

Calos foram formados em 60,5% dos explantes foliares na presença de auxina. Na fase de multiplicação, calos brancoamarelados friáveis (tipo 1) foram formados com auxina, e calos verdes compactos (tipo 2) na presença de auxina e citocinina. As melhores condições para a manutenção dos calos foram observadas com 10,0 mgL<sup>-1</sup> de ANA ou 1,0 mgL<sup>-1</sup> de ANA + 1,0 mgL<sup>-1</sup> de BAP, carboidrato sacarose, e o cultivo dos calos em condição de escuro. Uma classe de substâncias com comportamento cromatográfico semelhante ao das substâncias de referência foi observada em calos cultivados *in vitro* e em folhas através do método de TLC. Contudo, estes compostos não foram identificados em HPLC. Auxílio CAPES.

**13**  
**Comparação de sistemas de marcadores moleculares para distinção de citoplasma normal (N) e macho-estéril (S) em cebola.**  
**Anne Giselle Roma Buzar<sup>1</sup>; Maria Esther de Noronha Fonseca<sup>1</sup>; Valter Rodrigues Oliveira<sup>1</sup>; Leonardo S. Boiteux<sup>1,3\*</sup>.**  
<sup>1</sup>Universidade de Brasília (UnB), Faculdade de Agronomia e Veterinária (FAV), 70910-900 Brasília (DF); <sup>2</sup>Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças (CNPq), Embrapa Hortaliças, CP 218, 70359-970 Brasília-DF; <sup>3</sup>Bolsista CNPq; E-mail: boiteux@cnph.embrapa.br

A estrutura floral da cebola (*Allium cepa* L.) demanda a utilização de linhagens com macho-esterilidade (ME) citoplasmática produção comercial de híbridos. Marcadores moleculares baseados em PCR têm sido desenvolvidos para detectar polimorfismos entre citoplasmas macho-estéril (S) e normal (N) tanto no DNA mitocondrial (mtDNA) quanto no DNA de cloroplasto (cpDNA). O presente estudo apresentou uma análise comparativa da eficiência na determinação do tipo de citoplasma dos três principais sistemas de marcadores moleculares disponíveis em cebola [(HAVEY, 1995; SATO, 1998 e ENGELKE *et al.* (2003)]. Cinco variedades de cebola ('Alfa Tropical'; 'Diamante'; 'Roxa IPA-3'; 'Beta Cristal' e 'São Paulo'), as quais os tipos de citoplasma não haviam sido ainda caracterizados, foram utilizadas neste estudo. De modo geral, o emprego da metodologia de Engelke *et al.* (2003) mostrou-se a mais confiável e de mais fácil interpretação/distinção de plantas com citoplasma S e N. Sua utilização poderá facilitar o desenvolvimento de híbridos para estas regiões de cultivo, embora melhorias neste sistema de marcador possam ainda ser implementadas.

**14**  
**Diversidade do gene codificador da "sintase do fator de lacrimação" em seis espécies do gênero *Allium*.**  
**Maria Esther de Noronha Fonseca<sup>1</sup>, Carlos Antonio F. Santos<sup>2</sup>; Valter Rodrigues Oliveira<sup>1</sup>; Leonardo S. Boiteux<sup>1,3</sup>.**  
<sup>1</sup>Centro Nacional de Pesquisa de Hortaliças (CNPq), Embrapa Hortaliças, CP 218, 70359-970 Brasília-DF; <sup>2</sup>Embrapa Semi-Árido. CP 23, 56302-970. Petrolina, PE. <sup>3</sup>Bolsista CNPq; E-mail: boiteux@cnph.embrapa.br

Até recentemente o efeito de lacrimação da cebola era considerado como sendo decorrente da produção espontânea após catálise mediada pela enzima allinase. No entanto, uma nova enzima denominada como "lachrymatory factor synthase" ("sintase do fator de lacrimação" - SFL) foi identificada e o seu cDNA isolado (GenBank AB089203). Esta descoberta abriu a possibilidade dos programas de melhoramento desenvolverem cultivares sem lacrimação, porém preservando compostos sulfurados de valor nutracêutico. Outra característica do gene SFL é o fato dele existir no genoma de cebola como uma única cópia. Este fato possibilita o uso da informação do gene SFL para gerar ferramentas de caracterização e/ou na estimativa de relacionamento genético entre espécies e acessos dentro do gênero *Allium*. Os principais objetivos deste trabalho foram: (1) verificar a possibilidade de amplificar alelos do gene SFL em outras espécies de *Allium* via uma estratégia de PCR heterólogo usando "primers" desenhados para o gene isolado em cebola e (2) analisar a diversidade das seqüências gênicas obtidas. Amplicons de segmentos análogos ao gene SFL de cebola foram obtidos em todas as espécies com todos os "primers". Amplicons polimórficos foram observados entre espécies e acessos de *A. cepa* e *A. fistulosum*. A análise de seqüência revelou diversos SNPs nos alelos do gene SFL. A análise de seqüência permitiu agrupar as espécies de *Allium* de acordo com o atual sistema de classificação para o gênero.

**15**  
**Avaliação da qualidade organoléptica de 33 acessos de tomate do**

**Banco de Germoplasma do Centro de Ciências Agrárias da UFES (CCAUFES).**

**Fabricio M. Sobreira<sup>1</sup>; Fábio M. Sobreira<sup>1</sup>; Caio C. Q. Nogueira<sup>1</sup>; Frederico de Pina Matta<sup>2</sup>.**  
<sup>1</sup>Graduandos em Agronomia, <sup>2</sup>Deptº de Produção Vegetal, CCA-UFES. CEP 29500-000. Alegre, ES.  
Autor correspondente: fpmatta@bol.com.br

Foram utilizados 33 acessos de tomate do banco de germoplasma do CCA-UFES, sendo 15 tipo cereja e 18 tipo salada. Frutos no estágio maduro foram colhidos em cada repetição e imediatamente caracterizados com base em descritores morfoagronômicos. Com os dados do teor de sólidos solúveis e pH do fruto, calculou-se a variável sabor pela relação TSS sobre o pH ao quadrado. Foram realizadas análises de variâncias e análises de correlações simples e parciais, e determinado a distribuição dos acessos quanto as classes de sabor. Formaram-se quatro classes de sabor, nestas, a maior parcela (33%) dos acessos tipo salada alocaram-se na classe mais baixa (0.05-0.12), enquanto a maior parcela (30%) dos acessos tipo cereja alocaram-se na classe acima (0.13-0.20). Os dados demonstram a possibilidade de se obter ganhos genéticos para sabor concomitantemente ao peso, comprimento e espessura do mesocarpo dos frutos.

**16**  
**Qualidade microbiológica das plantas medicinais comercializadas em Montes Claros - MG.**

**Filipe Pereira Giardini Bonfim<sup>1</sup>; Camila Karen Reis Barbosa<sup>1</sup>; João Paulo<sup>1</sup>; Anna Christina de Almeida<sup>2</sup>; Ernane Ronie Martins<sup>2</sup> e Cândodo Alves da Costa<sup>2,3</sup>.**  
<sup>1</sup>Graduando em Agronomia, Núcleo de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Minas Gerais, Av. Osmane Barbosa, s/n, JK, Montes Claros, MG, CEP: 39.404-006; <sup>2</sup>Professor Adjunto do Núcleo de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Minas Gerais, Av. Osmane Barbosa, s/n, JK, Montes Claros, MG, CEP: 39.404-006; <sup>3</sup>Sócio da Associação Brasileira de Horticultura.

O trabalho objetivou investigar a contaminação microbiológica de amostras de plantas medicinais comercializadas em Montes Claros - MG. O experimento foi conduzido no laboratório de microbiologia do Núcleo de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Minas Gerais, campus Montes Claros - MG. As atividades foram realizadas no período de Novembro de 2006 a Fevereiro de 2007 e as plantas adquiridas de vários pontos comerciais em Montes Claros, sendo essas: Carqueja, Capim santo, Erva-cidreira e Confrei. Foi avaliado contaminações por coliformes fecais, bolores e leveduras, pelo método descrito em APHA (1992). Os resultados indicaram que 72,3% das amostras avaliadas apresentaram contaminações fúngicas. No entanto, na determinação de coliformes fecais todas as amostras apresentaram contaminações inferiores ao limite máximo estabelecido, sendo necessário a conscientização dos raizeiros e comerciantes locais para se adequarem às boas práticas do cultivo, processamento e comercialização, a fim de assegurar a qualidade microbiológica e eficácia destes produtos.

**17**  
**Avaliação da qualidade organoléptica de 15 acessos de tomate do tipo cereja (*Lycopersicon esculentum*) do Banco de Germoplasma do Centro de Ciências Agrárias da UFES (CCA-UFES).**  
**Fabricio M. Sobreira<sup>1</sup>; Fábio M. Sobreira<sup>1</sup>; Caio C. Q. Nogueira<sup>1</sup>; Frederico de Pina Matta<sup>2</sup>.**  
<sup>1</sup>Graduandos em Agronomia, <sup>2</sup>Deptº de Produção Vegetal, CCA-UFES. CEP 29500-000. Alegre, ES.  
Autor correspondente: fpmatta@bol.com.br

Foram utilizados 15 acessos de tomate tipo cereja do banco de germoplasma do CCAUFES. Frutos no estágio maduro foram colhidos em cada repetição e imediatamente caracterizados com base em descritores morfoagronômicos. Com os dados do teor de sólidos solúveis e pH do fruto, calculou-se a "variável" sabor. Foram realizadas análises de variâncias e análises de correlações simples e parciais. Foi demonstrada a possibilidade de se obter ganhos genéticos para sabor concomitantemente a espessura do mesocarpo dos frutos.

**18**  
**Avaliação da variável sabor em 18 acessos de tomate tipo salada (*Lycopersicon esculentum*) do Banco de Germoplasma do Centro de Ciências Agrárias da UFES (CCA-UFES).**