futura. Mapeamento comparativo (sintenia) de Triticeae com arroz, milho e aveia revela 93, 92 e 94% respectivamente de conservação dessas espécies, sendo uma opção para aumentar a variabilidade genética e conseqüentemente ganhos na seleção.

## **Conclusões**

O programa de melhoramento do trigo no Brasil tem ofertado ao mercado (triticuoltores, indústria moageira e setor de panificação) cultivares que atendem à cadeia produtiva beneficiando também os consumidores. Para o futuro temos perspectivas de ganhos ainda maiores.

## **A EXPANSÃO DA CULTURA DO TRIGO NO CERRADO**

Julio Cesar Albrecht<sup>1</sup>

Pesquisador da Embrapa Cerrado em Melhoramento Genético de Trigo

O trigo é um dos cereais mais produzidos no mundo. Graças ao seu aprimoramento genético, possui atualmente uma ampla adaptação edafoclimática, sendo cultivado desde regiões com clima desértico, em alguns países do Oriente Médio, até em regiões com alta precipitação pluvial, como é o caso da China e Índia.

No Brasil pode ser cultivado desde a região Sul do país até o cerrado, no Brasil Central. A região tritícola do Brasil Central abrange as áreas do cerrado localizadas nos Estados da Bahia, de Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul e no Distrito Federal. Seu clima apresenta condições favoráveis e caracteriza-se pela existência de duas estações bem definidas: uma chuvosa e quente e outra seca, com temperaturas mais amenas. Assim permite o cultivo de trigo nos sistemas irrigado e sequeiro “safrinha”, viabilizando duas safras/ano em rotação de cultura, além de otimizar o uso da infra-estrutura disponível, e proporciona, como resultado, a redução dos custos das culturas de verão e o aumento da renda da unidade produtiva.

O cultivo de sequeiro, semeado em fevereiro e março, é de alto risco, pois o potencial de rendimento de grãos está associado à quantidade de chuvas que ocorrerão durante o ciclo da cultura. O trigo nesse cultivo é uma das culturas que melhor cobertura de solo deixa para o sistema plantio direto no Cerrado brasileiro, melhorando portanto a sustentabilidade do sistema agrícola, através da melhoria na retenção de água no solo e de sua fertilidade.

O trigo da safrinha é colhido na entre safra brasileira e Argentina. O que é interessante sob o ponto de vista de mercado, porque garante ao produtor melhor preço e conseqüentemente melhor renda. Em regiões marginais da Ásia e África, semelhantes ao cultivo de sequeiro no cerrado, o trigo é a melhor opção.

No cultivo irrigado, semeado em abril e maio, por pivô central, o trigo é uma ótima opção no sistema de rotação de culturas, uma vez que o trigo “quebraria” o ciclo das chamadas “cash crops”, como é o caso do feijão e de algumas olerícolas como alho, cebola, cenoura e batata. A vantagem desse cultivo é que os riscos são mínimos. O potencial de rendimento de grãos é elevado, sendo um determinante importante na lucratividade da lavoura de trigo irrigado.

A pesquisa liderada pela Embrapa vem redirecionando seus objetivos no sentido de compatibilizar as demandas da indústria moageira da região com o trigo produzido pelo agricultor. As cultivares criadas pela Embrapa, Embrapa 22, Embrapa 42, BRS 207 e BRS 210 indicadas para cultivo irrigado e BR 18 e Embrapa 21 para cultivo de sequeiro, estão disponíveis no mercado atualmente, e algumas delas como a Embrapa 22, Embrapa 42 e BR 18 possuem qualidade industrial excelente para a panificação, nos mesmos padrões de qualidade dos trigos importados. As cultivares BRS 207, BRS 210 e Embrapa 21 possuem qualidade industrial excelente para fabricação de massas, pão doméstico e biscoitos. Em 2006, a Embrapa lançará duas novas cultivares para o sistema irrigado da região, BRS 254 e BRS 264. Cultivares com alto potencial de rendimento de grãos e excelente qualidade industrial para panificação.

Nas safras 2003, 2004 e 2005 no cultivo irrigado, houve vários triticultores que obtiveram rendimentos de grãos superiores a 7 toneladas/ha utilizando a cultivar

BRS 207. Com a utilização do redutor de crescimento (trinexapac-ethyl) nas cultivares Embrapa 22 e Embrapa 42, os produtores tem alcançado rendimentos de 6 toneladas de grãos/ha. Entretanto a média da região está em torno de 5 toneladas/ha. No cultivo de sequeiro a média é de aproximadamente 1,5 toneladas/ha, as melhores produtividades podem chegar até 3,0 toneladas/ha, em anos que a chuva se estende até finais de abril.

Para a expansão da cultura do trigo no cerrado, há necessidade da pesquisa com o uso da moderna tecnologia, desenvolver maior número de cultivares, pelo uso de marcadores moleculares, mapeamento molecular de genes, aumento da diversidade genética e aprimoramento na técnica de obtenção de genótipos duplo-haplóides. A produção de linhagens “Duplo-haplóides”, reduziu o tempo de criação de novas linhagens de trigo para apenas dois anos. Isso representou um aumento na produção de linhagens para testes visando a indicação de novas cultivares e, também representou maior rapidez na incorporação de novos genes de resistência ou qualidade em cultivares adaptadas. Além do melhoramento a pesquisa deve também aprimorar o manejo do sistema de produção.

Para o sistema irrigado, novos trigos continuam a ser desenvolvidos, anualmente. A melhoria da resistência, do potencial de rendimento de grãos e da qualidade, em novos “ideotipos” de planta, adaptados às condições do cerrado, estão sendo buscados pela pesquisa. Estão sendo desenvolvidas novas linhagens contendo o gene de nanismo (Rht). Este gene diminuí a altura das plantas, tornando os genótipos mais resistentes ao acamamento, mesmo em doses maiores de nitrogênio. Estas novas linhagens tem potencial para produzir em torno de 8 toneladas de grãos por hectare a nível de lavoura. O trigo de sequeiro, como é um cultivo de risco, não permite altos investimentos. Com um rendimento de grãos bem abaixo do irrigado, necessita que a pesquisa desenvolva um pacote tecnológico com cultivares rústicas e tolerantes à seca, eficientes em retirar nutrientes do solo e mais resistentes às doenças fúngicas, principalmente a bruzone. Estes cultivares, aliados à um manejo menos oneroso, diminuiria os custos de produção, garantindo um rendimento, que embora menor que o irrigado, garanta uma rentabilidade ao triticultor.

Nas últimas safras a área semeada com trigo na região, foi em torno de 50 mil hectares no regime irrigado e aproximadamente 15 mil hectares no sequeiro. No curto prazo podemos atingir facilmente uma área de mais de 120 mil hectares somadas as lavouras em regime irrigado e de sequeiro. A região produziria mais de 700 mil toneladas de trigo anualmente, colhido em uma época de escassez de trigo no mercado, de junho a setembro, e quando os preços de mercado geralmente estão com os valores máximos durante o ano.

O Cerrado do Brasil Central tem um grande potencial para a expansão da triticultura nacional. Além, de contar com grande disponibilidade de área viável para o cultivo do trigo, possui um parque industrial instalado com potencial de expansão. A região possui uma capacidade nominal de moagem da ordem de 1,6 milhões de toneladas-ano, distribuída em 14 unidades industriais, abastecida praticamente por trigo importado da Argentina e dos estados do Paraná e Rio Grande do Sul.

Em termos de área, para as condições de sequeiro o potencial de expansão é de 2 milhões de hectares, localizadas em altitudes superiores a 800 metros. Áreas com irrigação via pivô central já somam 300 mil hectares, com potencial de expansão, para chegar a 2 milhões de hectares, em áreas com mais de 500 metros de altitude. Portanto, a região poderia produzir em torno de 6 milhões de toneladas de trigo, 60% da demanda do mercado de trigo no Brasil, que atualmente está em

torno de 10 milhões de toneladas. Atualmente, a produção brasileira representa apenas 50% dessa demanda interna.

A vantagem da produção de trigo do cerrado é a estabilidade em termos de quantidade e qualidade industrial, pois nas condições irrigadas as variações de rendimento de grãos são pequenas e o trigo é colhido no período seco e na entre safra. A região poderia funcionar como reguladora de estoques e uma exportadora de trigo para outros estados e também para outros países.

O consumo per capita anual de trigo também tem potencial para uma maior expansão no Brasil. O consumo de trigo no país apresenta crescimento vegetativo, evoluindo à taxa de aumento da população, equivalente a 100 mil toneladas anuais. No Brasil, o consumo “per capita” de trigo em grão é de 53 quilos por habitante-ano, enquanto na Argentina é de 91 kg, na França 100 kg e no mundo 85kg. O consumo per capita de pão no Brasil é de 27 quilos por habitante-ano, considerada baixa pela organização Mundial da Saúde que tem como meta 60 kg. Na Argentina, o consumo “per capita” de pão é de 73 kg, na Itália de 60 kg, e na França 56 kg.

Para um projeto de expansão da cultura do trigo na região do cerrado brasileiro, são as seguintes as principais justificativas:

- O Brasil é um dos maiores importadores de trigo;
- Gastos de divisas com importação, equivalentes a um bilhão de dólares;
- Apoio a política de geração de emprego e renda;
- Otimização do uso de tecnologia e infra-estrutura disponível;
- Consumo nacional em expansão;
- Aumento e regularidade da oferta na região central do país;
- O trigo é produzido na entre safra do trigo brasileiro e Argentino;
- Capacidade instalada de processamento industrial de 1,6 milhão de toneladas/ano
- Sustentabilidade econômica do produtor pelo cultivo de duas safras/ano;
- Defesa ambiental e sanitária pelo uso de plantio direto e rotação de culturas;
- Redução dos custos de produção dos cultivos de verão.

## MELHORAMENTO DE SOJA DA EMBRAPA CERRADOS

Souza, Plínio Itamar de Mello de<sup>1</sup>; Moreira, Claudete Teixeira<sup>2</sup>; Farias Neto, Austecínio<sup>3</sup>; Abud, Sérgio<sup>4</sup>; Costa, Janaína Silva<sup>5</sup>.

<sup>1</sup>. Ph.D. Fisiologia Vegetal; <sup>2</sup>. M.Sc. Fitotecnia; <sup>3</sup>. Ph.D. Melhoramento de Plantas; <sup>4</sup>. B.Sc. Biólogo; <sup>5</sup>. B.Sc. Agronomia. Embrapa Cerrados, Rodovia Brasília/Fortaleza Br 020 Km 18, Planaltina – DF, Cep. 73.310.970 – CP. 08223

A região do Cerrado já é responsável pela maior parte da produção brasileira de soja. Em termos de aptidão edafoclimática e áreas disponíveis, o Cerrado é a região de maior potencial dessa cultura, não somente em relação ao território nacional como, provavelmente ao mundo. Em razão da crescente competição de mercado e a ampliação do cultivo da soja no Cerrado, são cada vez maiores os problemas surgidos, resultando em permanente demanda no melhoramento para novas cultivares e tecnologias mais eficientes.

A soja é uma espécie originária da Ásia e apresenta como uma de suas principais características a sensibilidade ao fotoperíodo sendo, portanto, sua adaptação dependente do comprimento do dia e, conseqüentemente, da latitude. Por ser uma planta de região de clima temperado teve fácil adaptação no Sul do Brasil mas precisou ser bastante melhorada para que pudesse ser plantada na região Tropical Brasileira ou, precisamente, na região do Cerrado, onde os dias são bens mais curtos que na região temperada, resultando em florescimento precoce e porte reduzido, quando as cultivares tradicionais de clima temperado são testadas na região tropical. A grande mudança introduzida nas cultivares tradicionais foi a inclusão do período juvenil longo, que resultou num período vegetativo maior e um crescimento adequado da planta para a exploração econômica.

Com essa modificação nos genótipos de soja hoje, praticamente podemos cultivar soja em quase todo o Brasil, desde que hajam condições de umidade para as plantas e topografia adequada para mecanização. Nas condições do cerrado também é possível o cultivo durante época seca (inverno) desde que haja condições para irrigação.

Portanto, dois grandes segmentos de tecnologia foram fundamentais na viabilização da cultura da soja nos Cerrados: o primeiro foi a incorporação do período juvenil longo nas cultivares tradicionais e o segundo, a definição de níveis de corretivos, fertilizantes e inoculantes, bem como as técnicas de adaptação e manejo do solo.

No Sul do Brasil, onde estão as maiores latitudes, a cultura da soja teve início com o uso de cultivares americanas tais como Hill, Hood e Lee. No Cerrado, as primeiras cultivares de significância tais como Doko e Cristalina foram desenvolvidas no Brasil.

Hoje, a região Central do Brasil onde praticamente se situa a região do Cerrado, é responsável por 58% da produção de soja no Brasil, tendo o estado do Mato Grosso como o de maior produção e maior rendimento do País.

Um outro fator que tem colaborado com a ampliação do cultivo da soja no Brasil são as parcerias da Embrapa com a iniciativa privada representadas por Fundações ou Empresas, sem fins lucrativos, que são geralmente suportadas por produtores de semente de soja. Esses produtores de semente, por meio das Fundações, financiam o custeio das pesquisas e em troca recebem o direito de comercializar com exclusividade as cultivares surgidas no âmbito da parceria, por um período de 8 a 10 anos. Entretanto a propriedade intelectual dos genótipos



pertence a Embrapa e a Empresa de Pesquisa Estadual, que porventura faça parte da parceria.

Na seleção e criação de novas cultivares as características consideradas mais importantes são: produtividade e estabilidade, diferentes ciclos, tolerância ao AI e eficientes na utilização de nutrientes, elevada qualidade de semente e resistência às principais pragas e doenças, tais como Nematóides de cisto e Ferrugem.

Na obtenção de cultivares superiores de soja os aspectos mais importantes a serem considerados são: variabilidade genética, número de progênies, conhecimento e arte, qualidade de pesquisa, capacidade de teste e abrangência dos mesmos.

Na Embrapa Cerrados, a estratégia de pesquisa do programa de soja prevê o estudo de pelo menos 50.000 progênies por ano, sendo que 80% são transgênicas RR e 20% de soja convencional. Em síntese, as etapas do programa de pesquisa são: cruzamentos, “bulks” avanço de geração, progênies, preliminares de 1º ano, preliminares de 2º ano, preliminares de 3º ano ou intermediários e dois anos de finais ou VCU<sub>S</sub> (Valor de Cultivo e Uso), conforme a figura 1.

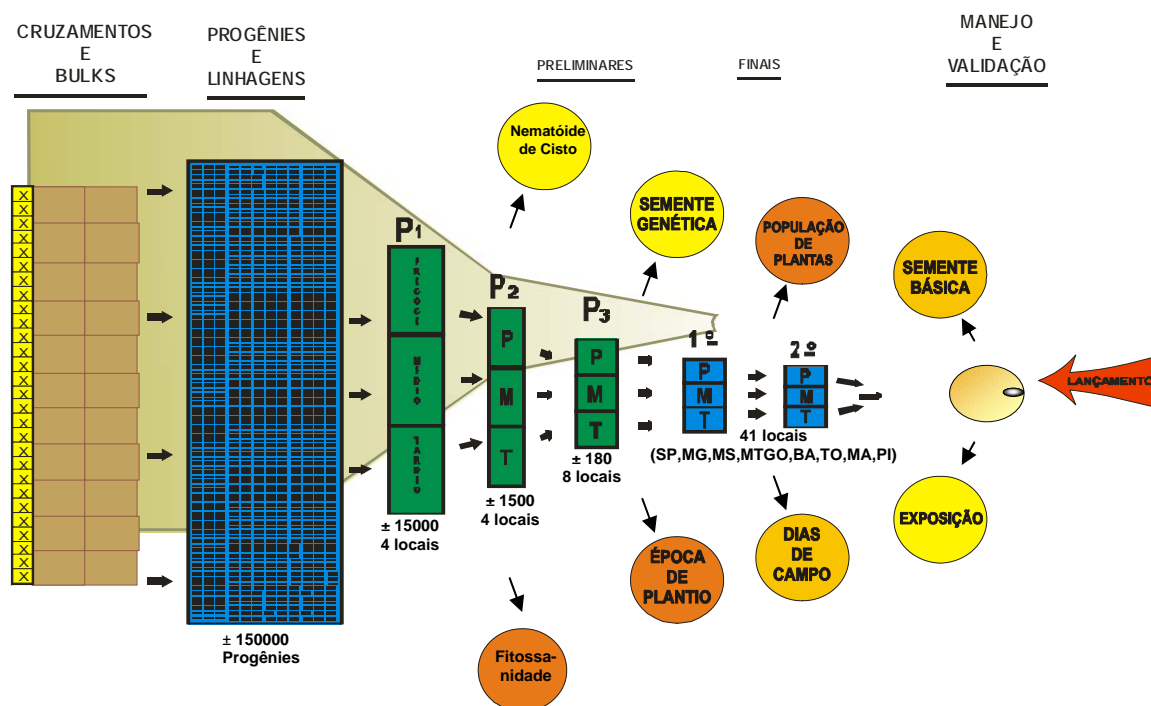


Figura 1. Estratégia de Pesquisa do Programa de Melhoramento de Soja da Embrapa Cerrados.

Os experimentos finais (VCU<sub>S</sub>) são instalados em rede em pelo menos 41 locais na região dos Cerrados e as linhagens que apresentarem características superiores as testemunhas, durante dois anos de estudo poderão ser lançadas, com elaboração de um plano de Marketing.

Na Tabela 1, podem ser observadas as cultivares disponíveis no Convênio Cerrados em que a Embrapa Cerrados participa com a AGENCIARURAL de Goiás e o CTPA (Centro Tecnológico para a Pesquisa Agropecuária) o qual representa a iniciativa privada na parceria.

Tabela 1. Variedades do Convênio Cerrados.

<b>Precoces</b>	<b>Médias</b>	<b>Tardios</b>
Emgopa 302	Emgopa 315	Emgopa 314
Emgopa 316	BRSGO Crixás	BRSGO Bela Vista
BRSGO-204 (Goiânia)	BRSGO Luziânia	BRSGO Ipameri (RNC)
BRSGO Mineiros	BRSGO Santa Cruz	BRSGO Goiatuba
BRSGO Caiapônia	BRSGO Chapadões (RNC)	BRSGO Paraíso
BRS Favorita RR	BRSGO Indiará*	BRSGO Amaralina
	BRS Valiosa RR	BRS Silvânia RR
		BRS Baliza RR

Fonte: Embrapa Cerrados, 2005.

## **MANGO (*Mangifera indica* L.) GENETIC BREEDING IN BRAZIL: PAST, PRESENT AND FUTURE PROSPECT**

Alberto Carlos de Queiroz Pinto<sup>(1)</sup>; Victor Hugo Vargas Ramos<sup>(1)</sup>; Marcelo Fideles Braga<sup>(2)</sup>; Fábio Gelape Faleiro<sup>(1)</sup>; Nilton Tadeu Vilela Junqueira<sup>(1)</sup>; Solange Rocha Monteiro de Andrade<sup>(1)</sup>; Maria Cristina Cordeiro da Rocha<sup>(1)</sup> e José Neto Dias<sup>(3)</sup>.

<sup>(1)</sup> Pesquisadores, doutores; <sup>(2)</sup> Pesquisador, mestre; <sup>(3)</sup> Técnico Agrícola.

Embrapa Cerrados, Caixa Postal 08223, CEP 73310-970-Planaltina, Brazil,  
e-mail: alcapi@cpac.embrapa.br

### **INTRODUCTION**

Mango (*Mangifera indica* L.) is one of the most important tropical fruits produced in Brazil whose cultivated area is around 70 thousand hectares. With an estimated production of 600 thousand tonnes, its exportation is only 17,2% (133,3 thousand tonnes) of that production, which represents 73,8 millions for the Brazilian external balance and trade (ANUÁRIO BRASILEIRO DA FRUTICULTURA, 2004).

Although Brazil is an important mango producing country, its commercial area is almost totally (around 80%) based in one only cultivar, 'Tommy Atkins' (PINTO, 1996; PINTO; FERREIRA, 1999). Despite this cultivar has some important characteristics, such as colored fruit, resistance to some diseases and long shelf-life, some characteristics like high susceptibility to mango malformation, high percentage of pulp breakdown and bad fruit quality in terms of taste have been contested. Mango cultivar and its fruit, as final product, must be accepted by three segments of the production chain: growers, distributors (brokers & retailers) and consumers. The growers require cultivars of high production, easy adaptation to any environment and simple management for cultural practices. The distributors aim for mango resistant to handling and shipping and, finally, consumers want a high quality and long shelf-life mango fruit.

This paper has the objective to present and discuss the genetic breeding of mango in Brazil, its main results on research using the conventional method and, most recently, using molecular markers. Finally, it will be discussed the future strategies to improve mango quality for human consumption.

### **PRESENT STATUS OF MANGO GENETIC BREEDING IN BRAZIL**

#### **Genetic Resources**

Brazil is very rich on natural mango hybrids or criola mangos scattered around the country and more than a hundred local varieties are known, such as Espada, Bourbon, Coquinho, Ubá, Rosa, and Extrema. Many of these varieties show acceptable characteristics for breeding program, such as sweet and juicy fruits. However, they are irregular bearing plants, susceptible to most of the diseases, they produce fibrous pulp and fruit with poor color quality (yellow or green) for the market.

To improve mango genetic base is only possible through the establishment of germplasm banks and, or work collections, which is the first and basic objective of a breeding program. There are two germplasm banks and six work collections in Brazil, which are the following: Germplasm Banks - Embrapa Semi-Arid Research Center, in Petrolina, Pernambuco State, with 105 accessions; Instituto Agronomico - IAC/Estação Experimental de Piracicaba - EEP, in Piracicaba, São Paulo State with 100 accessions; Work Collections - Embrapa Cerrado in Planaltina, Federal District, with 76 accessions, at Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - FCAV da Universidade de São Paulo - UNESP, Jaboticabal, São Paulo State, with 60

accessions; at Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz - ESALQ in Tietê and Pindorama, both in São Paulo State, with 53 accessions; at Universidade de Viçosa in Viçosa, Minas Gerais State, with 17 accessions (FERREIRA; PINTO, 1998).

### Main Results

Mango breeding program of Embrapa Cerrados has been carried out by using intervarietal hybridization, through opened and controlled pollination. Indian, Floridian, South African, Brazilian and most recently Australian cultivars have been used in this breeding program, with a well established organograma with pre-breeding, breeding and post-breeding phases (Fig. 1). The present objective of this program is to develop cultivars with high yield, resistant to disease and high quality fruit. The Mukherjee et al. (1961) technique on mango controlled cross was improved by Pinto & Byrne (1993), which increased fruit set from 1.45% to 6.40% and approximately 15 thousand hybrids were obtained from 1983 to 1993. A new strategy has been used on open cross method through latin square design. The use of DNA markers will help to identify male parents from the open cross thus improving hybrid population.

Four important cultivars were already released from Embrapa Cerrados breeding program named 'alfa', 'roxa', 'lita' and 'beta'. 'alfa' is a high yield cultivar, highly resistant to oidium while fruit of 'roxa' has an excellent taste and it is totally fiberless. 'lita' presents high yield, beautiful fruit color and 'beta' is a regular bearing cultivar with yellow fruit color of excellent taste. Pinto et al. (2004) selected seven new hybrids with excellent performances mainly on fruit quality (Table 1).

Although the hybrid selection CPAC 58/95 presents yellow-greenish color, which is less acceptable commercially for fresh consumption, its fruit has a highly superior taste (brix higher than 22%) compared with any other selection or cultivar. Hybrid selections CPAC 23/86, CPAC 22/93, CPAC 165/93 e CPAC 058/95 presented excellent tastes, agreeing with the result of the brix acidity ratio – Bar (Table 1).

Table 1 – Quality characteristics of two commercial cultivars and seven hybrid selections of mangos from intervarietal hybridization of Embrapa Cerrados Breeding Program. <sup>(1)</sup>

Cultivar/Hyb. Selection	Brix (%)	Acidity (%)	Brix/Acidity Ratio – BAR
Tommy Atkins	17,0	<b>0,235</b>	72,0
Heidi	17,1 b	0,134 bc	128,3 ab
CPAC 23/86	21,0 a	0,154 abc	147,7 a
CPAC 22/93	20,8 a	0,196 ab	107,4 ab
CPAC 165/93	16,5 b	0,122 c	138,6 a
CPAC 263/94 <sup>(2)</sup>	15,2 b	0,220 a	72,4 c
CPAC 329/94	16,3 b	0,166 abc	100,2 ab
CPAC 463/94 <sup>(2)</sup>	14,2 b	0,196 ab	74,7 b
CPAC 58/95	22,6 a	0,164 abc	145,4 a
Value of F	15,17**	4,43 **	5,88**
SDM	3,6	0,07	57,3
CV (%)	9,8	20,9	24,5

<sup>(1)</sup> Means in the column with same letter do not differ statistically with Tukey Test 5%.

<sup>(2)</sup> Some fruits of the sample were with an inadequate ripening.

\*\* Significant at 1% of probability.

Embrapa Cerrados mango group has developed recent studies on genetic variability of 28 cultivars from the mango work collection using RAPD markers and this study showed that the genetic distance ranged from 0.098 to 0.331 with a group

tendency among the most important USA mango cultivars. Fingerprinting analysis showed that mango cv Bourbon, which has a same synonym in São Paulo State and Central Region of Brazil, are genetically different varieties. A RAPD marker was used to identify zygotic and nucelar embryos from polyembrionic seeds of Rosinha variety. This study showed that the most vigorous seedlings are not necessarily the nucelar ones, which may explain the disuniformity of commercial mango orchards, since nurserymen believe that the most vigourous seedling come from a nucelar embryo and should be used for grafting process. Current studies on in vitro decontamination and mass propagation of mango lateral buds have been initiated.

Embrapa Middle-North Research team has obtained 1540 half-sib progenies from 19 open cross combinations using cultivars Alfa, Mallika, Glenn, Amrapali, Haden, Roxa, Kensington; Irwin, Palmer, Manzanilo, Tommy Atkins and Rosa in the parental groups. Embrapa Semi-arid Research Center carried out a study on genetic divergence of 57 mango accessions of the germplasm bank based on several fruit descriptors, such as fruit shape, basal shape of the fruit, depth of the peduncular cavity, proeminence of the basal part of the pedicel, ventral and basal parts of the shoulder, shape of the pistil scar and the depth of the reentrance of fruit apex. The genetic divergence together with the multivariate analysis, should be used for cultivars selected for crossings (COSTA, 2004).

Agencia Paulista de Tecnologia e Agronegócio – APTA also released two important mango cultivars named IAC-103 Espada Vermelha e IAC-107 Dura, which are resistant to the fungus *Ceratocystis fimbriata* responsible for mango dieback disease (“seca-da-mangueira”). Also, ‘Espada Vermelha’ was released from IAC/EEP, which is a cultivar recommended for both purpose as resistant rootstock to dieback disease as well as scion cultivar with high quality fruit (ROSSETO et al., 1996).

## **PROBLEMS, STRATEGIES AND FUTURE PROSPECTS**

Mango cultivated areas have increased largely in Brazil, but its expansion in term of quality and competitiveness has been still limited due to mainly social, market and political factors. Lack of qualified labor, increase of input costs and lower fruit prices in the internal and external markets are the most important factors limiting mango cultivation and market. Also, lack of government support on financial credit, research and extension services, roads, ports and still high export taxes have negative influence on mango production.

The improvement of artificial pollination method and dense progeny plantings, have helped mango breeders to increase hybrid population and its selection, however, there is still a need to enrich mango genetic base through introduction of new important cultivars. Biotechnological studies are relevant strategy for mango genetic breeding program once they might facilitate the identification of disease resistant cultivars producing fruits with long shel-life as well as identification of male parent from open cross, which can reduce the time to release new cultivars into the market.

A great breakthrough should be the prospection and cloning of mango genes important to some socio-economic aspects, such as richness of vitamins, secondary compounds and aminoacids with relevance for human health. Also, DNA markers on mango genetic breeding should be used on mapping for locus of simple inheritance and for genetic quantitative traits, which are important economically.

## REFERENCES

- ANUÁRIO BRASILEIRO DA FRUTICULTURA. Gazeta, Santa Cruz, Rio Grande do Sul, 136 p. il. 2004.
- COSTA, J.G. Estimation of Repeatability and Number of Evaluations for Characterization of Mango Germplasm. **Acta Horticulturae**, 645:295-298, 2004.
- FERREIRA, F.R.; PINTO, A.C. de Q. Tropical and subtropical fruits genetic resources in Brasil. In: GALÁN SAÚCO, V. (editor): **Proceedings of Second MESFIN Meeting in Fruit Production**. Madeira, Portugal, August 1997. FAO/Gobierno de Canarias. p. 39-62. 1998.
- MUKHERJEE, S.K.; MAJUMDER, P.K.; CHATTERJEE, S.S. An improved technique of mango hybridization. **Indian J. Hort.** 18:302-304, 1961.
- PINTO, A.C. de Q.; BYRNE, D.H. Mango Hybridization Studies in Tropical Savannah ("Cerrados") of Brazil. **Acta Horticulturae**, 341:98-106, 1993.
- PINTO, A.C. de Q. Melhoramento da mangueira (*Mangifera indica* L.) no ecossistema dos Cerrados do Brasil Central por meio da hibridação. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, 3:369-374. 1996.
- PINTO, A.C. de Q.; FERREIRA, F.R. Recursos Genéticos e Melhoramento da Mangueira no Brasil. In: QUEIRÓZ, M.A. de; GOEDERT, C.O.; RAMOS, S.R.R. (Eds.). **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**. (on line). Versão 1.0. Petrolina-PE: Embrapa Semi-Árido/Brasília-DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, novembro 1999. Disponível via Word Wide web <http://www.cpatsa.embrapa.br>. ISBN 85-7405-001-6.
- PINTO, A. C. de Q.; ANDRADE, S.M.R.; VENTUROLI, S. Intervarietal Hybridization in Mango (*Mangifera indica* L.): Techniques, Main Results and their Limitations. **Acta Horticulturae** 645:327-330, 2004.
- ROSSETO, C.J.; RIBEIRO, I.J.A.; GALLO, P.B.; SOARES, N.B.; SABINO, J.C.; MARTINS, A.L.M.; BORTOLETTO, N.; PAULO, E.M. Mango Breeding for Resistance to Diseases and Pests. **Acta Horticulturae**, v. 455, p. 299-304, 1996.

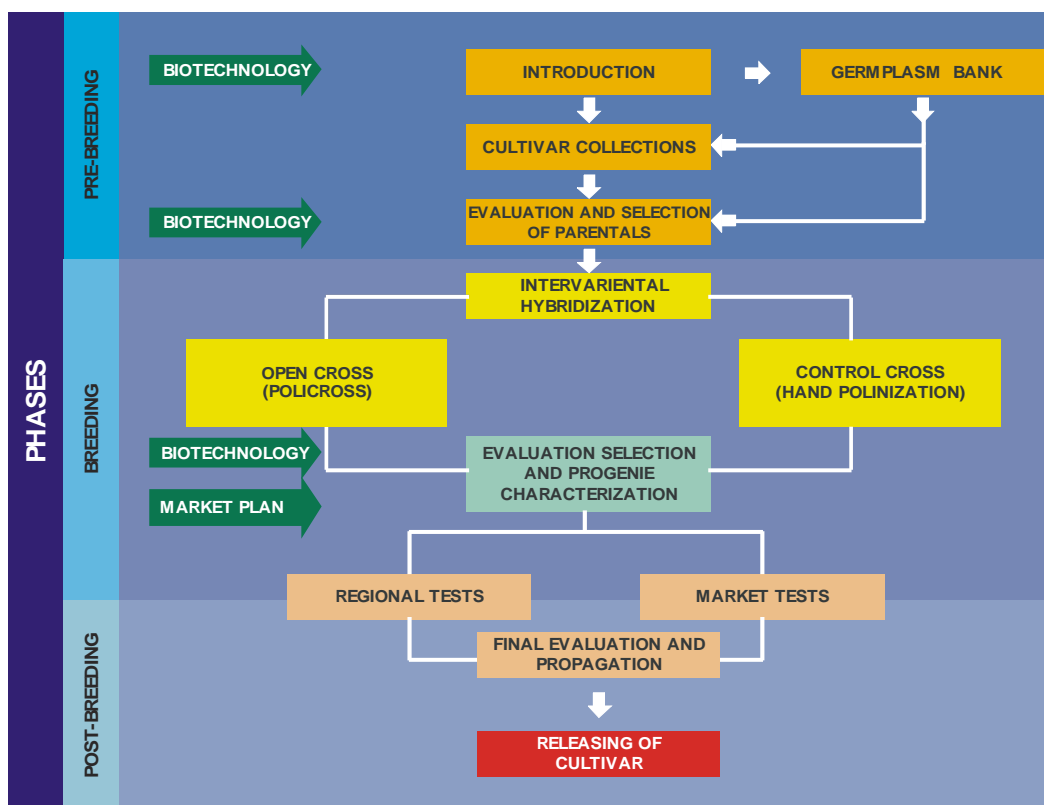


Figure 1 – Organograma of mango breeding program of Embrapa Cerrados.

## MAPEAMENTO GENÉTICO EM ARACHIS

Márcio de Carvalho Moretzsohn<sup>1,2\*</sup>, Soraya C.M. Leal-Bertioli<sup>1</sup>, Patrícia Messenberg Guimarães<sup>1</sup>, Karina Proite<sup>1,2</sup>, Alessandra Pereira Fávero<sup>1</sup>, Marcos Aparecido Gimenes<sup>3</sup>, David John Bertioli<sup>4</sup>.

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, C.P. 02372, CEP 70.770-900, Brasília, DF, Brasil; <sup>2</sup>Departamento de Biologia Celular, IB-UnB, CEP 70.910-900, Brasília, DF, Brasil; <sup>3</sup>Departamento de Genética, IB-UNESP, CEP 18618-000, Botucatu, SP, Brasil; <sup>4</sup>Universidade Católica de Brasília, SGAN 916, CEP 70.790-160, Brasília, DF, Brasil; \*E-mail: marciocm@cenargen.embrapa.br

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.), família Fabaceae, é uma cultura importante internacionalmente, tanto para consumo direto, como para produção de óleo, sendo cultivada em mais de 80 países nas Américas, na Ásia e na África. Além disso, é cultivado para subsistência por pequenos agricultores, principalmente no norte e nordeste do Brasil e na África. A produção mundial de amendoim encontra-se em expansão nos últimos anos, tendo atingido 5,8 milhões de toneladas de óleo por ano (FAO, 2003). O amendoim ocupa hoje o quinto lugar entre as plantas oleaginosas em volume de produção.

O gênero *Arachis* é nativo da América do Sul e contém 69 espécies descritas, reunidas em nove seções de acordo com a morfologia, distribuição geográfica e viabilidade de cruzamentos (Krapovickas & Gregory, 1994). Recentemente, 11 novas espécies foram descritas, incluindo quatro na seção *Arachis*, à qual pertence o amendoim (Valls e Simpson, no prelo). A grande maioria das espécies de *Arachis* é diplóide, mas o amendoim cultivado é alotetraplóide (AABB). A origem de *A. hypogaea* é controversa. Por ser um alotetraplóide, acredita-se que tenha surgido do cruzamento entre duas espécies diplóides, seguido de uma duplicação espontânea de cromossomos. Diversas espécies têm sido sugeridas como as possíveis doadoras dos genomas AA e BB. Atualmente, a hipótese mais aceita é de que o amendoim tenha uma origem única, resultante de um cruzamento entre *A. ipaënsis*, doadora do genoma BB, e *A. duranensis*, doadora do genoma AA. A planta tetraplóide resultante pode ter adquirido um maior vigor híbrido, mas tornou-se reprodutivamente isolada de seus parentes silvestres. Esse isolamento, junto ao modo de reprodução autógamo, levou a uma estreita base genética, o que tem dificultado avanços no melhoramento molecular do amendoim. Além disso, *A. hypogaea* apresenta uma baixa variabilidade para diversas características de interesse agrônomo, tais como resistências a doenças e à seca. Por outro lado, espécies diplóides de *Arachis* apresentam, em geral, alta variabilidade genética e constituem uma importante fonte de variação para várias das características de interesse para o melhoramento do amendoim.

O desenvolvimento de mapas genéticos saturados é de fundamental importância para a identificação de QTLs que controlam essas características de interesse, para a clonagem de genes e para a implementação de seleção assistida por marcadores em programas de melhoramento genético. Apesar disso, poucos mapas genéticos foram publicados para *Arachis*. Halward et al. (1993) desenvolveram um mapa baseado em marcadores RFLP, usando uma população F<sub>2</sub> derivada de um cruzamento entre duas espécies silvestres diplóides com genoma AA (*A. stenosperma* x *A. cardenasii*). Um total de 117 locos foi mapeado em 11 grupos de ligação, com uma distância de mapa total de 1063 cM e uma distância média de 9,08 cM. Posteriormente, o primeiro mapa tetraplóide, baseado em marcadores RFLP, foi publicado para *Arachis* (Burow et al. 2001). Nesse caso, uma planta anfidiplóide sintética {*A. batizocoi* x (*A. cardenasii* x *A. diogeni*)}<sup>4x</sup> foi utilizada

como parental doador em um cruzamento com *A. hypogaea*, gerando uma população BC<sub>1</sub> (n = 78), que foi utilizada para a construção do mapa. Esse mapa consiste de 370 marcadores RFLP, mapeados em 23 grupos de ligação, com uma distância total de 2210 cM e uma densidade média de 5,97 cM. Marcadores RAPD e RFLP foram também utilizados para seguir a introgressão de segmentos cromossômicos de *A. cardenasii* (genoma AA) no genoma de *A. hypogaea* (Garcia et al. 1995). Essa análise mostrou que recombinação, e não substituição cromossômica era o mecanismo de introgressão, o que é um resultado importante para o uso de espécies silvestres de *Arachis* nos programas de melhoramento genético do amendoim. RAPD, SCAR, e RFLP mostraram-se úteis para a identificação, em *A. hypogaea* de marcadores ligados a genes de resistência a nematóides introgridos de *A. cardenasii* (Garcia et al. 1996). Recentemente, AFLPs foram usados para o mapeamento de genes de resistência a um afídeo, vetor do vírus “rosette”, que é a principal doença causada por vírus na África (Herselman et al. 2004).

A análise com marcadores RFLP é laboriosa e demorada, enquanto marcadores RAPD e AFLP são dominantes e, portanto, pouco informativos. Conseqüentemente, não são ferramentas ideais para uso em seleção assistida por marcadores. Por outro lado, marcadores microssatélites ou SSR (“Simple Sequence Repeats”) são multialélicos, altamente polimórficos e codominantes, o que os torna os marcadores ideais para a construção de mapas genéticos e para a identificação de marcadores associados a genes de interesse.

Recentemente, dois projetos foram aprovados, na Comunidade Econômica Européia e no CGIAR Challenge Program Generation, tornando possível a formação de uma rede de laboratórios para trabalhar com o amendoim. Essa rede envolve a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, a Universidade Católica de Brasília, Embrapa Algodão, Universidade de Aarhus - Dinamarca, Instituto de Botânica del Nordeste - Argentina, ICRISAT - Índia, Unesp - Botucatu, Instituto Agrônomo de Campinas, CERAAS - Senegal e CIRAD - França. O principal objetivo desses projetos é o desenvolvimento de ferramentas para a introgressão de genes de interesse das espécies silvestres de *Arachis* para o amendoim cultivado. Isso envolve, entre diversas outras atividades, a construção de mapas genéticos relativamente saturados. Por isso, uma bateria de marcadores microssatélites foi desenvolvida na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em parceria com a Universidade Católica de Brasília.

Um mapa foi construído, a partir de uma população F<sub>2</sub>, resultante do cruzamento entre duas espécies diplóides de genoma AA, *A. duranensis* e *A. stenosperma* (Moretzsohn et al, 2005). Cento e setenta marcadores microssatélites foram mapeados em 11 grupos de ligação, cobrindo um total de 1230,89 cM, com média de 7,24 cM entre marcadores adjacentes. Esse foi o primeiro mapa baseado em marcadores SSR publicado para *Arachis*. Além disso, uma vez que muitos marcadores foram desenvolvidos a partir de bibliotecas de cDNA ou de bibliotecas genômicas digeridas com enzimas de restrição sensíveis a metilação, cerca de um terço dos marcadores mapeados são gênicos. Mapas baseados em marcadores microssatélites aumentam consideravelmente a capacidade de mapear genes de interesse e possibilitam a implementação de seleção assistida por marcadores. Marcadores âncoras, que são marcadores gênicos e de cópias únicas, estão sendo inseridos nesse mapa visando a estudos de genômica comparativa com a leguminosa modelo *Lotus japonicus* e outras leguminosas. Com isso, pretende-se construir um mapa de referência para as leguminosas. Estudos de sintonia têm sido



descritos para gramíneas e Brassicas, mas, até o momento, muito pouco tem sido feito em leguminosas. Resultados preliminares mostraram que vários grupos de ligação apresentaram marcadores em comum e na mesma ordem nos genomas de *Arachis* e *Lotus*. *A. hypogaea* possui um genoma cerca de dez vezes maior do que o de *Lotus* (<http://www.rbgkew.org.uk/cval/database1.html>), cujo genoma está quase totalmente seqüenciado (<http://www.kazusa.or.jp/lotus/>). Portanto, esses marcadores gênicos conservados entre as espécies irão facilitar sobremaneira a identificação de genes ortólogos no amendoim. Finalmente, marcadores RGA (“Resistance Gene Analogs”) estão sendo atualmente incluídos nesse mapa.

A validação dos grupos de ligação obtidos, tanto em relação à ordem dos locos, como às distâncias entre os marcadores está sendo feita, atualmente, em duas outras populações de mapeamento: uma população diplóide obtida a partir do cruzamento entre duas espécies com genoma BB (*A. ipaënsis* x *A. magna*) e uma população tetraplóide obtida do cruzamento entre um acesso de *A. hypogaea* (cv. IAC Runner 886) e uma planta anfidiplóide resultante do cruzamento entre duas espécies silvestres diplóides (*A. duranensis* – genoma AA x *A. ipaënsis* – genoma BB) tratada com colchicina. O desenvolvimento de mapas de ligação para espécies diplóides de genomas AA e BB irá facilitar os estudos de herança dos marcadores microssatélites e das características de interesse na população tetraplóide. Além disso, a transferibilidade de marcadores microssatélites para diferentes espécies, possibilitará a construção de um mapa de referência para *Arachis* e o mapeamento de QTLs em diferentes populações e ambientes. Marcadores ligados a genes de resistência estão sendo identificados para a implementação de seleção assistida por marcadores nos programas de melhoramento do amendoim, o que irá acelerar a introgressão de genes das espécies silvestres para o amendoim cultivado.

### Referências bibliográficas

- Burow MD, Simpson CE, Starr JL, Paterson AH (2001). Transmission genetics of chromatin from a synthetic amphidiploid to cultivated peanut (*Arachis hypogaea* L.): Broadening the gene pool of a monophyletic polyploid species. *Genetics* 159:823-837.
- FAO (2003). [<http://faostat.fao.org/faostat/collections?subset=agriculture>]
- Garcia GM, Stalker HT, Kochert G (1995). Introgression analysis of an interspecific hybrid population in peanuts (*Arachis hypogaea* L.) using RFLP and RAPD markers. *Genome* 38:166-176.
- Garcia GM, Stalker HT, Shroeder E, Kochert G (1996). Identification of RAPD, SCAR, and RFLP markers tightly linked to nematode resistance genes introgressed from *Arachis cardenasii* into *Arachis hypogaea*. *Genome* 39:836-845.
- Halward TM, Stalker HT, Kochert G (1993). Development of an RFLP linkage map in diploid peanut species. *Theor. Appl. Genet.* 87: 379-384.
- Herselman L, Thwaites R, Kimmins FM, Courtois B, van der Merwe PJA, Seal SE (2004). Identification and mapping of AFLP markers linked to peanut (*Arachis hypogaea* L.) resistance to the aphid vector of groundnut rosette disease. *Theor. Appl. Genet.* 109: 1426-1433.
- Krapovickas A, Gregory WC (1994). Taxonomía del género *Arachis* (Leguminosae). *Bonplandia* 8: 1-186.
- Moretzsohn MC, Leoi L, Proite K, Guimarães PM, Leal-Bertioli SCM, Gimenes MA, Martins WS, Valls JFM, Grattapaglia D, Bertioli DJ. (2005) A microsatellite based,

gene-rich linkage map for the AA genome of *Arachis* (Fabaceae). *Theoretical and Applied Genetics*. 111(6): 1060-1071.

**AN ANALYSIS OF RESISTANCE GENE ANALOGS IN *MUSA ACUMINATA* VAR.  
CALCUTTA 4**

Miller, RNG<sup>1</sup>; Alves, PCS<sup>2</sup>; Santos, CMR<sup>2</sup>; Coelho, MCF<sup>2</sup>; da Silva, FR<sup>2</sup>; Martins, NF<sup>2</sup>; Souza Jr, MT<sup>2</sup>; Pappas Jr, GJ<sup>1</sup>; Bertioli, DJ<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Católica de Brasília, SGAN 916, Módulo B, CEP 70790160, Brasília, DF, Brazil

<sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica, Final Av. W5 Norte, CP 02372, CEP 70770900, Brasília, DF, Brazil

## **Introduction**

Banana and plantain production is threatened by the fungal pathogen *Mycosphaerella fijiensis*, causal organism of black leaf streak disease (BLSD), which causes premature fruit ripening, necrotic leaf surface lesions, and yield reductions of up to 50%.

Most commercial banana varieties (*Musa acuminata* Colla) grown today are sterile triploids, with fruit development via parthenocarpy. As they have evolved via asexual vegetative propagation, the genetic base is narrow, with diversity dependent upon somatic mutations. Such little genetic variation has resulted in a crop lacking resistance to pests and disease, with cultivars such as Gros Michel and Grande Naine particularly at risk.

Resistant plant genotypes can prevent pathogen entry as non-host plants, or via activation of specific defence mechanisms following pathogen recognition by resistance genes (R-genes / R-proteins), leading to programmed cell death or the hypersensitive response (HR), synthesis of antimicrobial proteins or metabolites, cell wall thickening, or vessel blockage. Genes conferring resistance to bacteria, viruses, fungi, nematodes and aphids have been isolated from a variety of plant species. The identification of resistance genes in *Musa* would contribute to the improvement of banana germplasm. The wild diploid genotype *Musa acuminata* subsp. *burmannicoides*, var. Calcutta 4 shows resistance to fungal pathogens and represents a potential source of R-genes. A targeted approach for the amplification of resistance gene analogs (RGAs) containing nucleotide binding site (NBS) and leucine rich repeat (LRR) domains, was conducted in this genotype.

## **Materials and methods**

**DNA Extraction:** 20g of young leaf tissues from Calcutta 4 plants were macerated and genomic DNA extracted using a standard CTAB approach.

**PCR amplification:** PCR targeting conserved motifs within the NBS domain was conducted using eight degenerate primer pair combinations, as described by Bertioli et al., 2003, and with a further seven primer combinations designed specifically from 344 monocotyledon sequences in Genbank and non-TIR motifs in *Arabidopsis*, and targeting conserved amino acid motifs in monocot NBS and LRR domains.

**Cloning and sequencing:** Products were cloned using either the cloning vector pCR2.1TOPO or pGEM-T-Easy, dialysed using Millipore dialysis membranes (0.02µM) and competent DH5α *Escherichia coli* cells transformed by electroporation or heat shock. Recombinant plasmids were selected and DNA extracted and purified alkaline lysis. Sequencing was conducted at the Universidade Católica de Brasília on

Applied Biosystems 377 sequencers, and at Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia on 3700 sequencers.

**Bioinformatics analysis:** Chromatograms with homology to R genes were identified on the basis of a BlastX sequence similarity search (Altschul et al., 1997), using an e-value of  $10^{-10}$ , against a database of *A. thaliana* R-genes and homologues, as described by Bertoli et al., 2003. Sequences were processed to remove vector and poor quality sequences using the Staden software (Staden, 1996), and assembly conducted using CAP3. Unbroken reading frames between the kinase 2 and GLPL motifs were identified from contigs using a PERL script to analyse all six potential reading frames. Phylogenetic analyses were conducted on protein sequence alignments via maximum parsimony using PHYLIP (Felsenstein, 1989), including representative sequences containing NBS domains from *A. thaliana* and *O. sativa*.

## Results and discussion

This study was conducted to utilize sequence data for known R-genes in other crop species as a directed approach towards R-gene discovery in *Musa*, to provide potential opportunities for future genetic improvement via marker assisted selection and genetic engineering.

Sequencing of cloned PCR products amplified using NBS domain primers generated 672 sequences, of which 69 predicted amino acid sequences showed homology with NBS-containing proteins in *A. thaliana*, based upon a BlastX sequence similarity search. Analysis of those generated using NBS to LRR domain primers revealed, from 901 sequences, 242 with significant hits with NBS-containing *A. thaliana* proteins. A phylogenetic reconstruction for *Musa* RGAs and R genes from *A. thaliana* and *O. sativa* revealed the expected prevalence of *Musa* and monocotyledon-specific clades, as well as paraphyletic clades, indicating amplification of a wide spectrum of RGA sequences.

Further characterization of RGAs is ongoing, with differential expression being examined via reverse northern blots with cDNA material from resistant and susceptible *Musa acuminata* cultivars submitted *in vitro* to *M. fijiensis* infection. Differentially expressed RGAs will be used to screen a Calcutta 4 BAC library for shotgun sequencing. Given that R-genes can occur as complex gene-families clustered along the genome, sequencing of BAC clones may enable identification of complete R-gene nucleotide sequences.

Plans are also underway to apply the *Musa* RGAs in the development of genetic markers. The Global *Musa* Genomics Consortium (2002) has identified numerous priority research areas for this crop, including development of molecular markers and marker-assisted methods for cultivar selection. RGA-derived molecular markers for *Musa* spp. would represent an important contribution to *Musa* breeding, for germplasm characterization, marker assisted selection and linkage map construction. Validation of RGA markers will be conducted on *Musa* parentals and F1 populations contrasting for resistance to BLSD, with markers to be employed either as probes via RFLPs or as PCR specific primers.

## Acknowledgements

This work was funded by the Brazilian National Council for Scientific and Technological Development (CNPq) research project "Análise da Estrutura Primária do Genoma A de *Musa acuminata*" (process number 680.398/01-5). All sequence

data has been deposited in DATA\_ *Musa*, a genomic database for banana managed at Embrapa Genetic Resources and Biotechnology.

### **References**

- Altschul SF, Gish W, Miller W, Myers EW, Lipman DJ (1990) Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology* 215:403-410
- Bertioli DJ, Leal-Bertioli SCM, Lion MB, Santos VL, Pappas Jr. G, Cannon SB, Guimarães PM (2003) A large scale analysis of resistance gene homologues in *Arachis*, *Molecular Genetics and Genomics* 270:34-45
- Felsenstein J (1989) PHYLIP - Phylogeny Inference Package (Version 3.2). *Cladistics* 5: 164-166
- Staden R (1996) The Staden sequence analysis package. *Molecular Biotechnology* 5:233-241
- The Global Musa Genomics Consortium (2002) A strategy for the Global Musa Genomics Consortium. Report of a meeting held in Arlington, USA, 17-20 July 2001. The International Network for the Improvement of Banana and Plantain, Montpellier, France

## **SNPS NO MELHORAMENTO VEGETAL. ONDE ESTAMOS?**

Rinaldo Wellerson Pereira – Universidade Católica de Brasília

Os polimorfismos de uma única base ou SNPs (do inglês single nucleotide polymorphisms), são de longe a variação mais freqüente entre indivíduos nos mais diversos organismos. A ampla aplicação destes marcadores no melhoramento vegetal passa pelo passo obvio de caracterizar o maior número possível de SNPs na planta de interesse. Para aqueles organismos com genomas já seqüenciados ou com grande conjunto de informação de seqüência em bancos de dados esta etapa é conduzida principalmente pelo reseqüenciamento em um grupo de plantas. De maneira geral, os trabalhos tem se concentrado no entendimento da variabilidade em genes candidatos para os mais diversos fenótipos. Durante estes estudos busca-se por evidências que possam implicar funcionalmente SNPs e estes então serão investigados em estudos de associação direta. Quando não se tem um óbvio SNP candidato pode-se buscar a associação por desequilíbrio de ligação. Neste caso, baseado muito no que tem sido realizado em humanos o importante é conhecer o padrão de desequilíbrio de ligação, pois este é fundamental na determinação da densidade de SNPs necessários para o desenvolvimento de estudos de associação por varredura de genoma total ou em regiões de interesse. Baixo desequilíbrio de ligação implica e um número maior de SNPs por região estudada e obviamente um amior custo. Diferentes organismos vegetais, estão em diferentes tempos na utilização de SNPs como ferramentas no melhoramento genético. Mas mesmo para aqueles mais adiantados, ainda encontra-se na fase de investigação do nível e padrões de diversidade. No entanto, é de se esperar que nos próximos anos os SNPs estejam amplamente integrados como uma ferramenta a mais nas estratégias de melhoramento.

## DESAFIOS DA INTEGRAÇÃO GENÔMICA-MELHORAMENTO NA ÁREA FLORESTAL

Dario Grattapaglia  
EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia  
CP 02372 - 70770- 900 Brasília, D.F.  
[dario@cenargen.embrapa.br](mailto:dario@cenargen.embrapa.br)  
Programa de Pós Graduação em Ciências Genômicas  
Universidade Católica de Brasília  
SGAN 916 Módulo B Brasília – D.F.

### Introdução

Plantações florestais constituem um recurso renovável de fundamental importância para atender a demanda global crescente por produtos derivados de biomassa lenhosa e com papel crescente na questão do seqüestro de carbono. Produtividades florestais crescentes e refinamentos na qualidade dos produtos de madeira por meio de melhoramento genético, tornar-se-ão cada vez mais estratégicos para todos os setores industriais de base florestal. Tecnologias genômicas de alto desempenho, integradas nos programas de melhoramento florestal, estão abrindo novas perspectivas para o estudo de genes e genomas facilitando a compreensão das relações complexas entre variabilidade genética e diversidade fenotípica. O foco central da pesquisa genômica florestal tem sido o entendimento dos mecanismos genéticos, bioquímicos, moleculares e celulares envolvidos no processo de formação da madeira e, em menor escala dos vários aspectos relacionados com a resistência a estresses bióticos e abióticos que afetam a saúde da floresta. Nesta apresentação serão discutidas as principais oportunidades e desafios das ciências genômicas e do melhoramento genético molecular (*molecular breeding*) de espécies florestais com ênfase em espécies de *Eucalyptus*, as mais relevantes no cenário florestal brasileiro atual.

### Genômica estrutural de árvores

Coníferas tais como pinheiros, abetos e araucarias estão entre as espécies de plantas com os maiores genomas conhecidos (genoma haplóide entre 15.000 e 25.000 Mpb), cerca de 50 vezes maiores do que o genoma de arroz e 5 a 8 vezes maiores do que o genoma humano. Portanto, embora o sequenciamento de DNA tenha se tornado cada vez mais eficiente, ainda é proibitivo e tecnicamente muito complexo hoje se pensar no sequenciamento do genoma de espécies de coníferas que perfazem a maior área de florestas plantadas do mundo. Por outro lado angiospermas como o eucalipto (600 Mpb), segunda essência florestal mais plantada no mundo com 18 milhões de hectares e álamo (*Populus*) (550 Mpb) tem genomas significativamente menores, apenas 20 a 30% maiores do que o genoma de arroz. Em 21 de setembro de 2004 foi anunciada a finalização de um primeiro rascunho do genoma de *Populus trichocarpa* pelo consórcio internacional envolvendo o DOE, o programa Genome Canada, e a Universidade de Umeå (Umeå Plant Science Centre) na Suécia. O genoma estimado em 480 Mpb é contido em 19 cromossomos e foi sequenciado a uma cobertura de 7,5X. Mais do que 6 milhões de leituras (reads) foram montadas em 22.136 scaffolds totalizando 473,1 Mpb. Cerca de metade do genoma está contido em 62 scaffolds com pelo menos 2,1 Mpb de comprimento. Um total de 143 scaffolds somando 295 Mpb foram ancorados ao

mapa genético. Esta primeira liberação do genoma incluiu 58.036 genes preditos pela anotação realizada pelos diferentes grupos participantes com base em *Arabidopsis*, coleções de Ests de *Populus*, alinhamentos com contíguos de EST e homologia com proteínas de plantas. Esta versão preliminar será certamente refinada com análises adicionais. *Populus* apresenta características importantes para a pesquisa genômica com destaque para o genoma relativamente pequeno e a grande facilidade de ser geneticamente transformada o que permite análises rápidas de função gênica. O acesso ao genoma completo de uma árvore será extremamente interessante e útil a todos os projetos de investigação genômica de espécies florestais na medida que será possível a condução de análises de mapeamento comparativo *in silico* buscando, por exemplo, sequências reguladoras de genes envolvidos na formação da madeira, análises estas muito limitadas ou mesmo impossíveis de serem realizadas com os genomas de *Arabidopsis* e arroz por estes terem crescimento secundário incipiente.

### **Descobrimto de genes em árvores**

Até o anúncio do projeto de sequenciamento do genoma estrutural de *Populus*, o descobrimto de genes em árvores seguia principalmente o caminho tradicional baseado no sequenciamento das regiões expressas do genoma ou *expressed sequence tags* (EST's). As sequências parciais de genes obtidas destes projetos tem múltiplas aplicações entre elas a identificação de genes e famílias gênicas candidatas envolvidas na expressão de fenótipos de interesse; a identificação de microssatélites ou polimorfismos de seqüência (SNPs) visando o desenvolvimento de marcadores para estudos de mapeamento genético, co-localização com QTLs e estudos de associação; o fornecimento de reagentes biológicos para a construção de microarranjos visando a análise de expressão gênica em paralelo e a geração de plantas transgênicas superexpressando ou limitando a expressão de genes específicos buscando fenótipos desejados.

Diversos projetos de sequenciamento de genes expressos em espécies florestais foram desenvolvidos nos últimos anos. Estes projetos tem como objetivo principal a identificação de genes chave no processo de formação da madeira e resistência a patógenos e estresses abióticos. Os primeiros resultados publicados dos esforços de sequenciamento de EST de árvores demonstraram que é possível identificar uma grande variedade de genes relacionados com processos metabólicos e fisiológicos de interesse, mesmo a partir de alguns poucos milhares de seqüências. Muitas seqüências foram obtidas correspondendo aos genes que codificam para as enzimas envolvidas na biossíntese de lignina, de celulose e hemicelulose, proteínas estruturais de parede celular, fatores de transcrição e outras proteínas reguladoras. Os cDNAs obtidos geraram imediatamente um grande número de oportunidades de investigação de padrões de expressão, mapeamento de genes e isolamento de promotores específicos de xilema. No Brasil o projeto FORESTs financiado pela Fapesp e por quatro empresas florestais de São Paulo, anunciou em 2002 a finalização de um banco de ESTs de acesso restrito, com cerca de 120 mil seqüências. O projeto GENOLYPTUS, iniciado em meados de 2002 financiado pelo Ministério da Ciência e Tecnologia e por 12 empresas florestais brasileiras finalizou em março de 2005 um banco com mais de 150 mil seqüências a partir de diversas bibliotecas seja de cDNA, genômicas shotgun e de BAC de diferentes espécies e tecidos de *Eucalyptus*. O projeto Genolyptus se baseia em uma estratégia de interconexão entre diferentes tecnologias genômicas e um esforço



de experimentação de campo, genética quantitativa e melhoramento genético clássico.

### **Estudos de expressão gênica**

O foco principal de estudos de expressão gênica em paralelo em árvores tem sido, a elucidação das rotas metabólicas que determinam a formação da madeira. Em *Populus*, uma análise detalhada da expressão de 2.995 genes foi realizada para diferentes estágios do processo de formação do xilema desde o estágio de células meristemáticas até a maturação e morte programada do xilema. Esta análise demonstrou que os genes que codificam para as enzimas envolvidas na biossíntese de lignina e celulose bem como uma série de fatores de transcrição e outros reguladores potenciais do processo de formação do xilema, operam de acordo com uma regulação transcricional estágio-específica muito rigorosa. Uma perspectiva interessante de utilização da tecnologia de microarranjos, é a abordagem integrativa entre a genômica e a genética envolvendo a análise de expressão gênica em microarranjos paralelamente ao mapeamento genético de QTL em populações segregantes. Esta abordagem permite a co-localização de eQTLs (*expression QTL*), ou seja, QTLs identificados para diferenças em níveis de expressão gênica de genes no microarranjo, QTLs para características fenotípicas e a posição do gene no mapa. Em árvores, esta abordagem denominada de *genetical genomics* foi recentemente aplicada em *Eucalyptus* ao analisar a expressão diferencial de 2700 genes com funções relacionadas à formação de parede celular, crescimento celular e destino de proteínas entre outras. Foi confirmada a importância dos genes envolvidos na biossíntese de lignina e descobertos novos genes altamente correlacionados com crescimento volumétrico.

### **Mapeamento genético de QTLs**

Progresso significativo tem sido feito nos últimos quinze anos no desenvolvimento de mapas genéticos em árvores, acelerado pelo advento de tecnologias de análise genômica mais acessíveis, novos conceitos em mapeamento genético e estratégias alternativas de melhoramento florestal em gerações avançadas. Centenas de marcadores RFLP, RAPD, AFLP e microssatélites se encontram disponíveis hoje para análise genética em árvores. Diversos trabalhos descreveram o sucesso na identificação de QTLs (locos controladores de características quantitativas) de maior efeito em árvores. QTLs para componentes de produtividade (crescimento volumétrico, forma) qualidade da madeira (densidade básica, teor de lignina, rendimento em celulose) resistência a estresses abióticos (tolerância ao frio, à seca) e resistência a patógenos, principalmente fungos, tem sido relatados na literatura. Atualmente, experimentos de mapeamento de QTL estão sendo aperfeiçoados e expandidos para as principais espécies florestais nos vários projetos de pesquisa genômica no mundo. Busca-se agora delineamentos que permitem não apenas o mapeamento mas a validação de QTLs e estudos de interação, fornecendo subsídios fundamentais para a co-localização de QTLs e genes candidatos e a geração de fundamentos sólidos para o estabelecimento de procedimentos de seleção assistida por marcadores. No Brasil, no âmbito do projeto Genolyptus, uma rede experimental de campo de grandes proporções foi implantada em 2003 envolvendo dezenas de populações segregantes híbridas intra e interespecíficas com milhares de indivíduos por família, distribuídos por diferentes

ambientes em delineamentos experimentais de alta precisão. Trata-se da maior rede experimental de campo estabelecida e dedicada especificamente a um projeto genômico florestal. Nos moldes do que permitiu os grandes avanços na pesquisa genômica em humanos com as famílias referência de mapeamento genético, esta rede experimental constituirá um recurso de valor inestimável para o avanço científico e tecnológico na genética e genômica do *Eucalyptus* e para árvores em geral.

### **Mapeamento de associação**

A disponibilidade crescente de seqüências parciais ou completas de genes a partir dos projetos genômicos tem aberto a perspectiva do desenvolvimento de milhares de marcadores baseados em polimorfismos de base individual (SNP) e a utilização destes em abordagens de mapeamento de associação seja com base em genes candidatos ou pela análise global de genomas (whole genome scan). Em teoria, o uso de genes como marcadores para seleção de árvores é a melhor escolha pois permitiria o estabelecimento de relações diretas entre a variabilidade de seqüência destes genes e a variabilidade fenotípica observada evitando assim a limitação da baixa extensão do desequilíbrio de ligação encontrado em espécies florestais alógamas. Na prática, no entanto, a seleção de genes candidatos ainda é uma questão elusiva para a maioria dos fenótipos de relevância em espécies florestais. Esta definição demanda conhecimentos de bioquímica, fisiologia e desenvolvimento muitas vezes ainda não disponíveis, mesmo para fenótipos bem caracterizados ou rotas metabólicas conhecidas. Definidos os genes candidatos e após um trabalho de descobrimento de polimorfismos de base individual (SNP) uma abordagem de mapeamento de associação torna-se possível, ou seja, a tentativa de associar os diferentes alelos diretamente com diferenças nos fenótipos de interesse. A análise da distribuição conjunta de haplótipos de SNPs em genes candidatos e fenótipos relevantes e contrastantes de árvores, pode identificar associações entre alelos e diferenças fenotípicas. Diferenças significativas nas médias fenotípicas entre classes haplotípicas indicam alelos de maior efeito a genes candidatos.

### **Transformação genética de árvores**

Informações funcionais de genes, derivadas da genômica demandam experimentos de validação para estabelecer de uma forma definitiva seu modo de funcionamento e interação com o resto do genoma. A possibilidade de expressar construções de genes de forma estável em árvores ou transiente em tecidos ou células e, com isso, verificar os efeitos sobre os fenótipos relevantes, é uma das ferramentas mais importantes para este fim. Diversos grupos de pesquisa no mundo tem trabalhado intensamente no desenvolvimento de árvores geneticamente modificadas com ênfase na manipulação da rota biossintética de lignina visando, em geral, sua redução. Modificações iniciais realizadas em plantas modelo como tabaco, foram rapidamente testadas em *Populus*, principalmente em função da facilidade com a qual transformação estável eficiente pode ser obtida em espécies deste gênero. Uma redução significativa no conteúdo total de lignina foi obtido em *Populus* quando foi realizada a supressão do gene que codifica para a enzima 4CL, revelando o papel central do passo metabólico catalizado por esta enzima na rota.

Além da redução do conteúdo de lignina, um aspecto crítico é a manipulação da reatividade da lignina ao processo de degradação química, dependente em grande parte da relação entre os resíduos de siringil e guaiacil (S/G). Com base nesta proposta, um avanço importante na manipulação das propriedades da lignina em árvores foi descrito ao se gerar plantas de *Populus* geneticamente transformadas simultaneamente para dois genes da via de lignina. Um antisense para o gene 4CL causou a redução global do conteúdo de lignina enquanto que a superexpressão do gene CAld5H causou o aumento da razão S/G em três vezes. Os efeitos foram independentes e aditivos resultando em árvores de 10 meses com até 52% menos lignina, 64% de aumento na razão S/G e 30% mais celulose.

### **Conclusões e perspectivas**

A integração de estratégias genômicas de descobrimento de variabilidade alélica estrutural e de expressão, mapeamento genético de QTLs e mapeamento de associação aliado à transgenia para teste de função, oferecem enormes oportunidades de elucidação detalhada dos processos de formação da madeira, respostas a stresses bióticos e abióticos em árvores. A informação existente hoje derivada de mapeamento genético, descrição de mutantes e experimentos de manipulação direta da expressão de genes aponta para a existência de uma ampla variação alélica na estrutura e função dos genes envolvidos na formação da madeira confirmando a sua condição de alvos importantes para a manipulação de características de importância florestal e industrial. A exploração desta variabilidade natural será intensificada principalmente com os avanços de estudos de mapeamento associação e metodologias mais refinadas de estudo de expressão gênica diferencial. Uma vez que genes específicos forem identificados ou associações de marcadores com QTL determinadas, o melhoramento florestal poderá utilizar esta informação para seleção assistida por marcadores (SAM). Este desafio é complexo uma vez que pressupõe a manipulação de características poligênicas influenciadas por idades e ambientes variáveis. É nosso entendimento que a genômica somente terá papel central no melhoramento genético florestal quando puder contribuir não apenas para o entendimento da relação entre um gene e um fenótipo mutante mas sim para um entendimento mais global das relações complexas entre variação genética e variação fenotípica. O caminho de maior probabilidade de sucesso para isso deverá ser aquele no qual a genômica estará profunda e continuamente interconectada com as estratégias e tecnologias da genética clássica, biometria e melhoramento florestal.

### **Agradecimentos**

Ministério da Ciência e Tecnologia (Projeto Genolyptus), CNPq, meus vários colaboradores e estudantes e as empresas participantes do projeto GENOLYPTUS.

## **BIOLOGIA COMPUTACIONAL E ANÁLISE ESTATÍSTICA DE DADOS MOLECULARES**

Eduardo Leonardecz-Neto  
Ciências Genômicas e Biotecnologia  
Universidade Católica de Brasília  
leonardecz@pos.ucb.br

Os avanços recentes da capacidade de armazenamento e gerenciamento de informação, no formato digital, têm desenvolvido amplamente o campo da bioinformática. Levando-se em consideração o volume de dados que armazenamos, chega a ser espantoso saber que já possuímos capacidade de armazenamento próximo a TERABITS em uma única unidade de "hard disk", e que já estamos na escala de PETABITS em uma única máquina.

Muitos esforços têm sido colocados no desenvolvimento de bancos públicos de dados biológicos, os quais disponibilizam seqüências das mais diferentes espécies e moléculas, sendo que estes estão disponíveis a qualquer pessoa que tenha acesso a rede mundial de computadores, e que através de ferramentas de biologia computacional, estas podem ser analisadas como convém cada um.

Podemos comparar, apesar que, de forma grosseira, a biologia computacional como sendo a ferramenta que deve escrever a obra "Os Luzíadas", de Camões, por meio de um dicionário (bioinformática). Ora, um bom dicionário deve possuir todas as palavras, ou o mais próximo disso que puder, logo Os Luzíadas é uma obra composta por palavras, e todas elas estão no dicionário, agora é sentar e escrever. Que bom se fosse fácil, apenas com base em um conjunto simples de informações (palavras), reconstruir um modelo muito extenso e complexo, repleto de interações e possibilidades quase sem fim (Os Luzíadas).

Deste modo, agora, abrem-se novas demandas dos pesquisadores do mundo todo, relativos ao desenvolvimento da biologia computacional, objetivando a construção de ferramentas que possibilitem a análise deste imenso volume de dados já disponível, e que ainda serão gerados em um futuro próximo. Afinal, os projetos genomas espalhados pelo mundo nos fornecem as seqüências de várias espécies. Neste momento trabalhamos diretamente com Projetos Metagenomas (em escalas Megagenômicas), proteomas, metabolomas e outras tantas técnicas que estão sendo desenvolvidas e outras ainda que serão. Deste modo, devemos nos preocupar em como tratar todo esse enorme volume de informação, tanto da forma acadêmica como sob a esfera da ciência aplicada.

Um dos maiores bancos de seqüências de DNA, conhecido pela sigla (do inglês) NCBI. Neste banco, aproximadamente 65% dos depósitos, foram feitos pelo grupo de Craig Venter, grupo esse que chega a seqüenciar o genoma completo de uma bactéria a cada quatro dias\*. Deste modo já podemos imaginar que uma rotina simples de "BLASTAR" uma seqüência qualquer com este banco, deve nos resultar em uma similaridade (nas mais diferentes escalas), com um número bastante elevado de outras seqüências de organismos mais distintos. Assim sendo, cada vez mais as ferramentas de análise de seqüências, devem ter maior capacidade de restringir associações espúrias, e com maior poder de teste.

Os modelos de análise desenvolvidos atualmente estão ficando cada vez mais completos, isso se deve muito em função da capacidade de processamento cada vez maior dos computadores que estão sendo disponibilizados para os

pesquisadores, de tal modo que a cada dia podemos nos aproximar cada vez mais de uma resposta verdadeira, tendo em vista que até então, os modelos nos forneciam apenas uma caricatura da realidade.

As ferramentas criadas para genotipagem de indivíduos agora estão sendo utilizadas para que possamos também associá-las com os fenótipos de cada indivíduo. Deste modo, aumentamos nossa capacidade de estabelecer interações entre marcas moleculares (genótipos) com suas respectivas expressões (fenótipos). Percebemos que a genética em seu início avaliava apenas fenótipos, com o avanço da tecnologia de genotipagem, voltou-se muito para o gene em si (ou seja, apenas presença ou ausência de banda ou de diferenças de seqüências), muito freqüentemente sem a menor relação com os aspectos de sua expressão. Parece-me que agora estamos caminhando para um equilíbrio, em que os estudos recentes estão trabalhando nas duas frentes, sendo atribuída igual importância a cada uma. Ao fazermos a caracterização fenotípica dos indivíduos, juntamente com sua genotipagem, construímos um conjunto de informação mais completo, e que nos permitam analisar, de forma mais acurada as interações de modelos complexos que são os fenótipos em função das interações entre alelos de diferentes locos, os chamados efeitos epistáticos.

Nesta linha, temos a análise de SNP's e fenótipos, buscando-se associar marcas moleculares a seus respectivos fenótipos. Sabe-se que a herança monogênica, nos padrões mendelianos, é praticamente a exceção, e que a regra é uma herança complexa (quantitativa) para a maioria das características. Devemos assim decifrar a complexidade da herança de um sistema biológico via associação do maior número possível de marcas moleculares com o fenótipo específico. Deste modo, temos a metodologia MDR (Multifactor Dimensionality Reduction), pela qual buscamos detectar a interação entre gene-gene e gene-ambiente.

Em resumo, este método de análise se aplica quando estabelecemos dois conjuntos contrastantes, tipo caso-controle, que nada mais é do que um grupo fenotípico com presença do fenótipo de interesse, e outro grupo com um outro fenótipo. Quanto maior o contraste entre os dois grupos, melhor.

Estabelecidos os grupos fenotípicos, cada indivíduo é genotipado, via SNP's por exemplo, com o maior número de marcas possível, e caso já se tenha uma orientação de qual parte do genoma tem influência sobre a expressão desta característica, pode-se proceder com uma genotipagem direcionada.

O método MDR avalia modelos epistáticos, comumente chamado de modelo multilocus. Para isto, faz-se uso de métodos computacionais exaustivos. O equilíbrio de Hardy-Weinberg e o equilíbrio de ligação são assumidos a fim de reduzir o modelo e torná-lo computacionalmente factível, além de considerar que há segregação independente entre as marcas (genótipos). Para um primeiro modelo, podemos considerar o efeito da interação entre dois locos, usando as funções de penetrância  $P[D|AAbb] = X_1$ ,  $P[D|aaBB] = X_2$ ,  $P[D|AaBb] = X_3$ ,  $P[D|outros] = X_4$ , em que D é a presença da característica de interesse, A e B representam os locos candidatos ao controle da herança (com seus genótipos), para presença e ausência do fenótipo estudado. Este modelo epistático é o mais simples e bem estudado, utilizado para verificarmos a dependência entre alelos e locos na expressão fenotípica. Claro que este modelo ainda é reduzido, e por isso o mais rápido computacionalmente, devido ao pequeno número de relações que precisa executar, frente aos demais. Facilmente podemos imaginar como expandir este modelo, com três locos com dois alelos em cada, por exemplo, onde teríamos, ainda usando as funções de penetrância e independência (pelo menos para os efeitos maiores), da

seguinte forma:  $P[D|AAbbcc]=X_1$ ,  $P[D|AaBbcc]=X_2$ ,  $P[D|AabbCc]=X_3$ ,  $P[D|aabbCC]=X_4$ ,  $P[D|aabbCc]=X_6$ ,  $P[D|aaBBcc]=X_7$ , e assim por diante, sendo que podemos considerar várias outras combinações para mais locos envolvidos na herança estudada e ainda locos polialélicos (caso se faça uso de outra marca, como SSR por exemplo). O fator limitante desta metodologia é referente ao tamanho da amostra necessária para se verificar interações epistáticas verdadeiras, quanto o número de locos envolvidos é muito grande, acima de seis locos já é necessário uma amostra quase que impossível de se trabalhar. Assim, não faz sentido expandirmos os modelos para mais de oito locos, em análise utilizadas atualmente.

Uma outra limitação de MDR é sua necessidade de fazer previsões para conjuntos de dados independentes quando a dimensão do modelo é relativamente elevada e a amostra é relativamente pequena. Grandes dimensões do modelo e uma amostra pequena geram funções multifatoriais com dados desbalanceados. Isto gera problemas na estimação do erro, pois irá gerar matrizes com muitas células nulas, devido a não se ter uma amostra grande suficiente para se observar todas as combinações genotípicas possíveis.

Uma vantagem importante do MDR é a de ser uma metodologia não-paramétrica. Esta é uma diferença importante contra os métodos estatísticos paramétrico tradicionais, que baseiam-se em modelos lineares generalizados. Por exemplo, na regressão logística, como cada efeito principal adicional é incluído no modelo, o número de termos possíveis da interação cresce de forma exponencial. Ter muitas variáveis independentes com relação ao número de eventos observados do resultado é um problema já bem conhecido

O assunto é extenso e merece muito estudo ainda. Portanto, vislumbra-se um futuro promissor para essa metodologia, principalmente se associada com outras, como é o objetivo agora, aplicar o método MDR de análise, associado com métodos de análise de QTL's.

## Principais Referências Bibliográficas

- Concato J, Feinstein AR, Holford TR (1993) The risk of determining risk with multivariable models. **Ann Intern Med** 118:201–210
- \* Krüger, R. H. (2005), comunicação pessoal)
- Moore, J. H., Hahn, L. W., Ritchie, M. D., Thornton, T. A., White, B. C. (2004) Routine discovery of complex genetic models using genetic algorithms. **Applied Soft Computing** (4) 79–86
- Thornton-Wells T. A., Moore J. H., Haines J. L. (2004) Genetics, statistics and human disease: analytical retooling for complexity. **TRENDS in Genetics** 20 (12) 640-647.
- Wilson AF, Bailey-Wilson JE, Pugh EW, Sorant AJM (1996) The Genometric Analysis Simulation Program (G.A.S.P.): a software tool for testing and investigating methods in statistical genetics. **Am J Hum Genet Suppl** 59:A193

# *Resumo de Pôsteres*

## **01 - APLICAÇÕES DA RESSONÂNCIA MAGNÉTICA NUCLEAR (RMN) EM PROGRAMA DE MELHORAMENTO DA QUALIDADE DE ÓLEO VEGETAL PARA BIODIESEL EM GRÃO DE AMENDOIM SILVESTRE E CULTIVADO**

Luiz Alberto Colnago, Lucimara Aparecida Forato, Lucineia Vizzotto, Alessandra Pereira Fávero e Ignácio José de Godoy

<sup>1</sup> Embrapa Instrumentação Agropecuária, [colnago@cnpdia.embrapa.br](mailto:colnago@cnpdia.embrapa.br)

<sup>2</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

<sup>3</sup> Instituto Agronômico de Campinas

O melhoramento genético de oleaginosas esteve sempre focado no aumento da produção de óleo e de sua qualidade para consumo humano. Dessa maneira procurava-se a obtenção de cultivares que apresentassem alto teor de óleo com alto teor de ácidos graxos poliinsaturados. Recentemente, com o avanço de programas de substituição de óleo diesel por óleo vegetais (biodiesel) um novo campo para melhoramento genético de oleaginosas está se abrindo. Os estudos têm demonstrado os óleos vegetais atualmente disponíveis no mercado com alto teor de ácidos graxos poliinsaturados (AGP) não tem as propriedades ideais para uso como biodiesel. Os AGPs são mais susceptíveis a processos de oxidação e polimerização, reduzindo o tempo de estocagem do produto e tem menor número de cetano (indicador de qualidade) que os ácidos graxos mono ou insaturados. Por outro lado os derivados de ácidos graxos saturados têm alta viscosidade, que também não são desejáveis para biodiesel. Assim, há uma demanda por melhoramento de oleaginosas visando à redução do grau de ácido graxos poliinsaturados e saturados, com alto teor de ácido oleico. Dentre as técnicas atualmente usadas para avaliar o perfil de ácidos graxos, a ressonância magnética nuclear (RMN) poderá ter grande participação neste processo, de melhoramento genético pois permite medir de maneira rápida e na própria semente a quantidade, o grau de insaturação e a razão oleico/linoleico dos óleos vegetais. Como é um método não-destrutivo, permite que as próprias sementes analisadas sejam plantadas. Assim, neste trabalho, analisamos a qualidade do óleo de 20 acessos de espécies silvestres de amendoim e a cultivada (*Arachis hypogaea*), visando à identificação do grau de insaturação e razão oleico/linoleico do óleo para seleção de materiais interessantes no melhoramento genético do amendoim para produção de biodiesel. As medidas foram realizadas com hidrogênio e carbono em espectrômetros de alta resolução Varian Inova 400 e 80 e um aparelho de baixa resolução "home made". O grau de insaturação do óleo foi medido no espectro de hidrogênio pela razão entre os sinais em 5,5 e 1,1 ppm e no de carbono pela razão dos sinais em 130 e 30 ppm respectivamente. A razão oleico/linoleico foi medida nos espectro de carbono pela razão dos sinais em 130 e 128 ppm. Das sementes analisadas a cultivar de *Arachis hypogaea* IAC-Caiapó e a espécie silvestre *Arachis batizocoi* K9484 foram as que apresentaram o menor grau de insaturação e também de ácido linoleico. A espécie *A. kuhlmannii* acesso V9235 foi a que apresentou o maior grau de insaturação. As análises por RMN do óleo extraído da cv. Caiapó demonstrou que apresenta apenas traços de ácido linolênico. Esses resultados indicam que esses acessos têm um grande potencial para produção de biodiesel de alta qualidade por possuírem alto teor de ácido oleico.



## **02 - ANÁLISE DO NÚMERO E TAMANHO DE ESTÔMATOS EM HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DIPLÓIDES E TETRAPLÓIDES DE *Arachis***

Giotto, A.C.<sup>1</sup>, Silva, W.S.<sup>1</sup>, Fávero, A.P.<sup>2</sup>, Valls, J.F.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Alunos de graduação, Universidade Católica de Brasília, [anicatia1@yahoo.com.br](mailto:anicatia1@yahoo.com.br), [wesleasantos@oi.com.br](mailto:wesleasantos@oi.com.br)

<sup>2</sup> Pesquisador Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Pq. Estação Biológica, W5 Norte Final, 70.770-900, Brasília-DF. Email: [favero@cenargen.embrapa.br](mailto:favero@cenargen.embrapa.br), [valls@cenargen.embrapa.br](mailto:valls@cenargen.embrapa.br)

Os estômatos são estruturas importantes para fisiologia das plantas, sendo a porta de entrada e escoamento dos gases para a fotossíntese (Ferreira,1988). As diferentes espécies de plantas variam quanto ao número, frequência, tamanho, distribuição, forma e a mobilidade dos estômatos. Mesmo em uma única planta, as folhas variam relativamente quanto aos estômatos, dependendo de sua forma e posição no ramo. Além disso, o comportamento dos estômatos tem relação direta com as condições abióticas (Larcher, 1986). Estas estruturas são utilizadas para analisar plantas com níveis de ploidia diferentes (Costa *et al.*, 2005) pois a ploidia altera o volume celular e assim diminui-se o número de células por área e consequentemente o número de estômatos. Os estômatos são importantes na utilização para analisar plantas com níveis de ploidia diferentes (Costa *et al.*, 2005). O presente trabalho teve por objetivo comparar o número e tamanho dos estômatos em cinco combinações de híbridos interespecíficos de *Arachis* em condição tetraplóide e diplóide. Foram estudadas as seguintes plantas híbridas em condição tetraplóide e diplóide, oriundas dos cruzamentos: *Arachis aff magna* (V6389) x *A. aff diogoi* (V9401); *A. ipaënsis* (KG30076) x *A. duranensis* (V14167); *A. hoehnei* (KG30006) x *A. simpsonii* (V13710); *A. hoehnei* (KG30006) x *A. helodes* (V6325); *A. hoehnei* (KG30006) x *A. cardenasii* (GKP10017). Foram utilizadas folhas de quatro plantas de indivíduos diferentes de cada cruzamento ou quatro folíolos de uma mesma planta quando o cruzamento só possuía uma planta. Na casa de vegetação, localizada na Embrapa Cenargen, os folíolos da primeira folha expandida contando do ápice caulinar foram retirados com auxílio de uma tesoura e armazenados em sacos plásticos transparentes devidamente identificados. Foram levados posteriormente ao Laboratório de Microscopia Óptica, onde cada folíolo era raspado da parte adaxial para a abaxial utilizando-se a lâmina do bisturi até que se restasse apenas a camada epidérmica do mesmo. As lâminas feitas foram analisadas em microscópio Axioskop em objetiva de 20x. A contagem e tamanho de estômatos foram feitos a partir de cinco campos, sendo que o comprimento foi obtido a partir de cinco amostras/campo. Todas as medidas foram obtidas através de uma ocular micrométrica. Os dados foram submetidos à análise de variância e teste T ( $p < 0,05$ ) este utilizado para comparação, dentro de cada combinação híbrida, das médias dos indivíduos diplóides e tetraplóides. Os testes mostraram que não ocorreu diferença significativa entre as combinações híbridas. No entanto, houve diferença significativa no número e tamanho de estômatos comparando-se híbridos diplóides e tetraplóides. Foi observado que a interação híbridos x ploidia apresentou diferença significativa. As plantas diplóides apresentaram estômatos de tamanho menor e em maior número por campo em comparação com as híbridas tetraplóides em todas as

combinações. Percebeu-se que, para testar a ploidia em plantas cruzadas podem ser considerados o número e tamanhos dos estômatos.

#### **Bibliografia**

COSTA, M.P.de C; ALMEIDA, W.A.B de; MOURÃO-FILHO, F de A.A; MENDES, B.M.J; RODRIGUEZ, A.P.M. **Stomatal analysis of citrus somatic hybrids obtained by protoplast fusion**. Journal-article. Pesquisa pecuária brasileira; 39 (3): 297-300. 2004.

SILVA, Lenir Maristela, ALQUINI, Yedo and CAVALLET, Valdo José. **Interrelations between plant anatomy and plant production**. *Acta Bot. Bras.*, Jan./Mar. 2005, vol.19, no.1, p.183-194.

LARCHER, W. 1986. **Ecofisiologia vegetal**. São Paulo, EPU.

FERREIRA, Luiz Gonzaga Rebousas. **Fisiologia vegetal: Relações híbridas**. Ed: Universidade Federal do Ceará. 1988

**03 - IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE QUATRO DIFERENTES CLASSES DE INIBIDORES DE  $\alpha$ -AMILASE EXTRAÍDOS DE SEMENTES DE BARU (*Dipteryx alata* Vog.), COM ATIVIDADE CONTRA ENZIMAS DIGESTIVAS DE INSETOS-PRAGA.**

BONAVIDES, K. B.<sup>1,2</sup>; PELEGRINI, P. B.<sup>1</sup>; NORONHA, E. F.<sup>1,2</sup>; LAUMANN, R. A.<sup>2,3</sup>; GROSSI-DE-SÁ, M. F.<sup>3</sup>; BLOCH JR., C.<sup>3</sup>; FRANCO, O. L.<sup>1,2</sup>.

<sup>1</sup>Centro de Análises Proteômicas e Bioquímicas, Programa de Pós-Graduação em Ciências Genômicas e Biotecnologia, Universidade Católica de Brasília, Brasília - DF - Brasil;

<sup>2</sup>Curso de Ciências Biológicas, Universidade Católica de Brasília, Brasília - DF - Brasil;

<sup>3</sup>Cenargen, Embrapa, Brasília - DF - Brasil;

Corresponding author: ocranco@pos.ucb.br

Inibidores de  $\alpha$ -amilase tem sido usado no combate a insetos praga, como o caruncho de feijão-de-corda *Callosobruchus maculatus*, cuja larva apresenta ciclo de vida endofítico. Sabendo que sementes de leguminosas apresentam abundantes taxas de inibidores protéicos de  $\alpha$ -amilases, proteínas de sementes de baru (*Dipteryx alata*) foram extraídas, fracionadas com sulfato de amônio (100%) e aplicada em uma coluna de Red-Sepharose CL-6B, gerando um único pico retido. Este pico inibiu 80% da ação das  $\alpha$ -amilases de *C. maculatus* e 70% de *Anthonomus grandis*, não havendo inibição contra *Acanthoscelides obtectus* e contra  $\alpha$ -amilases de pâncreas de porco. Mortalidade de 40% das larvas de *C. maculatus* foi observada em ensaios *in vivo* utilizando sementes artificiais contendo 1,0% de extrato bruto de *D. alata*. O pico retido foi aplicado em coluna de fase reversa HPLC, obtendo-se quatro picos que mostraram inibição. Análises em SDS-PAGE dos picos mostraram proteínas de massas moleculares entre 6,0 e 115,0 kDa. Esses dados foram confirmados por espectrometria de massa (MALDI-ToF), mostrando peptídeos de 5,0 e 6,0 kDa (45,2% de inibição), 11,0 kDa (43,9% de inibição), 20,0 kDa (49,3%) e 55,0 kDa (49,3%). Esses resultados indicam que diversas classes de inibidores podem ser isolados a partir de uma única espécie vegetal, o qual incluem  $\gamma$ -thioninas, *cereal-like*, *lectin-like* e *Kunitz-like*. Essas proteínas podem gerar fatores de defesa eficientes com alta especificidade contra bruquídeos do feijão de corda, podendo ser usados como bioinseticidas biotecnológicos.

**Financiamento:** CNPq e UCB.

**04 - IDENTIFICAÇÃO DE INIBIDORES DE  $\alpha$ -Amilases DE SEMENTES DE CAGAITA (*Eugenia dysenterica*) COMO UMA OPÇÃO ALTERNATIVA NO CONTROLE DE *Callosobruchus maculatus*.**

Cherobim M. D., Farias L. R., Casado-Filho E. L., Leonardecz-Neto E., Noronha E. F., Franco O. L. Centro de análises Proteômicas e Bioquímicas, Universidade Católica de Brasília, Brasília, Distrito Federal, Brasil, [ocfranco@pos.ucb.br](mailto:ocfranco@pos.ucb.br).

As perdas ocorridas nas plantações de grãos de feijão-de-corda (*Vigna unguiculata*), uma importante cultura de subsistência na região Nordeste, se deve em grande parte pelo ataque de insetos-pragas como o caruncho *Callosobruchus maculatus* (CMA), que se alimenta do amido presente no interior dos cotilédones dos grãos de feijão. Neste trabalho sementes de cagaita (*Eugenia dysenterica*), uma planta do cerrado, estão sendo avaliadas como um controle alternativo e eficaz, fonte de inibidores de  $\alpha$ -amilase, que impedem a digestão dos insetos-pragas. Para isto foram recolhidas sementes de 15 matrizes diferentes. As sementes foram maceradas e as proteínas extraídas com a solução de extração contendo NaCl 0,6M e HCl 0,1%, após terem sido deixadas sob agitação por aproximadamente 40 minutos. O extrato bruto foi centrifugado e o precipitado descartado sendo o sobrenadante precipitado com sulfato de amônio (100%). Foram realizados ensaios enzimáticos contra  $\alpha$ -amilases de CMA e de pâncreas de porco (PPA) utilizando amido 1% como substrato. A reação ocorreu por 35 min, sendo então adicionado 3,5 ácido dinitrosalicílico para desenvolvimento da cor, detectadas a 530nm. Os ensaios enzimáticos contra CMA foram realizados com sementes de apenas uma única matriz e com concentrações crescentes de 12 a 100  $\mu$ g de proteína total. Observou-se através de uma curva de inibição que 12  $\mu$ g inibiram 20% das  $\alpha$ -amilases, chegando a 80% com 25  $\mu$ g. Por outro lado a inibição de PPA foi avaliada a uma concentração padrão de 25  $\mu$ g para todas as 15 matrizes, os quais mostraram variação significativa de atividade inibitória. Para o ensaio, foram utilizadas sementes das 15 matrizes diferentes que apresentaram variabilidade significativa de inibição (62 a 100%). Este estudo indica, portanto, que uma relevante atividade inibitória de  $\alpha$ -amilases advindas de sementes de cagaita contra enzimas de mamíferos e insetos foi detectada, e que estes poderão, em um futuro próximo, ser utilizadas como uma estratégia eficiente e econômica para o controle dos insetos praga do feijão de corda através de instrumentos biotecnológicos.

Suporte Financeiro: UCB

**05 - INIBIDORES ATIVOS CONTRA  $\alpha$ -amilases de *Callosobruchus maculatus* PROVENIENTES DE SEMENTES DE SUCUPIRA BRANCA *Pterodon pubescens*.**

SILVA, D. P.<sup>1,2</sup>, CASADO-FILHO, E. L.<sup>1,2</sup>, FARIAS, L. R.<sup>1,2</sup>, BLOCH JR., C.<sup>3</sup>, NORONHA, E. F.<sup>1,2</sup>, FRANCO, O. L.<sup>1,2\*</sup>

<sup>1</sup>.Curso de Ciências Biológicas, UCB, Brasília – DF, Brasil.

<sup>2</sup>.Centro de Análises Proteômicas e Bioquímicas; Pós – Graduação em Ciências Genômica e Biotecnologia, Brasília –DF, Brasil.

<sup>3</sup>.Cenargen/Embrapa, Brasília – DF, Brasil.

\*Corresponding author: ocfranco@pos.ucb.br

Sementes de feijão-de-corda (*Vigna unguiculata*) são amplamente cultivadas na América Latina e África para subsistência da população local. Estas sementes são extremamente importantes para a nutrição do bruquídeo *Callosobruchus maculatus*, que utiliza  $\alpha$ -amilases para hidrolisar o amido em mono- e dissacarídeos obtendo desta maneira energia metabólica. Diversos estudos tem sido realizados no intuito de encontrar novos fatores protéicos com atividade inibitória de  $\alpha$ -amilases de pestes. Neste estudo foi caracterizado um novo inibidor de  $\alpha$ -amilase proveniente de sementes de sucupira branca (*Pterodon pubescens*). Para isto as sementes foram maceradas e delipidadas com acetona 50%. O extrato foi seco e as proteínas foram extraídas com 0.6 M NaCl e 0.1% HCl, seguindo-se uma precipitação com sulfato de amônio (100%). Esta fração foi aplicada em coluna de afinidade Red-Sepharose CL-6B, tendo sido obtido um pico retido, o qual, mostrou inibição de 36% contra  $\alpha$ -amilases digestivas de *C. maculatus*. Proteínas obtidas no pico retido de Red-Sepharose foram analisadas por SDS-PAGE revelando uma proteína com aproximadamente 6.0 kDa. Estas proteínas foram aplicadas posteriormente em coluna analítica de fase - reversa HPLC (Vydac C18 - TP) gerando três picos retidos, os quais foram eluídos com um gradiente linear de acetonitrila (0-100%). Todos os picos gerados no HPLC foram ensaiados contra  $\alpha$ -amilases de *C. maculatus*, porém apenas um pico mostrou atividade inibitória contra enzimas de *C. maculatus* (65%). Análises por espectrometria de massa MALDI/TOF - 4700 revelaram uma única proteína com 5,230.60 Da. Ensaio enzimáticos também mostraram que inibidores de *P. pubescens* não foram capazes de reduzir atividade de  $\alpha$ -amilases de pâncreas de origem suína, demonstrando especificidade contra hidrolases de insetos. Inibidores que apresentam esta especificidade podem ser usados, de uma maneira mais segura, para construção de plantas geneticamente modificadas, com resistência contra *C. maculatus*.

**Suporte Financeiro: UCB**

## **06 - CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA PARA A SUSTENTABILIDADE DO MELHORAMENTO DE PLANTAS**

Maria Magaly Velloso da Silva Wetzel<sup>1</sup>

Clara Oliveira Goedert<sup>1</sup>

Leonel Gonçalves Pereira Neto<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Pq. Estação Biológica, W5 Norte Final, 70.770-900, Brasília-DF. Email: [magaly@cenargen.embrapa.br](mailto:magaly@cenargen.embrapa.br)

Os Recursos Genéticos Vegetais constituem a base de a cadeia alimentar do homem, além de atender a inúmeras de suas necessidades como combustível, vestuário, medicamentos e habitação. Conservar estes recursos em condições ideais, mantendo sua integridade física e genética, é garantir os genes para a sustentabilidade dos trabalhos de melhoramento de plantas e assegurar o alimento das próximas gerações. O manejo destes recursos envolve atividades de enriquecimento, caracterização, avaliação, conservação, documentação, informação e uso. A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, criada em 1974, é a instituição responsável pela introdução, quarentena, intercâmbio e conservação a longo prazo da Coleção de Base de Germoplasma Semente - COLBASE. Esta coleção tem por objetivo garantir por décadas, a conservação a longo prazo das sementes de espécies de interesse socioeconômico para o país. A Coleção de Base é representada por um número abrangente de acessos, o que assegura atender aos interesses futuros da sociedade e dos programas de pré-melhoramento, melhoramento e biotecnologia. Esta atividade é desenvolvida através do armazenamento de sementes desidratadas entre 4 a 7% de teor de umidade, embaladas em envelopes impermeáveis e armazenadas em câmaras frias com temperaturas subzero (-20°C), constituindo-se na COLBASE. A conservação de germoplasma semente segue os padrões internacionais de qualidade estabelecidos pelo Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos - IPGRI com pequenas adaptações. O sistema dispõe de sete câmaras frias (-20°C), com capacidade para 240 mil acessos. Atualmente estão armazenados 97.500 acessos de 894 espécies, subespécies e variedades. As principais espécies conservadas são cevada (*Hordeum vulgare*), feijão (*Phaseolus vulgaris*), arroz (*Oryza sativa*), trigo (*Triticum aestivum*), soja (*Glycine max*), sorgo (*Sorghum bicolor*), caupi (*Vigna unguiculata*), milho (*Zea mays*), entre outras. Também conserva parte da Coleção Internacional de *Phaseolus* e de Cevada, todos os acessos coletados de espécies nativas (especialmente forrageiras, florestais, fruteiras, etc.) e as variedades crioulas. Os acessos da coleção são monitorados a cada 10 anos e os resultados da viabilidade das sementes tem se mantidos de acordo com os padrões estabelecidos. Toda a informação sobre as atividades da conservação é documentada através de um sistema de informação e documentação, constituindo-se no Banco de Dados da Coleção de Base, módulo interativo do Sistema Brasileiro de Informação de Recursos Genéticos (SIBRARGEN) garantindo a perfeita identificação dos acessos e permitindo a rápida consulta ao usuário.

## **07-COLEÇÃO DINÂMICA NA CONSERVAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS DE *Manihot*.**

R.A.Mendes; A.C.Allem, A.F.Abiorana

Embrapa Cenargen, CP 02372, 70849-970 Brasília-DF, [rmendes@cenargen.embrapa.br](mailto:rmendes@cenargen.embrapa.br);

O maior centro de diversidade do gênero *Manihot* se encontra no Neotrópico, mais especificamente no Brasil, onde ocorre cerca de 70% das espécies pertencentes ao referido gênero. Estas espécies apresentam uma ampla variação em seus caracteres morfo-agronômicos, reunindo potencial para sua utilização em programas de pré-melhoramento da mandioca. Várias espécies do gênero *Manihot* estão ameaçadas de extinção e muitas de suas populações estão restritas a ambientes perturbados, sendo compostas por poucos indivíduos. Para algumas destas espécies já está comprometida a possibilidade de manter fluxos gênicos a maiores distâncias, fato que favorece a ocorrência de endogamia. A prática da conservação dinâmica apresenta vinculações com os processos relacionados à evolução natural da espécie e propicia novidades na produção de genótipos no campo, resultado da polinização aberta. Este germoplasma, quando desenvolvido, permite a identificação de genótipos com características desejáveis para incorporação a programas de pré-melhoramento da mandioca. O estabelecimento da coleção dinâmica em regiões de ocorrência natural das espécies permitirá uma maior estabilidade genética delas. A conservação dinâmica consiste no plantio de campo de vários acessos da mesma espécie, de procedências geográficas diferentes e mesmo de ecossistemas diferentes, em parcelas isoladas daquelas ocupadas por outras espécies. Este plano de conservação vincula-se ao conceito de “metapopulação”, que consiste em uma coleção mantida a campo, e composta por amostras de populações de várias procedências geográficas. Uma ação de pesquisa que se afigura viável é a conservação das diferentes espécies em locais o mais próximo possível de seu local de origem ou de coleta. Estima-se que progênies produzidas sob esta metodologia exibam maior amplitude de adaptação que seus progenitores. A continuidade desta proposta poderá garantir a conservação simultânea de biodiversidade e de recursos genéticos do gênero. A conservação dinâmica permite que as populações formadas evoluam de forma progressiva, por meio de recombinações, mutações, fluxo gênico, seleção natural e deriva genética. O manejo da coleção dinâmica permite a observação do material no campo ao longo dos anos, com reflexos em ações de avaliação e de utilização destes materiais. A seleção de plantas com características de resistência a novas pragas e doenças poderão ser identificados mais rapidamente com o germoplasma em observação no campo.

## **08 - DESENVOLVIMENTO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES PARA A ANÁLISE GENÉTICA DE FEIJÃO**

Ohse, B.J.<sup>2</sup>, Cerqueira, A.A.<sup>1</sup>, Junqueira, L.P.<sup>1</sup>, Lamas, N.S.<sup>1</sup>, Ferreira M. A.<sup>1</sup>, Ciampi, A.Y.<sup>1</sup>, Buso, G.S.C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia - Brasília, Brasil.

[brunajaqueline@gmail.com](mailto:brunajaqueline@gmail.com); [buso@cenargen.embrapa.br](mailto:buso@cenargen.embrapa.br)

A cultura do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) vem mantendo há muitos anos um importante lugar na agricultura brasileira, tendo em vista o grande uso na alimentação, com consumo médio de 2.950 mil t/ano ou 18 kg por habitante/ano. Sendo uma cultura de extrema importância tanto do ponto de vista social quanto econômico. Nos últimos 10 anos a área cultivada tem permanecido acima de 5 milhões de hectares, produzindo em média 2,6 milhões de toneladas. A cultura do feijoeiro apresenta baixos níveis de produtividade, e fatores como tipos de cultivares, baixa tecnologia de cultivo e ocorrência de pragas e doenças têm sido citados como limitantes ao seu adequado desempenho. Uma proposta para aumentar a produtividade do feijão é o melhoramento genético. Marcadores moleculares têm sido usados como ferramentas essenciais em programas de melhoramento. Os marcadores SSRs caracterizam-se por serem codominantes, multialélicos, baseados em PCR, abundantes e aparentemente distribuídos por todo o genoma. Devido à riqueza de informação genética que oferecem, são ideais para o mapeamento genético. Uma bateria de 275 primers SSR para feijão foi desenvolvida anteriormente, mas somente 20% mostrou polimorfismo entre os parentais de três populações de mapeamento. Portanto, houve a necessidade de desenvolvimento adicional, mudando-se a enzima de corte do DNA genômico, na tentativa de acessar regiões diferentes do genoma. As etapas do desenvolvimento incluíram extração de DNA, construção de biblioteca genômica enriquecida, seleção de clones positivos, seqüenciamento, desenho e testes de primers. O DNA foi digerido com a enzima Mse I e ligado aos adaptadores. A fase de enriquecimento é caracterizada por um complexo contendo o DNA ligado aos adaptadores, biotina ligada a oligonucleotídeos (TC)<sub>13</sub> e a estreptavidina ligada às contas magnéticas. O DNA é ligado ao vetor pGEMT e em seguida é feita a clonagem em bactérias *E. coli* (XL1-blue). Obtiveram-se 579 clones positivos e até o momento 426 foram seqüenciados e 26 pares de primers foram desenhados. O restante dos clones está sendo seqüenciado e concomitantemente estão sendo realizadas as análises e desenhos dos primers. O enriquecimento da biblioteca para elementos TC/AG foi eficaz devido ao grande número de clones positivos obtidos.

---



**09 - MAPEAMENTO DE QTL PARA RESISTENCIA A *Fusarium solani* f. sp. *Glycines* EM SOJA [*Glycine max* (L.) Merr.]**

A. L. de Farias Neto - University of Illinois at Urbana–Champaign, USA, [nfarias@uiuc.edu](mailto:nfarias@uiuc.edu); S. R. Carlson - University of Illinois at Urbana–Champaign, USA, [carlson@uiuc.edu](mailto:carlson@uiuc.edu), R. L. Nelson - University of Illinois at Urbana–Champaign, USDA-ARS, [rlnelson@uiuc.edu](mailto:rlnelson@uiuc.edu), B. W. Diers - University of Illinois at Urbana –Champaign, [bdiers@uiuc.edu](mailto:bdiers@uiuc.edu).

O uso de cultivares resistentes é o método de controle mais efetivo da podridão vermelha da raiz (PVR). Devido à natureza quantitativa da resistência à PVR e a interação genótipo x ambiente, a seleção para resistência a PVR requer múltiplos ambientes de testes. O alto custo necessário para avaliação para reação a PVR ao nível de campo justifica o uso da seleção assistida por marcadores para o desenvolvimento de cultivares resistentes a esta doença. Até o momento seis “quantitative trait loci” (QTL) para resistência à PVR foram mapeados. O objetivo do presente estudo foi mapear QTL que conferem resistência à PVR em uma população F<sub>4:6</sub> derivada do cruzamento entre a “plant introduction” (PI) 567374 e a cultivar Omaha. A PI 567374 foi selecionada na universidade de Illinois como resistente a PVR, enquanto a cultivar Omaha apresenta alta susceptibilidade a doença. Os dados fenotípicos de reação à PVR foram obtidos em casa de vegetação utilizando o método de cones. Neste método são usadas sementes de sorgo infestadas com *Fusarium solani* f. sp. *glycines* em solo autoclavado. Marcadores microsatélites foram utilizados para mapear os QTL. Noventa e seis linhagens foram utilizadas no trabalho. Duas regiões nos grupos de ligação D2 e I foram identificadas como associadas à resistência à PVR. O primeiro QTL associado significativamente ( $P < 0.005$ ) à doença foi identificado pelo microsatélite Satt311 ( $P = 0.0032$ ,  $R^2 = 12\%$ ) no grupo de ligação D2. O segundo QTL associado significativamente a PVR foi identificado pelo microsatélite Sat\_299 ( $P = 0.0009$ ,  $R^2 = 12\%$ ) no grupo de ligação I. Os alelos que conferem a resistência à doença foram herdados do parental PI 567374. A próxima etapa será a de confirmação destes QTL em outras populações.

## 10 - CONSERVAÇÃO *IN VITRO* DE PLÂNTULAS DE *Sinningia lineata* (Hjelmq.) Chautems (GESNERIACEAE)

Viana, C.R.B.<sup>1</sup>; Cardoso, L.D.<sup>2</sup>; Mendes, R.A.<sup>3</sup>

<sup>1,2,3</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil

<sup>1</sup>[camila.viana@cenargen.embrapa.br](mailto:camila.viana@cenargen.embrapa.br);

<sup>2</sup>[luciene@cenargen.embrapa.br](mailto:luciene@cenargen.embrapa.br);

<sup>3</sup>[rmendes@cenargen.embrapa.br](mailto:rmendes@cenargen.embrapa.br)

A espécie *Sinningia lineata* é uma planta conhecida popularmente como “rainha-do-abismo”, devido a sua beleza e por seu hábito de crescer nas paredes de precipícios. Possui como característica principal uma estrutura de reserva chamada túbero, também vulgarmente conhecida como batata. O túbero é uma estrutura de reserva de água e nutrientes. A maioria das espécies desse gênero é rupícola, ou seja, cresce apoiada ou totalmente verticalizada sobre rochas. No período seco, perde as folhas e então toda a energia e água para manter o seu metabolismo são obtidas do túbero. Esta planta chegou à Europa oriunda do Brasil, onde seu cultivo ocorre há pelo menos 200 anos. Este trabalho teve como objetivo a sua propagação para a conservação *in vitro*. Foram utilizados quatro tipos de explantes: pedaços das folhas, partes dos pecíolos, gemas laterais e apicais. Os explantes coletados em casa de vegetação foram imersos em solução de detergente durante 1 minuto e enxaguados com água esterilizada. Então, foram imersos em solução de sacarose a 10% por um período de 30 minutos, após o que foram enxaguados por três vezes em água esterilizada. A desinfestação se deu com a imersão em solução de hipoclorito de sódio a 2% e duas gotas de detergente, durante 15 minutos. Passado esse tempo, os explantes foram enxaguados três vezes com água esterilizada, em ambiente estéril, dentro da câmara de fluxo laminar. Amostras destes explantes foram inoculadas em três diferentes meios de cultura modificados de Murashige & Skoog. Meio para indução de brotações, MS adicionado de fosfato diácido de potássio (167mg/L), inositol (100mg/L), tiamina (0,4mg/L), ácido nicotínico (0,4mg/L), piridoxina (0,4mg/L), ácido indol acético (2,0mg/L) e benzilaminopurina (0,08mg/L); meio para máxima indução de brotações, MS adicionado de ácido naftaleno acético (0,1mg/L), benzilaminopurina (5,4mg/L) e sulfato de adenina e meio para indução de gemas adventícias, MS adicionado de ácido naftaleno acético (1,0mg/L) e benzilaminopurina (1,0mg/L). Após 21 dias, foi possível observar que os explantes de pedaços de folhas não demonstraram nenhum sinal de desenvolvimento, com escurecimento dos mesmos. Partes de pecíolos e gemas apicais mostraram-se verdes por mais tempo, porém não houve regeneração de plântulas. Os meios de cultura para máxima indução de brotações onde continha gemas apicais e laterais, foi o que mostrou mais eficiência na obtenção de plântulas, com um sucesso de 50% de plântulas obtidas.

## 11 - CRIOPRESERVAÇÃO DE GERMOPLASMA DE CAFÉ

Eira, MTS<sup>1</sup>; Ribeiro, VS<sup>2</sup>; Fazuoli, LC<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Café /Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Email: meira@cenargen.embrapa.br; <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Bolsista PNP&D/Café;

<sup>3</sup>Instituto Agrônômico de Campinas.

O café é considerado um dos mais importantes produtos agrícolas no mercado internacional e muitos países estão envolvidos na sua produção, consumo e comercialização. O Brasil é o principal produtor de café a nível mundial desde os anos 1800. Recentemente foi introduzido nas regiões de Cerrado, onde a produção é bastante alta sob condições de irrigação. Os programas de melhoramento são responsáveis pelo desenvolvimento e lançamento de cultivares para atender as necessidades dos cafeicultores brasileiros. Para o desenvolvimento destas novas cultivares é fundamental a existência de Bancos de Germoplasma que representem significativamente a variabilidade genética da espécie e cujos recursos genéticos possam ser facilmente obtidos. Tradicionalmente, as espécies de café vêm sendo conservadas *ex situ* como plantas vivas mantidas em coleções de germoplasma a campo, já que as sementes de *Coffea* não sobrevivem por longos períodos sob as condições convencionais recomendadas para Bancos de Germoplasma. Tais coleções apresentam problemas como erosão genética das espécies e variedades devido a pouca adaptação às condições ambientais desses locais, pragas e doenças, além de envolverem um grande custo financeiro e de mão de obra. Assim, o desenvolvimento de técnicas alternativas de conservação a longo prazo dos recursos genéticos de *Coffea* spp. vem a ser uma importante prioridade. O progresso recente na área de biotecnologia criou novas possibilidades para a conservação de recursos genéticos de espécies vegetais usando técnicas de conservação *in vitro* sob crescimento lento ou criopreservação. Dentre estas técnicas, a criopreservação, ou seja, a conservação das sementes em nitrogênio líquido (NL), em temperatura ultrabaixa (-150 a -196°C), interrompe o metabolismo celular reduzindo ou eliminando completamente a ocorrência de reações metabólicas que podem levar à degeneração celular, sendo considerada como uma promissora maneira de conservação a longo prazo de células, tecidos e órgãos vegetais, a partir dos quais plantas inteiras podem ser regenerados. Com o uso dessa técnica, sementes de *Coffea arabica* permanecem viáveis mesmo após dois anos, resultado promissor para a definição do protocolo de conservação em Bancos de Germoplasma. A partir desses resultados será implantada uma *core collection*, ou uma pequena coleção com os principais acessos da espécie, constituindo-se o Banco de Germoplasma de café em criopreservação, experiência inédita no Brasil. O trabalho também está sendo conduzido para outras espécies do gênero *Coffea*.

## **12 - CULTIVARES DE FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris*) PARA O PLANTIO EM ÁREAS ESTABELECIDAS PARA SISTEMA ORGÂNICO**

CARVALHO, W.P. de<sup>3</sup>; WANDERLEY, A. L.<sup>2</sup>

A introdução de grãos no sistema orgânico torna-se uma necessidade principalmente por ser uma alternativa para rotação de culturas quebrando o ciclo de infestação de doenças e do ataque de pragas. Uma resposta para se conseguir boa produtividade, mantendo a estabilidade do agroecossistema é o uso de cultivares adaptadas à região. O objetivo desse estudo foi indicar cultivares de feijão que tenham melhor desempenho em áreas que já se encontram inseridas no sistema orgânico, servindo de base para técnicos e produtores que carecem desse tipo de informação. Utilizou-se delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições. Os ensaios foram conduzidos na forma de Teste de Avaliação Local (TAL), sendo que as cultivares constituíram os tratamentos em número de onze. O primeiro ensaio foi instalado no período da seca, no mês de junho do ano de 2004, sendo utilizado sistema de irrigação por aspersão convencional fixo. O preparo do solo constou inicialmente de uma aração com arado de discos e duas gradagens com niveladora, sendo que a última um dia antes do plantio. Como adubação foi usado composto orgânico farelado cuja quantidade foi baseada nos dados da análise de solo. O controle de plantas infestantes foi feito com uma capina manual aos trinta dias após a germinação. O segundo ensaio foi instalado no período das águas, no mês de dezembro do ano de 2004, na mesma área do primeiro ensaio, cujo preparo do solo, adubação e condução foram iguais ao cultivo anterior. Foram realizadas duas pulverizações com calda bordalesa a 1%, aos 30 e 50 dias após a emergência, para controle de doenças fúngicas comuns nessa época, principalmente Mancha Angular. Buscou-se avaliar o comportamento das cultivares numa área com fertilidade equilibrada onde já se praticava o cultivo orgânico há alguns anos. No período da seca de 2004, sob sistema de irrigação, as cultivares Aporé, Marfim e Vereda se sobressaíram. Já na época das águas, as cultivares Marfim, Pérola, e Diamante Negro distinguiram-se das demais, podendo ser indicadas para esse tipo de situação, devendo-se destacar as cultivares Pérola e Diamante Negro, dos tipos carioca e preto, que têm maior procura na região. Deve-se ainda destacar as cultivares Marfim, Aporé e Pérola com as respectivas médias de 3098, 2942 e 2748 kg/ha nos dois ensaios, 26% e 20% e 12% superiores à média de produtividade da região, o que evidencia sua estabilidade em diferentes situações. As cultivares Aporé, Marfim e Vereda apresentaram melhor desempenho e podem ser indicadas como opção para rotação de culturas em áreas já estabelecidas com agricultura orgânica no período da seca e sob irrigação. As cultivares Marfim, Pérola, Aporé e Diamante Negro apresentaram melhor desempenho e podem ser indicadas como opção para rotação de culturas em áreas já estabelecidas com agricultura orgânica no período das águas.

---

<sup>3</sup> Engenheiro Agrônomo, M. Sc., Pesquisador, Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. (61) 33889906, [well@cpac.embrapa.br](mailto:well@cpac.embrapa.br)

<sup>2</sup> Engenheiro Agrônomo, Especialista em Agricultura Orgânica, Itec Biotecnologia Agrícola Ltda. Brasília, DF. (61) 32740384, [alberto@loreno.net](mailto:alberto@loreno.net)

### **13 - CULTIVARES DE FEIJÃO (*Phaseolus vulgaris*) PARA O PLANTIO EM ÁREAS DE CONVERSÃO PARA SISTEMA ORGÂNICO**

CARVALHO, W.P. de<sup>4</sup>, WANDERLEY, A.L.<sup>2</sup>

O processo de mudança do manejo convencional para o orgânico tem sido chamado de "conversão". Normalmente, esse processo requer um período de dois anos para que ocorra a resituação do produtor e do ambiente. Uma forma de se conseguir a qualificação para o uso do selo orgânico, sem necessitar do período de quarentena, é o uso de áreas que estejam em repouso ou utilizadas como pastagens, onde não se tenha feito o uso de agrotóxicos e fertilizantes de alta solubilidade durante dois anos ou mais, e muitos produtores optam por iniciar a atividade nesse tipo de situação. O objetivo deste estudo foi indicar cultivares de feijão que tenham melhor desempenho em situação semelhante, tanto no plantio irrigado como no de sequeiro, servindo de base para produtores que pretendem iniciar-se no sistema orgânico sem passar pelo período de conversão, com uma cultura que tem preço diferenciado, procura maior que a oferta, é uma excelente opção para rotação de culturas e proporciona rápido retorno do capital investido para recuperar a área. Utilizou-se delineamento experimental de blocos ao acaso com quatro repetições. Os ensaios foram conduzidos na forma de Teste de Avaliação Local (TAL), sendo que as cultivares constituíram os tratamentos em número de onze. O primeiro ensaio foi instalado no período da seca, no mês de julho de 2003, sendo utilizado sistema de irrigação por aspersão convencional fixo. O preparo do solo constou inicialmente de uma aração com arado de discos e duas gradagens com niveladora, sendo que a última um dia antes do plantio. Como adubação foi usado composto orgânico farelado cuja quantidade foi baseada nos dados da análise de solo. O controle de plantas infestantes foi feito com uma capina manual aos trinta dias após a germinação. O segundo ensaio foi instalado no período das águas, no mês de dezembro de 2003, na mesma área do primeiro ensaio, cujo preparo do solo, adubação e condução foram iguais ao cultivo anterior. No período da seca de 2003, em área de baixa fertilidade e sob irrigação, as cultivares Diamante Negro, Talismã, Xamego e Marfim se sobressaíram, devendo-se destacar as cultivares de tipo Carioca e Preto que são as mais consumidas na região. No período das águas, a cultivar Radiante destacou-se das demais. Esse tipo de feijão tem a vantagem de ter ciclo curto (70 dias) que, na época das águas, proporciona menor tempo para desenvolvimento de doenças. Ainda as cultivares Valente e Talismã podem ser indicadas para esse tipo de situação por terem boa procura pelos consumidores. As cultivares Marfim, Xamego, Diamante Negro e Talismã apresentaram melhor desempenho e podem ser indicadas como opção para áreas com baixa fertilidade e sob irrigação. As cultivares Radiante, Jalo Precoce, Valente e Talismã apresentaram melhor desempenho e podem ser indicadas como opção para áreas com baixa fertilidade e cultivadas no período das águas.

---

<sup>4</sup> Engenheiro Agrônomo, Pesquisador, Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. (61) 33889906, [well@cpac.embrapa.br](mailto:well@cpac.embrapa.br)

<sup>2</sup> Engenheiro Agrônomo, Especialista em agricultura orgânica, Itec Biotecnologia Agrícola Ltda. Brasília, DF. (61) 32740384, [alberto@loreno.net](mailto:alberto@loreno.net)

## **14 - DETERMINAÇÃO DA PUREZA VARIETAL DE SEMENTES DA CULTIVAR DE SOJA BRS RAIMUNDA UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES**

MOREIRA, C.T.<sup>1</sup>, BROGIN, R.L.<sup>2</sup>, SOUZA, P.I.M.<sup>3</sup>, SILVA, S.A.<sup>4</sup>, TEIXEIRA, R.N.<sup>5</sup>; <sup>1</sup>Embrapa Cerrados, C. Postal 08.223, Planaltina, DF, CEP 73.310-970, [claudete@cpac.embrapa.br](mailto:claudete@cpac.embrapa.br); <sup>2</sup>Embrapa Soja, C. Postal 231, Londrina, PR, CEP 86.001-970, [rodrigo@cnpso.embrapa.br](mailto:rodrigo@cnpso.embrapa.br); <sup>3</sup>Embrapa Cerrados, C. Postal 08.223, Planaltina, DF, CEP 73.310-970, [plínio@cpac.embrapa.br](mailto:plínio@cpac.embrapa.br); <sup>4</sup>Embrapa Cerrados, C. Postal 08.223, Planaltina, DF, CEP 73.310-970, [abud@cpac.embrapa.br](mailto:abud@cpac.embrapa.br); <sup>5</sup>Embrapa Transferência de Tecnologia, C. Postal 6.840, Riacho Fundo II, CEP 71.701-970, [rogerio.teixeira@embrapa.br](mailto:rogerio.teixeira@embrapa.br))

A cor do hilo da semente de soja é uma das principais características utilizadas para descrever uma cultivar. Apesar de ser uma característica qualitativa de controle genético simples, a cor do hilo pode apresentar variações de tonalidade dependendo da origem genética e das condições ambientais onde a semente é produzida. Na safra 2001/2002, foram observadas variações na cv. BRS Raimunda durante a produção de semente genética, em Brasília. Alguns hilos apresentaram a cor típica preta, outros cinza e também a cor marrom clara. O objetivo deste trabalho foi verificar a pureza do lote de semente da cv. BRS Raimunda, com variação na cor do hilo. Foram utilizadas sementes consideradas atípicas na avaliação visual da pureza genética de sementes da BRS Raimunda, apresentando variação na cor dos hilos. As sementes atípicas foram agrupadas em três sub-amostras: 1) hilo com aspecto preto/cinza; 2) hilo claro com aspecto cinza; 3) hilo claro com aspecto marrom. Também foram tomadas sementes padrão da cultivar com coloração típica do hilo na cor preta para compor a quarta amostra. Foram testados 28 primers de microssatélites nos quatro "bulks" de DNA das sementes. Nenhum dos primers testados identificou polimorfismos entre o DNA das sub-amostras com coloração atípica do hilo e a amostra padrão da cv. BRS Raimunda. Um mesmo tamanho de fragmento amplificado por cada um dos primers foi observado entre as sub-amostras. Portanto, utilizando-se como ferramenta os marcadores moleculares microssatélites para auxiliar na determinação da pureza genética do lote de sementes em questão e, com base nos resultados obtidos, pode-se concluir que não há diferença genética entre a amostra padrão da cv. BRS Raimunda e as sub-amostras com colorações atípicas de hilo.

## **15 - LEVANTAMENTO DOS RECURSOS GENÉTICOS DE *MANIHOT* SILVESTRE NO CERRADO**

Andrade, A. P. A. de<sup>1</sup>; Mendes, R. A.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Eng. Florestal, Bolsista da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil, paulaefl@hotmail.com

<sup>2</sup> Eng. Agr. D.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil, rmendes@cenargen.embrapa.br

O Cerrado é o segundo maior bioma do Brasil. Aproximadamente 80% das espécies conhecidas do gênero *Manihot* ocorrem neste país e grande parte de suas espécies silvestres vegetam naturalmente no Cerrado. A rápida substituição da vegetação do Cerrado pela agricultura em larga escala, pastagens e urbanização levam ao desaparecimento de várias de suas espécies. Como resultado desta perda de habitat, algumas espécies estão ameaçadas de extinção, muitas de suas populações estão restritas a ambientes alterados e a cada dia diminui o número de genes que poderiam ser estudados e utilizados em pesquisas. A grande diversidade do gênero *Manihot* reforça a necessidade do levantamento dos recursos genéticos e áreas de ocorrência das espécies do Cerrado, para que estratégias de conservação e utilização deste recurso genético sejam estabelecidas. Este trabalho foi realizado por meio de consultas aos Herbários da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Embrapa-Cenargen), da Universidade de Brasília (UnB), da Reserva Ecológica da Fundação Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (IBGE) e da Universidade Federal de Goiás (UFG). As informações coletadas foram concentradas nos dados de passaporte como: nome científico, família botânica, data, nome do coletor, número da coleta, material coletado, nome do determinador e data, cor do fruto, cor da flor, hábito de crescimento, ambiente geral, substrato geral, relevo, frequência relativa, país, região, estado, município, latitude, longitude, altitude, local de coleta, código do produto, código do acesso e observações. A identificação e localização das populações silvestres levaram em conta também informações bibliográficas, cadernetas de campo de coletores, bases de dados e material existentes em diversos herbários. Foi utilizado um computador do tipo *Laptop* para o cadastro direto das informações contidas nas exsicatas. Os resultados obtidos mostram um total de 3.989 exsicatas do gênero *Manihot*, das quais 2.270 estão armazenadas no Herbário da Embrapa Cenargen, 946 no Herbário da UnB, 568 no Herbário do IBGE e 115 no Herbário da UFG, correspondendo respectivamente a 59, 24, 14 e 3% do total da amostra. As informações sobre os recursos genéticos disponíveis e os dados de passaporte foram inseridos em um banco de dados, com a utilização do software ELCEN, desenvolvido pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O estabelecimento da base de dados com informações sobre as espécies silvestres de *Manihot* permitirá sua consulta *on line* possibilitando o estabelecimento de estratégias para o estudo de sua conservação e utilização. Agradecimentos são devidos ao programa PROBIO-Banco Mundial, que proporcionou recursos financeiros para a execução desse levantamento.

**16 - USO DE MARCADORES MOLECULARES PARA ESTUDO DA VARIAÇÃO GENÉTICA NATURAL DE *Arabidopsis thaliana* VISANDO RESISTÊNCIA À *Ralstonia solanacearum* E OUTROS FITOPATÓGENOS**

Magalhães, F. B.<sup>1</sup>; Campos, P.<sup>1</sup>; Quirino, B. F.<sup>1</sup>; Lopes, C.A.<sup>2</sup>; Bezerra-Agasie, I.C.<sup>2</sup> - <sup>1</sup>Universidade Católica de Brasília, 70790-160, Brasília, DF, <sup>2</sup>Embrapa Hortaliças, BR 060 km 09, 70359-970, Brasília, DF, Brasil, [bezerra@cnph.embrapa.br](mailto:bezerra@cnph.embrapa.br)

O estudo da relação entre *Arabidopsis thaliana* com patógenos brasileiros que causam grandes danos à horticultura brasileira tem como objetivo a identificação de possíveis genes que controlam a resistência a esses patógenos para posterior isolamento dos mesmos. O mapeamento de genes de resistência é feito por meio da análise de populações segregantes utilizando-se marcadores moleculares. Os objetivos deste trabalho foram o de caracterizar a resposta de ecótipos de *Arabidopsis thaliana* à *Ralstonia solanacearum* (Rs) CNPH 221 e selecionar marcadores moleculares para utilização no mapeamento de possíveis genes de resistência à *R. solanacearum* e outros patógenos de importância agrícola. Plantas com quatro semanas de idade de uma coleção de vinte e oito ecótipos de *A. thaliana* foram inoculadas, no solo próximo à raiz, com 10 ml de suspensão bacteriana ( $10^8$  UFC/ml) do isolado CNPH 221, raça 1, biovar 1 RS obtido de tomateiro em Ponte Alta (DF). Os ecótipos testados apresentaram diferenciação na progressão dos sintomas. Nos ecótipos suscetíveis, como CS 6100, CS 1640 e CS 1020, perda de turgidez foliar foi observada sete dias após a inoculação. Ecótipos como Columbia (Col-0), CS 903 e CS 1308 apresentaram menor severidade de sintomas e foram considerados resistentes. Paralelamente, setenta e um marcadores moleculares do tipo SSLP e CAPS, localizados ao longo do genoma de *Arabidopsis*, foram selecionados para a análise da variabilidade genética dos ecótipos. Inicialmente seis marcadores SSLP: nga 63, nga 162, nga280, nga 392, nga 692 e nga 1139, foram testados em dezessete ecótipos e o padrão eletroforético foi analisado em gel de poliacrilamida. O ecótipo Wassilewskija (WS) também foi incluído na análise para comparação. Resultados obtidos utilizando os seis marcadores mostrou alta variabilidade entre Col e os demais ecótipos testados. Há uma baixa variabilidade genética entre os diferentes ecótipos avaliados bem como entre esses ecótipos em relação ao ecótipo WS. Nossos resultados indicam que os marcadores selecionados são informativos e que as populações segregantes para resistência à *R. solanacearum* deverão ser geradas por meio de cruzamentos entre os ecótipos suscetíveis e Col.



## **17 - CONSERVAÇÃO DE GERMOPLASMA DE MAMONA (*Ricinus communis* L.) E GERGELIM (*Sesamum indicum* L.) EM COLEÇÃO DE BASE E BANCO ATIVO**

Fávero, A. P.<sup>1</sup>, Milani, M.<sup>2</sup> e Arriel, N.H.C.<sup>2</sup> - <sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CP 02372, 70770-900, Brasília-DF, Brasil. E-mail: [favero@cenargen.embrapa.br](mailto:favero@cenargen.embrapa.br) <sup>2</sup> Embrapa Algodão, Campina Grande/PB – Brasil. E-mail: [maira@cnpa.embrapa.br](mailto:maira@cnpa.embrapa.br), [nair@cnpa.embrapa.br](mailto:nair@cnpa.embrapa.br)

A mamona (*Ricinus communis* L.) é oleaginosa de relevante importância econômica e social e o seu óleo possui inúmeras aplicações industriais. É uma planta de polinização mista, com alta diversidade genética e ampla adaptação a diferentes climas e altitudes, encontrando-se tipos asselvajados em todas as regiões do Brasil. Já o gergelim (*Sesamum indicum* L.) é um pseudocereal, usado como suplemento alimentar de alto valor protéico. O teor de óleo de suas sementes corresponde em média a 50% de seu peso que pode ser usado na indústria química e fitocosmética. É muito rico em ácidos oleico (47%) e linoleico (41%), apresentando vários constituintes secundários que determinam sua elevada estabilidade química, como o sesamol, a sesamina e a sesamolina. A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília/DF possui em sua Coleção de Base, aproximadamente 430 acessos de mamona e 1498 acessos de gergelim conservados em câmara a -20°C, sendo que a grande maioria dos acessos permanecem com viabilidade superior a 80% após 20 anos de armazenamento. A Embrapa Algodão, localizada em Campina Grande, Paraíba, é responsável pelo Banco Ativo de germoplasma de gergelim e mamona e coordena os projetos de melhoramento para o desenvolvimento das culturas. Nesta são mantidos cerca de 300 acessos de mamona, multiplicando-se anualmente 100 deles, de acordo com características de interesse do programa de melhoramento. Em virtude do sistema reprodutivo da cultura, estes são multiplicados por autofecundação em experimentos de campo, com delineamento experimental em blocos aumentados, de modo a validar as comparações entre as médias das características quantitativas. Acessos com baixo poder germinativo são regenerados por resgate de embriões em cultura de tecidos, com sucesso superior a 95%. No caso do gergelim, anualmente são semeados em torno de 100 acessos para multiplicação de sementes e avaliação quanto às características agrônômicas e morfológicas para alimentar a coleção de trabalho, inclusive com hibridação intraespecífica para o aproveitamento das características de interesse com a finalidade de se dispor de variabilidade para dar continuidade ao melhoramento e ao desenvolvimento da cultura. A conservação da diversidade da mamona e gergelim é um esforço pró-ativo que visa atender às demandas eventuais dos agricultores e assegura a sustentabilidade econômica e ecológica da cultura. Nos últimos anos, introduções têm sido feitas pelo Grin/USDA, que tem contribuído significativamente, sendo possível a introdução ainda neste ano de 200 genótipos de mamona e 39 de gergelim. O livre acesso ao germoplasma permite enriquecer as coleções brasileiras e amplia a variabilidade genética para uso em programas de melhoramento. Para apoiar a caracterização do germoplasma e dar continuidade ao programa de melhoramento da espécie, é imprescindível que o germoplasma disponível seja adequadamente conservado por longo prazo. Contínuos processos de enriquecimento da coleção devem ser efetuados para se dispor de uma base genética ampla para possibilitar a utilização desses recursos na transferência da diversidade de forma que ela possa ser facilmente empregada por melhoristas e conseqüentemente o setor primário.

## **18 - ESTUDOS DE MATURAÇÃO EM HORTALIÇAS DE FRUTOS CARNOSOS VISANDO A MELHORIA DA QUALIDADE DE SEMENTES**

Nascimento, W. M., Freitas, R. A., Lima, G. P. , Lima, L.B., Costa, C.J.  
Embrapa Hortaliças, C. P. 218, 70359-970, Brasília – DF, e-mail: [wmn@cnph.embrapa.br](mailto:wmn@cnph.embrapa.br)

A obtenção de sementes de alta qualidade fisiológica em hortaliças de frutos carnosos (curcubitáceas e solanáceas principalmente) depende diretamente do estágio de maturidade que se apresenta o fruto por ocasião da colheita. As sementes dessas espécies podem ainda ser colhidas antes de atingirem o ponto de maturidade fisiológica, desde que os frutos permaneçam armazenados em condições de ambiente por um determinado período para que as sementes completem a sua maturação dentro dos próprios frutos. No ponto de maturidade fisiológica, as sementes apresentam máximo teor de matéria seca e máxima germinação e vigor. Foram realizados três estudos na Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, para verificar o efeito da idade e do período de armazenamento do fruto na qualidade fisiológica de sementes de abóbora, berinjela e melão. Frutos de abóbora 'Jabras' foram colhidos aos 20, 30, 40, 50 e 60 dias após a antese (DAA) e as sementes extraídas após 0, 15 e 30 dias de armazenamento dos frutos. Frutos de berinjela 'Ciça' foram colhidos aos 30, 40, 50, 60, e 70 DAA e tiveram suas sementes extraídas logo após a colheita, e após 15 dias em repouso antes da extração de sementes. Em melão 'Eldorado 300', frutos foram colhidos aos 30, 40 e 50 DAA, e as sementes extraídas imediatamente ou após o armazenamento por 10 dias. A idade do fruto influenciou a qualidade de sementes dessas três espécies e o armazenamento dos frutos propiciou uma melhoria da qualidade fisiológica das sementes. Para abóbora, a maturidade fisiológica das sementes ocorreu em frutos colhidos entre 40 e 50 DAA e armazenados por 30 e 15 dias, respectivamente. As sementes de berinjela atingiram o ponto de maturidade fisiológica entre 60 e 70 DAA, sendo que as sementes devem permanecer nos frutos por 15 dias antes de serem extraídas. Em melão, a época provável da maturação fisiológica das sementes ocorreu em frutos com 50 dias de idade. O efeito do armazenamento dos frutos na melhoria da qualidade das sementes foi mais evidenciado naqueles frutos com 30 dias de idade. O conhecimento prévio da época de colheita e do período de armazenamento dos frutos para cada espécie e cultivar é de suma importância para a obtenção de sementes de alta qualidade fisiológica, principalmente aquelas destinadas aos bancos de germoplasma e/ou programas de melhoramento genético.

## **19 - ESTUDOS DE MATURAÇÃO EM HORTALIÇAS DE FRUTOS SECOS VISANDO A MELHORIA DA QUALIDADE DE SEMENTES**

Nascimento, W. M., Freitas, R. A., Vieira, J.V. Gonçalves, M.

Embrapa Hortaliças, C. P. 218, 70359-970, Brasília – DF, e-mail: [wmn@cnph.embrapa.br](mailto:wmn@cnph.embrapa.br)

Diversos fatores influenciam na obtenção de sementes de alta qualidade fisiológica, dentre eles, o momento da colheita. O estudo da maturação visa principalmente determinar o ponto ideal de colheita para obtenção de sementes de alta qualidade. No ponto de maturidade fisiológica, as sementes apresentam máximo teor de matéria seca e máxima germinação e vigor. Foram realizados três estudos na Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, para determinar o ponto de maturidade fisiológica em sementes de cebola, cenoura e ervilha. Em cebola 'Beta Cristal', a colheita das umbelas (com e sem haste floral) ocorreu em cinco épocas (cápsulas fechadas e 10% de sementes com tegumento preto; cápsulas fechadas e 90% de sementes com tegumento preto; cápsulas fechadas e 100% de sementes com tegumento preto; 10% de cápsulas abertas e 30% de cápsulas abertas), sendo o intervalo entre as colheitas de sete dias. Em cenoura 'Alvorada', as umbelas foram colhidas aos 14 dias após a antese, em intervalos semanais, totalizando 12 épocas de colheita. Em ervilha 'Dileta', a colheita foi iniciada aos 12 dias após o florescimento de 50% das plantas, em intervalos semanais, totalizando 10 épocas de colheita. A época mais indicada para a colheita das sementes de cebola foi quando 10% das cápsulas estavam abertas. A colheita das umbelas com haste promoveu acréscimo na qualidade das sementes colhidas imaturas; no entanto, esse acréscimo não foi suficiente para que essas sementes atingissem qualidade semelhante à daquelas colhidas maduras. Para cenoura, a maturidade fisiológica ocorreu entre 49 e 56 dias após a antese, quando estas atingiram máxima matéria seca, germinação e vigor. Em ervilha, o ponto de maturidade fisiológica situou-se entre 40 e 47 dias após o florescimento. O conhecimento prévio do ponto de maturidade fisiológico para cada espécie e cultivar é de suma importância nos programas de melhoramento genético.

## **20 - ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE DIFERENTES LINHAGENS DE MELÃO UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES.**

Gontijo, S.L.<sup>1</sup>; Paiva, W.O.<sup>2</sup>; Amaral, Z.P.<sup>3</sup>; Buso, G.S.C.<sup>3</sup>; Buso, J.A.<sup>4</sup>; Amorim, J.C.<sup>5</sup>

<sup>1</sup>Estudante de graduação-UnB, estagiária Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia C.P. 02372, 70.770-900, Brasília, DF, Brasil;

<sup>2</sup>Embrapa Agroindústria Tropical C.P. 3761, 60511-110, Fortaleza, CE, Brasil;

<sup>3</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia C.P. 02372, 70.770-900, Brasília, DF, Brasil;

<sup>4</sup>Embrapa Hortaliças C.P. 218, 70.359-970, Brasília, DF, Brasil;

<sup>5</sup>Estudante de graduação-UnB, Brasília, DF, Brasil;

email: [silviritag@yahoo.com.br](mailto:silviritag@yahoo.com.br)

O melão (*Cucumis melo*) é uma planta de origem asiática, rasteira e herbácea da família Cucurbitaceae, de formato variável, apresenta vários tipos de aroma e cores de polpa, sendo a oitava fruta produzida e uma das dez principais frutas frescas mais exportadas. Com o aumento da demanda de produção do melão no mercado internacional, que passou de 1,3 milhões de toneladas em 1997 para cerca de 1,6 milhões em 2002, faz-se necessário o aumento da produção e da qualidade final do produto. Com base na importância econômica do melão, programas de melhoramento genético vem sendo desenvolvidos para aumentar a eficiência do sistema produtivo. Uma forma eficiente de auxiliar os programas de melhoramento é a análise da variabilidade genética por meio da utilização de marcadores moleculares, pois detectam dissimilaridades entre diferentes acessos em nível de DNA. Linhagens desenvolvidas nos programas de melhoramento da Embrapa Agroindústria Tropical e Embrapa Hortaliças foram analisadas por meio de marcadores RAPD visando à indicação do nível de similaridade entre elas. A análise demonstrou haver grande variabilidade genética entre as linhagens e poucos pares de linhagens que se apresentaram com similaridade acima de 0,90. Prevê-se que poderá ser obtido um número elevado de combinações híbridas a partir das linhagens avaliadas, mesmo selecionando-se linhagens com similaridade abaixo de 0,85.

## **21 - MELHORAMENTO GENÉTICO DA MANGA (*Mangifera indica* L.) NO BRASIL: PASSADO, PRESENTE E FUTURO**

Pinto, A.C. de Q.; Ramos, V.H.V., Junqueira, N.T.V.; Braga, M.F.; Cordeiro, M.C.R.; Andrade, S.M.R.; Faleiro, F.G. & Dias, J.N.; Embrapa Cerrados, km 18 da BR 020, C.P. 08223, 73301.970 Planaltina-DF, Brasil, [alcapi@cpac.embrapa.br](mailto:alcapi@cpac.embrapa.br)

O melhoramento genético da manga iniciou-se no século XVII na Índia porém, foram criadas poucas cultivares de impacto comercial. Daquela época até o presente momento, diversas técnicas têm sido desenvolvidas e aprimoradas em inúmeros países como USA, Israel, Brasil, África do Sul e Austrália, visando o lançamento de novas cultivares com características superiores à 'Tommy Atkins', responsável por 80% do mercado. No Brasil, o melhoramento genético da manga iniciou-se nos anos 80 com o estabelecimento de coleções de variedades e o banco de germoplasma. A Embrapa iniciou o Programa de Melhoramento Genético da Manga por meio da técnica de hibridação intervarietal, usando-se cruzamentos controlados. Porém, o baixo sucesso da técnica resultou em pequena população de progênies híbridas que, em conjunto com o longo período juvenil da cultura, têm sido os grandes entraves do programa. O aprimoramento de técnicas de cruzamentos controlado e aberto, com o apoio de marcadores moleculares de RAPD, têm facilitado a seleção dos progenitores, melhorado o sucesso na obtenção e no aumento da população híbrida. A Embrapa Cerrados já lançou quatro novas cultivares híbridas de manga (Alfa, Roxa, Beta e Lita) e em dezembro de 2005 próximo, será lançada a cultivar Pérola. Todas possuem 2 ou mais características superiores à 'Tommy Atkins' e têm dupla finalidade de uso (consumo a fresco e agroindústria). Novas estratégias na aplicação de marcadores moleculares RAPD, visando a seleção de novos parentais e as análises químicas de frutos das progênies híbridas, visando características de alimentos funcionais, são importantes decisões a serem usadas no futuro Projeto.

## **22 - UTILIZAÇÃO DE *Trigona spinipes* EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE CEBOLA E CENOURA**

Nascimento, W.M. , Vieira, J.V., Oliveira, V.R.

Embrapa Hortaliças, C. Postal 218, 70359-970, Brasília, DF, e-mail: wmn@cnph.embrapa.br

*Trigona spinipes* (Hymenoptera:Apidae, Meliponini), conhecida comumente como abelha irapuá, arapuá ou cachorra, é uma abelha indígena, sem ferrão. É facilmente encontrada na região dos cerrados, sendo que seus ninhos são fáceis de serem coletados, e as colônias podem ser empregadas em condições de cultivo protegido como polinizadores em programas de melhoramento genético de cebola e cenoura. As plantas destas duas espécies são alógamas e necessitam de serem isoladas durante a fase de florescimento para garantir a pureza genética das populações e evitar a polinização indesejada. A Embrapa Hortaliças, localizada em Brasília, DF, tem utilizado amplamente este polinizador no desenvolvimento de populações melhoradas de cebola e cenoura sob condições de telados devido ao baixo custo, a facilidade da coleta e a eficiência desses insetos na polinização. Os ninhos de *T. spinipes* são retirados das matas, acondicionados em sacos de nylon e colocados, durante a fase de florescimento, nos telados que tem variado de 30 a 100 m<sup>2</sup>. Estas abelhas extraem filamentos de fibra de folhas, flores e cascas de vegetais, e por isso, são consideradas pragas em outras espécies. Em face disso, danos podem ocorrer nas flores, se a alimentação das mesmas não for suplementada com soluções açucaradas dentro dos telados. Quando este procedimento é utilizado, não tem sido observados danos às umbelas de cebola e cenoura. Após o florescimento, que dura entre três a cinco semanas, os ninhos são devolvidos para o mesmo local de origem. Detalhes do manejo das colônias e a produção de sementes de cebola e cenoura nestas condições serão apresentados. Outros polinizadores (meliponídeos) também estão sendo estudados na Embrapa Hortaliças visando os trabalhos de melhoramento genético.

## **23 - IDENTIFICAÇÃO DE LOTES DE SEMENTES DE SOJA COM O AUXÍLIO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES**

MORAES, R.A.M.<sup>1</sup>, MOREIRA, C.T.<sup>2</sup>, BARROS, E.G.<sup>3</sup>, MOREIRA, M.A.<sup>3</sup>. <sup>1</sup>Embrapa Trigo, BR 285, Km 174, Caixa Postal 451, CEP 99001-970, Passo Fundo, RS. [rita@cnpt.embrapa.br](mailto:rita@cnpt.embrapa.br); <sup>2</sup>Embrapa Cerrados, BR 020, Km 18, Rodovia Brasília/Fortaleza, Caixa Postal 08223, CEP 73301-970, Planaltina, DF. [claudete@cpac.embrapa.br](mailto:claudete@cpac.embrapa.br); <sup>3</sup>Universidade Federal de Viçosa, Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária, CEP 36570-000, Viçosa, MG. [ebarros@ufv.br](mailto:ebarros@ufv.br); [moreira@ufv.br](mailto:moreira@ufv.br)

O uso de marcadores moleculares é uma ferramenta muito útil na identificação de pureza varietal e caracterização de variedades, muito embora a sua utilização ainda seja muito restrita em programas de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi o de comprovar a troca na identificação de dois lotes de sementes, provenientes de duas origens distintas, utilizando-se marcadores moleculares microsatélites. Seis amostras de DNA de lotes de sementes de soja foram analisadas com dezesseis pares de primers microsatélites. Os produtos da amplificação foram aplicados em géis de poliacrilamida 10%. Os dados oriundos dos géis foram transformados em dados multialélicos e utilizados para a análise das distâncias genéticas e de métodos de agrupamento. Dos dezesseis primers analisados, nove foram polimórficos, quatro monomórficos e três não amplificaram. Os primers polimórficos (nove) foram capazes de distinguir os seis lotes de sementes em duas origens, sendo os lotes 1, 2 e 6 pertencentes a uma origem e os lotes 3, 4 e 5 a outra. Desta forma, ficou comprovada a troca dos lotes 3 e 6, reafirmando a capacidade dos marcadores em distinguir e caracterizar material genético.

## **24-ELABORAÇÃO DE DESCRITORES PARA CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI ORNAMENTAL**

Martins, V.A.<sup>5</sup>; Ferreira, F.R.<sup>6</sup>; Fávero, A.P.<sup>7</sup>, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia – CENARGEN, Brasília, Brasil, E-mail: [vladson@cenargen.embrapa.br](mailto:vladson@cenargen.embrapa.br)

O produto interno bruto do negócio envolvendo flores e plantas ornamentais, no Brasil, está estimado em US\$ 1.2 bilhões. Este mercado vem crescendo cerca de 20% ao ano no Brasil. O abacaxi vem se destacando entre as plantas tropicais utilizadas como ornamentais, pois muitas de suas espécies apresentam, além da durabilidade, uma beleza única, exótica e exuberante em suas inflorescências e coroas usadas em arranjos florais. A coleta, preservação, caracterização e avaliação de germoplasma de abacaxi, podem indicar genótipos que apresentem potencial para utilização em programas de melhoramento genético, ou ainda que tenham interesse imediato para uso direto por parte dos produtores, já que a entrada contínua de novas variedades é determinante para manter aquecido o interesse desse exigente mercado. Os bancos de germoplasma de abacaxi até então mantidos pela Embrapa, visavam primordialmente dar suporte aos programas de melhoramento para obtenção de variedades para a produção de fruto. Mais recentemente, despertou-se o interesse nesse material para a produção de plantas ornamentais. Com o objetivo de caracterizar e avaliar a variabilidade de Ananas ornamental, foram propostos 48 descritores relacionados com as características vegetativas, inflorescência, fruto, coroa e pedúnculo. Hábito, vigor, altura, número de folhas ativas, presença de antocianinas nas folhas, variegação, e espinescência são alguns exemplos de descritores relacionados com as características vegetativas. Já para as características de inflorescência, fruto, coroa e pedúnculo, podemos citar como descritores o tamanho e cor da inflorescência, cor das brácteas das flores, cor e forma da infrutescência, relação comprimento coroa/fruto, forma e inserção do pedúnculo, entre outros. Estes descritores já são utilizados de forma padronizada em várias coleções. Os resultados serão avaliados quanto à sua eficácia em caracterizar o germoplasma disponível, além de seu uso no desenvolvimento de descritores oficiais brasileiros para registro e proteção de variedades.

---

<sup>5</sup> Agronomia, graduando, UnB, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

<sup>6</sup> Eng. Agr. , Ph.D, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

<sup>7</sup> Eng. Agr. , Ph.D, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.



## **25 - EXPLORAÇÃO DE GERMOPLASMA DE ABACAXI ATRAVÉS DE PRÉ-MELHORAMENTO UTILIZANDO ESPÉCIES SILVESTRES COM POTENCIAL ORNAMENTAL**

Martins, V. A.<sup>8</sup>; Ferreira, F. R.<sup>9</sup>; Fávero, A. P.<sup>10</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia – CENARGEN, Brasília, Brasil, E-mail: [vladson@cenargen.embrapa.br](mailto:vladson@cenargen.embrapa.br)

A conservação e utilização dos recursos genéticos conservados nos bancos de germoplasma brasileiros são de fundamental importância na busca de novas cultivares, que atendam às necessidades socioeconômicas do país. Nesse sentido, as espécies silvestres são fundamentais, para aumentar a base da variabilidade genética das espécies cultivadas. A maior eficiência dos programas de melhoramento genético vegetal depende do preenchimento da lacuna existente entre as atividades de conservação de germoplasma e a utilização dessa variabilidade pelos melhoristas. Portanto, torna-se imprescindível que haja uma ponte entre os recursos genéticos primitivos e os programas de melhoramento. Para atender esse objetivo, a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em parceria com a Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, a Embrapa Agroindústria Tropical e Embrapa Hortaliças, está conduzindo projeto de pré-melhoramento para a exploração de germoplasma de abacaxi, utilizando espécies silvestres com grande potencial para ornamentação. Em recente reunião realizada com a equipe do projeto, foram determinados os trabalhos que serão realizados pelos componentes da equipe, além do que foram propostos 48 descritores para abacaxi ornamental, visando a caracterização e avaliação dos bancos ativos de germoplasma, o que darão subsídios principalmente para a escolha dos genitores nos programas de melhoramento. Além disso, os acessos de abacaxi, especialmente silvestres, são monitorados periodicamente a fim de identificar aqueles que apresentam maior potencial ornamental. Na Embrapa Cenargen foram previamente selecionados oito acessos, cujas plantas estão sendo multiplicados através de biorreatores de imersão temporária, para posterior teste de campo. Estão sendo desenvolvidos protocolos de conservação *in vitro*, visando duplicar a coleção nesta modalidade de conservação. A partir das informações dos dados de passaporte, conservação, caracterização e avaliação, será montado um banco de dados no Sibrargen.

---

<sup>8</sup> Agronomia, graduando, UnB, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

<sup>9</sup> Eng. Agr. , Ph.D, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

<sup>10</sup> Eng. Agr. , Ph.D, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

## **26 - DETERMINAÇÃO DA QUALIDADE GENÉTICA EM SEMENTES DE HORTALIÇAS**

Silva, P.P, Nascimento, W. M., Fonseca M.E.N., Boiteux, L.S.  
Embrapa Hortaliças, C. P. 218, 70359-970, Brasília – DF, e-mail: [wmn@cnph.embrapa.br](mailto:wmn@cnph.embrapa.br)

A qualidade genética determina características da planta, como produtividade, arquitetura da planta, resistência a pragas e doenças, ciclo, características organolépticas do produto, dentre outras que representam o potencial genético da semente. A identificação da pureza genética é um importante componente nos programas de melhoramento genético bem como no programa de produção de sementes, principalmente sementes híbridas devido ao seu alto custo. Ela deve ser testada para se estabelecer a identidade do material a ser utilizado nos programas, bem como para se determinar o grau de pureza genética de um dado lote. A determinação da pureza genética pode ser feita através de características visuais (morfológicas e/ou anatômicas) nas sementes, plântulas ou plantas. Estas características, entretanto, podem ser influenciadas por vários fatores ambientais, o que as tornam não confiáveis, além de demandar muito tempo. Além disto, com a rápida proliferação de novas cultivares, com características fenotípicas muito próximas, estes métodos tem se mostrado inadequados. Nos últimos anos, as estratégias de biotecnologia nos procedimentos dos programas de melhoramento genético e/ou produção de híbridos tem sido aplicadas com sucesso. Marcadores moleculares baseados em PCR tais como RAPD e Dr-analogs têm sido utilizados na identificação precisa, rápida, segura e eficiente de cultivares. A Embrapa Hortaliças já vem utilizando alguns destes métodos na identificação de sementes híbridas de solanáceas (berinjela, pimentão e tomate). Novos protocolos devem ser desenvolvidos visando redução de custo, para serem utilizados rotineiramente em programas de multiplicação de sementes.

## **27 - DETERMINAÇÃO DO PERFIL DE ÁCIDOS GRAXOS POLIINSATURADOS DAS MICROALGAS *Chaetoceros Muelleri* E *Thalassiosira Fluviatilis* E CONFECÇÃO DE UMA BIBLIOTECA DE CDNA PARA CADA ALGA.**

DERNER, R. B.<sup>1</sup>; CITADIN, C.<sup>2,3</sup>; ALMEIDA, E. R. P.<sup>3</sup>; MONTE, D. C.<sup>3</sup>; FETT, R.<sup>1</sup>  
UFSC, Santa Catarina – Brasil (1); UnB, Brasília – Brasil (2); Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília – Brasil (3)

Atualmente muitas pesquisas em biotecnologia têm como objeto a biossíntese dos ácidos graxos poliinsaturados da família omega-3, especialmente do ácido eicosapentaenóico (EPA) e do ácido docosahexaenóico (DHA). Estes compostos são importantes componentes da dieta humana e seu consumo tem sido associado com diversos benefícios à saúde, incluindo melhor desenvolvimento do cérebro e da retina, redução dos riscos de doenças cardiovasculares e de diabetes do tipo II. Os peixes marinhos são uma fonte conhecida destes compostos nutricionalmente importantes, entretanto, existem consideráveis evidências indicando que muitos dos ácidos graxos poliinsaturados encontrados nos óleos de peixe provêm da ingestão de organismos que constituem o zooplâncton, os quais têm as microalgas como seu principal alimento. Assim, através da cadeia trófica os ácidos graxos poliinsaturados sintetizados pelas microalgas chegam até os peixes. Porquanto, as microalgas têm sido consideradas como uma fonte alternativa às fontes usuais de obtenção dos ácidos graxos poliinsaturados. O objetivo deste trabalho foi classificar quantitativa e qualitativamente o perfil de ácidos graxos poliinsaturados de microalgas marinhas cultivadas em condições laboratoriais e confeccionar bibliotecas de cDNA das algas selecionadas pela alta produção de EPA e DHA. Microalgas marinhas das espécies *Chaetoceros muelleri* e *Thalassiosira fluviatilis* (Classe *Bacillariophyceae*) foram cultivadas em meio F/2 de Guillard, modificado. Os lipídeos foram extraídos da biomassa das culturas segundo os procedimentos descritos por BLIGH e DYER (1959) e NYBERG (1986) e derivatizados conforme SATO e MURATA (1988). A análise do perfil dos ácidos graxos foi realizada em cromatógrafo gasoso e espectrômetro de massa. Dessas cepas de microalgas foi extraído RNA total em pequena escala, utilizando *concert plant reagent* - Invitrogen e protocolo do fabricante. O mRNA foi isolado (*Micro-FastTrack 2.0 Kit* – Invitrogen) e utilizado para confeccionar duas bibliotecas de cDNA (*Creator SMART cDNA library construction Kit* - Clontech). A biblioteca foi amplificada com células *One Shot TOP10 Competent* através de eletroporação. A análise do perfil de ácidos graxos das duas algas revelou um percentual relativo do total de ácidos graxos poliinsaturados de: 45% de ácido eicosapentaenóico, 6,5% de ácido docosahexaenóico, 0,1% de ácido linolênico, 0,9% de ácido linoléico e 7% de ácido araquidônico para *Chaetoceros muelleri* e 49% de ácido eicosapentaenóico, 14% de ácido docosahexaenóico, 1% de ácido linolênico, 1,5% de ácido linoléico e 2% de ácido araquidônico para *Thalassiosira fluviatilis*. A biblioteca mostrou uma alta eficiência e será usada em estudos iniciais de prospecção dos genes das enzimas envolvidas na rota biossintética de EPA e DHA. O teor de ácidos graxos analisado foi surpreendente, direcionando a escolha destas duas algas para a confecção da biblioteca, permitindo alta probabilidade de conseguirmos isolar os genes de interesse do estudo em questão.

## **28 - O BAMBU DO URUÁ – A IMPORTÂNCIA DA CONSERVAÇÃO DOS RECURSOS GENÉTICOS**

Freitas, F. O.; Zarur, S.B.B.C.; Silva, D.B.; Fonseca, J.N.L.; Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília – Brasil; [fabiof@cenargen.embrapa.br](mailto:fabiof@cenargen.embrapa.br)

Desde os primórdios da civilização, o homem tem utilizado os recursos naturais principalmente para alimentação, saúde e abrigo. Entretanto, só a partir de meados do século XX, foram tomadas ações efetivas para preservar e conservar amostras de plantas de interesse sócio-econômico por meio de coleta e formação de Coleções e de Bancos de Germoplasma. Os índios do Alto Xingu, no Brasil, utilizam um tipo de bambu como matéria prima para a fabricação de longas flautas duplas utilizadas em rituais, como o Kwarup. O nome indígena deste bambu é Taakuát, em tupi-guaraní, ou Ianati, na língua Yawalapiti. A flauta recebe o nome de Uruá na língua Kamaiurá ou Wëpë, em Yawalapiti. O bambu era obtido por meio de trocas com as etnias Mehinaku e Juruna, localizadas respectivamente na parte sul e no extremo norte do Parque. A disponibilidade do bambu se reduziu ao longo dos anos em ambas as regiões. Com a escassez deste bambu no Parque, cada vez menos flautas estavam sendo produzidas, aumentando o risco de perda dessa tradição, comprometendo a transmissão da técnica de fabrico destes instrumentos musicais aos mais jovens. Essa dificuldade ameaçava a continuidade de práticas culturais relevantes para a identidade étnica. O objetivo deste trabalho é de ressaltar a importância da coleta e da conservação do maior número possível de espécies e variedades, pois um acesso “esquecido” em um banco de germoplasma pode se tornar essencial a qualquer momento. Em junho de 2003, dois caciques das aldeias Yawalapiti e Kuikuro, do Parque Indígena do Xingu - Brasil, ao visitarem as instalações da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília, identificaram, em uma coleção de bambu ali existente, um tipo que correspondia morfológicamente àquele que há tempos procuravam. O diálogo trocado entre os dois caciques, na língua nativa, expressava vivamente a intensidade da emoção daquele momento. A grande importância deste recurso genético para as aldeias Xinguanas justificou a produção e o envio de mudas do bambu pelos pesquisadores da Embrapa. As mudas foram plantadas no quintal da casa do cacique Aritana, na aldeia Yawalapiti. A adaptação das plantas foi excelente. As mudas estão em franco desenvolvimento e poderão suprir a matéria prima necessária para a confecção de flautas, perpetuando as tradições e a rede de troca entre as etnias do Parque. O jeito artesanal de confeccionar, afinar e tocar uma flauta indígena estava se perdendo por falta de matéria prima. A sua recuperação permitiu não apenas a produção de novos instrumentos, mas a perpetuação de uma cultura para as novas gerações. Transparece, neste caso, a imprevisibilidade de quando um material conservado será útil e de que forma e a importância de existir o recurso genético conservado quando for necessário.

**Palavras-chave:** bambu, índio, conservação de germoplasma, ritual, flauta.

## **29 - CARACTERIZAÇÃO DA QUALIDADE DOS FRUTOS DE BANANA: VARIEDADE SÃO TOMÉ**

ANTONIASI, R.(1); FREITAS, S.C. (1); PEREIRA, M.E.C (3); BIZZO, H.R. (1); CITADIN, C.T. (2); ALMEIDA, E.R.P.(2), MONTE, D.C.(2).

(1) Embrapa Agroindústria de Alimentos, Av. das Américas 29501, Rio de Janeiro, 23020-470 RJ, Brasil. E-mail: [rosemar@ctaa.embrapa.br](mailto:rosemar@ctaa.embrapa.br) (2) Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica, Av. W5 Norte (final), Brasília, DF, Brasil, 70.770-000. E-mail: [damares@cenargen.embrapa.br](mailto:damares@cenargen.embrapa.br) (3) Embrapa Mandioca e Fruticultura, Rua Embrapa s/nº, Cruz das Almas, BA, Brasil, 44380-000

A caracterização dos recursos genéticos de banana quanto ao teor de micronutrientes, tais como carotenóides, vitaminas, ácidos graxos e minerais é fundamental ao desenvolvimento de ferramentas moleculares que possam ser utilizadas para acelerar os programas de melhoramento genético da qualidade nutricional (biofortificação) dos alimentos em geral e da banana em particular. A banana foi escolhida por ser uma boa fonte de nutrientes, muito popular em todo o mundo e comumente encontrada nos fundos de quintal das famílias mais carentes. Além de consumidas “in natura”, elas também são consumidas cozidas como parte da alimentação principal. Para isso está em andamento na Embrapa a caracterização de germoplasma de banana quanto aos seus nutrientes. Este trabalho teve por objetivo avaliar a composição de nutrientes, minerais e ácidos graxos da variedade São Tomé, coletada em Brasília, que despertou interesse pelo seu conteúdo de carotenóides. Foi definida uma escala de maturação para a banana São Thomé, considerando-se que a mesma tem uma coloração avermelhada da casca. Foram determinados o teor de firmeza, sólidos solúveis e acidez titulável nos seis estágios de maturação definidos. A partir de um cacho de banana, foram retiradas 3 amostras de bananas maduras em dias consecutivos, que foram analisadas em duplicata. As análises foram realizadas pelo métodos oficiais da AOAC (2001). Os teores de umidade variaram de 70 a 73, fibra alimentar de 2,8 a 3,2 e proteína de 1,7 a 1,9 g/100gramas, respectivamente. Os principais ácidos graxos encontrados na banana prata foram o palmítico (41 a 44%), linoleico (26 a 27%) e linolênico (9 a 12%), com valores médios de gordura total de 120 mg/100 g, de ácidos graxos saturados de 60 mg/100 g e de insaturados de 60 mg/100 g. Os principais minerais encontrados nestas amostras foram o potássio (256 a 340 mg), magnésio (32 a 36 mg/100g), cálcio (11 a 12 mg/100g), fósforo (20 a 22 mg/100g) e sódio (18 a 24 mg/100g). Quando comparados com as análises de bananas comerciais, os resultados obtidos com a banana São Tomé evidenciam a necessidade de um estudo mais detalhado dos recursos genéticos de banana encontrados no Brasil.

### **30 - CARACTERIZAÇÃO DE GERMOPLASMA DE BANANA: VARIEDADE SÃO TOMÉ**

ANTONIASI, R.(1); FREITAS, S.C. (1); BIZZO, H.R. (1); CITADIN, C.T. (2); MONTE, D.C.(2).

(1) Embrapa Agroindústria de Alimentos, Av. das Américas 29501, Rio de Janeiro, 23020-470 RJ, Brasil. E-mail: [rosemar@ctaa.embrapa.br](mailto:rosemar@ctaa.embrapa.br)

(2) Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Parque Estação Biológica, Av. W5 Norte (final), Caixa Postal 02372 - Brasília, DF, Brasil.

A caracterização dos recursos genéticos de banana quanto ao teor de micronutrientes, tais como carotenóides, vitaminas, ácidos graxos e minerais é fundamental ao desenvolvimento de ferramentas moleculares que possam ser utilizadas para acelerar os programas de melhoramento genético da qualidade nutricional (biofortificação) dos alimentos em geral e da banana em particular. A banana foi escolhida por ser uma boa fonte de nutrientes, muito popular em todo o mundo e comumente encontrada nos fundos de quintal das famílias mais carentes. Além de consumidas “in natura”, elas também são consumidas cozidas como parte da alimentação principal. Para isso está em andamento na Embrapa a caracterização de germoplasma de banana quanto aos seus nutrientes. Este trabalho teve por objetivo avaliar a composição de nutrientes, minerais e ácidos graxos da variedade São Tomé, coletada em Brasília, que despertou interesse pelo seu conteúdo de carotenóides. A partir de um cacho de banana, foram retiradas 3 amostras de bananas maduras em dias consecutivos, que foram analisadas em duplicata. As análises foram realizadas pelo métodos oficiais da AOAC (2001). O teor de sólidos solúveis variou de 23 a 26 °Brix e o pH de 4,7 a 5,3. Os teores de umidade variaram de 70 a 73, fibra alimentar de 2,8 a 3,2 e proteína de 1,7 a 1,9 g/100gramas, respectivamente. Os principais ácidos graxos encontrados na banana prata foram o palmítico (41 a 44%), linoleico (26 a 27%) e linolênico (9 a 12%), com valores médios de gordura total de 120 mg/100 g, de ácidos graxos saturados de 60 mg/100 g e de insaturados de 60 mg/100 g. Os principais minerais encontrados nestas amostras foram o potássio (256 a 340 mg), magnésio (32 a 36 mg/100g), cálcio (11 a 12 mg/100g), fósforo (20 a 22 mg/100g) e sódio (18 a 24 mg/100g). A banana São Tomé apresentou altos teores de nutrientes e minerais, diferentemente da maioria dos resultados encontrados na literatura. Tal fato evidencia a necessidade de um estudo mais detalhado das variedades brasileiras.

### **31 - ESTUDO DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE PLANTAS ORIUNDAS DA EMBRIOGÊNESE SOMÁTICA DE GENÓTIPOS DE BATATA-DOCE UTILIZANDO MARCADORES RAPD.**

MARQUELLI L.P.<sup>1,4</sup>; BUSO G.S.C.<sup>2</sup>; MAGALHÃES J. S.<sup>3</sup>; TORRES A.C.<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Universidade Católica de Brasília, CEP: 72.022-900, Brasília, DF; <sup>2</sup>EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, C.P. 02372, CEP:70.770-900; <sup>3</sup>Universidade de Brasília, CEP 70910-900, Brasília, DF;

<sup>4</sup>EMBRAPA Hortaliças, CEP: 70359-970, Brasília, DF. E.mail: [torres@cnph.embrapa.br](mailto:torres@cnph.embrapa.br).

A batata-doce (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.) é uma dicotiledônea, da família Convolvulacea. Apresenta custo de produção e investimentos baixos, e retorno elevado, sendo uma das hortaliças com maior capacidade de produzir energia por unidade de área e tempo, e a quarta mais consumida no Brasil. É uma espécie hexaplóide, apresentando auto-incompatibilidade e incompatibilidade cruzada entre cultivares, dificultando os trabalhos de melhoramento genético. Devido ao alto grau de heterozigose, as progênies obtidas por via sexual diferem geneticamente das linhagens parentais. É propagada vegetativamente, o que possibilita a transmissão e acúmulo de doenças de uma geração para outra, causando decréscimo na produção. A embriogênese somática é um método de propagação *in vitro* que tem o potencial de produzir milhões de propágulos a custo competitivo, e, ainda, pode ser utilizado para a transformação genética de plantas. Neste trabalho observou-se a variabilidade genética de 81 acessos oriundos da embriogênese somática de genótipos de batata-doce, compreendendo 8 cultivares, por meio de marcadores RAPD. Até o momento, foram testados 23 primers e destes 16 foram utilizados. A análise dos fragmentos possibilitou verificar que não houve variabilidade relevante entre os clones da maioria das cultivares, porém em alguns casos encontrou-se em clones originados da mesma cultivar padrão de amplificação idêntico ao de outra cultivar utilizada no processo de propagação. Assim, foi possível constatar que os marcadores RAPD são úteis no teste de fidelidade genética de plantas oriundas da embriogênese somática e para detectar mistura durante a manipulação do material.

## **32 - CASA DO KUKURO OU MINI-BANCO DE GERMOPLASMA IN SITU- SOB CULTIVO**

Freitas, F. O.; Zarur, S.B.C.; Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília – Brasil; [fabiof@cenargen.embrapa.br](mailto:fabiof@cenargen.embrapa.br)

É sabido que muitas das ações do homem tem impactado de forma negativa o ambiente, ameaçando a conservação de recursos genéticos, incluindo as plantas domesticadas, principalmente aquelas raças locais, associadas às sociedades tradicionais. As populações indígenas ainda são as principais guardiãs destas plantas, mas o crescente contato com a sociedade envolvente vem dificultando a sobrevivência dos seus hábitos e costumes e, por conseguinte, também dos seus cultivos, acarretando em perdas de importantes alelos e genótipos, muitos dos quais selecionados e adaptados por diversas gerações. O objetivo deste trabalho é descrever uma tradição cultural na aldeia Yawalapiti, do Parque Indígena do Xingu - Brasil, que ajuda na conservação e ampliação da diversidade de variedades de mandioca – *Manihot esculenta*. A metodologia empregada foi de entrevistas semi-estruturadas, complementada por observação direta nas roças de famílias selecionadas. A tradição observada foi de que, na implantação da nova roça, ocorre um ritual, onde participam homens e mulheres da família, que fazem dois montes/covas de terra e plantam todas as variedades de mandioca que possuem nestas duas covas, muito distinto do restante da roça, onde cada variedade é plantada em covas separadas. Estes montes, distantes 40 metros entre si, são denominados “casa do Kukuro”, ou traduzindo, casa do espírito da lagarta. É a partir da casa do Kukuro que se inicia o plantio da roça e, posteriormente, são as últimas covas a serem colhidas. Como a época de colheita coincide com a do plantio do ano seguinte, este material serve como fonte, estoque de variedades para a nova roça. Ainda, em termos evolutivos, como todos os tipos são reunidos em um espaço restrito, potencializa-se a chance de recombinação entre eles, aumentando a chance de geração de novos genótipos. Um aspecto muito importante na geração e ampliação da diversidade de variedades manejadas por uma população, principalmente no caso da mandioca, é o reconhecimento de plântulas originadas por semente. De modo geral, a mandioca é propagada vegetativamente, sem o uso de sementes pelo agricultor. As plantas originadas por semente normalmente não produzem raízes tuberosas nos primeiros anos, fazendo com que sejam facilmente descartadas por agricultores que não tenham muito conhecimento sobre esta planta, pois somente após o replantio via semente é que se identifica o seu potencial. Esta família não apenas reconhece plantas de mandioca nascidas espontaneamente, via semente, como mantém estas plantas, replantando-as por três ciclos consecutivos, para analisar se são boas ou não. Ao serem consideradas viáveis, ganham nome e são incorporadas à coleção. Deste modo, esta tradição cultural acaba sendo uma estratégia de conservação *in situ* sob cultivo (*on farm*), por reunirem todas as variedades de mandioca existentes em um mini-banco de germoplasma local, potencializando a conservação destes recursos e ampliação de sua diversidade.

**Palavras-chave:** Mandioca, índio, conservação on farm, evolução, ritual



### **33 - DIAGNÓSTICO SOBRE A DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA E AS CONDIÇÕES DE CONSERVAÇÃO *on farm* DE *Cucurbita* spp. NOS ESTADOS DO TOCANTINS E MATO GROSSO.**

FERREIRA, M. A. J. da F.<sup>1</sup>; LOPES, J. F.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Pq. Estação Biológica W5 Norte Final, 70.770-900, Brasília-DF. E-mail: [aldete@cenargen.embrapa.br](mailto:aldete@cenargen.embrapa.br)

<sup>2</sup> Embrapa Hortaliças. Km 09 BR-060 Rodovia Brasília-Anápolis, 70.359-970, Brasília-DF. E-mail: [jlopes@cnph.embrapa.br](mailto:jlopes@cnph.embrapa.br).

Entre as espécies cultivadas do gênero *Cucurbita*, nativo das Américas, tem-se a abóbora (*C. moschata*), moranga (*C. maxima*) e mogango (*C. pepo*), também denominadas popularmente, como abóbora comum, abóbora maranhão, jerimum, jerimum de leite, entre outros nomes. A ampla diversidade genética existente nas Américas, onde estas espécies são encontradas nas mais variadas cores, texturas, formas, tamanhos e sabores, confirmam que elas representam um recurso genético muito importante para a agricultura e a segurança alimentar. Além disto, apresentam uma grande importância para a alimentação humana tanto pela versatilidade culinária quanto pela riqueza em caroteno e vitaminas. No Brasil a diversidade genética concentra-se na agricultura tradicional, onde o cultivo mais difundido e com forte aceitação no mercado é feito com as variedades locais mantidas pelos agricultores. De forma geral, verifica-se que a seleção praticada pelas comunidades tradicionais favorece a ampliação e manutenção da variabilidade genética, assim como a eleição de tipos distintos que são direcionados tanto para o consumo próprio do agricultor quanto para o comércio. Em algumas regiões do Brasil, ainda não foram realizadas coletas de cucúrbitas, como, por exemplo, nos estados do Ceará, Paraíba, Alagoas, Tocantins, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul, além de algumas partes dos estados de Pernambuco, da Bahia, do Espírito Santo e de Minas Gerais. Sendo assim, este trabalho teve como finalidade verificar as áreas de ocorrência dessas espécies nos Estados do Tocantins e Mato Grosso, assim como investigar como estão sendo conservadas as variedades tradicionais pelas comunidades locais. Para tanto, foi realizada uma expedição, com duração de 18 dias, quando foram visitados 26 municípios no Tocantins e 17 no Mato Grosso. Constatou-se a existência de uma ampla variabilidade genética de cucúrbitas, assim como regiões onde permanece o cultivo tradicional sem uso de insumos agrícolas e para consumo da própria família. Verificou-se, entretanto que ao longo da BR 153 (Belém-Brasília), no Estado do Tocantins, são feitos plantios comerciais intensos inclusive com comercialização de um grande volume para outros estados brasileiros. Por outro lado, detectou-se que em algumas áreas onde antigamente se praticava intensamente o cultivo de variedades locais, ocorreu uma substituição para o cultivo de outras espécies e de outras variedades de cucúrbitas, algumas vezes cultivares melhoradas. Conclui-se que os estados do Tocantins e Mato Grosso merecem atenção especial no que se refere ao resgate de variedades locais de abóboras e morangas, assim como no desenvolvimento de pesquisas participativas junto a comunidades com potencial de produzir inclusive em escala comercial. Outra conclusão extremamente relevante é a necessidade de serem realizadas expedições de coleta de germoplasma, principalmente nas regiões onde existe uma grande diversidade genética e um risco elevado de erosão genética.

### **34 - DIAGNÓSTICO REALIZADO SOBRE A ATUAL SITUAÇÃO DOS HERBÁRIOS BRASILEIROS EM RELAÇÃO AO GÊNERO *Cucurbita*.**

GONÇALVES, E.N.<sup>1</sup>, BARROZO, L.V.<sup>2</sup>; FERREIRA, M.A. J. da F.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Universidade de Brasília, Bolsista CNPq; <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Centro Universitário de Brasília, Bolsista CNPq; <sup>3</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Caixa Postal 02372, 70.770-900, Brasília-DF.

O gênero *Cucurbita* é constituído por 15 espécies, sendo que *Cucurbita maxima* (moranga), *C. moschata* (abóbora) e *C. pepo* (abobrinha) são as principais espécies cultivadas. Nas Américas, centro de origem desse gênero, há uma ampla diversidade genética dessas espécies. Contudo, as informações relativas à conservação do gênero em bancos de germoplasma, herbários ou *in situ* são dispersas e escassas. A integração entre os centros geradores e mantenedores de dados é essencial para agilizar e evitar redundância em trabalhos e pesquisas. O levantamento sobre a distribuição geográfica, diversidade genética e condições de conservação em diferentes instituições, é um passo essencial nesta direção. Com o objetivo de analisar alguns destes quesitos, foram enviados questionários para 128 herbários de todo o Brasil, dos quais apenas 26 responderam aos mesmos (20,3% do total). Destes, seis foram do estado de São Paulo, quatro da Bahia e três do Rio de Janeiro, ao passo que do Rio Grande do Sul, Minas Gerais e Pernambuco foram recebidos dois questionários de cada estado. Já do Distrito Federal, Mato Grosso do Sul, Mato Grosso, Pará, Piauí, Paraná e Rondônia foi recebido apenas um questionário de cada estado. Quanto aos curadores responsáveis, somente 15% se dedicam exclusivamente ao herbário, enquanto que o restante exercem outras funções principalmente entre docência, pesquisa e cargos administrativos. Cerca de 42% dos curadores dedicam entre 20% e 50% de seu tempo ao herbário, enquanto que 19% dedicam menos de 20% de seu tempo e 19% dedicam de 50% a 80%, o restante dedica mais de 80% de seu tempo às atividades do herbário. Em termos de treinamento, 81% afirmaram já ter recebido treinamento específico, mas apesar disto cerca de 81% indicaram a necessidade de novos treinamentos e capacitações. Nestes herbários são mantidas 41 exsiccatas do gênero, sendo duas de *C. maxima*, 11 de *C. moschata*, 18 de *C. pepo* e 20 de outras espécies ou espécies não identificadas. Com relação aos métodos de registro das informações, 4% usam cadernetas, 23% base de dados informatizada, 23% base não informatizada e 4% utilizam outros métodos (como livro tomo). Porém, alguns herbários fazem uso combinado de métodos de registro dos dados, sendo que 12% usam cadernetas e dados não informatizados e 19% usam caderneta juntamente com dados informatizados, ao passo que o restante combina diferentemente cadernetas, bases informatizadas, não informatizadas e outros métodos. Somente 23% dos herbários já publicaram catálogos com os registros das informações. A última questão dizia respeito à necessidade de instalar ou melhorar a infra-estrutura disponível para as atividades do herbário, sendo importante ressaltar que a única resposta negativa apresentava uma justificativa que claramente demonstrava a má interpretação da pergunta. A maioria das justificativas para tal necessidade foi relativa ao pouco espaço destinado ao herbário e à péssima condição dos armários de conservação. Este levantamento conseguiu demonstrar a lacuna existente na publicação das informações geradas pelos herbários, a pouca importância dada à manutenção da infra-estrutura de herbários, bem como a dedicação dos curadores que na maioria dos casos se dividem entre o herbário e outras atividades. Outro agravante é a

quantidade reduzida de exsicatas do gênero Cucurbita mantidas nos herbários nacionais.

**35 - INFLUÊNCIA DE DIFERENTES TRATAMENTOS NA GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE SEMENTES DE *Eulophia alta* (L.) FAWCETT & RENDLE, (ORCHIDACEAE)**

Caramaschi, G.M.C.L.; Silva, R.E.P.; Ribeiro, J.S.L.; Costa, L.O.; Santos, H.A.; Pires, N.F.; Gouveia, J.R.; Lopes, R.M.

Faculdades Integradas da Terra de Brasília, Brasília, Brasil. giovanna@ftb.br

A *Eulophia alta* (L.) Fawcett & Rendle é uma planta pertencente à família Orchidaceae e está distribuída em quase toda a América do Sul, aparecendo geralmente nas regiões mais ricas em precipitações pluviais. É uma planta de difícil propagação devido as suas exigências especiais de ambientes ricos em húmus e detritos. Objetivou-se com este trabalho verificar a influência de diferentes meios básicos e de micronutrientes, carvão ativado e vitaminas e aminoácidos na germinação *in vitro* de sementes de *Eulophia alta*. As sementes foram desinfestadas em solução 10% de hipoclorito de sódio (2,5% de cloro ativo), durante 10 minutos e lavadas três vezes em água destilada e autoclavada. As sementes foram inoculadas em 32 tratamentos, constituindo um fatorial completo entre quatro meios básicos (MS, ½ MS, KC e VW) e a presença ou ausência de micronutrientes, carvão ativado e vitaminas e aminoácidos. Os meios utilizados foram levemente modificados para que ficassem o mais parecidos possível entre si, exceto na concentração de macronutrientes. As modificações foram a substituição da fonte original de ferro dos meios VW e KC pelo FeEDTA, na mesma concentração do meio MS original e a omissão dos micronutrientes em todos os meios básicos. Foram feitas quatro repetições para cada tratamento. Os resultados mostraram que o meio MS foi o que apresentou maior número de sementes germinadas (média de 66 sementes por frasco), em relação aos outros meios. A presença de micronutrientes e de vitaminas e aminoácidos não foi benéfica à germinação, sendo, portanto desnecessária a sua adição para a germinação destas sementes. A adição de carvão aumentou o número médio de sementes germinadas por frasco. Os resultados mostraram ainda que houve uma interação entre o meio KC e micronutrientes, sendo que a germinação foi boa na ausência dos micronutrientes (39 sementes germinadas por frasco) e ruim na presença dos micronutrientes (11 sementes germinadas por frasco). Conclui-se com este trabalho que é possível a germinação *in vitro* de sementes de *Eulophia alta*, porém os resultados melhores podem ser obtidos se o meio básico utilizado for o MS, adicionado de carvão ativado e sem a suplementação com micronutrientes e vitaminas e aminoácidos.

### **36 - NÚMERO DE FAMÍLIAS A SEREM AVALIADAS NO PROCESSO SELETIVO EM AUTÓGAMAS**

Gurgel, F. de L.; Ferreira, D. F.

EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília - DF

[gurgel@cenargen.embrapa.br](mailto:gurgel@cenargen.embrapa.br)

Na condução dos programas de melhoramento genético de plantas, frequentemente discute-se sobre a realização de várias hibridações anualmente, e a condução de um número reduzido de famílias de cada cruzamento, ou a realização de poucas hibridações, avaliando-se um maior número de famílias, para explorar ao máximo a variabilidade gerada em cada cruzamento. Este trabalho objetivou obter informações a respeito do número ideal de famílias, no processo seletivo com plantas autógamas. Implementou-se dois aplicativos computacionais em que foram simuladas várias configurações. No primeiro aplicativo, foram considerados os valores de herdabilidade, número de locos segregantes em  $F_2$  e o número de indivíduos na geração infinito. No segundo, consideraram-se apenas os valores de herdabilidade e o número de indivíduos da geração infinito. Foi considerado para isso um modelo estatístico-genético. Na primeira alternativa de simulação, foram geradas  $n$  linhagens na geração  $F_\infty$ , considerando os diferentes números ( $g$ ) de locos segregantes. O valor genotípico  $j$  de cada linhagem foi obtido e, em seguida, foram gerados valores dos erros associados a cada valor genotípico de acordo com o modelo normal,  $N(0, \sigma_e^2)$ . O valor fenotípico de cada linhagem ( $L_j$ ) foi gerado por meio da expressão:  $L_j = G_j + \varepsilon_j$ . Os  $L_j$  valores fenotípicos foram então ordenados de forma crescente e o maior fenótipo  $L_{(n)}$  foi selecionado, registrando-se o número de locos favoráveis do genótipo correspondente a esse fenótipo. A partir da distribuição do número de genes favoráveis observados na linhagem de maior valor fenotípico, foi possível obter a média, a variância e os números máximo e mínimo de locos favoráveis no indivíduo de maior fenótipo. A segunda alternativa de simulação também considerou o modelo normal  $N(0, \sigma_e^2)$ . O valor de  $\sigma_g^2$  foi fixado em 1, sem perda de generalidade. O valor de  $\sigma_e^2$  foi especificado em função de  $h^2$ . Em seguida, os valores da distribuição normal de  $G_j$  e  $\varepsilon_j$  foram simulados. Obteve-se uma amostra de  $n$  linhagens e, em seguida, os valores genotípicos ( $G_j$ ) associados às linhagens relacionadas aos desempenhos fenotípicos máximos foram anotados ( $G$ ), e as estatísticas “estudentizadas” foram obtidas. A média do valor genotípico correspondente ao fenótipo máximo foi obtida e a probabilidade ( $P_{MAX}$ ) do valor genotípico correspondente ao fenótipo máximo studentizado superar ou igualar o valor zero, ou seja, de haver ganho com a seleção. Concluiu-se que na determinação do número ideal de famílias a serem avaliadas no processo seletivo, deve-se considerar a herdabilidade do caráter; para se obter um valor genotípico médio em torno de 1,10 desvios padrões fenotípicos acima da média na população selecionada, são necessárias 5000 linhagens para uma  $h^2 = 0,30$  e 10 linhagens para  $h^2 = 0,70$ . Se o caráter apresentar  $h^2$  inferior a 0,30 será necessário um maior número de linhagens para se ter alta probabilidade de obter uma linhagem com um valor genotípico médio superior à média da população.

### **37 - O COEFICIENTE DE VARIAÇÃO COMO CRITÉRIO PARA AVALIAÇÃO EM EXPERIMENTOS DE CULTIVARES DE FEIJÃO E MILHO**

Gurgel, F. de L.; Ferreira, D. F.

EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília - DF

[gurgel@cenargen.embrapa.br](mailto:gurgel@cenargen.embrapa.br)

A Lei de Proteção de Cultivares (nº 9456) foi sancionada em abril de 1997 e teve seu Decreto regulamentador (nº 2366) publicado no mesmo ano. Essa lei exige que, para a recomendação de novos cultivares, sejam realizados experimentos de valor de cultivo e uso (VCU). Entre as normas, há uma que afirma que só devem ser considerados os experimentos cujos coeficientes de variação experimental (CV) sejam inferiores ou iguais a 20%. Esse fato tem contribuído para que muitos experimentos com informações úteis sejam descartados. Embora o CV seja amplamente utilizado, é questionável o seu emprego como medida de precisão experimental. O objetivo deste trabalho foi verificar se o CV é realmente o critério adequado para descarte de experimento, determinar o seu valor mais apropriado e descobrir se há alternativas que aumentem a eficiência do processo. Para se conhecer quais as variáveis mais importantes e os limites a serem utilizados na simulação, foi realizado inicialmente o levantamento de alguns dados experimentais com as culturas de feijão e milho. Para o feijão, foram utilizados os dados da avaliação de linhagens de feijoeiro conduzidas pela UFLA/EPAMIG no período de 11 anos (1991 a 2001), totalizando 104 experimentos. No caso da cultura do milho, foram utilizados dados dos Ensaio Nacionais de Milho cedidos pela Embrapa Milho e Sorgo, que consistiram em 566 experimentos, conduzidos no período de 1993 a 2000. Os fatores fornecidos para as duas culturas foram: número de cultivares, número de blocos, variância genética, média de produtividade e o coeficiente de variação. Foram simulados ensaios de campo considerando um delineamento em blocos casualizados completos (DBC). Para a simulação deste modelo, foi inicialmente obtido o valor da variância ambiental ( $\sigma_e^2$ ). Com este valor pôde-se calcular a repetibilidade, e os efeitos de genótipos ( $g_i$ ) e de blocos ( $b_j$ ) foram simulados. Estes efeitos foram obtidos por meio da aproximação para a distribuição cumulativa normal. Em seguida, gerou-se o valor da variável aleatória  $Y_{ij}$ . As médias dos genótipos foram ordenadas e obtida a correlação de Spearman entre os seus valores observados e os seus valores genotípicos reais. Cada simulação correspondeu a um experimento e os dados simulados seguiram a metodologia da aproximação da função de distribuição normal. Também foi identificada a quantidade de experimentos com coeficiente de variação superior, inferior ou igual a 20%, para cada configuração simulada nos 2.000 experimentos. Concluiu-se que o coeficiente de variação não é um estimador confiável para a avaliação da eficiência de uma cultivar em um ensaio, devendo estar associado a outros parâmetros para tornar a recomendação de uma cultivar mais confiável; a repetibilidade é o parâmetro que, tendo-se definido os seus valores para cada variável-resposta, possibilitará definir critérios de descarte de experimentos, de avaliação e recomendação de cultivares.

### **38 - EFEITO DA INTERAÇÃO NÃO-ALÉLICA NA EFICIÊNCIA DO INTERCRUZAMENTO DE PLANTAS DA GERAÇÃO F<sub>2</sub>**

Gurgel, F. de L.; Ferreira, D. F.

EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília - DF

[gurgel@cenargen.embrapa.br](mailto:gurgel@cenargen.embrapa.br)

Os melhoristas de plantas estão sempre em busca de alternativas visando o aumento da eficiência do processo seletivo, como a utilização do inter cruzamento de plantas da geração F<sub>2</sub>. Este trabalho foi realizado com o intuito de verificar o efeito da interação não-alélica a partir do inter cruzamento de plantas F<sub>2</sub> na média e na variância populacional, considerando genes ligados com diferentes freqüências de recombinação. Consideraram-se dois genes A e B com freqüência de recombinação (fr) variando de 0,00 a 0,50 em atração ou repulsão. A freqüência do gameta em atração (AB ou ab) foi  $u$  e a de repulsão (Ab ou aB) foi  $v$  de modo que  $u = \frac{1}{2}.fr$  e  $v = \frac{1}{2}.(1-fr)$  quando a geração F<sub>1</sub> continha gametas em repulsão e  $u = \frac{1}{2}.(1-fr)$  e  $v = \frac{1}{2}.fr$  quando estava em atração. Em todos os casos, a interação alélica foi de dominância completa e utilizaram-se os tipos de interação não-alélica: genes duplicados (15 A-B- ou A-bb ou aaB-:1 aabb), genes complementares (9 A-B-: 7 A-bb ou aaB- ou aabb), epistasia dominante (12 A-B- ou A-bb: 3 aaB-:1 aabb) e epistasia recessiva (9 A-B-: 3 A-bb: 4 aaB- ou aabb). Os valores genotípicos para cada genótipo na geração F<sub>2</sub> foram calculados, bem como as médias para cada genótipo nas gerações F<sub>2</sub> e F<sub>∞</sub>. Em seguida, obtiveram-se as variâncias de cada genótipo na geração F<sub>2</sub> e F<sub>∞</sub>. Neste estudo, o interesse era no genótipo AABB para o qual foram calculadas as freqüências relativas nas gerações F<sub>2</sub> e F<sub>∞</sub>, considerando um determinado valor da freqüência de recombinação (fr), com e sem inter cruzamento e em atração ou repulsão. Para a avaliação da eficiência da realização de inter cruzamentos, foi desenvolvida uma interface de um aplicativo computacional, implementada no ambiente de programação Delphi. Consideraram-se diferentes valores de freqüência de recombinação (fr), que variaram de 0,00 a 0,50, em intervalos de 0,05, totalizando 11 configurações para cada proporção genotípica selecionada. No total foram avaliadas 55 configurações diferentes. Para cada configuração foram computados os valores da média e variância nas gerações F<sub>2</sub> e F<sub>∞</sub>. Além disso, as freqüências relativas do genótipo AABB nestas mesmas situações também foram obtidas. Com os valores das médias e das variâncias em todas as situações, foram calculadas as alterações percentuais das situações sem inter cruzamento para com inter cruzamento, em cada freqüência de recombinação. Estas alterações percentuais também foram calculadas para as freqüências relativas do genótipo AABB. Concluiu-se que a realização de inter cruzamentos de plantas na geração F<sub>2</sub> e F<sub>∞</sub> não permite prever se a freqüência de indivíduos com os alelos favoráveis em homozigose irá aumentar caso haja epistasia. Os valores da média e a da variância populacional, considerando genes ligados com diferentes freqüências de recombinação e alguns tipos de interação não-alélica, apresentaram valores bem distintos para cada caso, dificultando ainda mais qualquer tipo de predição, uma vez que só foram considerados dois genes.

### **39 - DIAGNÓSTICOS REALIZADOS COM CONSUMIDORES DE ABÓBORAS E MORANGAS NO DISTRITO FEDERAL**

BARROZO, L.V.<sup>1</sup>; GONÇALVES, E.N.<sup>2</sup>; FERREIRA, M.A. J. da F.<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Centro Universitário de Brasília, Bolsista CNPq;

<sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Universidade de Brasília, Bolsista CNPq; <sup>3</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Caixa Postal 02372, 70.770-900, Brasília-DF.

As abóboras e morangas apresentam grande importância para o agronegócio brasileiro e para a alimentação humana. No Brasil são amplamente cultivadas sendo consumidos principalmente seus frutos e, em alguns casos, as suas sementes. Uma etapa fundamental para os programas de pré-melhoramento e melhoramento genético é conhecer qual a preferência do mercado consumidor em relação às características dos frutos, a fim de que se torne possível melhorá-las conforme essa preferência. Sendo assim, este trabalho teve como objetivo realizar um diagnóstico sobre as preferências do mercado consumidor de abóboras e morangas no Distrito Federal. Foram aplicados questionários oralmente em feiras livres, supermercados e no CEASA-DF. Esses questionários também foram enviados via endereços eletrônicos para diferentes pessoas físicas e jurídicas. No total foram aplicados 168 questionários. Entre os principais resultados pode-se destacar que 61% dos entrevistados conhece a moranga, a abobrinha e a abóbora comum, ao passo que os nomes populares abóbora maranhão, abóbora baianinha, jerimum, jerimum de leite, jerimum caboclo, jerimum jandaia e mogango são mais conhecidas pelos nordestinos residentes no Distrito Federal. Isto porque estes são nomes populares para as abóboras e morangas no Nordeste. Por outro lado, 11% dos entrevistados responderam conhecer outros tipos de abóboras, como, por exemplo, a kabutiá nome popular dado a cultivar comercial Tetsukabuto. Quanto ao tipo de abóbora que preferem, 30% responderam abobrinha, 20% abóbora comum, 20% moranga e 6% foram indiferentes. No entanto 24% dos entrevistados responderam preferir outros tipos de frutos, como abóbora japonesa, kabutiá e itália. Em relação ao tamanho do fruto, a maior preferência foi para frutos pequenos a médios (79%), ao passo que em relação ao formato 40% responderam ser o redondo. Tratando-se da cor da casca 29% responderam preferir o padrão verde escura liso, padrão de casca da cultivar comercial Tetsukabuto, seguida da casca rajada (26%) e laranja ou creme lisa (19%), mas muitos foram indiferentes (23%) e 3% responderam outros padrões como, por exemplo, verde clara com listras escuras. A cor da polpa preferida é a laranja intensa (60%), já que está associada a frutos mais saborosos, ao passo que para a cor da semente a maioria foi indiferente. Quanto aos lugares que costumam comprar abóboras e morangas 27% responderam que gostam de supermercados por ser mais cômodo, 26% no CEASA pela qualidade, 23% em feiras livres, 8% em mercadinho, 6% no que for mais próximo, 7% indiferentes e 3% citaram outros lugares, como o sacolão. Para a forma como compram os frutos, a maioria compra o fruto inteiro por ser mais higiênico (63%), muitos compram fatiado para evitar desperdício (26%), 4% sem casca na bandeja, 4% em cubos/ensacado, 2% indiferentes e 1% de outras formas como batida. Na parte culinária 45% gostam da abóbora refogada por ser mais fácil de preparar, 19% preparam como sopa, 11% como purê, 10% como doce, 2% foram indiferentes e 13% preparam de outras formas como recheada, no feijão, na salada, com leite, etc. Para a frequência do consumo, 42% respondeu semanal, 33% mais de uma vez por semana, 12% mensal, 5% consumo raro, 5% consumo diário e 3% apenas quando é época.



Quando foi perguntado se comprariam abóbora transgênica, 48% responderam que não por falta de conhecimento sobre o assunto, 40% comprariam e 12% não responderam por não terem opinião formada. Mesmo se a abóbora transgênica tivesse um menor preço, 40% dos entrevistados responderam que não comprariam. Ao serem questionados sobre a compra de produtos orgânicos, entre eles abóboras e morangas, 80% dos entrevistados responderam que compram, sendo que destes 56% gostam por ser mais saudável. Dos que responderam que não compram, cerca de 20% disseram que o motivo é o preço, 2% por causa da aparência, 1% pelo tamanho e a maioria (77%) não explicitou o motivo. Quando perguntado se os consumidores comprariam abóboras produzidas por pequenos agricultores mesmo que estas fossem de qualidade inferior em termos de aparência e tamanho, 86% responderam que comprariam para incentivá-los. Com base na amostragem desse trabalho pode-se inferir que a abóbora faz parte da dieta dos brasilienses, sendo relativamente muito consumida e apreciada, e que estes preferem qualidade e comodidade durante as compras. Em termos de padrão de fruto, há uma preferência por frutos pequenos a médios, redondos e com polpa laranja intensa.

#### **40 - AVALIAÇÃO NUTRICIONAL DE POLPA DE FRUTAS DE *Eugenia dysenterica***

Pires, L.C.; Saúde, A.C.M.; Noronha, E.F., Leonardecz - Neto.E.; Franco O.L.  
Centro de Análises Proteômicas e Bioquímicas, Universidade Católica de Brasília,  
Brasília, Distrito Federal, Brasil, ocfranco@pos.ucb.br.

Conhecida popularmente como “cagaita”, a *Eugenia dysenterica* é uma fruta nativa brasileira originária do cerrado, que surpreende por sua riqueza em recursos nutricionais. Neste sentido o presente trabalho teve como objetivo a avaliação nutricional da polpa dos frutos de *Eugenia dysenterica*. Para isso foram selecionadas e pesadas 15 polpas de diferentes matrizes, onde 50g foram extraídas com tampão de extração contendo Tris-HCl 0,1M pH 7,0 e deixados por uma hora. Em seguida o extrato bruto foi centrifugado por 25 min, a 4°C e 4000 rpm sendo o precipitado descartado e o sobrenadante submetido a inúmeros ensaios para quantificar biomoléculas nutricionais. O primeiro deles consistiu na quantificação de proteínas, utilizando o reagente de Bradford em uma absorbância de 595nm, no qual observou-se uma diferença de 59,41% entre as matrizes mais divergentes e uma concentração média de 0,344  $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ . Uma outra classe de compostos avaliados foram os monossacarídeos como a glicose, que foram quantificados utilizando o reagente 3,5 ácido dinitrossalicílico com absorbância a 550nm, o que demonstrou uma diferença de 63,6% entre as matrizes contrastantes e uma concentração média de 13,61  $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ . Além disso, também foram quantificados os polissacarídeos como o amido, utilizando lugol 0,5% com absorbância a 580 nm. Este ensaio não demonstrou diferença significativa entre as matrizes com uma concentração média de 0,003  $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ . Finalmente utilizando o método da ninhidrina (0,1%), detectado a 650 nm, quantificou-se a presença de aminoácidos resultando em uma diferença de 39,05 % entre as matrizes contrastantes e uma concentração média de 1,9169  $\mu\text{g}\cdot\text{ml}^{-1}$ . Desta forma pode-se concluir que a polpa dos frutos de *Eugenia dysenterica* possui um valor nutricional significativo com elevada concentração de proteínas e monossacarídeos e um baixo valor de polissacarídeos e aminoácidos, podendo ser utilizado para consumo humano e como fonte nutricional para pessoas de baixa renda.

Suporte financeiro: UCB

#### **41 - EXPRESSÃO SEXUAL E SISTEMA REPRODUTIVO EM ACESSOS DE GERMOPLASMA DE MELANCIA.**

<sup>1</sup>José Jr.,G.; <sup>2</sup>Queiroz; <sup>1</sup>M. A. de; <sup>1</sup>Ferreira, M. A, J. da F.; <sup>1</sup>Nass, L.L. Embrapa <sup>1</sup>Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília – DF, Brasil. <sup>2</sup>UNEB, Departamento de Tecnologia e Ciências Sociais, Juazeiro – BA, Brasil  
E-mail: aldete@cenargen.embrapa.br

A melancia (*Citrullus lanatus*) foi introduzida no nordeste do Brasil, que é considerado centro secundário de diversidade genética, na época do Brasil Colônia pelos escravos africanos. O entendimento sobre a reprodução de populações é de grande importância para que seja elaborado um adequado programa de melhoramento. A melancia tem sido considerada como uma espécie estritamente alógama. Em relação à expressão sexual as populações podem ser monóicas (plantas com flores masculinas e femininas) ou andromonóicas (plantas com flores masculinas e hermafroditas). Esse trabalho teve como objetivo caracterizar nove acessos de germoplasma de melancia para expressão sexual e avaliar o sistema reprodutivo de uma população segregante para expressão sexual (PCS). A expressão sexual foi observada avaliando-se os acessos, em condições de telado, quanto ao tipo de flor. Já o sistema reprodutivo foi avaliado com a aplicação de marcadores moleculares RAPD em progênies maternas da população PCS. Com base nos dados moleculares foi estimada a taxa de autofecundação natural ( $s$ ), as frequências alélicas ( $p_i$ ) e o coeficiente de endogamia ( $F$ ) da população PCS. Em relação a expressão sexual, os resultados indicaram que os acessos B9, B3 e P14 são andromonóicos, podendo neles ocorrer autofecundações naturais e formação de frutos normais, e que os demais são monóicos. Em termos de sistema reprodutivo ficou constatado que populações de melancia podem ser mistas, já que a população PCS apresentou 23,5% de autofecundação natural. Destaca-se a importância de obter estimativas consistentes da taxa de autofecundação de acessos de germoplasma de melancia que se pretende incluir em programas de pré-melhoramento e melhoramento genético.

## **42 - CLONAGEM E CARACTERIZAÇÃO DE SEQÜÊNCIAS REPETITIVAS NO GENOMA DE DIFERENTES ESPÉCIES DE *Arachis*.**

FONSECA, F.C.A<sup>1</sup>, NIELEN, S<sup>2</sup>., LEAL-BERTIOLI, S.C.M<sup>2</sup>., GUIMARÃES, P.M<sup>2</sup>. BERTIOLI, D.J<sup>3</sup>.

<sup>1</sup>Universidade de Brasília; <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; <sup>3</sup>Universidade Católica de Brasília.

Brasília, Brasil.

[fcafonseca@gmail.com](mailto:fcafonseca@gmail.com)

Com o conhecimento da organização física e genética do genoma de diferentes espécies de *Arachis*, sobretudo na análise de genes e seqüências repetitivas e suas posições nos cromossomos, é possível entender as características que diferenciam duas espécies entre si e auxiliar o mapeamento de elementos desejáveis visando o melhoramento do cultivo de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) por meio de cruzamentos interespecíficos. Sabendo que as seqüências gênicas são bastante conservadas entre várias espécies vegetais e que o restante do genoma sofre constantes mudanças por pressões seletivas, a análise de elementos repetitivos pode ser ferramenta importante para discriminação de espécies silvestres que apresentem um genoma mais compatível com o da espécie cultivada, facilitando o cruzamento e a introgressão dos genes de interesse. O objetivo desse trabalho foi o de isolar e caracterizar elementos repetitivos em diferentes espécies de *Arachis*. Dessa forma, foi feita clonagem de fragmentos de DNA genômico de *A. hypogaea* cortados com HindIII e os clones utilizados em Dot Blots para hibridização com DNA de *A. hypogaea* e futuro seqüenciamento. Fragmentos em tandem de DNA de *A. duranensis*, *A. stenosperma* e um híbrido entre ambos coletados de um gel de poliacrilamida e clones obtidos anteriormente através do seqüenciamento de ESTs de uma biblioteca de *A. stenosperma* e *A. hypogaea*, foram amplificados e seqüenciados utilizando-se primers específicos para tentar fechar a seqüência conhecida de um elemento que aparenta ser repetitivo. Resultados preliminares do Dot Blot permitiram selecionar os clones repetitivos para análise e seqüenciamento. O seqüenciamento dos fragmentos do gel de poliacrilamida e dos clones de HindIII permitiu ampliar ainda mais a seqüência conhecida para o elemento repetitivo. Esses resultados mostram que o elemento apresenta-se diversas vezes no genoma de *Arachis*, sendo isolado diversas vezes por diferentes técnicas. Novas enzimas e novas espécies serão utilizadas para continuar o processo de caracterização desses elementos repetitivos. Espera-se que com o conhecimento do número de cópias desse elemento por genoma haplóide, este possa ser utilizado em ensaios de hibridização fluorescente *in situ* (FISH) para estudo de como ele se comporta no genoma de diferentes espécies, permitindo uma melhor discriminação das espécies mais proximamente relacionadas umas com as outras e auxiliando na elaboração do mapa físico e genético de amendoim.

### **43 - Desenvolvimento de Marcadores Moleculares RGAs para Espécies Silvestres de *Arachis***

Ana Carolina V. F. José<sup>1</sup>, David J. Bertoli<sup>1</sup>, Patrícia M. Guimarães<sup>2</sup> e Soraya C. M. Leal-Bertoli<sup>2</sup>  
<sup>1</sup>Universidade Católica de Brasília, DF, Brasil. <sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil; email:soraya@cenargen.embrapa.br

O amendoim cultivado (*Arachis hypogaea*) é uma leguminosa de grande importância em todo o mundo. Apesar de a espécie ter um alto grau de variação morfológica, possui pouca variação genética e baixa resistência contra patógenos. O uso de espécies silvestres para a construção de um mapa genético pode ser muito prático, visto que as mesmas possuem resistências naturais a diversas pragas. O uso de marcadores moleculares baseados em PCR tem sido de grande utilidade na construção de mapas genéticos, e os marcadores baseados em análogos de genes de resistência (RGAs) têm aumentado as chances dos mesmos serem ou estarem ligados a genes de resistência. O estudo de genes de resistência revelou que existem regiões altamente conservadas dentro dos mesmos. Essas regiões, denominadas domínios, podem ser utilizadas em técnicas como o RGA-profiling, que utiliza a rapidez de um marcador PCR e a robustez de um marcador gênico. No presente trabalho, 15 *primers* desenhados para o domínio NBS foram testados em uma população F<sub>2</sub> de 93 indivíduos construída a partir do cruzamento de dois acessos selvagens contrastantes para resistência a estresse biótico. Foram encontradas 60 bandas polimórficas das quais 30 foram seqüenciadas e 14 tiveram forte homologia com RGAs no banco de dados do NCBI. Esses marcadores estão sendo adicionados a um mapa genético recém construído, o que permitirá sua correlação com resistências a patógenos para os quais os parentais contrastam. Isto é um passo importante para encontrar marcadores associados a resistências para sua utilização em programas de melhoramento assistido de amendoim.

#### **44 - RECURSOS GENÉTICOS DE MILHETO (*Pennisetum glaucum* (L.) R. Br.) NO BRASIL**

Santos, R. F.<sup>1</sup>; José Jr., G.<sup>1</sup>; Netto, D. A. M.<sup>2</sup>; Santos, F. J. <sup>2</sup>; Nass, L. L.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil; <sup>2</sup>Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, Brasil. E-mail: rodrigo@cenargen.embrapa.br

O reconhecimento da importância dos recursos genéticos é praticamente incontestável. As atividades de rotina dos bancos de germoplasma como coleta, caracterização, avaliação, documentação e conservação dos acessos demandam pesquisadores qualificados de diversas áreas do conhecimento, apresentam um custo elevado e o retorno é quase sempre a longo prazo. Além da conservação da variabilidade genética para uso futuro, outro objetivo desejado é que os acessos disponíveis sejam utilizados pela sua clientela. O objetivo deste trabalho é descrever a atual situação do acervo da Coleção de Base (COLBASE) e do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de milho mantidos, respectivamente pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e Embrapa Milho e Sorgo. Na COLBASE existem armazenados, a longo prazo, 247 acessos de milho na forma de sementes ortodoxas, mantidas sob temperatura de -20°C e umidade entre 5 e 6%. Os acessos de milho foram incorporados na COLBASE a partir de 1999 pelo intercâmbio com o BAG. Os testes de germinação inicial mostraram, em média, valores acima de 85% para as sementes armazenadas. No BAG existem armazenados 1.773 acessos de diversas origens. Aproximadamente 20% desse material foram caracterizados segundo a metodologia estabelecida pelo IBPGR/ICRISAT (1993), utilizando-se 22 descritores. A regeneração e/ou multiplicação de sementes de milho vêm sendo feitas de acordo com uma programação de 100 a 140 acessos por ano. A conservação a curto e médio prazos dos acessos de germoplasma é feita em câmara fria e seca a 10° C e 30% de umidade relativa.

Palavras-chave: Recursos Genéticos, Conservação, *Pennisetum glaucum*.

## **45 - RECURSOS GENÉTICOS DE MILHO (*Zea mays* L.) NO BRASIL**

Nass, L. L.<sup>1</sup>; José Jr., G.<sup>1</sup>; Santos, R. F.<sup>1</sup>; Andrade, R. V.<sup>2</sup>; Teixeira, F. F.<sup>2</sup>.<sup>1</sup> Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF, Brasil; <sup>2</sup> Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG, Brasil.  
lnass@cenargen.embrapa.br

O milho é cultivado em todo o território nacional, apresentando relevante papel dentro do contexto socioeconômico do país. O germoplasma de milho é constituído por raças crioulas (locais), populações adaptadas e materiais exóticos introduzidos, sendo caracterizado por uma ampla variabilidade genética. A demanda constatada junto aos fitomelhoradores por conhecimentos mais abrangentes, tanto qualitativos como quantitativos, sobre o germoplasma de milho no Brasil é cada vez mais intensa. Fato este que pode ser verificado pela grande competitividade existente no mercado pelo desenvolvimento de novas cultivares. O objetivo deste trabalho é disponibilizar as informações relacionadas aos recursos genéticos de milho existentes no Brasil. Serão descritas a atual situação do acervo da Coleção de Base (COLBASE) e do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de milho mantidos, respectivamente, pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia e Embrapa Milho e Sorgo. Desde 1975 o germoplasma de milho é mantido na COLBASE, na forma de sementes ortodoxas, com umidade entre 3 a 7% em câmaras frias com temperatura de -20°C. O monitoramento da viabilidade das sementes tem sido realizado periodicamente a cada 10 anos mostrando que as sementes, conservadas a longo prazo, têm mantido sua viabilidade em torno de 95%. No BAG existem hoje 3.767 acessos de *Zea mays* L. e sete acessos de parentes próximos do milho. Anualmente são regenerados 250 acessos pelo BAG e caracterizados outros 200. Em 2004, O BAG foi responsável pelo intercâmbio de 560 acessos para instituições externas.

Palavras-chave: Milho, Conservação, Germoplasma

**46 - SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE *L. esculentum* RESISTENTES À RAÇA 3 DE *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* DERIVADOS DE RETROCRUZAMENTOS COM *L. chilense* E *L. pennellii*.**

CUNHA, J. F.<sup>1 2 3</sup>; REIS, A<sup>1</sup>.; BOITEUX, L. S.<sup>1</sup>; GIORDANO, L. B.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Centro Nacional de Pesquisa em Hortaliças, Embrapa Hortaliças, Brasília, Brasil <sup>2</sup>Instituto de Química da Universidade de Brasília; <sup>3</sup>Bolsista do Programa Institucional de Iniciação Científica-PIBIC, CNPq. \*E-mail: jfeitoza@cnph.embrapa.br

A murcha-de fusário, causada por três raças do fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (FOL), é uma das principais doenças da cultura do tomateiro. O aparecimento da raça 3 de FOL no Brasil poderá causar grandes prejuízos, até que cultivares resistentes a essa nova raça sejam desenvolvidas. Técnicas de retrocruzamentos visando a introgressão de genes de espécies selvagens têm se mostrado eficazes na incorporação da resistência em *L. esculentum*. O objetivo deste trabalho foi avaliar a resistência de genótipos de tomateiro, provenientes de retrocruzamentos com *L. chilense* e *L. pennellii*; à raça 3 de FOL. A resistência de um grupo de 41 genótipos a um isolado da raça 3 foi avaliada em casa de vegetação. O fungo foi inoculado nas raízes de 15 plantas de cada linhagem, 15 dias após o semeio. Para cada acesso, foram feitas avaliações semanais em que verificou-se a porcentagem de plantas resistentes a doença. Na última avaliação, os caules das plantas foram recortados para observação da presença ou ausência de necrose vascular na planta. Do grupo avaliado, apenas 21,9% apresentaram alta resistência ao patógeno, mantendo-se 66,7 a 80% de plantas resistentes. A maior parte dos acessos avaliados (46,3%), apresentou-se com resistência considerada média (40 a 60% de plantas resistentes), enquanto 31,7% mostrou-se com baixa resistência ao patógeno. Do grupo com alta resistência ao fungo, destacaram-se dois genótipos provenientes do segundo retrocruzamento entre (Viradoro x 410) x Ohio 8245, com 80% de resistência, e o F<sub>2</sub> do cruzamento CNPH 1496 x 816 x CNPH 409, com 66,7% de resistência, provenientes dos acessos *L. chilense* e *L. pennellii*, respectivamente. Os genótipos que demonstraram alta resistência à doença serão autofecundados e retrocruzados para linhagens com boas características comerciais visando desenvolver linhagens resistentes à raça 3 de FOL.



**47 - ESTUDO DA VARIABILIDADE ENTRE ESPÉCIES SILVESTRES E CULTIVADAS DE *ANTHURIUM*.**

Oliveira, D.S.<sup>1,2</sup>, Paiva, W.O.<sup>3</sup>, Ferreira, M.A.<sup>1</sup>, Gontijo, S.L.<sup>1,2</sup>, Marques, J.M.<sup>1,2</sup>, Campestrini, A.H.<sup>1,2</sup>, Amaral, Z.P.S.<sup>1</sup>, Buso, G.S.C.<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia C.P. 02372, 70.770-900, Brasília, DF, Brasil;

<sup>2</sup>Graduação UnB, Brasília-DF;

<sup>3</sup>Embrapa Agricultura Tropical C.P. 3761, 60511-110, Fortaleza, CE, Brasil.

Email: [deborah13unb@yahoo.com.br](mailto:deborah13unb@yahoo.com.br)

Os antúrios pertencem à família Araceae e ao gênero *Anthurium*, sendo conhecidas mais de 600 espécies. O antúrio comumente cultivado para flor de corte é da espécie *Anturio andraeanum* Lind., originário da Colômbia, entretanto, outras espécies têm potencial para uso de folhas cortadas ou como planta de vaso. O agronegócio de plantas ornamentais no Brasil responde por um PIB estimado em US\$ 1,5 bilhões. O Nordeste vem se destacando como grande produtor e exportador de flores tropicais. Visando o incremento do cultivo de antúrio nesta região, espécies exóticas e cultivadas foram coletadas em diferentes localidades. Para o melhoramento é necessário confirmar a classificação inicial e a distribuição da variabilidade genética dos acessos. Este trabalho teve por objetivo analisar a diversidade genética de acessos do gênero *Anthurium* do banco de germoplasma da Embrapa Agroindústria Tropical por meio de marcadores moleculares. A análise de 145 acessos, compreendendo 8 espécies, foi feita com marcadores RAPD. Até o momento foram utilizados 21 primers e marcadores polimórficos identificados possibilitaram observar grande variação na similaridade.

Em geral, houve agrupamento dos indivíduos de acordo com as espécies, no entanto dois acessos classificados inicialmente como *A. lindmanianum*, tiveram perfis de bandas comuns aos acessos classificados como *A. affine*.

#### **48 - MAPEAMENTO FISICO DE ELEMENTOS REPETITIVOS EM *Arachis sp.***

<sup>1</sup>Nielen S., Fonseca F.C. <sup>2</sup>, <sup>1</sup>Proite K., <sup>1</sup>Fávero A.P., <sup>1</sup>Leal-Bertioli S.C.M., <sup>1</sup>Guimarães P.M., <sup>3</sup>Bertioli D.J.

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; Universidade de Brasília, <sup>3</sup>Universidade Católica de Brasília.

Brasília, Brasil

stephan@cenargen.embrapa.br

A técnica de hibridização *in situ* por fluorescência (FISH) traz uma nova e ampla dimensão para a análise de cromossomos, pois potencialmente permite a identificação de cromossomos individuais em qualquer espécie e o estabelecimento de agrupamentos de ligação genética com os cromossomos, além de permitir que estes possam ser rastreados em programas de melhoramento. Isso é especialmente importante quando cromossomos únicos contendo genes de interesse ou combinações/complexos gênicos são utilizados. Comparações entre mapeamentos físico e genético têm demonstrado baixa correlação entre as distâncias entre marcadores e/ou genes e suas distâncias dentro do cromossomo ou em grandes contigs. Portanto, o conhecimento da localização física no cromossomo de seqüências geneticamente mapeadas é uma ferramenta indispensável para o mapeamento baseado em clonagem e para o sucesso da introgressão de características de interesse em outras variedades ou espécies. O amendoim cultivado (*A. hypogaea*) é uma espécie alotetraplóide (genoma AABB,  $2n = 4x = 40$ ), que deriva de um evento de hibridização espontânea entre duas espécies diplóides de *Arachis*, muito provavelmente *A. duranensis* (AA,  $2n = 20$ ) e *A. ipaensis* (BB,  $2n = 20$ ). A diversidade genética de *A. hypogaea* é baixa e a espécie apresenta alta suscetibilidade aos fungos foliares, que constituem algumas das principais limitações ao cultivo do amendoim na América Latina. No entanto, resistências a estes patógenos podem ser encontradas em recursos genéticos diplóides selvagens de *Arachis* originados exclusivamente na América do Sul. Projetos em andamento no Cenargen estão focados na introgressão de resistências a doenças em amendoim cultivado (*Arachis hypogaea*) por meio de ressíntese e subsequente hibridização dos anfidiplóides com as variedades selecionadas. O objetivo do trabalho apresentado foi analisar a distribuição e a organização de seqüências repetitivas de DNA no genoma de espécies diplóides de *Arachis*, assim como no genoma de *A. hypogaea* e no de anfidiplóides sintéticos, contribuindo para o mapeamento físico de seus genomas. Genes ribossomais de RNA (18S-5.8S-26S rDNA e 5S rDNA) representados por muitas centenas de unidades de seqüências codificantes e de espaçadores intergênicos repetidos em tandem foram usados como sondas em experimentos FISH tendo sido detectados os seus sítios nos cromossomos individuais. Além disso, foram realizadas a caracterização molecular e o mapeamento físico de um novo elemento repetitivo derivado de um clone de seqüência EST (*Expressed Sequence Tags*) de *A. stenosperma* em cromossomos mitóticos de *Arachis* enriquecendo a informação sobre a estrutura dos seus genomas.

#### **49 - RECURSOS GENÉTICOS DE SORGO (*Sorghum bicolor* L.) NO BRASIL**

José Jr., G.<sup>1</sup>; Santos, R. F.<sup>1</sup>; Netto, D. A. M.<sup>2</sup>; Santos, F.J.<sup>2</sup>; Nass, L. L.<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF, Brasil; <sup>2</sup>Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas-MG, Brasil. glaucoj@cenargen.embrapa.br

A disponibilidade de germoplasma é de fundamental importância para o melhoramento de qualquer espécie. Assim todo programa de melhoramento depende, em última análise, dos recursos genéticos existentes nos bancos de germoplasma ou em uso pelos agricultores. A competitividade existente no mercado pelo desenvolvimento de novas cultivares de sorgo exige conhecimentos mais abrangentes, tanto qualitativos como quantitativos, sobre o germoplasma disponível no Brasil. Um dos principais objetivos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia é a conservação de sementes a longo prazo em sua Coleção de Base (COLBASE). Este trabalho tem por finalidade detalhar informações sobre o acervo brasileiro de recursos genéticos de sorgo, onde são incluídas informações da COLBASE e do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) da Embrapa Milho e Sorgo. Hoje na COLBASE, existem armazenados, na forma de sementes ortodoxas, 3.603 acessos de sorgo. Aproximadamente 99% desses materiais foram introduzidos na COLBASE pelo intercâmbio com o BAG. Os acessos são mantidos em câmaras frias com temperaturas subzero (-20°C) e umidade entre 3 e 7% passando periodicamente por processos de monitoramento. No BAG estão armazenados 7.213 acessos, mantidos em câmara fria com temperatura de 10°C e umidade próxima de 25%. Aproximadamente 55% desse material estão caracterizados. Durante o período de 1999 a 2001 foram disponibilizados 2.333 acessos para atender programas de pesquisas.

Palavras-chave: Recursos Genéticos, Conservação, *Sorghum bicolor*.

**50 - UTILIZAÇÃO DE CDNA-AFLP PARA ANÁLISE DE EXPRESSÃO DE DE *ARACHIS STENOSPERMA* EM RESPOSTA À INFECÇÃO DE *PUCCINIA ARACHIDIS* E *CERCOSPORIDIUM PERSONATUM*.**

Guedes, L.<sup>1,2</sup>, Guimarães, P. M.<sup>2</sup>, Bertoli, D. J.<sup>2,3</sup>, Fávero, A.P.<sup>2</sup> & Leal-Bertoli, S. C. M.<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília, Brasília, Brasil

<sup>2</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil

<sup>3</sup>Universidade Católica de Brasília, Brasília, Brasil

[soraya@cenargen.embrapa.br](mailto:soraya@cenargen.embrapa.br)

As cultivares de amendoim mais plantadas no Brasil, *A. hypogaea* cv. Tatu e IAC-Runner são ambas suscetíveis a várias doenças fúngicas, além de terem baixa variabilidade genética (Moraes & Godoy, 1995). Espécies silvestres são uma fonte comprovada de resistências a diversas pragas e patógenos, além de terem ampla variabilidade genética. O acesso V10309 de *Arachis stenosperma*, por exemplo, tem alta resistência a várias espécies de nematóides das galhas e de doenças foliares, apresentando-se como uma rica fonte de genes. A técnica de polimorfismo de tamanho de fragmentos amplificados (AFLP) de DNA complementar (cDNA) tem sido amplamente utilizada em várias espécies para estudos de expressão gênica. O objetivo deste trabalho foi o de avaliar os perfis de expressão de plantas de *A. stenosperma* V10309 inoculadas com o agente causal da ferrugem, *Puccinia arachidis* e da mancha preta, *Cercosporidium personatum* por cDNA-AFLP. RNA total de *A. stenosperma* V10309 foi isolado para a confecção de cDNA. No total, foram utilizadas oito combinações de primers, observando-se 96 bandas polimórficas (fragmentos isolados derivados de transcritos ou TDFs). 56 TDFs foram reamplificados e seqüenciados. Análise das seqüências foi feita pelo software STADEN. Foram obtidos 13 contigs de boa qualidade (Phred 20). Foram observados cinco TDFs que correspondem a genes diversos, inclusive envolvidos no processo de resistência. Genes relacionados a fosfoesterase, helicase, proteína LRR e uma misteriosa proteína de “torcicolo” de drosófila foram identificados por homologia no BLAST. Este trabalho constitui o primeiro estudo molecular de interação de doenças fúngicas e uma espécie silvestre de *Arachis* resistente aos patógenos estudados.

## **51 - CARACTERIZAÇÃO DE NOVOS PRIMERS SSR E ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE ACESSOS DE FEIJÃO COM MARCADORES MICROSSATÉLITES.**

Lamas, N.S.<sup>1</sup>; Ohse, B.J.G.<sup>1</sup>; Junqueira, L.P.<sup>1</sup>; Cerqueira, A.A.<sup>1</sup>; Amaral, Z.P.S.<sup>1</sup>; Ferreira, M.A.<sup>1</sup>; Buso, G.S.C.<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia- Brasília, Brasil.

[nattyruets@yahoo.com.br](mailto:nattyruets@yahoo.com.br)

Cultivado por pequenos e grandes produtores, em diversificados sistemas de produção e em todas as regiões brasileiras, o feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris*) reveste-se de grande importância econômica e social. Apesar da importância, a produtividade média desta cultura não tem crescido. Uma alternativa para incrementar esta produtividade é a melhor utilização dos recursos genéticos existentes como fonte de variabilidade genética nos programas de melhoramento da cultura. O conhecimento desta variabilidade é importante para incrementar a utilização do germoplasma no melhoramento genético. Para tanto, os marcadores moleculares fornecem segura estimativa da diversidade genética. Microssatélites (SSRs) são marcadores genéticos apropriados para esse fim, pois são baseados em PCR, têm herança codominante, alto conteúdo de informação, são multialélicos e podem ser semi-automatizados em ensaios com multiplex. Este trabalho teve como objetivo a caracterização de novos SSRs, desenvolvidos a partir de bibliotecas genômicas enriquecidas e o estudo da variabilidade de 84 acessos representativos da coleção de germoplasma mantida na Embrapa Arroz e Feijão utilizando os marcadores caracterizados. Os dados foram analisados considerando a amplitude alélica, tamanho de cada loco SSR amplificado, número de alelos por loco e diversidade alélica para a caracterização de cada loco polimórfico e a presença ou ausência para a análise de variabilidade. Observou-se a ocorrência de vários primers monomórficos. Na análise de variabilidade notou-se a formação de dois grupos principais, um contendo acessos de *P. vulgaris* e o outro com *P. lunatus* e dentro de *P. vulgaris* formaram-se pequenos agrupamentos. A caracterização desses novos microssatélites de feijão indica a potencial utilidade dos mesmos em estudos de variabilidade e estrutura genética das coleções, de mapeamento de características importantes e utilização futura na seleção assistida por marcadores e análise de pedigrees.

**52 - GERMINAÇÃO *IN VITRO* DE SEMENTES DE ARNICA ( *Lychnophora ericoides* Mart.) : UMA ESPÉCIE AMEAÇADA DE EXTINÇÃO.**

SILVA, A.A., CARDOSO, L.D., MENDES, R.A.;

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia Brasília-DF, adrianaipe2003@yahoo.com.br

A crescente destruição dos ecossistemas através da conversão de paisagens naturais em agricultura e pastagem e do extrativismo predatório tem se constituído na principal ameaça a biodiversidade. A crescente demanda da indústria farmacêutica em todo o mundo constitui ameaça à conservação de plantas medicinais, na forma como vem sendo atendida. Segundo dados da Sociedade Brasileira de Botânica, a arnica (*Lychnophora ericoides*) encontra-se ameaçada de extinção devido ao extrativismo predatório. Essa espécie é endêmica, habitando principalmente regiões montanhosas com afloramentos rochosos de quartzito ou arenito em Campos Rupestres, com altitudes entre 800 m a 2000m. No aspecto fármaco-terapêutico a arnica é empregada em machucados, contusões, inchaços, hematomas, atividades antitumoral, antitripanocida e antimicrobiana, como antiinflamatório, aromatizador, anestésico, cicatrizante. Além de apresentar potencial ornamental (Costa, 2003). O objetivo deste trabalho foi avaliar a taxa de germinação *in vitro* de sementes de arnica em diferentes meios e estabelecer um protocolo para estabelecimento e multiplicação. A coleta dos frutos foi feita na Fazenda Água Limpa- FAL, UnB entre os meses de março e abril de 2005. Por meio de teste densimétrico os aquênios foram separados em cheios e chochos, e posteriormente lavados com hipoclorito 1%. Dos aquênios foram extraídas as sementes, que após o tratamento asséptico com hipoclorito 0,5% foram inoculados nos seguintes meios: MS, ½ MS, WPM e ½ WPM. Após uma semana, algumas plântulas já apresentavam radícula. Foi observada uma alta taxa de contaminação (54,7%) e taxa de germinação de 75%. Desconsiderando-se os tubos contaminados, houveram as seguintes taxas de germinação, com bom desenvolvimento da raiz: meio MS (45%); ½ MS (60%); WPM (82%) e ½ WPM (91%). Observou-se uma maior taxa de germinação nos meios WPM e ½ WPM, que possuem baixa concentração de nutrientes e são muito utilizados para espécies lenhosas.

### **53 - ANÁLISE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE ALGODÃO COM USO DE MARCADORES MOLECULARES MICROSSATÉLITES**

Mendonça, LPC<sup>1</sup>, Castilho, YG<sup>2</sup> & Ciampi, AY<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília- UnB, <sup>2</sup>Centro Universitário de Brasília - UniCEUB; <sup>3</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Brasília, Brasil. liviapcm@yahoo.com.br

*Gossypium barbadense* é uma espécie silvestre naturalizada, amplamente distribuída no Brasil. Esta já era cultivada por indígenas antes do descobrimento. Atualmente é encontrada mais frequentemente em fundos de quintais, em zonas rurais e urbanas de muitos estados, sendo utilizada como planta medicinal. O Brasil é considerado um importante centro de diversidade de *Gossypium* com ocorrência da espécie silvestre *G. mustelinum*, da silvestre naturalizada *G. barbadense*, e da cultivar comercial *G. hirsutum* que gera grande produção da fibra de algodão. O sistema reprodutivo das espécies *G. hirsutum* e *G. barbadense* evidencia que estas são sexualmente compatíveis. Com o objetivo de verificar a presença de alelos do algodão comercial-*G. hirsutum* em *G. barbadense* ou vice-versa, foram realizadas genotipagem com uso de marcadores SSR - *Simple Sequence Repeats*. O polimorfismo desse marcador é baseado nas diferenças de comprimento das seqüências amplificadas, de acordo com o número de repetições em cada microssatélite que é altamente variável no genoma. Amostras de folhas de indivíduos adultos de *G. barbadense* foram coletadas em uma região (Chácara Brasmen), da cidade de Santa Helena, Goiás. O DNA genômico foi extraído segundo o protocolo CTAB 2%. Noventa indivíduos de *G. barbadense* e 4 variedades de *G. hirsutum* mais cultivada na região foram genotipados com o loco SSRs 3103. A detecção da amplificação dos fragmentos foi realizada em gel desnaturante de poliacrilamida 4%, corado com nitrato de prata, sempre comparando uma amostra de *G. hirsutum* com os indivíduos *G. barbadense*. As análises estão sendo realizadas com mais três *primers* disponíveis. Sendo *G. barbadense* e *G. hirsutum* espécies alotetraplóides foi possível verificar a amplificação de dois locos no *primer* utilizado. A amplitude dos fragmentos obtidos foram de acordo com os resultados já disponíveis na literatura, onde esses *primers* foram utilizados para mapeamento genético de *G. barbadense*. Neste estudo, não foi observado nenhum alelo de *G. hirsutum* nos indivíduos *G. barbadense*, mesmo sendo da região de Goiás onde ocorre intensivo cultivo de algodão comercial.

## **54 - CONSTRUÇÃO DE UM MAPA GENÉTICO DE UMA POPULAÇÃO DE *Capsicum annuum* UTILIZANDO MARCADORES MICROSSATÉLITES.**

Marques, J.M.<sup>1</sup>; Ferreira, M.A.<sup>1</sup>; Moretzsohn, M.C.<sup>1</sup>; Ribeiro, C.S.C<sup>2</sup>; Buso, G.S.C<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, Brasil;

<sup>2</sup>Embrapa Hortaliças, Brasília, Brasil.

e-mail: Jaquem2@yahoo.com.br

A produção brasileira de frutos do gênero *Capsicum* está estimada em cerca de 280.000 toneladas por ano, o que destaca o país como um grande produtor. Essa produção poderia ser maior, entretanto, a ocorrência de doenças tem dificultado o cultivo de *Capsicum* no Brasil afetando a qualidade dos seus frutos, entre elas destacam-se o mosaico, causado pelo potyvirus Pepper Yellow Mosaic Virus (PepYMV) e a murcha-de-fitófitor, causada pelo fungo *Phytophthora capsici*. Atualmente, o melhoramento genético de plantas está utilizando ferramentas que possibilitam a obtenção de resultados mais rápidos e precisos, dentre elas pode-se citar os mapas genéticos, obtidos por meio de marcadores moleculares do tipo microssatélites, os quais apresentam expressão co-dominante, elevado polimorfismo e distribuição freqüente ao longo do genoma eucarioto. Este trabalho objetivou o desenvolvimento de um mapa genético para *Capsicum annuum* utilizando marcadores microssatélites, com avaliação fenotípica para resistência à murcha-de-fitófitor e ao mosaico do PepYMV. A população utilizada para o mapeamento é composta de 186 indivíduos F<sub>2</sub>, proveniente do cruzamento intraespecífico de cultivares contrastantes para resistência às referidas doenças. A genotipagem dos indivíduos F<sub>2</sub> foi feita com o emprego de marcadores microssatélites desenvolvidos no Laboratório de Genética de Plantas/Embrapa – Recursos Genéticos e Biotecnologia. O DNA foi extraído das folhas dos indivíduos parentais, F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub> seguindo o protocolo CTAB 2 %. Para amplificação do DNA foram feitas reações de PCR dos locos SSR. O DNA amplificado nas reações de PCR foi visualizado em gel de agarose 3,5 % com brometo de etídio fotografado sob luz UV e em gel de poliacrilamida 5% corado com nitrato de prata. Os 275 pares de iniciadores microssatélites originalmente desenvolvidos foram testados para avaliar o polimorfismo entre os parentais do cruzamento. Destes, 50 apresentaram polimorfismo, mas somente 37 foram empregados na construção do mapa por meio do programa Mapmaker, sendo mapeados em 8 grupos de ligação. Essa baixa taxa de polimorfismo pode ser explicada pelo fato do cruzamento ser intraespecífico, tendo os indivíduos uma base genética muito próxima. Novos marcadores estão sendo testados a fim de se obter um mapa mais completo, baseado principalmente em marcadores microssatélites.



## **55 - DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE MANDIOCA PARA INDÚSTRIA ACESSADA POR MEIO DE CARACTERES FENOTÍPICOS**

Vieira, E.A.<sup>1</sup>.; Fialho, J.F.<sup>1</sup>.; Fukuda, M.W.G.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Cerrados, Rodovia BR 020, km 18, Caixa Postal 8223, CEP 73310-970 Planaltina, DF. E-mail: [vieiraea@cpac.embrapa.br](mailto:vieiraea@cpac.embrapa.br); [josefino@cpac.embrapa.br](mailto:josefino@cpac.embrapa.br); <sup>2</sup> Embrapa Mandioca e Fruticultura, Rua Embrapa sn, Cruz das Almas-BA. E-mail: [wfukuda@cnpmf.embrapa.br](mailto:wfukuda@cnpmf.embrapa.br)

A análise da distância genética é uma ferramenta auxiliar de grande importância em programas de melhoramento e um importante elo entre a conservação e a utilização dos recursos genéticos disponíveis. Em um programa de melhoramento genético, o ganho genético alcançado por meio da seleção artificial está relacionado diretamente com a quantidade de variabilidade presente na população segregante e com a qualidade dos genes herdados dos genitores. O presente trabalho teve como objetivo estimar a distância genética entre seis cultivares de mandioca para indústria (IAC 12, Roxinha, IAC 15, IAC 14, Fécula Branca e CNPMF 9661/06), por meio da utilização de seis caracteres fenotípicos (peso da parte aérea, rendimento de raízes, altura da planta, altura da primeira ramificação, porcentagem de amido e índice de colheita). O experimento foi conduzido no ano agrícola 2004/2005 na área experimental da Embrapa Cerrados, em Planaltina/DF. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com três repetições. Os dados aferidos foram submetidos à análise de variância, ao teste de comparação de médias de Scott e Knott e foi estimada a matriz de distâncias de Mahalanobis entre todos os genótipos e com base na matriz de distâncias foi construído um dendrograma e a significância dos agrupamentos foi determinada por meio da análise de bootstrapping com 1000 replicações. Os resultados da análise de variância univariada evidenciaram a existência de diferenças genéticas entre os genótipos estudados, uma vez que foram detectadas variações significativas ( $P < 0,05$ ) para todos os caracteres aferidos. Dentre os caracteres aferidos o que revelou o maior número de classes distintas no teste de comparação de médias foi o caráter altura da primeira ramificação (3 classes) enquanto que os demais evidenciaram apenas duas classes. À distância de Mahalanobis, revelou como constituições genéticas mais similares IAC 12 e Roxinha e como mais distantes Fécula Branca e IAC 14. O dendrograma gerado e a análise de *bootstrapping* proporcionaram a divisão dos genótipos em dois grupos: i) IAC 12, Roxinha, IAC 15 e IAC 14 - com 100% de repetibilidade de agrupamento em 1000 ciclos *bootstrapping*; ii) Fécula Branca e CNPMF 9661/06. A existência de divergência genética não pode ser utilizada como único critério para a definição de cruzamentos, nesse sentido os resultados do experimento mostraram que apesar dos genótipos Fécula Branca e CNPMF 9661/06 serem divergentes em relação aos demais, os mesmo não devem ser priorizados para hibridações artificiais uma vez que expressaram baixo rendimento de raízes, porcentagem de amido e índice de colheita. Entretanto, cabe ressaltar que esse experimento deve ser repetido por um maior número de anos e locais a fim de se estimar com maior precisão a média dos caracteres e as distâncias genéticas entre os cultivares.

## **56 - DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE MANDIOCA MANSA ACESSADA POR MEIO DE CARACTERES FENOTÍPICOS**

Vieira, E.A.<sup>1</sup>; Fialho, J.F.<sup>1</sup>; Fukuda, M. W. G.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Embrapa Cerrados, Rodovia BR 020, km 18, Caixa Postal 8223, CEP 73310-970 Planaltina, DF. E-mail: [vieiraea@cpac.embrapa.br](mailto:vieiraea@cpac.embrapa.br); [josefino@cpac.embrapa.br](mailto:josefino@cpac.embrapa.br); <sup>2</sup> Embrapa Mandioca e Fruticultura, Rua Embrapa sn, Cruz das Almas-BA. E-mail: [wfukuda@cpac.embrapa.br](mailto:wfukuda@cpac.embrapa.br)

O melhoramento genético está fundamentado na seleção de genótipos superiores em populações segregantes, que normalmente são obtidas por meio do cruzamentos artificiais. A distância genética quando combinada com o conhecimento do comportamento dos possíveis genitores pode ser uma alternativa na indicação de genitores com alta capacidade de combinação. Tal expectativa decorre do da heterose e da capacidade específica de combinação entre dois genitores dependerem da existência de dominância no controle do caráter e da divergência genética. O trabalho teve como objetivo estimar a distância genética entre sete cultivares de mandioca mansa (BGMAC 753, BGMAC 1096, BGMAC 751, BGMAC 982, Vassourinha, BGMAC 34 e Americana), por meio da utilização de sete caracteres fenotípicos (peso da parte aérea, rendimento de raízes, altura da planta, altura da primeira ramificação, porcentagem de amido, cozimento e índice de colheita). O experimento foi conduzido no ano agrícola 2004/2005 na área experimental da Embrapa Cerrados, em Planaltina/DF. O delineamento experimental foi o de blocos casualizados com três repetições. Os dados aferidos foram submetidos à análise de variância, ao teste de comparação de médias de Scott e Knott e foi estimada a distância de Mahalanobis entre todos os genótipos. Com base na matriz de distâncias foi construído um dendrograma e a significância dos agrupamentos foi determinada por meio da análise de bootstrapping com 1000 replicações. Os resultados da análise de variância evidenciaram a existência de diferenças genéticas entre os genótipos, uma vez que foram detectadas variações significativas ( $P < 0,05$ ) para todos os caracteres, menos o rendimento de raízes. A inexistência de variação para o caráter rendimento de raízes, pode ser explicado pelo fato dos genótipos estudados serem elite e que dessa forma apresentam elevado potencial produtivo. Dentre os caracteres aferidos o que revelou o maior número de classes no teste de comparação de médias foi a porcentagem de amido (4 classes). À distância de Mahalanobis, revelou como mais similares BGMAC 753 e BGMAC 1096 e mais distantes Americana e BGMAC 34. O dendrograma e a análise de *bootstrapping* proporcionaram a divisão dos genótipos em quatro grupos: i) BGMAC 753, BGMAC 1096, BGMAC 751 e BGMAC 982 - com 100% de repetibilidade de agrupamento em 1000 ciclos *bootstrapping*; ii) Vassourinha; iii) 34; iv) Americana. Os resultados apontaram para a possibilidade da utilização dos cultivares Americana e Vassourinha em cruzamentos com os cultivares do grupo i, em função desses evidenciarem divergência genética com o grupo i e do cultivar Americana ter revelado o menor tempo de cozimento e a Vassourinha o maior índice de colheita. Entretanto, deve ser ressaltada a necessidade da condução dos experimentos por um maior número de anos e locais para se estimar com maior precisão o desempenho dos cultivares e as distâncias genéticas.

## **57 - SISTEMA BRASILEIRO DE INFORMAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS – SIBRARGEN**

COSTA, I. R. S. e CAJUEIRO, E. V. de M. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília – DF, Brasil. [sias@cenargen.embrapa.br](mailto:sias@cenargen.embrapa.br)

A demanda inicial, para o desenvolvimento do Sibrargen, foi gerada no âmbito dos recursos genéticos com objetivo de organizar, agrupar, categorizar e padronizar dados e informações produzidas nas atividades com germoplasma vegetal. No entanto, como na Embrapa a maioria dos curadores está também envolvida com o melhoramento, foi necessário adequar o sistema para atender, embora em parte, estes pesquisadores. Os fitomelhoradores podem manejar dados e informações criando, no sistema, coleções específicas com acesso restrito através de senha pessoal. O objetivo é armazenar e tornar acessíveis informações sobre os recursos genéticos vegetais, animais e microbiano mantidos nos Bancos de Germoplasma - BAG e/ou Coleções. O banco de dados é centralizado, localizado em Brasília – DF, e formado por bases temáticas, complementares e inter-relacionadas com informações sobre passaporte, taxonomia, intercâmbio, quarentena, caracterização, avaliação, coleta, Colbase, coleção *in vitro* e BAG ou Coleções. Estas bases de dados estão estruturadas para armazenar informações sobre os acessos que têm como elo 'identificador chave' o Código do Brasil, ou Código Local. O sistema é acessado pela Internet e no caso da Embrapa, também pelo EmbrapaSat. Por meio do Sibrargen é possível integrar em um só banco de dados, todas as informações geradas nas atividades com recursos genéticos realizadas nos bancos de germoplasma ou coleções específicas e, facilitar uso destas informações por pesquisadores da academia, da extensão rural, do fitomelhoramento, indigenistas além, dos próprios curadores em suas atividades diárias. Existe um conjunto de informações que necessitam ser obtidas e/ou resgatadas e incorporadas ao acesso que são os dados de passaporte. Nestes se incluem: gênero e espécie, denominações, siglas e códigos, forma de obtenção original (pré-melhoramento, melhoramento, coleta, introdução, procedimentos biotecnológicos como OGM, mutações naturais ou induzidas etc.), unidade da federação, município e coordenadas geográficas do local de coleta ou de onde foram realizados os cruzamentos, número do(s) coletor(es), posição de aperfeiçoamento (raça local, espécie silvestre, híbrido, linhagem, clone etc.) e país/instituição de procedência. No Sibrargen é utilizado o conceito de passaporte expandido, onde além das informações mencionadas existe espaço para: formas de conservação, usos do acesso e dados complementares, se fazem parte ou não da coleção de base ou nuclear e se houve caracterização ou avaliação. É importante que curadores e pesquisadores ao intercambiarem germoplasma se empenhem em obter os dados originais do acesso. Adotando este procedimento, isto é, resguardar os nomes, os códigos e as siglas originais, duplicações poderão ser evitadas. O módulo BAG do Sibrargen permite o manejo dos dados gerados nos bancos de germoplasma e/ou coleções da Embrapa e de instituições parceiras. Inclui dados de passaporte, caracterização e avaliação. A versão atual permite a entrada de descritores, de valores observados para cada descritor e o manejo das informações de caracterização e avaliação registradas.

## 58 - ESTUDO DA CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO DE HÍBRIDOS DE MILHO UTILIZANDO A ANÁLISE DE FATORES

Ricardo Gonçalves Silva<sup>11</sup>, Glauco Vieira Miranda<sup>12</sup> e João Carlos Cardoso Galvão<sup>2</sup>

O objetivo deste trabalho foi estudar a capacidade de combinação de híbridos comerciais de milho, por meio da técnica de análise de fatores. Utilizaram-se cinco híbridos comerciais de milho, AG 122, AG 405, AG 8012, C 505 e C 901, que foram cruzados entre si, em esquema dialélico, obtendo-se as combinações híbridas. Foram instalados dois experimentos, um na Estação Experimental de Coimbra, no município de Coimbra-MG, e o outro na Estação Experimental do Aeroporto, no município de Viçosa-MG, ambas pertencentes à Universidade Federal de Viçosa (UFV). Cada experimento foi constituído de dez tratamentos, representados pelas combinações híbridas dos cinco genitores. Utilizou-se o delineamento experimental em blocos casualizados, com duas repetições. A parcela experimental foi constituída de duas linhas de 5,0 m de comprimento, espaçadas de 0,9 m, com 25 plantas por linha, constituindo uma população de aproximadamente 55.000 plantas por hectare. Nos dois locais, foram avaliados os componentes da produção de grãos de milho. Para cada local, foi realizada a análise de fatores e, em seguida, a análise dialélica (univariada) dos escores dos fatores que envolveram, no mínimo, 75% da variação total e, ou, tantos fatores comuns quantos forem os autovalores maiores ou iguais à unidade, sendo determinadas as capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação para cada um dos fatores. Para esta análise, utilizou-se o método 4, proposto por Griffing, apenas  $F_1$ 's. Pelos resultados, a análise dialélica com base nos escores da análise de fatores foi eficiente para estimar a CGC e CEC dos genitores e das combinações híbridas de híbridos comerciais de milho.

---

<sup>11</sup> Universidade Federal de Viçosa – UFV, 36570-000 Viçosa, MG. Doutorando em Genética e Melhoramento. Bolsista do CNPq. rgoncalves@vicosa.ufv.br

<sup>12</sup> UFV, Dep. de Fitotecnia. Bolsista do CNPq.

## 59 - AVALIAÇÃO DE CULTIVARES DE FEIJOEIRO COMUM COM TIPO DE GRÃO PRETO EM UNAÍ – MG NA SAFRA DE INVERNO DE 2004

Ricardo Gonçalves Silva<sup>13</sup>, Danilo Eugênio Rocha<sup>14</sup> e Luis Cláudio de Faria<sup>15</sup>

O objetivo deste trabalho foi avaliar o desempenho de cultivares de feijão preto na safra de inverno no município de Unaí - MG. O experimento composto de vinte cultivares de feijão preto, integrante da rede de ensaios de valor de cultivo e uso (VCU), coordenados pela Embrapa Arroz e Feijão, no Campus Experimental Morada Nova, pertencente à Faculdade de Ciências e Tecnologia de Unaí (FACTU) no município de Unaí – MG. O delineamento experimental utilizado foi em blocos ao acaso com três repetições. A parcela experimental foi composta de 4 linhas de 4 m espaçadas de 0,4m, com 12 plantas/metro, representando uma população de aproximada de 300.000 plantas/hectare. A área útil da parcela foi as duas linhas centrais. A adubação de plantio foi de 450 kg/ha da fórmula 05-25-15. Nos estádios V3 e V4, foram realizadas as adubações de cobertura com 110 kg/ha de uréia em cada. Avaliou-se as características peso de grãos por parcela e número de dias após a emergência (DAE) para o florescimento. O peso de grãos por parcela foi transformado para peso de grãos por hectare (produtividade) e corrigidos para 13% de umidade. Observou-se que as linhagens avaliadas mostraram diferenças entre si ao nível de 5% de probabilidade, pelo teste F, obtendo-se uma média de 2.181 kg ha<sup>-1</sup>, com variação de 1.462 kg ha<sup>-1</sup> a 2.919 kg ha<sup>-1</sup>, evidenciando alto potencial para o rendimento das linhagens avaliadas. As linhagens de melhor adaptação, ou seja, aquelas que apresentaram rendimentos médios de grãos acima da média geral, constitui-se em alternativas importantes para exploração nessa região. No entanto, verifica-se que existem linhagens em teste (VP3, Vi 5700P, VP4, VP12, VP2, Vi 7800P, VP1, VP8, Vi 5500P, VP5 e VP6) que foram superiores a uma testemunha (Ouro Negro), mostrando-se promissoras para a região de Unaí – MG. Em relação ao florescimento, verificou-se que não houve diferença significativa para tal característica, indicando comportamento semelhante entre as linhagens. Em média, as linhagens floresceram com 51 dias após a emergência (DAE), entretanto, as mais precoces floresceram com 48 DAE e as mais tardias com 55 DAE.

---

<sup>13</sup> Prof. de Agronomia da FACTU, Doutorando em Genética e Melhoramento - UFV. Bolsista do CNPq. rgoncalves@vicosa.ufv.br

<sup>14</sup> Acadêmico de Agronomia da FACTU.

<sup>15</sup> Pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO.