



IV Congresso Brasileiro de Recursos Genéticos

Recursos genéticos no Brasil:
a base para o desenvolvimento sustentável

Centro de Convenções
Expo Unimed | Curitiba-PR

08 a 11
de novembro de 2016



ANÁLISES PRELIMINARES DA DIVERSIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES NATURAIS DE BURITIZEIRO (*MAURITIA FLEXUOSA*) UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES SSR

Ariane Santos Cardoso¹; Tatiana Santos Costa²; Domingos Augusto Mendonça Castro¹; Helaine Christine Cancela Ramos³; Jorge A. López¹; Leandro E. C. Diniz^{1,2*}

¹Universidade Tiradentes, ²Embrapa Tabuleiros Costeiros. ³Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. *E-mail do autor para correspondência: leandro.diniz@embrapa.br

Mauritia flexuosa L.f., conhecida popularmente como buriti, é uma palmeira pertencente à família Arecaceae com origem amazônica e amplamente distribuída pelo Brasil. Tem sido explorada para fins de subsistência, fonte alimentícia, matéria prima para a produção de artesanato, bem como nos setores farmacêuticos e de cosméticos por possuir altos teores de vitaminas (A, B, C, E), carotenóides, fibras, óleos insaturados e ferro em sua composição. Estudos sobre a estrutura genética populacional vêm sendo feitas para sugerir mecanismos e estratégias de preservação da diversidade genética e da conservação ambiental de várias espécies de interesse econômico, biotecnológico e ambiental. Nestes estudos são utilizados marcadores moleculares por fornecem informações que identificam tendências evolutivas e relações filogenéticas entre as espécies. Os marcadores microssatélites ou SSR (Simple Sequence Repeats) são codominantes e muito empregados nos estudos de diversidade genética por apresentarem alto polimorfismo e boa informação genética. O objetivo deste trabalho foi analisar a diversidade genética entre três populações de *M. flexuosa* localizadas na região do município de Barreirinhas (MA) utilizando marcadores SSR. Para isto, folhas jovens de 10 plantas aleatórias de cada população (P1, P2 e P3) foram coletadas para extração do DNA genômico pelo método CTAB (Doyle e Doyle 1987) com modificações propostas por Romano e Brasileiro (2003). Oito marcadores SSR foram utilizados nas condições de amplificação recomendadas por Federman et al. (2012) e o produto de PCR foi submetido a eletroforese capilar (kit DNF 905-K100, Fragment Analyzer[®]). As análises da diversidade genética foram feitas com o software GeneALEX 6.5 (PEAKALL & SMOUSE, 2012). Nas 3 populações o valor de N_a (número total de alelos) obtidos foi maior que o N_e (número efetivo de alelos), indicando que há uma distribuição desigual de frequências alélicas entre os indivíduos destas populações. A heterozigosidade esperada (H_e) variou de 0,68 (P1) a 0,73 (P3). O índice de Shannon (I) para as três populações analisadas apresentou valores maiores do que 1, indicando que estas possuem alta diversidade genética. Comparando-se as populações estudadas, foram observadas que as mesmas possuem elevadas taxas de diversidade genética, comprovadas pelos altos valores de heterozigosidade esperada (H_e), índice de Shannon (I) e conteúdo de polimorfismo (PIC). As populações mais próximas geneticamente (P1 e P2) também são as mais próximas geograficamente. As três populações analisadas apresentaram alta diversidade genética, sendo que as populações P1 e P2 são as mais semelhantes geneticamente, e as populações P1 e P3 as mais divergentes.

Palavras-chave: Diversidade genética; Marcadores SSR; Buriti

Agradecimentos: À Embrapa Tabuleiros Costeiros, Universidade Tiradentes e FAPITEC-SE.

APLICATIVO PARA DISPOSITIVOS MÓVEIS VOLTADO AO ENSINO E APRENDIZAGEM DE RECURSOS GENÉTICOS

Francisco Régis Ferreira Lopes¹; Alessandra Pereira Fávero²; Marcus Vinicius Bomfim Guimarães Barbalho³; Rafael Henrique Ribeiro de Oliveira⁴; Tiago Maretti Gonçalves⁵; Pedro Bomfim da Costa⁶; Gilberto de Oliveira Hiragi⁷.

^{1,7}Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (*francisco.regis@embrapa.br). ²Embrapa Pecuária Sudeste. ^{3,4,6}Centro Universitário de Brasília-DF (UniCeub). ⁵Universidade Federal de São Carlos-SP (UFSCAR).

O desenvolvimento de aplicativos para dispositivos móveis tem crescido nas mais diversas áreas do conhecimento. A adoção de novos recursos de tecnologia é de grande importância em apoio à divulgação do tema Recursos Genéticos (RG) na formação acadêmica e capacitação de profissionais de pesquisa e desenvolvimento em suas diversas vertentes: animal, vegetal e microrganismos. Este trabalho tem por objetivo propor novas formas de discussão e divulgação de conceitos e atividades relacionadas a RG a partir do desenvolvimento de aplicativo na forma de jogo com dinâmica de perguntas e respostas, na modalidade *Quiz*, e sítio web para construção de sua base de conhecimento. A concepção do jogo e sua dinâmica foram elaborados a partir da tentativa de inovar o aprendizado em disciplinas sobre RG ministrados nos Cursos de Pós-Graduação e o reconhecimento da importância do uso de recursos de tecnologia de informação e comunicação (TICs) como possibilidade de inovação nessa atividade pela equipe de desenvolvimento de *softwares* relacionados à mesma temática. Na concepção da plataforma do aplicativo se apresentam a arquitetura de desenvolvimento e a organização do conhecimento, sob os quais foi concebido o ambiente do jogo, em sua dinâmica de avanços, fases e conquistas, com metáfora criativa de representação gráfica, elaborada com desenho de personagens, objetos e espaços típicos vivenciados na área de pesquisa e desenvolvimento em RG. O corpo de conhecimento sobre RG é tratado na forma de *unidades de conhecimento*, cujo desenho é composto por grupos de questões em modalidade objetiva, elaboradas a partir de assunto específico, conforme as áreas de conteúdo de abordagem do tema. A combinação das *unidades do conhecimento* com a dinâmica de ações, movimentos e conquistas na forma de jogo criam a expectativa de envolvimento de especialistas e pesquisadores com toda a comunidade de usuários, voltados ao tema RG, a partir de atividade criativa e dinâmica, no ambiente de interação do aplicativo. O modelo de desenvolvimento da plataforma está baseado em padrões de código aberto de construção modular e responsiva (HTML5, CSS3, e JavaScript), o que permite estar disponível em vários dispositivos, como *smartphones*, *tablets*, e computadores do tipo *desktop* ou *notebook*. O resultado da parceria entre equipe de pesquisa em RG e de desenvolvimento de sistemas associados ao mesmo tema é a apresentação do protótipo do aplicativo de jogo para dispositivos eletrônicos diversos para experimentação da comunidade científica.

Palavras-chave: *recursos genéticos, aplicativos digitais, jogos.*