



DESENVOLVIMENTO DE APLICATIVO PARA ANDROID COMO FERRAMENTA DE ENSINO DE HISTOLOGIA E ANATOMIA VEGETAL

Leite Santos, Camila^{1*}, Velazquez Perez Neto, Juan José¹, Pires Lira, Marinês Ferreira¹, de Oliveira, Anderson¹ e Castro, Hallem¹

¹Universidade Federal de Lavras, Lavras, Brasil.
*camila_leite96@hotmail.com

Os desafios do ensino-aprendizagem de Histologia e Anatomia vegetal têm sido grandes, principalmente por escassez em ferramentas de ensino que proporcionem experiências mais atrativas e abordem o assunto com precisão. O aplicativo foi desenvolvido visando suprir essa falta de ferramentas de ensino e torná-lo um objeto de aprendizagem, sendo gratuito, possibilita ao usuário interagir com a ilustração em 3D de plantas simbólicas, órgãos, tecidos e células das mesmas, a funcionalidade de cada estrutura apresentada é informada no momento que o usuário ativa janelas de texto clicando em qual se deseja conhecer. O aplicativo *Histologia e anatomia de órgãos vegetativos* é destinado a dispositivos móveis que possuem o sistema operacional Android, o mesmo foi desenvolvido no Unity 3D, utilizando a linguagem de programação C# com o ambiente de desenvolvimento integrado Visual Studio Community. Foram aplicados questionários para alunos dos cursos de ciências biológicas licenciatura e bacharelado da Universidade Federal de Lavras a respeito da importância de uma ferramenta que facilitasse o entendimento dos assuntos abordados em sala de aula, de forma interativa e que pudesse ser consultado em qualquer lugar e a qualquer horário, 95% dos alunos responderam de forma positiva (utilizariam o aplicativo para estudo caso fosse desenvolvido). Tendo em vista que dispositivos móveis vêm passando por constantes avanços tecnológicos, sendo inseridos cada vez mais como um meio para concretização de tarefas do nosso dia a dia e que aplicativos já são utilizados como ferramenta de ensino, destinados para estudo dos mais variados temas, acredita-se que o aplicativo tenha boa inserção como ferramenta de ensino-aprendizagem.

Palavras chave: aplicativo, android, célula, ensino, tecnologia.

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE TRES LÍNEAS DE *Capsicum chinense* (SOLANACEAE) MEDIANTE MICROSATÉLITES UTILIZANDO LA TÉCNICA HRM

López, José^{1,2*}, Viáfara, Ronald^{1,2} y Cárdenas, Heiber^{1,2}

¹Grupo de estudios ecogenéticos y de biología molecular, Facultad de Ciencias Naturales y Exactas, Universidad del Valle, Cali, Colombia.

²Centro de investigación e innovación en bioinformática y fotónica (CIBioFi).

*jose.e.lopez@correounivalle.edu.co

Este estudio es el primer acercamiento al conocimiento de la diversidad genética de poblaciones cultivadas del chile *Capsicum chinense* en Colombia. El objetivo fue determinar la diversidad y variabilidad genética de tres líneas de ají Habanero (*C. chinense*), usando ocho marcadores microsatélites utilizando la técnica HRM. Las líneas se obtuvieron de la empresa Hugo Restrepo y Cía., para cada línea se colectó 27 individuos de la línea HL-original y 30 individuos de las líneas derivadas HL-70 y HL67. Se encontró alta diversidad alélica en estado homocigoto en el 100% de los individuos evaluados. El marcador Ng8 permitió establecer la diferenciación entre las líneas HL-original y HL-67 con la línea HL-70. El AMOVA, indicó que la mayor la variación genética fue dentro de las líneas (52%), seguido por diferenciación entre las líneas (48%). Se realizó un dendrograma con los F_{ST} pareados y con el índice de similitud de Nei (1972). La línea HL-67 presentó una mayor similitud con la línea HL-original en comparación con la línea HL-70. Por último, se realizó una comparación entre los perfiles de HRM obtenidos con los marcadores monomórficos entre la especie *C. chinense* y *C. frutescens*, esto permitió diferenciar las dos especies. Con base en los resultados para las líneas derivadas se concluyó que la línea HL-70 posee mayor diversidad genética, por tanto, posiblemente pueda ser presionada por selección, mientras que la línea HL-67 por su alta homogeneidad genética, posiblemente, pueda ser usada para evaluar distintas condiciones ambientales para aumentar la productividad.

Palabras clave: Diversidad Alélica, Genotipificación, homocigotos, marcadores, similitud, identificación, selección.

ESTUDO DA COMPOSIÇÃO QUÍMICA DE *Bromus brachyanthera* E *Bromus catharticus* POR ESPECTROSCOPIA NO INFRAVERMELHO

Mazzocato, Ana Cristina^{1*}, Scheffler, Gabriele Elena¹, Dewes, Ingrid Shaienne Lopes¹ e Pavan, Flávio André²

¹ Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Pecuária Sul, Bagé-RS, Brasil.

² Universidade Federal do Pampa - UNIPAMPA, Bagé-RS, Brasil. *ana.mazzocato@embrapa.br, flavio.pavan@unipampa.edu.br

O Bioma Pampa é constituído por várias espécies de plantas, com predominância de leguminosas e gramíneas. Esta última, por sua vez, representa a família mais abundante (Poaceae), contendo em torno de 400 espécies, sendo que destas,



muitas têm importância forrageira. Apesar da riqueza vegetal, a caracterização química clássica é, em geral, difícil e com uma série de erros associados. O objetivo deste trabalho foi identificar quimicamente alguns compostos das espécies *B. brachyanthera* Döll (acesso 460) e *B. catharticus* Vahl (acesso 455), por meio da técnica de Espectroscopia no infravermelho com transformada de Fourier usando acessório de refletância total atenuada (FTIR-ATR). As amostras (acessos) foram coletadas de plantas pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma (BAG), em casa de vegetação, no período de janeiro de 2018. O material foi seco em estufa à 50 °C por 72 h, onde 15 folhas dos mesmos foram selecionadas e a partes superiores analisadas por FTIR-ATR. As análises semiquantitativas foram realizadas considerando as áreas das bandas de adsorção características dos compostos de interesse com auxílio do software Origin 2015. Para estudos comparativos, confeccionou-se em laboratório uma biblioteca espectral para cada composto de interesse. As análises foram realizadas em replicatas com desvio padrão médio de 3% nos valores de transmitância. Os resultados espectrais revelam além da presença de celulose e sílica, também taninos, fenóis e compostos carboxílicos nas composições químicas dos acessos estudados. O acesso 455 apresentou maiores quantidades relativas de fenóis, celulose, taninos e ácidos carboxílicos quando comparado ao acesso 460. Desta forma, o acesso 455 apresenta-se em potencial para aplicações futuras no sentido de extração e uso de seus compostos químicos para aplicações tecnológicas diversas. A técnica de FTIR-ATR mostrou-se adequada para identificação e quantificação da composição aproximada das espécies químicas majoritárias presentes em *B. brachyanthera* e *B. catharticus*.

Palavras chave: banco de germoplasma, bioma pampa, composição química, forrageiras, FTIR-ATR.

GUÍA RÁPIDA PARA EL DESARROLLO DE UN BANCO DE ADN DE PLANTAS VASCULARES

Medrano-Cedillo, Ana Lourdes¹, González-Moreno, Rocío Amaranta¹ y Ocampo, Gilberto^{1*}

¹Universidad Autónoma de Aguascalientes, Aguascalientes, Ags., México. *gilberto.ocampo@edu.uaa.mx

Las muestras de ADN son cada vez más solicitadas por su uso rutinario en investigaciones filogenéticas, sistemáticas, de biodiversidad, códigos de barras de especies, conservación e investigación genómica sin fines de lucro. No obstante, los procedimientos para el establecimiento y mantenimiento de los bancos de ADN varían entre distintas instituciones. El presente trabajo proporciona una serie de directrices para la gestión de bancos de ADN vegetal, las cuales están basadas en el proceso estructuración del Banco de ADN de Plantas Vasculares de la Universidad Autónoma de Aguascalientes (ADNUAA), México. Para la creación y desarrollo de un banco de ADN de plantas, se contemplan ocho actividades operacionales: colección del material vegetal, almacenamiento del tejido vegetal, extracción de ADN, cuantificación y valoración del ADN, almacenamiento del ADN, integración de una base de datos y gestión de las muestras del banco de ADN. En el ADNUAA se incorporó un código alfanumérico que permitió vincular las muestras resguardadas en el banco (tejido y ADN extraído) con su ejemplar de herbario correspondiente. Por el momento, el ADNUAA resguarda más de 1,000 muestras preservadas en sílica gel a temperatura ambiente. Además, el ADN de ca. 70% de estas muestras se extrajo con métodos adaptados y optimizados a partir del protocolo CTAB 2X y se encuentra almacenado en microtubos en un ultracongelador a -86°C. La base de datos se abasteció con información estandarizada según los lineamientos de la Red Global de Biodiversidad del Genoma (GGBN). Por último, se estructuró el proceso de transferencia de material, el cual tiene como componentes las etapas de solicitud, evaluación, dictamen y envío. Se espera que esta revisión práctica de la estructuración de un banco de ADN sea útil para el desarrollo y/o administración de repositorios de esta naturaleza, buscando impulsar la integración de las colecciones biológicas ya existentes.

Palabras clave: ADN, almacenamiento, banco, extracción, tejido.

DESENREDANDO LAS LIANAS DEL ARBUSTO: ELUCIDANDO LA IDENTIDAD DE *Abuta grandifolia* (MART.) SANDWITH (MENISPERMACEAE), UNA ESPECIE CON IMPORTANCIA MEDICINAL EN LA CUENCA AMAZONICA

Ortiz, Rosa del C.^{1*}, del Castillo, Ángel M.² y Vásquez M., Rodolfo³

¹Missouri Botanical Garden, Saint Louis, MO. U.S.A.

²Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, IIAP, Programa de Investigación en Biodiversidad Amazónica, PIBA, Tarapoto. PERU.

³Jardín Botánico de Missouri-Perú, Herbario HOXA, Oxapampa, PERU.

*Rosa.ortiz-gentry@mobot.org, arodriguez@iiap.org.pe, neotaxon@yahoo.com

La especie *Abuta grandifolia* (Menispermaceae: Anomospermeae) fue descrita como *Cocculus grandifolius* en el año 1830 por Martius; sin embargo, la identidad de la especie permaneció incierta hasta que en 1937, Sandwith la reasignó en el género *Abuta*. Actualmente, existen cerca de 18 sinónimos (nombres alternativos) para la especie y varios de esos nombres corresponden a entidades taxonómicas distintas. Esto sugiere que la especie referida como *Abuta grandifolia* podría