

XII TALENTO ESTUDANTIL

RESUMOS DOS TRABALHOS



ANAIS
2007

Embrapa

**XII ENCONTRO DO TALENTO ESTUDANTIL
DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E
BIOTECNOLOGIA**

05 a 07 de dezembro de 2007

Anais

Resumos dos Trabalhos

**Brasília, DF
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
2007**

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) 3448-4600

Fax: (61) 3340-3624

<http://www.cenargen.embrapa.br>

e.mail:sac@cenargen.embrapa.br

Comitê de Publicações

Presidente: Sergio Mauro Folle

Secretário-Executivo: Maria da Graça Simões Pires Negrão

Membros: Arthur da Silva Mariante

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 Simões Pires Negrão

Normalização Bibliográfica: Maria Iara Pereira Machado

Editoração eletrônica: Maria da Graça Simões Pires Negrão

1ª impressão (2007). Tiragem: 300 exemplares

Todos os direitos reservados

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.160).

E 53 Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Encontro do Talento Estudantil (12. :
2007 : Brasília, DF)

Anais: resumos dos trabalhos : XII Encontro do Talento Estudantil da Embrapa
Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. – Brasília: Embrapa Recursos
Genéticos e Biotecnologia, 2007.
240p.

ISBN 978-85-87697-48-6

Corpo editorial: Zilda Maria de Araújo Ribeiro e José Eustáquio Menêzes

1. Recursos genéticos. 2. Biotecnologia. 3. Controle biológico. I. Título. II.
Título: XII Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e
Biotecnologia.

CDD 575.1

**XII ENCONTRO DO TALENTO ESTUDANTIL DA EMBRAPA RECURSOS
GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA
05 a 07 de dezembro de 2007**

COMISSÃO ORGANIZADORA

COORDENADOR: Zilda Maria de Araújo Ribeiro
Adélia Viana Almeida Duarte
Adilson Amaral Werneck
José Eustáquio Menêzes
Maria da Graça Simões Pires Negrão
Maria das Dores Vale Medeiros
Mônica Athayde Ferreira
Raul César Pedroso da Silva

COMISSÃO DE SELEÇÃO DOS TRABALHOS

COORDENADOR: Zilda Maria de Araújo Ribeiro
Alessandra Pereira Fávero
Diva Maria de Alencar Dusi
Maria Aldete J. da F. Ferreira
Joseilde Oliveira Silva-Werneck
Maria de Fátima Batista
Maurício Machaim Franco
Taciana Barbosa Cavalcanti
Vera Tavares de Campos Carneiro

COMISSÃO DE JULGADORA

André Nepomuceno Dusi – Embrapa Hortaliças (CNPH)
Bergmann Morais Ribeiro - Universidade de Brasília - UnB
Hildebrando de Miranda Flor – Fac. Integradas da Terra de Brasília - FTB
Kumiko Mizuta – Jardim Botânico de Brasília
Marília Santos Silva – Embrapa Cerrados (CPAC)
Milton L. Paz Lima - União Pioneira de Integração Social - UPIS
Rosaura Gazzola - SGE/Embrapa
Rinaldo Wellerson Pereira - Universidade Católica de Brasília - UCB
Valéria Burmeister Martins - Superintendência Federal da Agricultura
Veslei da Rosa Caetano - SPD/Embrapa

CORPO EDITORIAL: Zilda Maria de Araújo Ribeiro
José Eustáquio Menêzes

APRESENTAÇÃO

O Encontro do Talento Estudantil é um evento realizado anualmente, desde 1996, pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia que tem por finalidade o conagraçamento e valorização da atividade estudantil, através da exposição dos resultados de pesquisa realizados por estagiários, bolsistas e estudantes de graduação e pós-graduação, sob a orientação dos pesquisadores deste Centro. No primeiro Encontro, foram apresentados apenas 29 trabalhos, mas desde então, o interesse na participação tem sido crescente, principalmente entre os estudantes de iniciação científica, atingindo mais de 100 trabalhos apresentados, em sua 4ª edição, em 1999.

Em 2007, mais uma vez, contando com o apoio e estímulo de seus orientadores, os estudantes participaram com entusiasmo do XII Encontro, tendo sido apresentados 167 trabalhos. Destes, a maioria (**61%**) foi elaborada por estudantes de iniciação científica. Os demais (**39%**) foram desenvolvidos por graduados e por mestrandos e doutorandos.

Esses Encontros são organizados por uma Comissão que estabelece os procedimentos e regras para realização de cada evento. Os estudantes fazem suas inscrições acompanhadas dos resumos dos trabalhos, que são avaliados e selecionados por um Comitê de Seleção, formado por pesquisadores da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Já a apresentação do conteúdo pelo estudante é avaliada por uma Comissão Julgadora, formada por pesquisadores de outras unidades da Embrapa e instituições de pesquisa, bem como de professores de universidades e faculdades do Distrito Federal. Os estudantes que demonstram melhor desempenho são homenageados, recebendo premiação ou menção honrosa, a título de incentivo.

Os resultados de pesquisa que geraram os trabalhos apresentados, cujos resumos são incluídos nos anais de cada evento, são apresentados, durante os Encontros, sob forma de pôsteres, para apreciação da comissão julgadora e do público interessado. A partir da 10ª edição, uma inovação foi a presença na comissão julgadora de profissionais que já participaram, em sua fase estudantil, como apresentadores de trabalhos no Talento Estudantil.

Os estudantes, através da participação nesses eventos complementam as suas atividades científicas, que têm início com a integração ao grupo de trabalho e orientação do seu desenvolvimento teórico-prático em pesquisa, na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Por outro lado, a presença de estudantes nos grupos de pesquisa possibilita o aumento da capacidade de produção científica do Centro. Além disso, a divulgação dos resultados de

pesquisa em encontros estudantis tem despertado o interesse de Instituições de Ensino, que vêm promovendo eventos, para apresentação dos trabalhos de seus alunos, incluindo os desenvolvidos na Unidade e apresentados nos Encontros do Talento Estudantil.

Parabenizamos e agradecemos a todos que contribuíram na organização do evento, na seleção e no julgamento dos trabalhos. Agradecemos também aos empregados da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia pelo apoio e incentivo aos estudantes, à Embrapa Sede por ceder o espaço para exposição dos pôsteres, bem como ao Centro Universitário de Brasília – UniCEUB e à União Pioneira de Integração Social - Faculdades Integradas – UPIS, que vêm já há alguns anos apoiando a realização deste Encontro. Enfatizamos a valiosa contribuição que todos estão prestando ao desenvolvimento científico e tecnológico e à formação de profissionais nas importantes áreas de Recursos Genéticos, Biotecnologia, Controle Biológico e Segurança Biológica.

JOSÉ MANUEL CABRAL DE SOUSA DIAS
Chefe Geral
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

SUMÁRIO

BIOTECNOLOGIA	35
BIOLOGIA CELULAR	37
001 - ANATOMIA FOLIAR DE DUAS ESPÉCIES SILVESTRES E UM ANFI-DIPLÓIDE SINTÉTICO DE <i>Arachis</i> (Leaf anatomy of two wild species and one synthetic anfidiploid of <i>Arachis</i>) Tanno Silva, P.I., Leal-Bertioli, S.C.M., Bertioli, D.J., Guimarães, P.M., Araújo, A.C.G.	39
002 - DETECÇÃO DE ALUMÍNIO EM TECIDO FOLIAR DE ESPÉCIES NATIVAS DO CERRADO UTILIZANDO HEMATOXILINA E ALUMINON (Aluminium detection in leaf tissue of native Cerrado species using Hematoxilin and Aluminon) Cotta, M.G., Geest, J.J.V.D., Melo, T., Falcão, R., Gomes, A.C.M.M., Almeida, J.D., Carneiro, M., Andrade, L.R.M., Barros, L.M.G.	40
003 - EFEITOS DE MEIOS E TRATAMENTO OSMÓTICO, NA TRANSFORMAÇÃO GENÉTICA VIA BIOBALÍSTICA DE SUSPENSÃO CELULAR DE <i>Brachiaria brizantha</i> (A. RICH.) STAPF (POACEAE) cv. MARANDU (Osmotic treatment and media effects in genetic transformation of <i>Brachiaria brizantha</i> cv Marandu cell suspension via biolistics) Oliveira, L., Lacerda, A.L.M., Carneiro, V.T.C., Cabral, G.B.	41
004 - HIBRIDIZAÇÃO IN SITU DE mRNA DE <i>Paspalum</i> ASSOCIADO À APOMIXIA EM OVÁRIOS DE <i>Brachiaria brizantha</i> (In situ hibrydization of <i>Paspalum</i> mRNA related to apomixis in <i>Brachiaria brizantha</i> ovaries) Dantas, A.P.A., Dusi, D.M.A., Gomes, A.C.M.M., Guimarães, L.A., Pessino, S., Carneiro, V.T.C.	42
BIOLOGIA MOLECULAR	43
005 - ACÚMULO DE RICINA EM SEMENTES DE MAMONA E SEU SILENCIAMENTO EM PLANTAS GENETICAMENTE MODIFICADAS (Ricin accumulation in castor bean seeds and ricin gene silencing in genetically modified plants) Baldoni, A.B., Aragão, F.J.L.	45

006 - A INTERAÇÃO ENTRE OS ÍONS Zn(II) E Cu(II) E A CATALASE. UM ESTUDO VOLTAMÉTRICO (The binding of Zn(II) and Cu(II) ions to Catalase. A Voltammetric Study)

Silva, J.G., Silva, L.P., Souza, J.R., Castro, C.S.P. 46

007 - ANÁLISE DA EXPRESSÃO DE GENES DO TIPO MADS-BOX EM *Brachiaria brizantha* (A. RICH.) STAPF POR qRT-PCR E HIBRIDIZAÇÃO IN SITU [Analysis of two MADS-Box like genes of *Brachiaria brizantha* (A. Rich.) Stapf using qRT-PCR and in situ hybridization]

Guimarães, L.A., Dusi, D.M.A., Silveira, E.D., Carneiro, V.T.C. 47

008 - ANÁLISE DA EXPRESSÃO GÊNICA DIFERENCIAL DE *Vigna unguiculata* (FEIJÃO-DE-CORDA) POR MACROARRANJO DE DNA. (Differential gene expression analysis of *Vigna unguiculata* by DNA macroarray)

Santana, C.G., Andrade, R. V., Saraiva, M.A.P., Silva, F.R., Brasileiro, A.C.M., Gossi-de-Sá, M.F., Mehta, A. 48

009 - ANÁLISE DA POPULAÇÃO PROTÉICA DE PLANTAS DE CACAU INOCULADAS COM MICROORGANISMOS ENDOFÍTICOS POTENCIALMENTE ENVOLVIDOS NA RESISTÊNCIA CONTRA PATÓGENOS (Analysis of the protein population of cocoa plants infected with endophytic microorganisms potentially involved with resistance against pathogens)

Araújo, M.A.F., Pavin, M.E., Ramos, A.R., Falcão, L.L., Gander, E.S., Marcellino, L.H. 49

010 - ANÁLISE DE ESTs DE GENÓTIPOS CONTRASTANTES DE ALGODÃO QUANTO A RESISTÊNCIA AO NEMATÓIDE *Meloidogyne incognita* (ESTs analysis of contrasting cotton genotypes in resistance to nematode *Meloidogyne incognita*)

Barbosa, A.E.A.D., Fragoso, R.R., Souza, D.S.L., Lima, L.M., Guimarães, L.M., Viana, A.A.B., Oliveira Neto, O.B., Paes, N.S., Carneiro, R., Togawa, R.C., Martins, N.F., Grossi de Sá, M.F. 50

011 - ATIVIDADE QUITINÁSICA EM EXTRATOS PROTÉICOS DE *Bacillus thuringiensis* TÓXICOS PARA O BICUDO DO ALGODOEIRO (*Anthonomus grandis*) [Chitinase activity in proteic extracts of *Bacillus thuringiensis* toxic to Bollweevil (*Anthonomus grandis*)]

Silva, T.S., Vasconcelos, E.A.R., Rocha, T.L., Grossi-de-Sá, M.F. 51

012 - CARACTERIZAÇÃO DE cDNA DE OVÁRIOS DE *Brachiaria brizantha* (A. RICH.) STAPF (cDNA characterization of *Brachiaria brizantha* (A. Rich.) Stapf ovaries)

Lacerda, A.L.M., Cabral, G.B., Carneiro, V.T.C. 52

013 - CARACTERIZAÇÃO FUNCIONAL DE UMA NOVA PROTEÍNA DE TRANSFERÊNCIA DE LIPÍDIOS (LTP) EM FRUTOS DE CAFÉ (Functional Characterization of a New Lipid Transfer Protein-LTP From Coffee)

Barbosa, E.A., Silva, L.P., Vinecky, F., Bloch Jr., C , Andrade, A.C. 53

014 - CLONAGEM DO GENE *EF1- α* DE MILHETO (*Pennisetum glaucum*) [Cloning of the *EF1- α* gene from pearl millet [*Pennisetum glaucum*)]

Marques, J.P.E., Ludke, L.F., Gander, E.S., Marcellino, L.H. 54

015 - CLONAGEM E CARACTERIZAÇÃO DE cDNA CORRESPONDENTE AO GENE *SERK* (SOMATIC EMBRYOGENESIS RECEPTOR-LIKE KINASE) EXPRESSO DURANTE O PROCESSO APOMÍTICO EM *Brachiaria brizantha* (Cloning and characterization of the *SERK* cDNA expressed during apomisis in *Brachiaria brizantha*)

Koehler, A.D., Dusi, D.M.A., Cabral, G.B., Carneiro, V.T.C., Rodriguez, A.P.M. 55

016 - CONSTRUÇÃO DE FILTROS DE ALTA DENSIDADE A PARTIR DE UMA BIBLIOTECA GENÔMICA DE CROMOSSOMO ARTIFICIAL DE BACTÉRIA DE *Coffea arábica* L. (Construction of high density filters of a *Coffea arabica* L. BAC library)

Alves, G.S.C., Saraiva, M.A.P., Pereira, L.F.P., Cação, S.M.B., Silva, N.V., Diniz, L.E.C., Vieira, L.G.E., Andrade, A.C. 56

017 - CONSTRUÇÃO E VALIDAÇÃO DE MEMBRANAS DE MACROARRANJO DE DNA PARA O ESTUDO DA INTERAÇÃO PLANTA-NEMÁTOIDE (Construction and validation of DNA macroarray membranes for study of plant-nematode interaction)

Andrade, R.V., Locatelli, G., Saraiva, M.A.P., Silva, F.R., Fragoso, R., Guimarães, P.M., Metha, A., Brasileiro, A.C.M., Grossi-de-Sá, M. F. 57

018 - DESENVOLVIMENTO E UTILIZAÇÃO DE VARIAÇÕES EM UM ÚNICO NUCLEOTÍDEO PARA O MAPEAMENTO DE MARCADORES ÂNCORAS E DE GENES CANDIDATOS EM *Arachis* (Development and use of SNP markers for candidate genes in *Arachis*)

Alves, D.M. T., Pereira, R.W., Leal-Bertioli, S.C.M., Moretzsohn, M.C., Gimenes, M., Guimarães, P. M., Bertioli, D. J. 58

019 - DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE MÉTODO ELETROQUÍMICO PARA DETERMINAÇÃO DE Zn, Pb E Cd EM FORMULAÇÕES INFANTIS COMERCIALIZADAS NO DF (Development and validation of electrochemical method for determination of Zn, Pb and Cd in infant formulas sold in DF)

Cunha, L.R., Dorea, J.G., Souza, J.R., Castro, C.S.P. 59

020 - DETECÇÃO, ANÁLISE E CLONAGEM DE BEGOMOVIRUS DE BATATA DOCE E FEIJÃO POR AMPLIFICAÇÃO POR CÍRCULO ROLANTE (Detection, analysis and cloning of sweet potato and bean begomoviruses with Rolling circle amplification)

Paprotka, T., Inoue-Nagata, A.K., Boiteux, L., Fonseca, M.E.N., Resende, R., Navas-Castillo, J., Moriones, E., Jeske, H., Faria, J.C., Ribeiro, S.G. 60

021 - DETERMINAÇÃO DOS PADRÕES DE TRANSPIRAÇÃO EM GENÓTIPOS SILVESTRES DE *Arachis* SPP. DE REFERÊNCIA ESTUDOS DE TOLERÂNCIA À SECA PARA PRODUÇÃO DE UM BANCO DE ESTS (Transpiration pattern on wild *Arachis* reference genotypes: Study of drought tolerance for construction of EST database)

Santos, C.M.R., Leal-Bertoli, S.C.M., Guimarães, P.M., Silva, A.P., Locatelli, G., Castro, R.C.S., Bertoli, D.J., Brasileiro, A.C.M. 61

022 - EVOLUÇÃO IN VITRO DE MOLÉCULAS: SELEÇÃO DE VARIANTES CRY COM TOXICIDADE CONTRA INSETOS-PRAGA DO ALGODÃO E DA CANA-DE-AÇÚCAR (Evolution in vitro of molecules: screening of cry variants with toxicity against cotton and sugar cane insects-pest)

Gomes Júnior, J.E., Craveiro, K.I.C., Ramos, H.B., Souza Júnior, J.D.A., Silva, M.C.M., Grossi-de-Sá, M. F. 62

023 - EXPRESSÃO DE GENE ISOLADO DE *Vigna unguiculata* COM POTENCIAL PARA O CONTROLE DO BICUDO DO ALGODOEIRO (Expression of gene from *Vigna unguiculata* with potential to control *Anthonomus grandis*)

De Paula, A.W.M., Bittar, P., Viana, A. A., Mulinari, F., Lima, J.N., Oliveira Neto, O.B., Oliveira, R.S., De Freitas, S.M., Grossi-de-Sá, M.F. 63

024 - EXPRESSÃO DO FATOR IX DE COAGULAÇÃO SANGÜÍNEA HUMANA EM SEMENTES DE SOJA [*Glycine max* L. (MERRIL)] TRANSGÊNICAS [Expression of the human coagulation factor IX in transgenic soybean seeds *Glycine max* L. (Merril)]

Ramos, G.L., Cunha, N.B., Cipriano, T.M., Vianna, G.R., Aragão, F.J.L., Rech, E. L. 64

025 - IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE GENES ENVOLVIDOS NA TOLERÂNCIA À SECA EM *Coffea canephora* VAR. CONILLON (Identification and characterization of genes involved in drought tolerance in *Coffea canephora* var. Conillon)

Vieira, N.G., Freire, L.P., Ferreira, D.L.A., Alvarenga, M. O., Soares, C.M., Marraccini, P., Andrade, A.C. 65

026 - INIBIÇÃO NO CRESCIMENTO DE *Moniliophthora perniciosa* e *Colletotrichum gloeosporioides* POR UM AGENTE QUÍMICO (Inhibition of growth of *Moniliophthora perniciosa* and *Colletotrichum gloeosporioides* by a chemical agent)

Oliveira Jr., G.P., Ramos, A. R., Lüdke, L.F., Gander, E.S., Marcellino, L.H. 66

027 - ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE GENES CODIFICANTES PARA OSMOTINA EM BIBLIOTECA BAC DE *Theobroma cacao* (Isolation and characterization of osmotin genes from *Theobroma cacao* BAC libraries)

Pereira, J.M.N., Ramos, A.R., Pavin, M.E., Lüdke, L.F., Gander, E.S., Marcellino, L.H. 67

028 - ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE RGAS A PARTIR DE BIBLIOTECAS BAC DE ESPÉCIES SILVESTRES DO GÊNERO *Arachis* (Isolation and characterization of RGAs from BAC libraries of wild *Arachis*)

Vidigal, B.S., Guimarães, P.M., Bertoli, D.J., Leal-Bertoli, S.C.M., Nielen, E. .. 68

029 - LOCALIZAÇÃO SUBCELULAR DA PROTEÍNA ROL A (Subcellular localization of the Rol A protein)

Teixeira, R.P., Dantas, J.A., Lacorte, C., Barros, L.M.G., Carneiro, M. 69

030 - OBTENÇÃO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS DE SOJA [*Glycine max* L. (MERRIL)] ACUMULANDO O HORMÔNIO DE CRESCIMENTO HUMANO (hGH) EM CORPOS PROTÉICOS COTILEDONARES DE SEMENTES (Development of transgenic soybean plants [*Glycine max* L. (MERRIL)] accumulating the human growth hormone (hGH) in seed cotyledon protein bodies)

Cunha, N.B., Ramos, G.L., Cipriano, T.M., Leite, A., Aragão, F.J.L., Vianna, G.R., Rech, E.L. 70

031 - PRODUÇÃO DE UM MICROBICIDA ANTI-HIV POR MEIO DE EXPRESSÃO TRANSIENTE E ESTÁVEL EM PLANTAS (Production of an hiv microbicide by stable and transient expression in plants)

Madeira, L.M., Lacorte, C., Vianna, G.R., Verza, N.C., Souto, B.M., Oliveira, P.F., Sexton, A., Ma, J.K.C, Rech, E.L. 71

032 - PRODUÇÃO E PURIFICAÇÃO DE SEDA RECOMBINANTE DA ARANHA *Nephilengys cruentata* (Production and purification of recombinant silk from spider *Nephilengys cruentata*)

Souto, B.M., Verza, N.C., Oliveira, P.E.F., Bittencourt, D., Madeira, L.M., Andrade, A.C., da Silva, F.R., Lewis, R.V., Rech, E.L. 72

033 - SILENCIAMENTO MEDIADO POR RNA INTERFERENTE DO GENE <i>SBE1</i> QUE CODIFICA PARA A ENZIMA DE RAMIFICAÇÃO DO AMIDO I (SBE I) EM MILHO (<i>Zea mays</i> L.) [RNAi-mediated silencing of the <i>sbe1</i> gene that codes for the StarchBranching Enzyme I (SBE I) in transgenic maize (<i>Zea mays</i> L.)] Cipriano, T. M., Carneiro, N. P., Carneiro, A. A., Carvalho, L. J. C. B., Aragão, F. J. L.	73
034 - TRANSFORMAÇÃO GENÉTICA DE <i>Coffea arabica</i> COM INIBIDORES DE α-AMILASE (Genetic transformation of <i>Coffea arabica</i> with α-amylase inhibitors) Barbosa, A.E.A.D., Barros, E.V.S.A., Teixeira, J.B., Reis, A.M., Jimenez, A.V., Gomes Júnior, J.E., Nakasu, E.Y.T., Grossi de Sá, M.F.	74
035 - USO DE DIFERENTES MARCADORES SCAR PARA IDENTIFICAÇÃO DE POPULAÇÕES DE <i>Meloidogyne incognita</i> (Use of different scar markers to identify <i>Meloidogyne incognita</i> populations) Santos, M.F.A., Carneiro, R.M.D.G.	75
036 - VALIDAÇÃO DE EST TECIDO-ESPECÍFICA DE FRUTO DE <i>Coffea arabica</i> POR NORTHERN BLOT (Fruit tissue-specific EST of <i>Coffea</i> spp. validation by Northern blot) Cotta, M.G., Abreu, M.S., Santos, D.B.M., Eira, M.T.S., Almeida, J.D., Barros, L.M.G., Carneiro, M.	76
037 - VALIDAÇÃO DE ESTS TECIDO-ESPECÍFICAS DE FRUTO PRÉ-SELECIONADAS NO BANCO DE DADOS DO GENOMA FUNCIONAL DE CAFÉ (Experimental validation of ESTs pre-selected from the Coffee Genome Database for fruit-specific expression) Abreu, M.S., Cotta, M. G., Santos, D.B.M., Barros, L. M. G., Eira, M.T.S., Almeida, J.D., Andrade, A. C., Carneiro M.	77
038 - VALIDAÇÃO EXPERIMENTAL DE ESTs PRÉ-SELECIONADAS NO BANCO DE DADOS DO GENOMA FUNCIONAL DE CAFÉ, COM EXPRESSÃO PREFERENCIAL EM FOLHAS (Experimental validation of ESTs pre-selected from the Coffee Genome Database for leaf-specific expression) Santos, D.B.M., Cotta, M.G., Andrade, A. C., Eira, M.T.S., Barros, L.M.G., Almeida, J. D., Carneiro M.	78
REPRODUÇÃO ANIMAL	79
039 - ANÁLISE DE OVÓCITOS TRATADOS COM ACTINOMICINA D E SUA UTILIZAÇÃO PARA TRANSFERÊNCIA NUCLEAR DE BOVINOS (Analysis of Actinomycin D treated oocytes and their use for bovine nuclear transfer) Moura, M.T., Sousa, R.V., Leme L.O., Rumpf, R.	81

040 - CARACTERÍSTICAS DA CÉLULA ESPERMÁTICA BOVINA APÓS SELEÇÃO EM GRADIENTE DE PERCOLL EM DIFERENTES VOLUMES, TEMPO E FORÇA DE CENTRIFUGAÇÃO (Bovine sperm cell characteristics after selection by Percoll gradient using different volumes, time and force of centrifugation)

Carvalho, J.O., Machado, G.M., Rumpf, R., Franco, M.M., Sartori, R., Dode, M.A.N. 82

041 - COMPETÊNCIA OVOCITÁRIA DE ACORDO COM O TAMANHO FOLICULAR EM BOVINOS (Bovine oocyte competency according to follicle size)

Caixeta, E.S., Franco, M.M., Dode, M.A.N. 83

042 - EFEITO DA CONDIÇÃO CORPORAL E DA INGESTÃO ALIMENTAR SOBRE A RESPOSTA SUPEROVULATÓRIA E PRODUÇÃO EMBRIONÁRIA EM NOVILHAS NELORE (Effect of body condition score and feed intake on the superovulatory response and embryo production in Nelore heifers)

Bastos, M.R., Martins, A.C., Melo, L.F., Carrijo, L.H.D., Rumpf, R., Sartori, R. .. 84

043 - EFEITO DO “FLUSHING” NUTRICIONAL SOBRE A RESPOSTA SUPEROVULATÓRIA EM VACAS MISTIÇAS (Effect of nutritional flushing on the superovulatory response of crossbred cows)

Bastos, M.R., Ramos, A.F., Driessen, K., Martins, A.C., Rumpf, R., Sartori, R. ... 85

044 - FUNÇÃO OVARIANA E PRODUÇÃO DE EMBRIÕES EM NOVILHAS DA RAÇA NELORE SUBMETIDAS A BAIXA OU ALTA INGESTÃO ALIMENTAR (Ovarian function and embryo production in Nelore heifers with low or high feed intake)

Mollo, M.R., Rumpf, R., Ramos, A.F., Martins, A.C., Carrijo, L.H.D., Sartori, R. 86

045 - PROSPECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE POLIMORFISMOS SNPS NO GENE QUE CODIFICA PARA O RECEPTOR DO HORMÔNIO FOLÍCULO ESTIMULANTE (FSHR) EM BOVINOS (Prospection and characterization of SNPs Polymorphisms in the gene that encodes the follicle-stimulating hormone receptor (FSHR) in cattle)

Michalczechen-Lacerda, V.A., Valeriano, A.C.M., Schneider, A., Lim, A., Laender, C.R., Melo, E.O., Franco, M.M. 87

CONTROLE BIOLÓGICO 89

046 - ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Spodoptera frugiperda* (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) EM CULTURAS DE MILHO E ALGODÃO NO BRASIL (Genetic variability analysis of populations of *Spodoptera frugiperda* in corn and cotton crops in Brazil)

Ramiro, C. A., Queiroz, P. R., Monnerat, R. G. 91

047- ANÁLISE MOLECULAR POR MEIO DE DNAmT DE POPULAÇÕES DE *Spodoptera frugiperda* (J.E. SMITH, 1797) (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) [Molecular analysis using mtDNA from populations of *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae)]

Martins, E.S., Carvalho, S. E. S., Queiroz, P. R., Lima, L. H. C., Monnerat, R.G...92

048 - ATIVIDADE INSETICIDA DE ÓLEO VEGETAL EMULSIONÁVEL SOBRE *Aphis gossypii* (HEMIPTERA: APHIDIDAE) [(Insecticidal activity of emulsifiable vegetable oil on *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae)]

Oliveira, S.O.D., Allam, T.D. Souza, R.E.T., Frazão, H.S., Michereff Filho, M., Sujii, E.R., Faria, M. R., Schimidt, F.G.V. 93

049 - AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE TÓXICA DA PROTEÍNA RECOMBINANTE Cry11A DE *Bacillus thuringiensis* PARA LARVAS DE *Aedes aegypti* (Evaluation of Toxic Activity of Recombinant Cry11A Protein of *Bacillus thuringiensis* against *Aedes aegypti* larvae)

Lima, G.M.S. Aguiar, R.W.S., Corrêa, R.F.T., Dumas, V.F., Monnerat, R.G., Ribeiro, B.M. 94

050 - AVALIAÇÃO DA SUSCEPTIBILIDADE DE *Plutella xylostella* A DOIS PRODUTOS FORMULADOS À BASE DE *Bacillus thuringiensis* NA CULTURA DO REPOLHO (Toxicity evaluation of *Plutella xylostella* of two *Bacillus thuringiensis* formulated products in cabbage crop)

Ramos, F., Wagner, F.O., Praça, L.B., Sujii, E., Soares, C.M.S., Monnerat, R.G.95

051 - AVALIAÇÃO DA TOXICIDADE DAS PROTEÍNAS INSETICIDAS PURIFICADAS DE *Bacillus thuringiensis* CONTRA LARVAS DE *Anticarsia gemmatalis* HÜBNER, 1818 (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) [Toxicity evaluation of purify insecticidal proteins of *Bacillus thuringiensis* against *Anticarsia gemmatalis* Hübner, 1818 Larvae (Lepidoptera: Noctuidae)]

Dumas, V. F., Martins, E. S., Melatti, V. M., Siqueira, C. B., Praça, L. B., Monnerat, R. G. 96

052 - AVALIAÇÃO DE BIOINSETICIDAS A BASE DE *Bacillus thuringiensis* E INSETICIDA QUÍMICO A BASE DE *Deltametrina* NO CONTROLE DE TRAÇA DAS CRUCÍFERAS (*Plutella xylostella*) EM TELADO [Evaluation of *Bacillus thuringiensis* bioinsecticides and *Deltamethrin* chemical insecticide in the control of the diamondback moth (*Plutella xylostella*)]

Wagner, F.O., Ramos, F.R., Praça, L.B., Sujii, E., Soares, M., Monnerat, R.G. ..97

053 - AVALIAÇÃO DE RESPOSTAS DE *Diabrotica speciosa* (GERMAR) (COLEOPTERA: CHRYSOMELIDAE) A VOLÁTEIS DE *Lagenaria vulgaris* SER. (CUCURBITACEAE) UTILIZANDO ESTUDOS DE ELETROANTENOGRRAFIA (EAG) E COMPORAMENTO [Evaluation of responses of *Diabrotica speciosa* (Germar) (Coleoptera: Chrysomelidae) to volatiles from *Lagenaria vulgaris* Ser. (Cucurbitaceae) using electroantennographic (EAG) and behavioral studies]

Vieira, H.G., Borges, M., Laumann, R. A., Cavalcante, C., Moraes, M.C.B. ..98

054 - AVALIAÇÃO DE SEMENTES DE MILHETO NO CULTIVO DE *Trichoderma* SPP. (Evaluation of millet of seed in the cultivate of *Trichoderma* spp.)

Souza, R.C., Marques, G.A., Menêzes, J.E., Silva, J.B.T., Mello, S.C.M. 99

055 - AVALIAÇÃO DO EFEITO AGUDO DE INSETICIDAS BACTERIANOS SOBRE CARAMUJOS DA ESPÉCIE *Biomphalaria glabrata* (Evaluation of the acute effect of bacterial insecticides in *Biomphalaria glabrata* snails)

Ramos, F. R., Muniz, D.H.F., Oliveira-Filho, E.C., Monnerat, R.G. 100

056 - AVALIAÇÃO DO EFEITO AGUDO DE INSETICIDAS BACTERIANOS SOBRE PEIXES DA ESPÉCIE *Danio rerio* (Evaluation of the acute effect of bacterial insecticides in *Danio rerio* fishes)

Ramos, F. R., Muniz, D.H.F., Oliveira-Filho, E.C., Monnerat, R.G. 101

057 - AVALIAÇÃO DO EFEITO DE METABÓLITOS PRODUZIDOS POR *Trichoderma* SPP. SOBRE A ESPORULAÇÃO DE *Fusarium* SP. (Evaluation of the effect of metabolites produced by *Trichoderma* spp. on the sporulation of *Fusarium* sp.)

Santos. H. A., Martins, I., Marques, G. A., Macedo, M. A., Peixoto, J. R., Mello, S. C. M. 102

058 - AVALIAÇÃO DO USO DE DIETA ARTIFICIAL NA CRIAÇÃO DA JOANINHA, *Cycloneda sanguinea* (COLEOPTERA: COCCINELIDAE), EM LABORATÓRIO [Evaluation of an artificial diet used on the ladybeetle, *Cycloneda sanguinea* (Coleoptera: Coccinellidae), laboratory rearing]

Bernardes, T. A., Teixeira, M. M., Ribeiro, P. A., Pires, C. S. S., Fontes, E. M. G., Sujii, E.R. 103

059 - BIOLOGIA DE ESTAGIOS IMATUROS DE *Dichelops melacanthus* (DALLAS) (HEMIPTERA: PENTATOMIDAE) [Biology of *Dichelops melacanthus* Dallas) (Hemiptera: Pentatomidae) immature stages]

Paz, A., Laumann, R.A., Borges, M., Moraes, M.C.B. 104

060 - BIOLOGIA DE *Labidus Coecus* (FORMICIDAE: ECITONINAE) EM UMA ÁREA DE PLANTIO DE TOMATE ORGÂNICO NO DISTRITO FEDERAL [Biology of *Labidus coecus* (Formicidae: Ecitoninae) in an area of organic tomato crop in the Distrito Federal]

Milane, P.V.N.G., Monteiro, A.F.N., Togni, P.H. B., Medeiros, M.A., Sujii, E.R..105

061 - CONSTRUÇÃO DE BIBLIOTECA GENÔMICA DE UM BACULOVIRUS PATOGÊNICO À LAGARTA DO ÁLAMO (Construction of genomic DNA library of a pathogenic baculovirus to *Condylorrhiza vestigialis*)

Almeida, L.M., Pinedo, F.J.R., Castro, M.E.B. 106

062 - CULTIVO DE *Trichoderma* SPP. E *Dicyma pulvinata* EM SUBSTRATOS SÓLIDOS (Growth of *Trichoderma* spp. and *Dicyma pulvinata* in the solid substrat)

Marques, G.A., Menêzes, J.E., Martins, I., Santos, R. P., Silva, J.B.T., Mello, S.C.M. 107

063 - DEFESAS INDUZIDAS POR HERBIVORIA EM SOJA E SUA AÇÃO COMO SINOMÔNIOS NA INTERAÇÃO TRI-TRÓFICA SOJA – *Euschistus heros* (FABRICIUS) (HEMIPTERA – PENTATOMIDAE) – *Telenomus podisi* ASHMEAD (HYMENOPTERA: SCELIONIDAE) [Herbivory induced defenses in soybean and their action as sinomones in the tri-trophic interactions soybean – *Euschistus heros* (Fabricius) (Hemiptera – Pentatomidae) – *Telenomus podisi* Ashmead (Hymenoptera: Scelionidae)]

Aquino, M. F. S., Moraes, M. C. B., Araújo, A. R., Borges, M., Laumann, R. A. 108

064 - DETERMINAÇÃO DO NÚMERO DE MARCADORES MOLECULARES PARA A ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Spodoptera frugiperda* (J.E. SMITH, 1797) (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) (Determination of the molecular marker numbers useful to analyze the genetic variability of *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae))

Martins, E.S., Queiroz, P.R., Praça, L.B., Lima, L.H.C., Monnerat, R.G. 109

065 - DIVERSIDADE DE FORMIGAS EM ÁREAS DE CULTIVO DE ALGODÃO (*Gossypium hirsutum* L.) (MALVACEAE) NO DISTRITO FEDERAL. (Diversity of ants in the cotton crop areas in the Distrito Federal)

Monteiro, A. F. M., Togni, P. H. B., Sujii, E. R. 110

066 - EFEITO DA PROTEÍNA Cry 1Ac SOBRE O PREDADOR *Cycloneda sanguinea* (COLEOPTERA: COCCINELIDAE) EM ENSAIO TRITRÓFICO – PROTOCOLO EXPERIMENTAL [Effect of protein Cry 1Ac on the predator *Cycloneda sanguinea* (Coleoptera: Coccinellidae) in a tritrophic assay – experimental protocol]

Ferreira, V. A., Sálame, J.P.A., Bernardes, T.A., Ribeiro, P.A., Nakasu, E.Y.T., Dias, S.C., Paula, D. P., Fontes, E.M.G., Sujii, E.R., Pires, C.S.S. 111

067 - ESTRUTURA DA COMUNIDADE DE FORMIGAS EM ÁREA DE ALGODOEIRO NA REGIÃO DO DISTRITO FEDERAL (Community structure of ants in cotton crop fields in the Distrito Federal)

Viana, C.S.A., Schimidt, F.G.V., Faria, M.R., Fontes, E.M.G., Pires, C.S.S., Michereff Filho, M., Sujii, E.R. 112

068 - ESTUDO DA ATIVIDADE E CARACTERIZAÇÃO DE ESTIRPES DE *Bacillus thuringiensis* TÓXICAS PARA O PULGÃO DO ALGODOEIRO (*Aphis gossypii*) (Study of the activity and characterization of *Bacillus thuringiensis* strains toxic to *Aphis gossypii*)

Melatti, V. M., Praça, L. B., Martins, E. S., Sujii, E., Monnerat, R. G. 113

069 - ESTUDO DA ATIVIDADE TÓXICA PARA *Aedes aegypti* DAS PROTEÍNAS HETERÓLOGAS Cry4Aa E Cry4Ba, DE *Bacillus thuringiensis*, EXPRESSAS EM BACULOVÍRUS RECOMBINANTES (Study of toxic activity for *Aedes aegypti* from Cry4Aa and Cry4Ba heterologues proteins of *Bacillus thuringiensis* express in recombinants baculovirus)

Corrêa, R. F. T., Lima, G. M. S., Aguiar, R. W. S., Fernandez, R. S., Martins, E. S., Dumas, V. F., Monnerat, R.G., Ribeiro, B. M. 114

070 - ESTUDO DA COMUNICAÇÃO VIBRACIONAL DE DUAS ESPÉCIES SIMPÁTRICAS DE *Chinavia* (HEMIPTERA: PENTATOMIDAE) [Studies on communication vibrational of two sympatric species of *Chinavia* (Hemiptera: Pentatomidae)]

Caetano, L. D., Laumann, R. A., Moraes, M.C.B., Borges, M., Lopes, A. P. S. 115

071 - ESTUDOS PRELIMINARES DA ECOLOGIA QUÍMICA DO PERCEVEJO *Dichelops melacanthus* (DALLAS) (HEMIPTERA: PENTATOMIDAE) [Preliminary studies on chemical ecology of *Dichelops melacanthus* (Dallas) (Hemiptera: Pentatomidae)]

Paz, A., Borges, M., Laumann, R.A., Silva, F.A.C., Panizzi, A.R., Moraes, M.C.B. 116

072 - EXPRESSÃO EM CÉLULAS DE INSETO DA PROTEÍNA Cry2Aa DE *Bacillus thuringiensis* TÓXICA PARA LARVAS DE *Anticarsia gemmatalis* (Expression of Cry2Aa Protein of *Bacillus thuringiensis* in insect cells against *Anticarsia gemmatalis* larvae)

Lima, G. M. S., Aguiar, R. W. S., Martins, E. S., Gomes, A.C.M.M., Monnerat, R. G., Ribeiro, B.M. 117

073 - FUNGOS ISOLADOS DE AMOSTRAS DE GOIABEIRAS INFECTADAS POR *Meloiodogyne mayaguensis* (Fungi isolates obtained from samples of guava crops infected by *Meloiodogyne mayaguensis*)

Souza, J. F., Martins, I., Carneiro, R. M. D. G., Díaz, L. H., Arevalo J., Tigano, M. S. 118

074 - IDENTIFICAÇÃO DO GENE DE VIRULÊNCIA *p74* DE UM VÍRUS ISOLADO DA LAGARTA-DO-ÁLAMO *Condylorrhiza vestigialis* (Identification of *p74* virulence gene of a virus isolate from *Condylorrhiza vestigialis* caterpillar)

Almeida, G. F., Souza, M.L., Castro, M. E. B. 119

075 - IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE POPULAÇÕES DE *Spodoptera frugiperda* POR MEIO DO DNA MITOCONDRIAL (Molecular identification of populations of *Spodoptera frugiperda* with mitochondrial DNA)

Ramiro, C. A., Queiroz, P. R., Monnerat, R. G. 120

076 - INFECÇÃO DE LAGARTAS *Spodoptera frugiperda* POR BACULOVÍRUS EM COMBINAÇÃO COM BRANQUEADOR ÓPTICO (Infection of *Spodoptera frugiperda* caterpillars by baculovirus in combination with optical brightener)

Souza, L.C., Azevedo, F.I., Ribeiro, Z.M.A., Siqueira, C.B., Valicente, F.H., Souza, M.L., Castro, M.E.B. 121

077 - INFLUÊNCIA DA COMUNICAÇÃO VIBRACIONAL DE PERCEVEJOS NO COMPORTAMENTO DE BUSCA DE HOSPEDEIROS DO PARASITÓIDE *Telenomus podisi* ASHMEAD (HYMENOPTERA: SCELIONIDAE) [Influence of vibratory communication of stink-bugs on host searching behavior of the parasitoid *Telenomus podisi* Ashmead (Hymenoptera: Scelionidae)]

Lopes, A. P.S., Moraes, M.C.B., Borges, M., Laumann, R.A. 122

078 - INFLUÊNCIA DE *Trichoderma* SPP. NA FORMAÇÃO E GERMINAÇÃO DE ESCLERÓDIOS DE *Sclerotium rolfsii* (Influence of *Trichoderma* spp. in the formation and germination of *Sclerotium rolfsii* sclerotia)

Macedo, M. A., Martins, I., Mello, S. C. M. 123

079 - INIBIÇÃO DO CRESCIMENTO DE *Cylindrocladium* IN VITRO POR ISOLADOS DE *Trichoderma* (Inhibition of the *Cylindrocladium* in vitro by *Trichoderma* isolates)

Santos, R.P., Carvalho Filho, M.R., Macedo, M.A., Marques, G.A., Martins, I., Mello, S.C.M. 124

080 - INIBIÇÃO DO CRESCIMENTO MICELIAL DE *Sclerotium rolfsii* POR METABÓLITOS DE *Trichoderma* SPP. (Inhibition of the mycelial growth of *Sclerotium rolfsii* by volatile metabolites of *Trichoderma* spp.)

Macedo, M. A., Santos, R. P., Marques, G. A., Martins, I., Mello, S. C. M. .. 125

081 - MECANISMOS BIOQUÍMICOS ENVOLVIDOS NO ANTAGONISMO DE *Trichoderma asperellum* A *Sclerotium rolfsii* (Biochemical mechanisms related to the *Trichoderma asperellum* antagonism to *Sclerotium rolfsii*)

Alvarenga, D.O., Queiroz, P.R., Lima, L.H.C., Mello, S.C.M. 126

082 - MUDANÇA NA POPULAÇÃO VIRAL DO FENÓTIPO *MANY POLYHEDRA* PARA *FEW POLYHEDRA* DECORRENTE DA PASSAGEM SERIAL DO BACULOVIRUS ANTICARSIA EM CULTURA DE CÉLULAS (Change in the viral population from many polyhedra to few polyhedra phenotype due to serial passage of baculovirus anticarsia in cell culture)

Rezende, S.H.M.S., Castro, M.E.B., Souza. M.L. 127

083 - PATOGENICIDADE DOS FUNGOS *Beauveria bassiana* E *Metarhizium anisopliae* PARA LARVAS DE *Aegopsis bolboceridus* (COLEOPTERA: MELOLONTHIDAE) [Pathogenicity of *Beauveria bassiana* and *Metarhizium anisopliae* fungi to the *Aegopsis bolboceridus* larvae (Coleoptera: Melolonthidae)]

Oliveira, S.O.D., Allam, T.D., Oliveira, M.W.M., Michereff Filho, M., Oliveira, C.M., Schimidt, F.G.V. 128

084 - PERSISTÊNCIA DE ISOLADOS DE *Trichoderma* spp. E *Sclerotium rolfsii* NO SOLO EM CULTIVO DE FEIJÃO (Persistence of *Trichoderma* spp. and *Sclerotium rolfsii* isolated in the soil of bean culture)

Araújo, K.A.C., Souza, R.C., Mello, S.C.M., Silva, J.B.T. 129

085 - PÓLEN COMO RECURSO ALIMENTAR DO BICUDO *Anthonomus grandis* BOHEMAN, 1843 (COLEOPTERA: CURCULIONIDAE) NA SAFRA E ENTRESSAFRA DO ALGODOEIRO (Pollen as alimentary resource of the boll weevil *Anthonomus grandis* Boheman, 1843 (Coleoptera: Curculionidae) outside cotton fields)

Ribeiro, P. de A., Sujii, E.R., Fontes, E.M.G., Diniz, I.R., Medeiros, M.A., Branco, M.C., Salgado-Labouriau, M.L., Pires, C.S.S., Pereira, B. A. da S. 130

086 - PRINCIPAIS POLINIZADORES DE *Gossypium hirsutum latifolium* (MALVACEAE), V. DELTA OPAL, EM UMA LOCALIDADE DO DISTRITO FEDERAL, BRASIL (Main pollinators of *Gossypium hirsutum latifolium* (Malvaceae), v. Delta Opal, in one locality of Federal District, Brazil)

Cardoso, C. F., Silveira, F.A., Oliveira, G.M., Cavéchia, L.A., Almeida, J.P.S., Sujii, E. R., Fontes, E., Pires, C.S.S. 131

087 - PROTOCOLO DE CRIAÇÃO DA BORBOLETA *Chlosyne lacinia* (GEYER) (LEPIDOPTERA: NYMPHALIDAE) PARA AVALIAÇÃO DA TOXICIDADE DA PROTEÍNA Cry1Ac (Protocol for rearing the butterfly *Chlosyne lacinia* (Geyer) (Lepidoptera: Nymphalidae) for protein Cry 1Ac toxicity evaluation)

Teixeira, M.M., Bernardes, T.A., Pires, C.S.S., Paula, D.P., Fontes, E., Sujii, E. 132

088 - PROTOCOLO PARA CRIAÇÃO DE *Aphis gossypii* (HEMIPTERA: APHIDIDAE) EM FOLHAS DE ALGODÃO PARA BIOENSAIOS [Rearing methodology for *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae) on cotton leaves to bioassay]

Cavalcante, K.R., Bernardes, T.A., Teixeira, M.M., Ferreira, V.A., Sálame, J.P.A., Teixeira, J.B., Schimidt, F.G.V., Pires, C.S.S., Fontes, E.M.G., Sujii, E.R. 133

089 - RESISTÊNCIA DE CULTIVARES DE *Capsicum annum* A *Meloidogyne* spp. (Resistance of *Capsicum annum* cultivars to *Meloidogyne* spp.)

Cirotto, P.A., Resende, F.O., Quintanilha, A.P., Carneiro, R.M.D.G. 134

090 - SELEÇÃO DE ESPÉCIES ANTAGONISTAS *Meloidogyne ethiopica* WHITEHEAD 1968 (Selection of antagonistic plants to *Meloidogyne ethiopica* Whitehead, 1968)

Lima, E. A., Mattos, J. K., Gomes Carneiro, R., Carneiro, R.M.D.G. 135

091 - SELEÇÃO DE *Psidium* SPP. QUANTO A RESISTÊNCIA A *Meloidogyne mayaguensis* E COMPATIBILIDADE DE ENXERTIA COM *P. guajava* CV PALUMA (Screening of *psidium* spp. for resistance to *Meloidogyne mayaguensis* and grafting compatibility with *P. guajava* cv. Paluma)

Carneiro, R.M.D.G., Cirotto, P.A., Sousa, M.G., Silva, D.B., Gomes Carneiro, R. 136

092 - TRANSFEÇÃO E TRANSFORMAÇÃO DE UMA LINHAGEM CELULAR DE *Trichoplusia ni* PELO GENE 25KFP DO BACULOVIRUS AgMNPV (Transfection and Transformation of a *Trichoplusia ni* cell line using the 25KFP gene of AgMNPV baculovirus)

Maia, A.E., Ribeiro, Z.M.A., Souza, M.L., Castro, M. E. B. 137

093 - VIABILIDADE DE ISOLADO *Dicyma pulvinata* APÓS DIFERENTES PERÍODOS DE ARMAZENAMENTO (Viability of the isolated *Dicyma pulvinata* in different periods of storage)

Marques, G.A., Macedo, M. A., Araújo, K.A.C., Martins, I., Mello, S.C.M. ...138

RECURSOS GENÉTICOS 139

CARACTERIZAÇÃO 141

094 - ANÁLISE MEIÓTICA DE HÍBRIDOS DE *Arachis vallsii* X *A. williamsii* (LEGUMINOSAE) [Meiotic analysis of hybrids of *Arachis vallsii* x *A. williamsii* (Leguminosae)]

Silva, G.S., Valls, J.F.M., Santos, S., Peñaloza, A.P.S. 143

095 - ANÁLISE POPULACIONAL E MAPEAMENTO GENÉTICO DE MICROSSATÉLITES TETRA E PENTANUCLEOTÍDEOS EM ESPÉCIES DE *Eucalyptus* (Population analysis and genetic mapping of tetra and pentanucleotide microsatellites in *Eucalyptus* species)

Sansaloni, C. P., Mamani, E. M., Pappas, G. J. , Grattapaglia, D. 144

096 - ANATOMIA FOLIAR DE ESPÉCIES E HÍBRIDOS DE *Arachis*, SECT. *Arachis* (LEGUMINOSAE) RELACIONADOS À ORIGEM DO AMENDOIM (Leaf anatomy of species and hybrids of *Arachis*, sect. *Arachis* (Leguminosae) related to the origin of the peanut)

Silva, G. S., Ribeiro, D. G., Valls, J. F. M., Santos, S. 145

097 - AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA À *Spodoptera frugiperda* EM ESPÉCIES SILVESTRES DE *Arachis* (Evaluation of the resistance to *Spodoptera frugiperda* in wild species of *Arachis*)

Martins, A.E., Andrade, M.T., Alves, E.E.A., Fávero, A.P., Custódio, A.R., Ramos, V.R., Valls, J.F.M. 146

098 - AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE ANANAS COM POTENCIAL ORNAMENTAL (Evaluation of genotypes of ananas with ornamental potential)

Silva, C. M., Ferreira, F. R., Teixeira, J. B., Cabral, J.R.S. , Souza, F.V.D. ...147

099 - CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA A *Anticarsia gemmatalis* EM ESPÉCIES SILVESTRES DO GÊNERO *Arachis* (Characterization of the resistance of *Anticarsia gemmatalis* in wild species of genus *Arachis*)

Andrade, M.T., Martins, A.E., Alves, E.E.A., Fávero, A.P., Custodio, A.R., Ramos, V.R., Valls, J.F.M. 148

- 100 - CARACTERIZAÇÃO DO ÓLEO DA SEMENTE DE ESPÉCIES NATIVAS DO CERRADO BRASILEIRO: *Passiflora cincinnata* MAST, *Passiflora setacea* D.C, *Passiflora nitida* HBK e *Hancornia speciosa* GOMES (Characterization of oil seeds of species of the Brazilian Cerrado: *Passiflora cincinnata* Mast, *Passiflora setacea* D.C, *Passiflora nitida* HBK e *Hancornia speciosa* Gomes)**
Lopes, R. M., Sevilha, A., Silva, D. B., Vieira, R. F., Faleiro, F. G., Agostini-Costa, T. S. 149
- 101 - COMPOSIÇÃO DE CAROTENÓIDES E TEOR DE ÓLEO E UMIDADE DE CANISTEL (*Pouteria campechiana*) [Composition of carotenoids and content of oil and moisture of canistel (*Pouteria campechiana*)]**
Wondracek, D. C., Lopes, R. M., Ferreira, F. R., Agostini-Costa, T. S. 150
- 102 - COMPOSIÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE 28 ACESSOS MENTA (*Mentha* SPP.) NO DISTRITO FEDERAL (Chemical composition of essential oil of 28 Mint accessions (*Mentha* spp.) in the Federal District)**
Paula, K. D. S., Silva, D. B., Bizzo, H., Vieira, R. F. 151
- 103 - CONSTRUÇÃO DE UM MAPA DE LIGAÇÃO PARA O AMENDOIM (*Arachis hypogaea* L.), UTILIZANDO ANFIDIPLÓIDES SINTÉTICOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES (Construction of a linkage map for peanut (*Arachis hypogaea* L.) using synthetic amphidiploids and microsatellite markers)**
Lustosa, F.L.F., Gouvêa, E.G., Guimarães, P.M., Leal-Bertioli, S.C.M., Fávero, A.P., Bertioli, D.J., Moretzsohn, M.C. 152
- 104 - DESENVOLVIMENTO DE UM PAINEL DE MICROSSATÉLITES PARA ESTUDOS DE ESTRUTURA POPULACIONAL DE ESPÉCIES DE *Eucalyptus* (Development of a microsatellite panel for population genetic structure analysis of *Eucalyptus* species)**
Correia, L. Q., Faria, D. A., Grattapaglia, D. 153
- 105 - DIAGNOSTICO DOS AGRICULTORES FAMILIARES FEIRANTES DA COMUNIDADE ÁGUA BOA II, NORTE DE MINAS GERAIS (Local farmer market's diagnostic. Comunidade Água Boa II, Minas Gerais, BraSil)**
Cavechia, L.A., Bustamante, P. G., Correia, J.R. 154
- 106 - DIVERSIDADE HAPLOTÍPICA DE MICROSSATÉLITES DE CLOROPLASTO EM ESPÉCIES DE *EUCALYPTUS* E INFERÊNCIA DA HERANÇA MATERNA (Haplotipic diversity of chloroplast microsatelites markers in *Eucalyptus* species and inference of maternal inheritance)**
Vieira, M.C., Faria, D.A., Grattapaglia, D. 155

107 - DIVERSIDADE NUCLEOTÍDICA E MAPEAMENTO DE GENES CANDIDATOS EM *Eucalyptus* SPP. (Nucleotide diversity and mapping of candidate genes in *Eucalyptus* spp.)

Neves, L.G., Faria, D.A., Pappas Junior, G.J., Pasquali, G., Grattapaglia, D. ... 156

108 - ESTUDO DAS RELAÇÕES GENÉTICAS DE *Heliconia* (HELICONIACEAE) UTILIZANDO MARCADORES RAPD (Study of Genetic Relation of *Heliconia* (Heliconiaceae) using RAPD markers)

Marouelli, L. P., Ferreira, M. A., Buso, G. S. C. 157

109 - FREQUÊNCIA DE ALELOS ASSOCIADOS A COR DE PELAGEM (GENE *KIT1*) E TAMANHO DE LEITEGADA (GENE *ESR*) EM RAÇAS COMERCIAIS E NATURALIZADAS DE SUÍNOS NO BRASIL (Allele frequencies of candidate genes associated with coat color *KIT1* and litter size in commercial and local pig breeds in Brazil)

Beluco, W., Souza, C.A., Paiva, S.R., Pereira, R.W., Mariante, A.S. 158

110 - GENÉTICA DE ASSOCIAÇÃO EM *Eucalyptus*: IMPACTO DA ESTRUTURA DE POPULAÇÕES EM ESPÉCIES E CLONES ELITE (Towards association genetic in *Eucalyptus*: survey of population stratification in breeding species and elite clones)

Faria, D.A., Correia, L.Q., Pereira, R.W., Grattapaglia, D. 159

111 - GENOTIPAGEM E VALIDAÇÃO DE SNPs NO GENE *DGAT1* EM ANIMAIS DA RAÇA CANCHIM (Genotyping and validation of SNPs in gene *dgat1* in animals of Canchim breed)

Santos, L.P., Regitano, L., Pappas, M., Faria, D.A., Grattapaglia, D. 160

112 - GERMOPLASMA DE TRIGO E SUAS CARACTERÍSTICAS CROMOSSÔMICAS APÓS 30 ANOS DE ARMAZENAMENTO (Wheat Germplasm And Its Chromosomic Characteristics After 30 Years Of Storage)

Ribeiro, M.R., Lima, G.S., Pozzobon, M.T., Santos, S., Peñaloza, A.P.S. . 161

113 - GOIABAS “SIAMESAS” (Siamese guavas)

Silva, C.M., Ferreira, F.R., Pádua, J.G. 162

114 - HAPLOTIPOS DE MTDNA COMO FERRAMENTA PARA AUXILIAR A ORIGEM DE RAÇAS NATURALIZADAS DO BRASIL: CASO DA OVELHA CRIOULA DO PANTANAL (MTDNA Haplotypes In The Study Of Naturalized Livestock In Brazil: The Case Of The Creole Sheep Of Pantanal)

Araújo, A.R., Gomes, W.S., Caetano, A.R., Martins, C.F., Vargas-Junior, F.M., McManus, C., Paiva, S.R. 163

115 - IDENTIFICAÇÃO DE CAROTENÓIDES EM MARACUJÁ-DO-CERRADO (*Passiflora setacea*) [Carotenoids identification of passion fruits (*Passiflora setacea*) of Brazilian Cerrado]

Wondracek, D.C., Sevilha, A. C., Vieira, R.F., Faleiro, F.G., Agostini-Costa, T.S. 164

116 - MAPEAMENTO E CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE NOVOS MICROSATÉLITES DERIVADOS DE EST EM *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus urophylla* (Mapping and genetic characterization of new EST-SSR for *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus urophylla*)

Sena, J.S., Mamani, E.M., Pappas Junior, G.J., Grattapaglia, D. 165

117 - MORFOLOGIA DE PLÂNTULAS RECÉM GERMINADAS DE ESPÉCIES DE *Arachis* (Seedling morphology of *Arachis* species)

Carpes, G. M., Valls, J. F. M. 166

118 - NOVOS DADOS GEOGRÁFICOS, CITOGENÉTICOS E MORFOLÓGICOS SOBRE *Arachis stenosperma* (New geographic, cytogenetic and morphological data on *Arachis stenosperma*)

Custodio, A. R., Silva, G. S., Valls, J. F. M., Peñaloza, A. P. S., Santos, S. 167

119 - OTIMIZAÇÃO DE MARCADORES SSR PARA USO NO MAPEAMENTO GENÉTICO DE BANANEIRA (SSR molecular markers optimization for banana breeding programs)

Menezes, N.P., Ciampi, A.Y. 168

120 - PRODUÇÃO DE NOVOS HÍBRIDOS ENTRE ESPÉCIES SILVESTRES ASSOCIADAS AOS GENOMAS A E B DO AMENDOIM (Production of new hybrids between wild species associated to the peanut A and B genomes)

Custodio, A.R., Valls, J.F.M. 169

121 - RELAÇÕES DE CRUZABILIDADE ENTRE ESPÉCIES E ACESSOS DE GERMOPLASMA BRASILEIRO DE ESPÉCIES SILVESTRES DE *Arachis* ASSOCIADAS AO GENOMA B DO AMENDOIM (*A. hypogaea*) (Crossing relationships between species and accessions of Brazilian wild *Arachis* germoplasm associated to the B genome of the peanut (*A. hypogaea*))

Custodio, A.R., Valls, J.F.M. 170

122 - TRANSFERIBILIDADE DE PRIMERS MICROSSATÉLITES DE *Cucumis melo* PARA *Cucurbita moschata* E *Luffa cylindrica* (Transference of primers microsatellite of *Cucumis melo* for *Cucurbita moschata* and *Luffa cylindrica*)

Leite, T.L., Diniz, B.T., Ferreira, M.A., Ferreira, M.A.J.F., Buso, G.S.C. ... 171

123 - VIABILIDADE DO GRÃO-DE-PÓLEN EM ESPÉCIES SILVESTRES DE <i>Arachis</i> (LEGUMINOSAE) [Pollen viability in wild species of <i>Arachis</i> (Leguminosae)]	
Custodio, A.R., Valls, J.F.M.	172
CONSERVAÇÃO	173
124 - A IMPORTÂNCIA DO SIBRARGEN NA GESTÃO DA COLEÇÃO DE BASE (The importance of Sibrargen to base collection management)	
Couto, C. S., Pereira Neto, L.G., Padilha, L.S., Monteiro. J.S.	175
125 - ANÁLISE GENÉTICA DE <i>Dyckia distachya</i> HASSLER (BROMELIACEAE) UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD (Genetic analysis of <i>Dyckia distachya</i> Hassler (bromeliaceae) using RAPD molecular marker.	
Gavião, C.F.C., Sujii, P.S., Alegria, M.R.M., Ciampi, A.Y.	176
126 - ANÁLISE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE <i>Butia eriosphata</i> (MART. EX DRUDE) BECC UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD (Genetic variability in populations of <i>Butia eriosphata</i> using RAPD markers)	
Santos, A.C.V., Inglis, P.W., Ciampi, A.Y.	177
127 - CONSERVAÇÃO A LONGO PRAZO DE GERMOPLASMA SEMENTE DE CEVADA (<i>Hordeum vulgare</i> L.) [Long term conservation of seed of barley (<i>Hordeum vulgare</i> L.)]	
Silva, R.C., Goedert, C.O.	178
128 - CONSERVAÇÃO DE SEMENTES DE CULTIVARES DE <i>Coffea arabica</i> POR MEIO DE CRIOPRESERVAÇÃO (Conservation of <i>Coffea arabica</i> seeds by cryopreservation)	
Silva, P. A. P., Oliveira, M. A. P., Carvalho, C. H. S., Eira, M. T. S.	179
129 - CONSERVAÇÃO EM LONGO PRAZO DE SEMENTES DE ALGODÃO-DO-CAMPO (<i>Cochlospermum regium</i> (SCHRANK) PILGER) [Long term seed conservation of algodão-do-campo (<i>Cochlospermum regium</i> (Schrank) Pilger)]	
Camillo, J., Vieira, R.F., Salomão, A.N., Mundim, R.C.	180
130 - CONSERVAÇÃO <i>IN SITU</i> DE PEQUI (<i>Caryocar brasiliense</i> CAMB.) EM CERRADO <i>SENSU STRICTO</i> NA TERRA INDÍGENA KRAHÔ (<i>In situ</i> conservation of pequi in Cerrado <i>sensu stricto</i> in the Krahô's land)	
Minervino, J., Dias, T., Krahô, A.	181

131 - ESPÉCIES UTILIZADAS como lenha PELOS AGRICULTORES DA COMUNIDADE ÁGUA BOA II, RIO PARDO MINAS GERAIS/MG (Species Used for firewood by farmers from Água Boa II, Rio Pardo de Minas, Minas Gerais state, Brazil)

Oliveira, A.C. , Cavechia, L.A., Lima, I.L.P., Correia, J.R., Bustamante, P.G. ... 182

132 - ESTIMATIVA DE DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Cedrela fissilis* VELL (MELIACEAE), UMA ESPÉCIE AMEAÇADA [Genetic diversity estimative of *Cedrela fissilis* Vell (Meliaceae), an endangered species]

Sujii, P.S., Azevedo, V.C.R., Ciampi, A.Y. 183

133 - FEIRAS DE SEMENTES TRADICIONAIS E A CONSERVAÇÃO LOCAL DE RECURSOS GENÉTICOS DO POVO INDÍGENA KRAHÔ (Traditional seeds fair on local conservation of the genetic resources of the Krahô Indian nation)

Minervino, J., Magalhães, V., Dias, T., Krahô, A. 184

134 - MICROPROPAGAÇÃO DE ALGODÃO-DO-CAMPO [*Cochlospermum regium* (SCHRANK) PILGER] [Algodão-do-campo (*Cochlospermum regium* (Schrank) Pilger) micropropagation]

Camillo, J., Vieira, R.F., Mendes, R.A., Cardoso, L.D. 185

135 - MONITORAÇÃO DE ACESSOS DE TOMATE (*Solanum lycopersicum*) CONSERVADOS A LONGO PRAZO NA EMBRAPA [Monitoring of tomato (*Solanum lycopersicum*) accessions in a long term storage at Embrapa]

Cunha Junior, A.R., Pereira Neto, L.G., Wetzel, M.M.V.S., Pais, V. de O. . 186

136 - MONITORAMENTO GENÉTICO DO NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DA RAÇA SOMALIS BRASILEIRA (*Ovis aries*) POR MEIO DE LOCOS DE MICROSSATÉLITES [Genetic monitoring of the conservation nucleus from Brazilian hair sheep breed Somalis (*Ovis aires*) by means microsatellite markers]

Barretto, G.B., Facó, O., Lobo, R.N., Egito, A.A., Castro, S.T.R., Albuquerque, M.S.M., Mariante, A.S., Paiva, S.R. 187

137 - ORIGEM DAS RAÇAS LOCAIS DE SUÍNOS NO BRASIL A PARTIR DO DNA MITOCONDRIAL: PERSPECTIVAS PARA A CONSERVAÇÃO DA ESPÉCIE (Origin of local pig breeds in Brazil based on mitochondrial DNA: perspectives for species conservation)

Souza, C.A., Paiva, S.R., Mariante, A.S., Murata, L.S., Sereno, J.R.B., Guimarães, S.E.F., Dutra Jr, W.M., Piovezan, U., Bertani, G.R., Ledur, M. C., Pereira, R.W. 188

138 - PRODUTOS FLORESTAIS NÃO MADEIREIROS COMO UMA FONTE ALTERNATIVA DE RENDA PARA O POVO KRAHÔ (Non-wood forest products as an alternative source of income to the Krahô nation)

Minervino, J., Dias, T., Krahô, A. 189

139 - QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE TRIGO ARMAZENADAS A LONGO PRAZO NA COLEÇÃO DE BASE (COLBASE) DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA (CENARGEN) (Physiological wheat seed quality long-term stored in the Base Collection at Embrapa's National Genetic Resources and Biotechnology Centre)

Silva, R.C., Goedert, C.O., Santos, S., Peñaloza, A. P.S., Pozzobon, M.T. ... 190

140 - SEGUNDA ATUALIZAÇÃO DA FLORA VASCULAR DA FAZENDA SUCUPIRA, BRASÍLIA/DF (Second check list of vascular flora of fazenda Sucupira, Brasília/DF)

Vale, G.D., Fontes, C.G., Pereira, J.B., Vieira, R.C., Walter, B.M.T. 191

SEGURANÇA BIOLÓGICA 193

141 - APLICAÇÃO DAS TÉCNICAS DE MULTIPLICAÇÃO E CRIOPRESERVAÇÃO DE FITONEMATÓIDES *Ditylenchus africanus*, *D. destructor* E *Pratylenchus* SPP. [Application of procedures for multiplication and cryopreservation for plant-parasitic nematodes *Ditylenchus africanus*, *D. destructore* *Pratylenchus* spp.]

Silva, P.H.A. da, Sousa, A.I.M., Gonzaga, V., Tenente, R.C.V., Prates, M. ... 195

142 - AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Psidium* SPP., VISANDO IDENTIFICAR FONTES DE RESISTENCIA A *Erwinia psidii* (Evaluation of *Psidium* spp. genotypes aiming the identification of resistance sources to *Erwinia psidii*)

Diener, H.S., Bonato, C., Tebaldi, N.D., Damasceno, J.P.S., Marques, A.S.A. 196

143 - BANCO DE DADOS DE VÍRUS E VIRÓIDES ASSOCIADOS A COMMODITIES DE IMPORTÂNCIA PARA O AGRONEGÓCIO BRASILEIRO (Database of viruses and viroids associated with commodities of importance to the brazilian agrobusiness)

Anjos, V. S., Marinho, V.L.A., Batista, M.F. 197

144 - BANCO DE IMAGENS DE PRAGAS, UMA FERRAMENTA VITAL PARA A IDENTIFICAÇÃO DE ÁCAROS E NEMATÓIDES DE EXPRESSÃO ECONÔMICA E QUARENTENARIA PARA O BRASIL (Pest Image database, an essential tool for mite and nematode identification of economic and quarantine expression to Brazil)

Santos, J.T.S., Santos, T.O., Rissoli, V.R.V., Tenente, R.C.V., Cares, J.E., Gonzaga, V., Hiragi, G.O., Návía, D. 198

145 - BASE DE DADOS “FUNGOS EM PLANTAS DO BRASIL” – 2007 (Database of “Fungi to plants in Brazil”- 2007)

Simões, L.G., Silva, V.A.M., Ashiuchi, C.S., Melo, L.A.M.P., Urban, A.F., Mendes, M.A.S. 199

146 - DETECÇÃO DE *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* EM SEMENTES DE FEIJÃO POR IMUNOCAPTURE-PCR (Detection of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* in bean seeds by immunocapture-PCR)

Bonato, C., Tebaldi, N.D., Diener, H.S., Damasceno, J.P.S., Marques, A.S.A. 200

147 - DETECÇÃO E IDENTIFICAÇÃO DE *Ditylenchus dipsaci* EM BULBOS DE ALHO (Detection and Identification of *Ditylenchus dipsaci* in Garlic Bulbs)

Oliveira Junior, G.P.O., Sousa, A.I.M., Gonzaga, V., Araújo, A.C.G., Tenente, R.C.V. 201

148 - EFEITO DO TRATAMENTO TÉRMICO ÚMIDO DE SEMENTES DE QUIABO NA TENTATIVA DE ERRADICAÇÃO DO NEMATÓIDE *Ditylenchus equalis*, UMA PRAGA QUARENTENÁRIA PARA O BRASIL. (Effect of thermal wet treatment of okra seeds with purpose to eradicate the nematode *Ditylenchus equalis*, a quarantine pest for Brazil)

Silva, H.A.N.S, Tenente, R.C.V., Cares, J.E. 202

149 - ESTUDO DO POTENCIAL DE DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA DA MOSCADA-FRUTAS ORIENTAL *Bactrocera dorsalis sensu stricto* NO BRASIL (Study of geographic distribution potential of oriental fruit fly *Bactrocera dorsalis sensu stricto* (Hendel) in Brazil)

Silva, S.F., Melo, L.A.M.P., Ribeiro, R.J.C., Oliveira, M.R.V. 203

150 - FUNGOS ASSOCIADOS A SEMENTES E FOLHAS DE *Carthamus tinctorius* (Fungi Associated to seeds and leaves of *Carthamus tinctorius*)

Silva, V.A.M., Urban, A.F., Oliveira, A.S., Chagas, G.R., Paz Lima, M.L., Mendes, M.A.S. 204

151 - FUNGOS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA ASSOCIADOS ÀS SEMENTES DE ARROZ PROCEDENTES DAS FILIPINAS E DA AUSTRÁLIA (Economic importance of fungi associated on rice seeds from Filipinas and Austrália)

Silva, V.A.M., Chagas, G.R., Urben, A.F., Oliveira, A.S., Paz Lima, M.L., Mendes, M.A.S. 205

152 - FUNGOS EXÓTICOS EM SEMENTES DE LINHAÇA INTERCEPTADOS PELA EQVN 1 (Exotic fungi in seeds of *Linum usitatissimum* intercepted by EQVN 1)

Silva, V.A.M., Urben, A.F., Oliveira, A.S., Paz Lima, M.L., Chagas, G.R., Mendes, M.A.S. 206

153 - INIMIGOS NATURAIS RELATADOS SOBRE ESPÉCIES DE INSETOS DA ORDEM COLEOPTERA QUARENTENÁRIOS PARA O BRASIL (Natural enemies related to insect species of quarantine Order Coleoptera to Brazil)

Silva Neta, B.R., Cruz, K.R.R., Santos, A.C.A., Silva, S.F., Oliveira, M.R.V. ... 207

154 - INIMIGOS NATURAIS RELATADOS SOBRE MOSCAS-BRANCAS QUARENTENÁRIAS PARA O BRASIL (Natural enemies related to quarantine whiteflies of Brazil)

Silva Neta, B.R., Cruz, K.R.R., Santos, A.C.A., Silva, S.F., Oliveira, M.R.V. ... 208

155 - INIMIGOS NATURAIS RELATADOS SOBRE MOSCA-DAS-FRUTAS QUARENTENÁRIAS PARA O BRASIL (Natural enemies related to quarantine fruit flies of Brazil)

Cruz, K.R.R., Santos, A.C.A., Silva Neta, B.R., Silva, S.F., Oliveira, M.R.V. 209

156 - INIMIGOS NATURAIS RELATADOS SOBRE PRAGAS QUARENTENÁRIAS DA ORDEM LEPIDOPTERA (Natural enemies related to quarantine pests of Lepidoptera Order)

Silva Neta, B.R., Santos, A.C.A., Cruz, K.R.R., Silva, S.F., Oliveira, M.R.V. 210

157 - INSPEÇÃO ACAROLÓGICA DE MATERIAL VEGETAL INTERCAMBIADO ATRAVÉS DO LABORATÓRIO DE QUARENTENA VEGETAL, EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA, DE JUNHO DE 2006 A SETEMBRO DE 2007 (Acarological inspection of plant material exchanged through Laboratory of Plant Quarentine of Embrapa Genetic Resources and Biotechnology from June 2006 to September 2007)

Reis, M. T., Magarelli, G., Calvoso-Miranda, L., Návia, D. 211

158 - INSPEÇÃO E IDENTIFICAÇÃO ENTOMOLÓGICA NA ESTAÇÃO QUARENTENÁRIA DE GERMOPLASMA VEGETAL NO PERÍODO DE JUNHO DE 2006 A SETEMBRO DE 2007 (Inspection and entomological identification on plant germplasm quarantine station)

Cruz, K.R.R., Magarelli, G., Santos, A.C.A., Silva Neta, B.R., Oliveira, M.R.V. 212

159 - NEMATÓIDES DETECTADOS EM MATERIAL VEGETAL IMPORTADO PELO BRASIL NO ANO DE 2006 até agosto de 2007 [Nematodes Detected in Imported Plant Material by Brazil in the Year 2006 until august 2007]

Sousa, A.I.M., Gonzaga, V., Cares, J.E., Tenente, R.C.V., Prates, M. 213

160 - POLIMORFISMO DE *Meloidogyne incognita* E *M. hispanica* ATRAVÉS DA ANÁLISE DE MARCADORES ISSR (Genetic variability of *Meloidogyne incognita* and *M. hispanica* through ISSR analysis)

Silveira, N.O.R., Silva, J.G.P., Santos, M.F.A., Almeida, M.R.A., Carneiro, R.M.D.G., Tigano, M.S. 214

161 - REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAFEIEIRO A POPULAÇÕES DE *Meloidogyne exigua*: DETECÇÃO DE VIRULÊNCIA NATURAL AO GENE Mex-1 (Coffee plant genotypes reaction to *Meloidogyne exigua* populations: natural virulence detection to the gene Mex-1)

Muniz, M.F.S., Campos, V.P., Moita, A.W., Gonçalves, W., Carneiro, R.M.D.G. 215

162 - SELEÇÃO DE VARIEDADES DE BANANEIRA RESISTENTES AO NEMATÓIDE *Meloidogyne ethiopica*, SOB CONDIÇÕES DE CASA DE VEGETAÇÃO [Screening of resistant banana varieties to the nematode *Meloidogyne ethiopica*, under greenhouse conditions]

Sousa, A.I.M., Santos, A.C.N., Tenente, R.C.V., Carneiro, R.M.D.G., Silva Neto, S.P., Prates, M. 216

163 - SUBSÍDIOS À ELABORAÇÃO DE UMA ANÁLISE DE RISCO DE PRAGAS PARA O ÁCARO VERMELHO DAS PALMEIRAS, *Raoiella indica* HIRST (PROSTIGMATA: TENUIPALPIDAE) NO BRASIL (Subsidies to the elaboration of a Pests Risk Analysis to the red palm mite, *Raoiella indica* Hirst (Prostigmata: Tenuipalpidae) in Brazil)

Reis, M.T., Mendonça, R.S., Navia, D. 217

164 - SUPORTE A IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DE *Ditylenchus* POR MEIO DE SISTEMA ESPECIALISTA, BASEADO NA CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO [*Ditylenchus* species identification supported by an expert system, based on computer science]

Santos, T.O., Rissoli, V.R.V., Tenente, R.C.V., Cares, J.E., Gonzaga, V., Hiragi, G.O. 218

165 - VALOR ESPERADO DE GERAÇÕES DE *Anastrepha ludens* EM ALGUMAS LOCALIDADES DO BRASIL COM BASE NA TEMPERATURA DIÁRIA (Expected value of generations of *Anastrepha ludens* in some sites of Brazil according to daily temperature)

Cruz, K.R.R., Santos, A.C.A., Melo, L.A.M. P., Oliveira, M.R.V. 219

166 - VÍRUS DETECTADOS EM GERMOPLASMA VEGETAL INTRODUZIDO NO BRASIL E ANALISADO PELO LABORATÓRIO DE QUARENTENA DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA – UNIDADE DE VIROLOGIA (Viruses detected in vegetal germplasm introduced into Brazil and analysed by the quarantine laboratory of Embrapa Genetic Resources and Biotechnology – Virology Unit)

Anjos, V. S., Batista, M.F., Marinho, V.L.A. 220

OUTROS 221

167 - EVOLUÇÃO DAS ATIVIDADES DE APOIO NO SISTEMA DE QUALIDADE NA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA (Evolution of the activities of support in the quality system in Embrapa Genetic Resources and Biotechnology)

Galiza, V.S., Castro, C.S.P., Coutinho, M.V., Frazão, H. S., Martins, N.F., Santana, E.F., Amaral, Z.P.S. 223

ÍNDICE DE AUTORES 225

ÍNDICE DE ORIENTADORES 237

OBSERVAÇÃO: A REDAÇÃO DOS RESUMOS É DE INTEIRA RESPONSABILIDADE DOS AUTORES

BIOTECNOLOGIA

Biologia Celular

001 - ANATOMIA FOLIAR DE DUAS ESPÉCIES SILVESTRES E UM ANFIDIPLÓIDE SINTÉTICO DE *Arachis* (Leaf anatomy of two wild species and one synthetic anfidiploid of *Arachis*)

Tanno Silva, P.I.¹, Leal-Bertioli, S.C.M.², Bertioli, D.J.³, Guimarães, P.M.⁴, Araújo, A.C.G.²

Arachis hypogaea, o amendoim, é uma importante cultura oleaginosa cuja susceptibilidade à seca pode limitar sua produção. A seleção de variedades tolerantes à seca e o maior conhecimento sobre os mecanismos envolvidos nesse processo são ferramentas fundamentais para o melhoramento genético. Avaliações da eficiência de transpiração (TE) nas espécies silvestres *A. ipaënsis* (KG 30076) e *A. duranensis* (V14167) mostraram uma redução rápida da transpiração em resposta ao estresse hídrico (comportamento “conservador”), enquanto na espécie cultivada, a transpiração se manteve similar ao longo de um período maior. Já a TE do anfidiplóide sintético derivado desses dois acessos “conservadores” foi similar ao do amendoim cultivado. Para analisar estruturas foliares possivelmente envolvidas nas diferentes respostas ao estresse hídrico, foi inicialmente determinado o tipo e índice estomático (le) em V14167, KG 30076 e no seu anfidiplóide. O terço médio de folíolos de cinco indivíduos de cada genótipo foi coletado, fixado e diafanizado. Dissociações epidérmicas foram observadas e fotodocumentadas. Estômatos do tipo paracítico foram predominantes, seguido do tipo anisocítico e alguns anomocíticos nos três genótipos. Os le para face abaxial e adaxial foram 18; 15; 13 e 22; 19; 18, de KG 30076, V14167 e do anfidiplóide, respectivamente. Esses dados indicam que os le do anfidiplóide estão mais próximos àqueles encontrados no seu parental paterno (V14167) e aos observados nos cultivares Tatu e SO-909 de *A. hypogaea*, sugerindo então que o le não justifica por si só, a diferença no comportamento da transpiração sob estresse hídrico nesses genótipos. Outras amostras foram fixadas, desidratadas, incluídas em JB4® e, secções coradas estão sendo observadas para estender os estudos anatômicos e auxiliar na determinação da importância desses parâmetros na transpiração.

Apoio: Generation Challenge Program.

¹Engenharia Florestal, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

002 - DETECÇÃO DE ALUMÍNIO EM TECIDO FOLIAR DE ESPÉCIES NATIVAS DO CERRADO UTILIZANDO HEMATOXILINA E ALUMINON (Aluminium detection in leaf tissue of native Cerrado species using Hematoxilin and Aluminon)

Cotta, M.G.¹, Geest, J.J.V.D.¹, Melo, T.², Falcão, R.³, Gomes, A.C.M.M.⁴, Almeida, J.D.⁵, Carneiro, M.⁶, Andrade, L.R.M.⁷, Barros, L.M.G.⁵

A resposta fisiológica de tolerância ao alumínio (Al) em espécies vegetais em geral é descrita por dois mecanismos: tolerância intrínseca ao Al e exclusão deste das células. A compreensão dos mecanismos que impedem a entrada ou a desintoxicação do Al nas células poderá contribuir para identificação de rotas metabólicas bem como de genes envolvidos na tolerância a este metal. A identificação do Al em tecidos pode ser feita através de ensaios histológicos utilizando corantes que reagem com o Al. O objetivo desse trabalho foi avaliar os corantes Hematoxilina e Aluminon quanto à capacidade de detectar Al em secções de tecidos foliares de plantas nativas do Cerrado. As espécies avaliadas foram: *Vochysia pyramidalis*, *Callisthene major*, *Qualea grandiflora* e *Sclerobium paniculatum*. As três primeiras são espécies acumuladoras do metal, enquanto *S. paniculatum* é uma espécie tolerante não acumuladora, utilizada nos experimentos como controle negativo. Segmentos foliares das quatro espécies em seu ambiente natural foram coletados, fixados, desidratados em etanol, infiltrados em paraplast, emblocados e seccionados. Os cortes de aproximadamente 10 µm foram depositados em lâminas de microscopia e estas tratadas com solução de Hematoxilina 0,2% ou Aluminon 0,1%. Outros corantes como a Safranina e o Fast Green foram utilizados para estudos anatômicos. Nas condições experimentais, os dois corantes detectaram Al na cutícula, epiderme abaxial e adaxial das três espécies acumuladoras. Entretanto, em *C. major* e *Q. grandiflora* a coloração com Hematoxilina evidencia acumulação de Al no parênquima paliçádico e lacunoso, enquanto o Aluminon não detecta Al nessas regiões. Os resultados indicam que esses corantes são adequados para detecção de Al em cortes semifinos de tecidos foliares, entretanto apresentam diferenças na sensibilidade ao metal. Devido ao fato do Aluminon não corar o parênquima pode-se inferir que a espécie de Al presente nesse tecido é diferente da detectada nas outras regiões do tecido foliar.

Apoio: Embrapa.

¹Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Biologia, graduado, Faculdade JK

³Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁷Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Cerrados

003 - EFEITOS DE MEIOS E TRATAMENTO OSMÓTICO, NA TRANSFORMAÇÃO GENÉTICA VIA BIOBALÍSTICA DE SUSPENSÃO CELULAR DE *Brachiaria brizantha* (A. RICH.) STAPF (POACEAE) CV. MARANDU (Osmotic treatment and media effects in genetic transformation of *Brachiaria brizantha* cv Marandu cell suspension via biolistics)

Oliveira, L.¹, Lacerda, A.L.M.², Carneiro, V.T.C.³, Cabral, G.B.⁴

Brachiaria brizantha é uma forrageira amplamente utilizada no Brasil. A grande maioria das espécies de *Brachiaria* se reproduzem por apomixia, reprodução assexuada. Na apomixia ocorre clonagem através de sementes, pela formação de saco embrionário não reduzido que se desenvolve a partir de uma célula nuclear somática, sendo o desenvolvimento do embrião sem a fertilização da oosfera. A transformação genética de plantas é uma ferramenta utilizada no melhoramento genético, e visa ampliar a variabilidade genética. Um método de transformação de plantas bastante utilizado é a biobalística, e tem sido otimizado para *B. brizantha*. O objetivo deste trabalho foi testar diferentes meios para a indução de suspensão celular, e o efeito da pressão osmótica na transformação genética e na regeneração de *B. brizantha*. Após desinfestação, as sementes foram inoculadas em meio de indução de calos MSCLind ou NB Básico. As sementes foram cultivadas e após 30 dias os calos embriogênicos foram transferidos para seus respectivos meios e cultivados no escuro sob agitação orbital. As suspensões celulares (SC) foram plaqueadas em meios de bombardeamento com 3 ou 12% de sacarose, onde permaneceram por 24 horas antes e depois do bombardeamento. Foram usados os plasmídeos pAHC27 ou pAHUG, ambos contendo o gene *gus* dirigido pelo promotor pUbi1 de milho. Após o bombardeamento, uma parte das células de cada placa foi coletada em solução de X-Gluc. Calos embriogênicos obtidos nos meios de cultura testados apresentaram diferentes taxas de indução de calor, sendo que no meio NB-Básico pH 5,8 houve maior número de calos que no MSCLind pH 4. Não houve diferença significativa entre os meios MSCLind e NB-Básico quando o pH foi 4. Experimentos comparando os dois meios nos pH 4 e 5,8 estão em andamento para elucidar a resposta das suspensões celulares quanto à indução, regeneração e expressão do gene marcador *gus*. A expressão do gene *gus* em 12% de sacarose por 24 horas antes e após o bombardeamento foi maior quando comparada com 3%, tendo aumentado a eficiência na transformação, independentemente do plasmídeo usado. O tratamento osmótico antes e após o bombardeamento tem sido importante para o sucesso da transformação genética em várias espécies. No entanto, a sacarose 12% inibiu o processo de regeneração das suspensões celulares.

Apoio: Embrapa e CNPq.

¹Biologia, graduando, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

004 - HIBRIDIZAÇÃO IN SITU DE mRNA DE *Paspalum* ASSOCIADO À APOMIXIA EM OVÁRIOS DE *Brachiaria brizantha* (*In situ* hybridization of *Paspalum* mRNA related to apomixis in *Brachiaria brizantha* ovaries)

Dantas, A.P.A.¹, Dusi, D.M.A.², Gomes, A.C.M.M.³, Guimarães, L.A.⁴, Pessino, S.⁵, Carneiro, V.T.C.⁶

No Brasil, o gênero *Brachiaria* é largamente utilizado como forrageira tropical, sendo cultivada em uma área com extensão entre 30 e 70 milhões de hectares. *Paspalum* é predominantemente encontrado na região Sul do país e adapta-se a sistemas agropecuários subtropicais. Estas gramíneas apresentam plantas de reprodução sexual e apomítica. As plantas apomíticas de *Brachiaria* e *Paspalum* possuem sacos embrionários do tipo Panicum e as sexuais do tipo Polygonum. Em *Paspalum*, foi isolado um clone superexpresso em plantas sexuais, em relação às apomíticas. O mapeamento in sílico deste clone (46), uma MAP quinase (MAP3K), indicou localização no braço longo do cromossomo 2 de arroz, próximo a três clones ligados a aposporia em *Brachiaria* (rz 273, rz576 e cdo134). O objetivo deste trabalho é verificar o local de expressão destas seqüências em ovários de plantas sexuais e apomíticas de *Brachiaria brizantha* por hibridização in situ. Foram coletados, no campo da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, ovários em megasporogênese e megagametogênese de *Brachiaria brizantha* apomítica e sexual. O material foi fixado em paraformaldeído 4% e glutaraldeído 0,25% em tampão fosfato 0,1M pH 7,2, desidratado em série etanólica e embebido em Paraplast®. Secções de 7 µm foram fixadas em lâminas previamente tratadas com poli-L-lisina. A integridade do RNA foi verificada com laranja de acridina. Esse material será hibridizado utilizando como sondas o clone 46 de *Paspalum*. Os resultados de hibridização in situ, em andamento, serão apresentados.

Apoio: Embrapa, CBAB/MCT e PIBIC/CNPq.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

⁵Bióloga, Ph.D., Universidade de Rosário-Argentina

⁶Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Biologia Molecular

005 - ACÚMULO DE RICINA EM SEMENTES DE MAMONA E SEU SILENCIAMENTO EM PLANTAS GENETICAMENTE MODIFICADAS (Ricin accumulation in castor bean seeds and ricin gene silencing in genetically modified plants)

Baldoni, A.B.¹, Aragão, F.J.L.²

A mamoneira (*Ricinus communis* L.) possui sementes com alto teor de óleo (43-45%), sendo considerada de grande interesse para os programas de biodiesel, além de apresentar tolerância à seca, o que a torna uma opção importante para as regiões semi-áridas do país. Contudo, o principal entrave no uso desta cultura é a ricina, uma das proteínas mais tóxicas ao homem, presente nas sementes. Além disso, não existem tecnologias viáveis para seu processamento industrial. Com o objetivo de gerar plantas transgênicas de mamona com redução total ou parcial do teor de ricina nas sementes foram utilizadas estratégias de RNA interferente, com construção do tipo *intron-hairpin* e geradas linhagens transgênicas, com transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. A construção do vetor de transformação foi realizada clonando o fragmento do gene da cadeia A da ricina (*RcRCA1*). O DNA total de tecidos frescos foi isolado. Um fragmento de aproximadamente 480 pb foi amplificado por PCR. Foram adicionados sítios das enzimas *KpnI/XhoI* e *HindIII/XbaI* em cada par de primers. Esse fragmento foi clonado no vetor pGEM-TEasy e inserido no vetor pHANNIBAL no sentido sense e anti-sense, separados por um íntron. Em seguida, esse cassete de interferência foi transferido para o vetor binário pCAMBIA 1303, juntamente com o gene de resistência a higromicina (*hpt*) (marcador de seleção) e utilizado para transformação de cepas desarmadas de *A. tumefaciens*. Estas bactérias foram utilizadas para a transformação genética de cultivares melhoradas de mamona (BRS188-Sertaneja, BRS149-Nordestina e BRS-Energia). Nas plantas possivelmente transgênicas obtidas serão realizadas análises moleculares para comprovação da integração do fragmento no genoma, visualizar a ocorrência de transcrição e o nível de tradução, bem como comprovar a existência de RNAs endógenos e detectar os siRNAs (*small interference RNA*). Será feito o teste de progênie e a quantificação do teor de ricina. Além disso, pretende-se estudar o acúmulo de ricina durante o desenvolvimento da semente, bem como sua localização intracelular nos vários tecidos, utilizando imunolocalização.

¹Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

006 - A INTERAÇÃO ENTRE OS ÍONS Zn(II) E Cu(II) E A CATALASE, UM ESTUDO VOLTAMÉTRICO [The binding of Zn(II) and Cu(II) ions to catalase, a voltammetric study]

Silva, J.G.¹, Silva, L.P.², Souza, J.R.³, Castro, C.S.P.⁴

A catalase (CAT) é uma enzima responsável pela redução de H_2O_2 a H_2O e O_2 , que apresenta sítios de ligação para o zinco e cobre (Cys, His). A ligação entre a CAT e os íons metálicos pode levar ao estresse oxidativo. O objetivo deste trabalho é estudar a interação dos íons Zn(II) e Cu(II) com a CAT, em meio semelhante ao fisiológico, por voltametria de redissolução anódica, para determinar a estequiometria, o K_d e E^0 . Para a realização das medidas voltamétricas, utilizou-se o analisador voltamétrico Metrohm 797 e uma célula eletroquímica composta pelos eletrodos HMDE, Ag/AgCl e platina. Os sítios teóricos de ligação do Zn(II) e do Cu(II) foram identificados na CAT por meio da comparação de parâmetros físico-químicos (MM, pl e MH), determinados com o software scale index, de peptídeos padrão que se ligam a zinco e cobre e dos peptídeos gerados na clivagem da CAT com GluC2 e V8-proteinase, utilizando o software Cutter. Nos voltamogramas de redissolução anódica obtidos para 100 μL de Zn(II) $1 \times 10^{-4} \text{ mol L}^{-1}$, em 10 mL de tampão borato pH 7,00, observou-se o decaimento completo da corrente de oxidação do zinco após a adição de 94,65 μL de CAT $5,35 \times 10^{-6} \text{ mol L}^{-1}$, evidenciando a interação entre o Zn(II) e a CAT. Foi verificado ainda o aparecimento de um sinal voltamétrico em torno de -0,95 V, que pode ser atribuído ao complexo Zn(II)-CAT, pois o valor calculado para o E^0 foi semelhante. Para 100 μL de Cu(II) $1 \times 10^{-4} \text{ mol L}^{-1}$, em 10 mL de tampão McIlvaine pH 7,00, observou-se que a adição de 117,54 μL de CAT $5,35 \times 10^{-6} \text{ mol L}^{-1}$ provoca a eliminação completa da corrente de oxidação do cobre, evidenciando a interação do íon Cu(II) com a CAT. Para este sistema, não foi observado o sinal voltamétrico característico do complexo, o que pode ser justificado pelo valor calculado de E^0 (+0,27 V). Com base nestes dados, a estequiometria encontrada para os complexos foi 20 Zn(II):1 CAT e 16 Cu(II):1 CAT, valores que coincidem com os obtidos nos estudos teóricos. Por meio do método da titulação amperométrica, determinou-se os valores de K_d , para os sistemas Zn(II)-CAT ($1,62 \times 10^{-11} \text{ mol L}^{-1}$) e Cu(II)-CAT ($1,73 \times 10^{-10} \text{ mol L}^{-1}$), os quais mostram a estabilidade dos complexos e sugerem o envolvimento desses metais no estresse oxidativo.

Apoio: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, UnB, CNPq e CAPES.

¹Química, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Químico, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁴Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

007 - ANÁLISE DA EXPRESSÃO DE GENES DO TIPO MADS-BOX EM *Brachiaria brizantha* (A. RICH.) STAPF POR qRT-PCR E HIBRIDIZAÇÃO IN SITU [Analysis of two MADS-Box like genes of *Brachiaria brizantha* (A. Rich.) Stapf using qRT-PCR and *in situ* hybridization]

Guimarães, L.A.¹, Dusi, D.M.A.², Silveira, E.D.³, Carneiro, V.T.C.⁴

O gênero *Brachiaria* apresenta espécies com plantas de modo de reprodução sexual e apomítico. A apomixia é o modo de reprodução assexual por meio de sementes, em que o saco embrionário é formado de uma célula não reduzida. O desenvolvimento do embrião ocorre sem fertilização da oosfera. Genes do tipo MADS-Box são fatores de transcrição relacionados com o desenvolvimento de órgãos florais. A caracterização desses genes homeóticos em *Brachiaria brizantha*, é, portanto, importante para o entendimento dos processos envolvidos na diferenciação dos órgãos reprodutivos nos diferentes tipos de reprodução. O objetivo deste trabalho é analisar o perfil de expressão de genes da família MADS-Box, visando relacionar a atuação destes genes com a sexualidade e a apomixia. Foram selecionadas duas seqüências nucleotídicas (contig 38 e contig 119) do tipo MADS-Box, obtidas em bibliotecas de cDNA de ovários em megasporogênese e megagametogênese de plantas apomíticas e sexuais previamente construídas. Seqüências nucleotídicas de ubiquitina obtidas nas mesmas bibliotecas foram usadas como genes de referência. Análises de qRT-PCR dos contigs 38 e 119 mostraram expressão preferencial em ovários. O contig 119 apresentou na planta apomítica expressão significativamente maior em ovário no estágio III (início da megagametogênese) e na planta sexual, em ovário estágio II (final da megasporogênese) e estágio III (início da megagametogênese). Os resultados obtidos indicam possível modulação de expressão desses genes em plantas sexuais e apomíticas. O nível de amplificação do contig 119 foi bastante reduzido em plantas apomíticas em relação às sexuais. Além disso, na planta apomítica a expressão desse gene é tardia em relação à sexual. Estes resultados podem significar uma repressão da expressão do gene codificado pelo contig 119 no início da megasporogênese de plantas apomíticas, onde estão relatados eventos diferenciais de desenvolvimento celular como a interrupção da meiose ou degeneração da tétrade e a diferenciação de iniciais apospóricas. Experimentos de hibridização *in situ* foram realizados para determinação da localização da expressão desses genes em óvulos, anteras e meristemas florais de *B. brizantha*. Pretende-se assim determinar a relação com o processo de diferenciação de sacos embrionários de plantas apomíticas.

Apoio: CNPq, CBAB/MCT e Embrapa.

¹Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, doutoranda, Universidade Federal do Rio de Janeiro-UFRJ

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

008 - ANÁLISE DA EXPRESSÃO GÊNICA DIFERENCIAL DE *Vigna unguiculata* (FEIJÃO-DE-CORDA) POR MACROARRANJO DE DNA (Differential gene expression analysis of *Vigna unguiculata* by DNA macroarray)

Santana, C.G.¹, Andrade, R.V.², Saraiva, M.A.P.³, Da Silva, F.R.⁴, Brasileiro, A.C.M.⁵, Grossi-de-Sá, M.F.⁶, Mehta, A.⁶

O feijão-de-corda (*Vigna unguiculata*) constitui uma das espécies mais cultivadas no Brasil, principalmente nas regiões Norte e Nordeste onde, além de importante gerador de empregos e renda, constitui um dos principais componentes da dieta alimentar do nordestino. Porém, a produtividade do feijão-de-corda é constantemente ameaçada por agentes ambientais e patogênicos, afetando negativamente o seu desenvolvimento vegetativo e reprodutivo. Dentre as doenças que afetam esta cultura, pode-se destacar a meloidoginose, causada pelo nematóide *Meloidogyne incognita*, que interfere diretamente na qualidade e quantidade dos grãos produzidos. Bibliotecas subtrativas de cDNA de genótipos resistente e suscetível de feijão-de-corda infectados com *Meloidogyne incognita* foram construídas e um total de 440 unigenes identificados. Membranas de macroarranjo de DNA foram construídas visando validar a expressão diferencial de genes de feijão-de-corda potencialmente envolvidos na resistência e/ou susceptibilidade a *M. incognita*. Para avaliar a qualidade da impressão dos unigenes nas membranas, uma hibridização com uma sonda Overgo para o gene da ampicilina foi realizada. Após estas etapas RNAs totais dos genótipos resistente e susceptível foram extraídos e os respectivos cDNAs utilizados para síntese de sondas complexas e hibridizadas contra as membranas de macroarranjo. Os resultados obtidos poderão contribuir para a melhor compreensão dos mecanismos de resistência a *M. incognita*.

Apoio: FAPDF, CNPq e Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

¹Biólogo, Bolsista CNPq

²Bióloga, Ph.D., Bolsista CNPq

³Eng. Agr., Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Florestal, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

009 - ANÁLISE DA POPULAÇÃO PROTÉICA DE PLANTAS DE CACAU INOCULADAS COM MICROORGANISMOS ENDOFÍTICOS POTENCIALMENTE ENVOLVIDOS NA RESISTÊNCIA CONTRA PATÓGENOS (Analysis of the protein population of cocoa plants infected with endophytic microorganisms potentially involved with resistance against pathogens)

Araújo, M.A.F.¹, Pavin, M.E.², Ramos, A.R.³, Falcão, L.L.⁴, Gander, E.S.⁵, Marcellino, L.H.⁶

Organismos endofíticos podem ser envolvidos em reações de resistência contra patógenos. Em cacau foram relatados casos de resistência ligadas à presença de bactérias e fungos antagonistas a *Moniliophthora perniciosa* e *Phytophthora* ssp., patógenos de grande importância para a cacauicultura. Para estudar o(s) princípio(s) que estão envolvidos neste fenômeno, fez-se uma análise, ao nível protéico, de populações de cacau infectadas com um bacilo e um fungo, potencialmente antagonista aos referidos patógenos. Este material foi previamente isolado na Fazenda Almirante Cacau, Bahia (Pomella, A. com. pessoal). Inicialmente foram testados diversos tampões de extração de proteínas de folhas de cacau com a finalidade de otimizar a eficiência da extração no que diz respeito a diversificação, o rendimento e o poder de resolução em géis de SDS-PAGE. O método mais eficiente envolveu a maceração de folhas na presença de fenol, sacarose, SDS e b-mercaptoetanol, seguida de precipitação com ficoll e metanol. A análise dos extratos protéicos de folhas de cacau, com e sem endofíticos, em géis de SDS-PAGE revelou diferenças no perfil protéico quando corado com prata. Para avaliação mais apurada destas diferenças, os extratos protéicos obtidos serão analisados através de géis bidimensionais.

¹Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Biólogo, Ph.D., Universidade Federal do Pará-UFPA

⁴Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

010 - ANÁLISE DE ESTs DE GENÓTIPOS CONTRASTANTES DE ALGODÃO QUANTO A RESISTÊNCIA AO NEMATÓIDE *Meloidogyne incognita* (ESTs analysis of contrasting cotton genotypes in resistance to nematode *Meloidogyne incognita*)

Barbosa, A.E.A.D.¹, Fragoso, R.R.², Souza, D.S.L.³, Lima, L.M.⁴, Guimarães, L.M.⁵, Viana, A.A.B.³, Oliveira Neto, O.B.⁶, Paes, N.S.⁷, Carneiro, R.M.D.G.⁶, Togawa, R.C.⁸, Martins, N.F.⁹, Grossi-de-Sá, M.F.⁹

O algodão (*Gossypium hirsutum*) é uma das culturas mais importantes para a economia do Brasil. No entanto, ela é atacada por uma série de pragas, destacando-se os nematóides da galha (*Meloidogyne* spp.). Tradicionalmente, o controle desta praga restringe-se ao uso de práticas de manejo, rotação de culturas, plantas resistentes e aplicação de nematicidas, sendo que este último apresenta uma série de desvantagens, incluindo preço elevado, baixa especificidade e alta toxicidade. Este trabalho teve como objetivo analisar uma biblioteca de ESTs de raízes de dois genótipos contrastantes de algodão, um resistente e outro susceptível ao ataque do nematóide *Meloidogyne incognita*, visando identificar possíveis genes candidatos envolvidos nos mecanismos de resistência. No presente trabalho, as variedades de algodão susceptível (IAC 98/708) e resistente (IAC 96/414) ao *M. incognita* foram inoculadas com juvenis de segundo estágio (J2). Foram preparados cDNAs a partir dos mRNAs isolados de um *pool* de raízes coletadas em 2, 4 e 18 dias após a inoculação (d.a.i.). Os ESTs resultantes foram clonados no vetor pSPORT1 (Invitrogen). A qualidade das seqüências foi avaliada com o programa PHRED e o agrupamento foi feito com o programa TGICL do TIGR. Na anotação utilizaram-se os programas BLASTX 2.2.3, MIPS, KOG.v.1.0, PFAM E SWISSPROT. Foram seqüenciados um total de 2262 ESTs, agrupados em 1827 unigenes, sendo 234 contigs e 1593 singlets. Observou-se contigs formados exclusivamente com *reads* da planta resistente, ou da planta susceptível, ou de ambas. Foram identificadas 20 seqüências de genes potencialmente relacionados com resistência a pragas, encontrados unicamente nas raízes de algodão resistente infectadas com o nematóide. Dentre os *contigs* mais populados, encontrou-se similaridade à: superóxido dismutase, chaperona HSP90, proteína LRR e isoflavona redutase. A expressão diferencial dos genes identificados está sendo avaliada por PCR em tempo real. Os genes de interesse serão validados em plantas modelo, via engenharia genética de plantas.

Apoio: Embrapa, CNPq e CAPES.

¹Biólogo, M.Sc., Universidade Católica de Brasília-UCB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Cerrados

³Biólogo, M.Sc., Universidade de Brasília-UnB

⁴Bióloga, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁵Biomédica, B.Sc., Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

⁶Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁷Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁸Bioinformática, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁹Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

011 - ATIVIDADE QUITINÁSICA EM EXTRATOS PROTÉICOS DE *Bacillus thuringiensis* TÓXICOS PARA O BICUDO-DO-ALGODOEIRO (*Anthonomus grandis*) [Chitinase activity in proteic extracts of *Bacillus thuringiensis* toxic to bollweevil (*Anthonomus grandis*)]

Silva, T.S.¹, Vasconcelos, É.A.R.², Rocha, T.L.³, Grossi-de-Sá, M.F.⁴

Bacillus thuringiensis (Bt) é uma bactéria esporulante que produz proteínas entomopatogênicas, dentre elas, toxinas Cry. A cepa S811, mantida no banco de germoplasma de *Bacillus* da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia é conhecidamente ativa contra insetos da ordem Coleoptera. Dentre as entomotoxinas produzidas por esta cepa, encontram-se toxinas Cry1Ab, Cry1Ia12 e Cry8H. A fim de se caracterizar a cinética de produção destas toxinas, e relacioná-las a atividade contra larvas do bicudo-do-algodoeiro (*Anthonomus grandis*), foram obtidos extratos protéicos das células e do sobrenadante da cultura em diferentes estágios do ciclo celular de *Bt* S811, sendo esses estágios: 8 horas após a inoculação (HAI), 16 HAI, 24 HAI e 32 HAI; dentre estes, os que apresentaram maior atividade contra larvas de bicudo foram: 8 HAI da fração celular, e 32 HAI da fração do sobrenadante. Através de ensaios de *Western blotting* foi possível associar a presença de Cry 8H à atividade contra *A. grandis* no extrato protéico da fração celular às 8 HAI. Contudo a toxicidade observada na fração do sobrenadante não pôde ser relacionada à presença da toxina Cry8 ou da toxina Cry1Ia, indicando a presença de outra proteína envolvida na toxicidade. Uma toxina homóloga à Cry1Ab, de aproximadamente 160 KDa, foi identificada por "Peptide Mass Fingerprint" quando as proteínas da fração do sobrenadante às 32HAI foram subfracionadas por cromatografia de exclusão molecular. Adicionalmente foram realizadas análises por 2DE/MS/MS com a fração do sobrenadante a fim de identificar proteínas específicas presentes em 32 HAI que pudessem estar relacionadas à toxicidade desse estágio. Foram identificadas 5 proteínas, dentre as quais, uma proteína de ligação à quitina. Um ensaio de atividade quitinolítica foi realizado com todos os extratos da fração do sobrenadante e a maior atividade foi encontrada às 32 HAI. Esses dados, somando-se ao fato da proteína de ligação à quitina ser encontrada em abundância especificamente no estágio letal da fração do sobrenadante e que apresenta alta atividade quitinolítica, sugere um possível sinergismo entre toxinas Cry e uma quitinase na atividade desta cepa contra *A. grandis*.

Apoio: CNPq e CAPES.

¹Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Biólogo, doutorando, Universidade de Brasília-UnB

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

012 - CARACTERIZAÇÃO DE cDNA DE OVÁRIOS de *Brachiaria brizantha* (A. RICH.) STAPF (cDNA characterization of *Brachiaria brizantha* (A. Rich.) Stapf ovaries)

Lacerda, A.L.M.¹, Cabral, G.B.², Carneiro, V.T.C.³

Brachiaria é largamente utilizada no Brasil como forrageira tropical, sendo cultivada em uma área com extensão entre 30 e 70 milhões de hectares. Esta gramínea apresenta plantas de modo de reprodução sexual e apomítico, sendo a apomixia, predominante, principalmente nas variedades comerciais. A identificação de seqüências de cDNA específicas de ovário pode contribuir na busca de suas regiões promotoras em bibliotecas genômicas. Promotores de expressão específica em ovários de *Brachiaria* são de grande importância em estudos de expressão dos genes envolvidos na apomixia. O objetivo deste trabalho foi determinar a órgão-especificidade de cDNA de expressão detectada previamente em ovários. Clones diferenciais oriundos de DDPCR foram selecionados e transferidos para membrana de náilon com o auxílio de aparelho Bio-Dot[®] BIO-RAD, outras membranas foram preparadas com seqüências de cDNA amplificadas em reação de PCR. Para confecção das três sondas, RNA total de ovário, folha e antera foram utilizados na síntese de cDNA marcado com [a³²P] dCTP. A análise das seqüências geradas foi feita no endereço eletrônico <http://adenina.biomol.unb.br/phph>, no programa Electropherogram quality analysis. Para análise de similaridade foi utilizado o programa BLASTN contra o banco não redundante de nucleotídeos do NCBI. As análises por *northern* reverso com cDNA de anteras, folhas e ovários mostraram a expressão dos clones 04, 09 e 21 apenas em anteras e ovários, já o clone 45 mostrou expressão também em folhas. A seqüência do clone 09 mostrou similaridade com seqüências de proteína ribossomal S8 de *Zea mays* e *Oryza sativa*. A seqüência do clone 21 mostrou similaridade com proteína ribossomal L41 de *Hordeum vulgare* e *Nicotiana tabacum*. As seqüências dos clones 09 e 21 foram comparadas com seqüências das bibliotecas de cDNA de *Brachiaria brizantha* apomítica (B30) e sexual (B105), o clone 09 mostrou similaridade com o *contig* 39 composto por hits das bibliotecas de B30 estágio I e II e B105 estágio IV. Já o clone 21 mostrou similaridade com os *contigs* 34 e 67, vindos de biblioteca de B30 I e II. As proteínas com as quais foi apontada similaridade em banco de dados, são proteínas envolvidas com síntese, processamento e regulação da tradução de proteínas ribossomais. A presença delas em ovários e anteras de *Brachiaria* nos dois acessos, sexual e apomítico, pode indicar um provável envolvimento na reprodução. Deverão ser realizados experimentos de RT-PCR para análise semi-quantitativa dessas seqüências em diferentes tecidos e órgãos de *B. brizantha*.

Apoio: Embrapa e CNPq.

¹Biólogo, Bolsista DTI/CNPq

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

013 - CARACTERIZAÇÃO FUNCIONAL DE UMA NOVA PROTEÍNA DE TRANSFERÊNCIA DE LIPÍDIOS (LTP) EM FRUTOS DE CAFÉ (Functional characterization of a new lipid transfer protein-LTP from coffee)

Barbosa, E.A.¹, Silva, L.P.², Vinecky, F.³, Bloch Jr., C.², Andrade, A.C.⁴

A qualidade final do café se acha estreitamente relacionada com os constituintes químicos responsáveis pelo sabor e aroma, presentes nos grãos verdes utilizados no processamento e torra. O desenvolvimento do fruto de café é um processo longo, caracterizado por importantes alterações bioquímicas quantitativas e qualitativas, sendo que a compreensão desse processo é essencial para melhor entendimento dos determinantes moleculares que conferem as características finais dos grãos de café. Várias proteínas e enzimas, em função de seus teores e atividades, desempenham papel fundamental nos processos metabólicos dos frutos, resultando em cafés com sabores e aromas peculiares. LTPs fazem parte de uma família de proteínas às quais têm-se atribuído um papel biológico importante devido à sua habilidade de facilitar a transferência de fosfolipídios entre membranas. Em cafés expresso, podem estar envolvidas na formação da espuma e manutenção do sabor. Neste estudo, ferramentas bioquímicas e moleculares foram utilizadas para a caracterização de uma nova LTP presente em frutos de café (*Coffea arabica* L.). O extrato total de proteínas obtido a partir de frutos colhidos em diversas fases de desenvolvimento foi submetido à Cromatografia Líquida de Alta Eficiência. As frações cromatográficas foram analisadas em espectrômetro de massa, e aquela contendo um íon de interesse (massa: ~9000 Da) foi submetida a redução, alquilação e digestão com tripsina. Os fragmentos tripticos foram analisados em espectrômetro de massa com vistas ao seqüenciamento *de novo*. O banco de dados do genoma café foi utilizado para as buscas de similaridades dos peptídeos seqüenciados. Utilizou-se, ainda, técnicas de obtenção de imagem por espectrometria de massa para co-localização espacial das LTPs nos frutos. Análises da expressão gênica nos diferentes estágios de desenvolvimento foram realizadas por PCR quantitativo.

Apoio: CBP&D-Café e Finep.

¹Biologia, graduando, Universidade de Brasília-UnB, CBP&D-Café

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., mestrando, Universidade Federal de Lavras-UFLA

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

014 - CLONAGEM DO GENE *EF1- α* DE MILHETO (*Pennisetum glaucum*) [Cloning of the *EF1- α* gene from pearl millet (*Pennisetum glaucum*)]

Marques, J.P.E.¹, Ludke, L.F.², Gander, E.S.³, Marcellino, L.H.⁴

O milheto (*Pennisetum glaucum*) pertence a grande família das gramíneas. Pode ser cultivado em solos de baixa ou média fertilidade (solos pobres e arenosos) e alta salinidade, predominante dos trópicos semi-áridos do continente africano. Dada sua resistência a condições adversas de clima e solo, o milheto pode ser uma fonte importante de genes e promotores que podem ser utilizados em programas de melhoramento de gramíneas via transgenia. Neste trabalho iniciou-se a busca de um gene, cujo promotor controla a expressão gênica de forma forte e constitutiva. Trata-se do gene *EF1- α* cujo produto, o fator de alongação traducional *EF1- α* , é envolvido na reação da ligação de aminoacyl-tRNAs aos ribossomos na alongação da cadeia polipeptídica. A partir de cDNA de semente de milheto foi feita uma amplificação de um fragmento por PCR usando, como primers, oligonucleotídeos similares à região consenso de genes de *EF1- α* de diversos organismos. Desta forma foi gerado um fragmento que foi clonado no vetor comercial pGEM-T Easy (Promega). O fragmento foi seqüenciado e a análise da seqüência de nucleotídeos revelou similaridade aos demais genes *EF1- α* depositados no banco de dados NCBI. O próximo passo deste trabalho será isolar a região 5' do gene por técnicas de PCR (5' RACE ou PCR inversa). A meta é isolar o promotor e assim poder estudar a viabilidade da utilização do mesmo na expressão de genes de interesse agrônômico.

¹Biologia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

015 - CLONAGEM E CARACTERIZAÇÃO DE cDNA CORRESPONDENTE AO GENE *SERK* (SOMATIC EMBRYOGENESIS RECEPTOR-LIKE KINASE) EXPRESSO DURANTE O PROCESSO APOMÍTICO EM *Brachiaria brizantha* (Cloning and characterization of the *SERK* cDNA expressed during apomixis in *Brachiaria brizantha*)

Koehler, A.D.¹, Dusi, D.M.A.², Cabral, G.B.³, Carneiro, V.T.C.⁴, Rodriguez, A.P.M.⁵

Estudos para identificação de genes expressos durante os estágios iniciais da embriogênese em plantas-modelo têm permitido identificar genes, responsáveis pela formação de padrão em plantas. Ao gene *SERK*, foi atribuída a característica de gene marcador do processo embriogênico, expressando-se tanto em células competentes para formar embriões somáticos, como também em óvulos e no início do desenvolvimento de embriões zigóticos. O gene *SERK* faz parte de uma família multigênica, que codifica um receptor de membrana do tipo RLK (Receptor-Like Kinase), participando de importantes vias de transdução de sinais em plantas. No gênero *Brachiaria* é comum a ocorrência de dois modos de reprodução, sexual e apomítico. A apomixia é um processo de clonagem natural em plantas, onde o desenvolvimento do embrião é autônomo. Visando caracterizar e estudar a expressão de *SERK* em *Brachiaria* e seu possível envolvimento no processo apomítico, dois clones contendo a região codificadora de *SERK* foram obtidos através da amplificação do cDNA de ovários de *B. brizantha* cv. Marandu, apomítica. Para tal, foram utilizados iniciadores degenerados. O fragmento amplificado (~ 800 pb) foi purificado do gel e clonado no vetor TOPO PCR 2.1. Através da análise de restrição do DNA plasmidial com a enzima *EcoRI*, dois clones foram isolados e em seguida sequenciados. As seqüências de nucleotídeos obtidas foram analisadas no programa PHRED, agrupadas no programa CAP3 e comparadas por BLAST com seqüências correspondentes a *SERK* disponíveis no NCBI. Foram obtidos dois contigs de alta similaridade com genes *SERK*, denominados *BbrizSERK1* e *BbrizSERK2*. A seqüência nucleotídica do contig 1 de 919 pb apresentou similaridade entre 71 e 88% com proteínas *SERK* de outras monocotiledôneas, incluindo *SERK1* de *Zea mays* (88%, e-value 5e-175) e de *Oryza sativa* (84% e-value 2e-100). Já o contig 2 (*BbrizSERK2*) com 923 pb apresentou similaridade com *SERK2* de *Z. mays* (98%, e-value 0,0) e *O. sativa* (96%, e-value 0,0). Os dados obtidos confirmam o alto grau de conservação desses genes, e as seqüências obtidas serão utilizadas para análise de sua expressão em *B. brizantha*.

Apoio: CNPq e Embrapa.

¹Bióloga, doutoranda, Centro de Energia Nuclear na Agricultura-CENA/USP

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Centro de Energia Nuclear na Agricultura-CENA/USP

016 - CONSTRUÇÃO DE FILTROS DE ALTA DENSIDADE A PARTIR DE UMA BIBLIOTECA GENÔMICA DE CROMOSSOMO ARTIFICIAL DE BACTÉRIA DE *Coffea arabica* L. (Construction of high density filters of a *Coffea arabica* L. BAC library)

Alves, G.S.C.¹, Saraiva, M.A.P.², Pereira, L.F.P.³, Cação, S.M.B.⁴, Silva, N.V.⁴, Diniz, L.E.C.⁵, Vieira, L.G.E.⁶, Andrade, A.C.⁷

Bibliotecas genômicas com grandes fragmentos de DNA, construídas em vetores do tipo cromossomo artificial de bactéria (BAC) são ferramentas essenciais para vários estudos de genômica. O objetivo deste trabalho foi construir filtros de alta densidade de clones bacterianos, a partir de uma biblioteca genômica de BACs de café. A biblioteca foi construída a partir de fragmentos de DNA de alto peso molecular de *C. arabica* híbrido de Timor cv. 832/2, clonados no vetor pCC1BAC e transformados em *E. coli* DH10B. Após transformação 57.000 clones foram obtidos. A verificação do tamanho do inserto de 80 clones revelou tamanho médio de 118 Kb, na faixa de 80 a 250 Kb. A cobertura do genoma haplóide estimada para *C. arabica* foi de cinco vezes. A biblioteca foi transferida em triplicata para placas de 384 poços, com o auxílio do equipamento Q-BOT (GENETIX), resultando em 55.778 clones em 148 placas. Também com o auxílio do Q-BOT, foram produzidos filtros de alta densidade no formato 4 x 4, totalizando 18.432 clones, com duas repetições cada, por membrana de 22 cm². Após a impressão automatizada do Q-BOT, as membranas foram transferidas para placas contendo meio de cultura LB agar seletivo (Cloranfenicol 50 mg/L) e incubadas à 37°C por 12 horas. Posteriormente, as membranas foram incubadas (4 min/2x), em solução de desnaturação (1,5 M NaCl ; 0,5 N NaOH), solução de neutralização por 4 min (1,5 M NaCl; 1,0 M TRIZMA), secadas em papel de filtro e tratadas com solução de proteinase K por 50 min/37°C. As membranas foram secadas novamente em papel de filtro e expostas à UV (Ultralink – Stratagene), para fixação do DNA, estando então prontas para os experimentos de hibridização.

Apoio: CBP&D-Café e Finep.

¹Biotecnólogo, graduado, Bolsista de DTI/CNPq

²Eng. Agr., graduado, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Café/IAPAR

⁴Bióloga, M.Sc., Instituto Agronômico do Paraná-IAPAR

⁵Biólogo, Ph.D., Embrapa Tabuleiros Costeiros

⁶Eng. Agr., Ph.D., Instituto Agronômico do Paraná-IAPAR

⁷Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

017 - CONSTRUÇÃO E VALIDAÇÃO DE MEMBRANAS DE MACROARRANJO DE DNA PARA O ESTUDO DA INTERAÇÃO PLANTA-NEMÁTOIDE (Construction and validation of DNA macroarray membranes for study of plant-nematode interaction)

Andrade, R.V.¹, Locatelli, G.², Saraiva, M.A.P.³, Da Silva, F.R.⁴, Fragoso, R.⁴, Guimarães, P.M.⁵, Metha, A.⁶, Brasileiro, A.C.M.⁷, Grossi-de-Sá, M.F.⁶

O desenvolvimento de tecnologias de seqüenciamento em larga escala a um baixo custo resultou em um grande volume de informações sobre seqüências completas ou pedaços de seqüências expressas (ESTs) para os mais diversos organismos. O acúmulo desses dados de seqüências tem aumentado consideravelmente a demanda por metodologias de análise em larga escala que permitam o estudo dos padrões de expressão em condições biológicas específicas, visando elucidar a função desses genes. Técnicas como de arranjo de DNA (*DNA array*) para análise da expressão gênica tornaram-se importantes ferramentas na identificação e estudo simultâneo de um grande número de genes envolvidos em diversos processos biológicos. Neste contexto, o objetivo geral deste projeto consiste na construção e validação de quatro membranas de macroarranjo de DNA para três espécies vegetais: algodão (*Gossypium hirsutum*); amendoim (*Arachis stenosperma*) e feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) e para uma espécie de nematóide (*Meloidogyne incognita*). Os clones impressos nessas membranas correspondem a seqüências selecionadas em bibliotecas subtrativas [para genótipos contrastantes (resistente e susceptível) de algodão e caupi] ou de cDNA (para plantas inoculadas e não inoculadas de amendoim silvestre e para a fase juvenil 2 de nematóide). A construção destas membranas seguiu os seguintes passos: extração, análise e normalização de DNA plasmidial proveniente dos 8.497 clones Unigenes; validação das membranas-piloto por hibridização com sonda Overgo para verificação e ajuste dos diferentes parâmetros de depósito. As membranas validadas serão utilizadas na análise comparativa da expressão diferencial dos Unigenes em hibridização com sondas homólogas ou heterólogas de diferentes estágios de infecção por *Meloidogyne* spp. em diferentes hospedeiros, incluindo também hospedeiros não contemplados nesse estudo como soja, hortaliças, cana-de-açúcar, feijão comum e fumo.

Apoio: CNPq, CAPES e Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

¹Bióloga, pós-doutoranda, Bolsista DTI/CNPq

²Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Eng. Agr., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁷Eng. Florestal, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

018 - DESENVOLVIMENTO E UTILIZAÇÃO DE VARIAÇÕES EM UM ÚNICO NUCLEOTÍDEO PARA O MAPEAMENTO DE MARCADORES ÂNCORAS E DE GENES CANDIDATOS EM *Arachis* (Development and use of SNP markers for candidate genes in *Arachis*)

Alves, D.M.T.¹, Pereira, R.W.², Leal-Bertioli, S.C.M.³, Moretzsohn, M.C.⁴, Gimenes, M.⁵, Guimarães, P.M.⁴, Bertioli, D.J.⁶

O amendoim cultivado (*Arachis hypogaea* L.) é um alotetraplóide, contendo os genomas AA e BB, os quais estão reprodutivamente isolados dos seus parentais silvestres. Por causa desse isolamento reprodutivo o alotetraplóide apresenta pouco polimorfismo, limitando os trabalhos genéticos. Em contrapartida, as espécies silvestres diplóides têm uma diversidade genética alta, da qual, estão sendo utilizados para a construção de mapas genéticos derivados de cruzamentos entre parentais silvestres diplóides AA (*A. duranensis* x *A. stenosperma*) e entre parentais silvestres diplóides BB (*A. magna* x *A. ipaënsis*). Os marcadores genéticos utilizados na construção destes mapas são baseados em genes de cópia única transferíveis entre Leguminosas, microssatélites e RGAs. Este trabalho envolve o seqüenciamento de 15 fragmentos de DNA, amplificados a partir de amostras de DNA dos parentais diplóide AA. Estas regiões derivam de ESTs (*Expressed Sequence Tags*) que apresentavam similaridade a genes de resistência (RGAs) e a genes de resposta a doenças. Outros 20 fragmentos, referentes à regiões de cópia única e transferível entre leguminosas mapeados no mapa AA, foram amplificados e seqüenciados nos parentais silvestres com genoma BB. As seqüências obtidas foram alinhadas para a identificação de diferenças entre os dois parentais silvestres de cada genoma. Esta estratégia permitiu a identificação de 8 posições variáveis entre os parentais silvestres de genoma AA. Para a genotipagem das variações de um nucleotídeo encontradas foi desenvolvido iniciadores que permitiram a genotipagem em multiplex utilizando a extensão de um único nucleotídeo. Estas genotipagens foram realizadas utilizando o sistema comercial *SNaPshot Single Base Extension Multiplex System* (Applied Biosystems) e eletroforese em seqüenciadores automáticos ABI3100. Com o sistema de genotipagem em multiplex desenvolvido foi possível a genotipagem rápida e eficiente de 93 indivíduos provenientes do cruzamento entre indivíduos F1 dos cruzamentos entre os progenitores. A técnica de miniseqüenciamento mostrou-se um método rápido e eficiente para a genotipagem de variações de um único nucleotídeo nas amostras de F1, permitindo que os resultados sejam rapidamente utilizados para incorporação nos mapas genéticos.

Apoio: Generation Challenge Program (Project 31) e The European Union Grain Legume Integrated Project.

¹Bióloga, mestranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Méd.Vet., Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Biólogo, Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

019 - DESENVOLVIMENTO E VALIDAÇÃO DE MÉTODO ELETROQUÍMICO PARA DETERMINAÇÃO DE Zn, Pb E Cd EM FORMULAÇÕES INFANTIS COMERCIALIZADAS NO DF (Development and validation of electrochemical method for determination of Zn, Pb and Cd in infant formulas sold in DF)

Cunha, L.R.¹, Dorea, J.G.², Souza, J.R.³, Castro, C.S.P.⁴

O controle de qualidade do leite é essencial para fornecer um alimento seguro do ponto de vista higiênico e nutricional, especialmente para crianças, cuja dieta se restringe basicamente ao leite, seja *in natura* ou em formulações infantis, nos seus primeiros anos de vida. A qualidade do leite é atestada do ponto de vista nutricional pela verificação das quantidades de macro e micro nutrientes e do ponto-de-vista higiênico por uma série de parâmetros dentre os quais se destaca a ausência de metais tóxicos. Este trabalho tem como objetivo desenvolver e validar um método eletroquímico para a determinação de Zn, Cd e Pb em formulações infantis comercializadas no DF. Formulações infantis em pó (0,4 g), adquiridas em pontos de venda do DF, foram digeridas com 5,0 mL de HNO₃ e 2,5 mL de H₂O₂, sob radiação de microondas em compartimento fechado com controle de pressão e temperatura (Microdigest A-301), utilizando programa pré-estabelecido. Após digestão, as amostras foram analisadas por voltametria de redissolução anódica utilizando o analisador voltamétrico Metrohm 797 acoplado a uma célula eletroquímica composta pelos eletrodos HMDE, Ag/AgCl e platina e o acetato de sódio 0,2 molL⁻¹ como eletrólito suporte. Seis parâmetros principais foram determinados, utilizando condições experimentais otimizadas, no processo de validação do método: limites de quantificação e detecção (LD), faixa de linearidade, taxa de recuperação, estabilidade e precisão. O método mostrou-se sensível (LDs uma ordem de magnitude menores que os níveis mínimos estabelecidos pelas agências de saúde pública), seletivo (análise dos três metais em única varredura), eficiente (taxas de recuperação entre 90 e 110%), preciso (coeficientes de variação entre 2 e 9%) e estável (amostras e soluções estáveis por dois meses). Apenas uma das amostras apresentou concentração de Zn diferente da declarada no rótulo. Não foi encontrado Pb nas formulações e uma das amostras apresentou Cd, porém com concentração dentro do limite estabelecido. O método desenvolvido será utilizado na construção de uma base de dados para as políticas de saúde pública do Centro-Oeste.

Apoio: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, UnB e CNPq.

¹Nutrição, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Méd. Vet., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

³Químico, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁴Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

020 - DETECÇÃO, ANÁLISE E CLONAGEM DE BEGOMOVÍRUS DE BATATA DOCE E FEIJÃO POR AMPLIFICAÇÃO POR CÍRCULO ROLANTE (Detection, analysis and cloning of sweet potato and bean begomoviruses with Rolling circle amplification)

Paprotka, T.¹, Inoue-Nagata, A.K.², Boiteux, L.², Fonseca, M.E.N.², Resende, R.³, Navas-Castillo, J.⁴, Moriones, E.⁴, Jeske, H.⁵, Faria, J.C.⁶, Ribeiro, S.G.⁷

Geminivírus são vírus de plantas com DNA de fita simples circular encapsidado em partículas icosaédricas geminadas, transmitidos por *Bemisia tabaci*. No Brasil, as begomoviroses são problemas principalmente em tomate e feijão, com perdas de até 100%. Várias espécies de begomovírus infectam batata doce em alguns países, porém não há relato no Brasil. A detecção de begomovírus é feita por hibridização ou PCR, mas a identificação da espécie só é possível através da determinação da seqüência do genoma. Um método baseado na amplificação de DNAs circulares, utilizando a amplificação por círculo rolante RCA, foi desenvolvido e, combinado com a digestão com enzimas de restrição, tem facilitado tanto a clonagem como a diagnose preliminar de begomovírus. Neste estudo, 55 amostras de batata doce do banco de germoplasma da Embrapa Hortaliças e 12 amostras de feijão coletadas em diversas localidades produtoras foram analisadas para detecção e determinação da espécie do vírus presente nas plantas. O DNA total foi extraído, amplificado por RCA e digerido com diferentes enzimas de restrição. Houve amplificação de DNA circular em 54 amostras de batata doce. A análise do perfil de restrição com *BamHI*, *Sst I* e *Pst I* revelou uma banda ao redor de 3 kb, tamanho esperado para begomovírus de batata doce, em 42 das amostras. Fragmentos de tamanhos menores também puderam ser identificados e podem corresponder a DNAs satélites ou DNAs subgenômicos associados aos begomovírus. Nas outras 12 amostras, o DNA amplificado é provavelmente endógeno de origem mitocondrial. Fragmentos correspondentes a todas as bandas obtidas foram clonados e estão sendo seqüenciados para a identificação. Análise com a enzima *Msp I* revelou uma grande diversidade no perfil de restrição entre as amostras, indicando a presença de diferentes vírus. Análises de restrição do DNA amplificado das amostras de feijão com *Msp I* mostraram um padrão típico do *Bean golden mosaic virus* (BGMV). Uma variação no perfil de restrição do DNA B para 2 das amostras foi observada. Os resultados obtidos revelam pela primeira vez no Brasil a infecção de batata doce por begomovírus e indicam a existência de mais de uma espécie viral. Ao contrário, a infecção de feijão parece ser bastante homogênea com a presença apenas de BGMV.

Apoio: German Academic Exchange Service (DAAD).

¹Biólogo, doutorando, University of Stuttgart

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Hortaliças

³Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁴Eng. Agr., Ph.D., CSIC

⁵Biólogo, Ph.D., University of Stuttgart

⁶Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Arroz e Feijão

⁷Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

021 - DETERMINAÇÃO DOS PADRÕES DE TRANSPIRAÇÃO EM GENÓTIPOS SILVESTRES DE *Arachis* SPP. DE REFERÊNCIA: ESTUDOS DE TOLERÂNCIA À SECA PARA PRODUÇÃO DE UM BANCO DE ESTS (Transpiration pattern on wild *Arachis* reference genotypes: Study of drought tolerance for construction of EST database)

Santos, C.M.R.¹, Leal-Bertioli, S.C.M.¹, Guimarães, P.M.², Silva, A.P.³, Locatelli, G.⁴, Castro, R.C.S.⁵, Bertioli, D.J.⁶, Brasileiro, A.C.M.⁷

A identificação de genes envolvidos com a tolerância ao estresse hídrico tem sido uma das ações de pesquisa de maior interesse no que diz respeito a programas de melhoramento genético de plantas. As espécies silvestres do gênero *Arachis* são muito diversas geneticamente, e foram selecionadas, ao longo da evolução, nos mais variados ambientes, apresentando, portanto, uma grande amplitude de resistências aos estresses abióticos. Sendo assim, o *pool* gênico *Arachis* pode oferecer uma rica e inexplorada fonte de genes relacionados com a adaptação a condições adversas, a qual pode ser utilizada para o melhoramento genético e no melhor entendimento dos fenômenos biológicos de resposta a estresses. Como uma primeira etapa de identificação de genes envolvidos com a tolerância ao estresse hídrico foram realizados testes de perfil de transpiração. Vinte acessos silvestres, dois anfidiplóides sintéticos, um híbrido e três cultivares foram avaliados. Foi aplicada desidratação gradual e controlada, sendo que as medidas gravimétricas foram tiradas diariamente. Os acessos *A. cardenasii* GKP 10017 e *A. magna* KG30097 se destacaram por apresentarem perfis de transpiração bem diferentes das cultivares de *A. hypogaea* pouco adaptadas à seca: logo que o estresse foi aplicado, a taxa de transpiração diminuiu de forma acentuada. Por isso, estes dois acessos foram escolhidos para o isolamento de seqüências gênicas relacionadas à resposta ao estresse hídrico. Novos ensaios foram realizados para a coleta de folhas e raízes em pontos escolhidos: quando a taxa de transpiração entre as plantas estressadas e não estressadas era de 0,59 e 0,26, e 30 minutos e 5 horas após rehidratação. RNA deste material foi extraído e bibliotecas subtrativas serão construídas. Os genes a serem identificados neste projeto podem ser utilizados como marcadores moleculares em programas de seleção assistida ou serem introgrididos em espécies cultivadas, oferecendo importantes alternativas para o desenvolvimento de novas variedades de amendoim, ou de outras culturas, mais adaptadas a condições ambientais adversas.

Apoio: Embrapa, UCB e Generation Challenge Program.

¹Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³História, graduanda, União Pioneira de Integração Social-UPIS

⁴Farmácia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

⁵Biologia, graduando, Centro de Ensino Universitário de Brasília-UniCEUB

⁶Biólogo, Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

⁷Eng. Florestal., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

022 - EVOLUÇÃO IN VITRO DE MOLÉCULAS: SELEÇÃO DE VARIANTES CRY COM TOXICIDADE CONTRA INSETOS-PRAGA DO ALGODÃO E DA CANA-DE-AÇÚCAR (Evolution *in vitro* of molecules: screening of Cry variants with toxicity against cotton and sugar cane insects-pest)

Gomes Júnior, J.E.¹, Craveiro, K.I.C.², Ramos, H.B.³, Souza Júnior, J.D.A.⁴, Silva, M.C.M.⁵, Grossi-de-Sá, M.F.⁵

O algodão e a cana-de-açúcar são culturas de grande relevância na agricultura brasileira, com uma produção estimada de 2.586.800 e 473.158.000 de toneladas, respectivamente, para a safra 2007/2008. Os insetos-praga têm se mostrado como causadores de diversos danos a essas culturas. Dentre eles, destacam-se o bicudo-do-algodoeiro – *Anthonomus grandis* (Coleoptera: Curculionidae) para o algodoeiro e a broca da cana – *Diatraea saccharalis* (Lepidoptera: Crambidae), juntamente com a broca gigante da cana – *Telchin licus licus* (Lepidoptera: Castniidae), para o canavial. Todos são difíceis de serem controlados, pelo fato de possuírem fase larval no interior da planta, escapando dos agentes químicos. Este trabalho tem como objetivo gerar novos genes para proteínas entomotóxicas com alta toxicidade contra estes importantes insetos-praga, usando as técnicas do *DNA Shuffling* e *Phage Display*. E, para tanto, o gene original (*Cry1Ia12*) foi digerido usando DNase I e a recombinação dos fragmentos foi obtida por PCR em dois diferentes passos, gerando uma biblioteca contendo 10⁶ clones, para *A. grandis* e *T. l. licus*, e uma biblioteca com 10⁵ para *D. saccharalis*. As toxinas Cry variantes foram expressas na superfície de fagos e selecionadas contra a membrana do intestino médio (B.B.M.V.) dos espécimes de cada inseto. O quarto ciclo de seleção, para *A. grandis* e *T. l. licus*, e o quinto ciclo, para *D. saccharalis*, apresentaram o maior enriquecimento de fagos específicos, com 10⁵ clones, os quais foram selecionados baseados em análises por PCR e Dot Blot, sendo encontrados quinze, sete e dez clones positivos para *A. grandis*, *T. l. licus* e *D. saccharalis*, respectivamente. Estas toxinas Cry variantes foram expressas e estão sendo submetidas à bioensaios contra a larva de cada inseto-praga. Esta estratégia apresentou um grande potencial para ser usada na transformação do algodão e da cana-de-açúcar.

Apoio: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CNPq e CAPES.

¹Biólogo, doutorando, Universidade de Brasília-UnB

²Farmacêutica, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

³Química, graduando, Universidade de Brasília-UnB

⁴Biólogo, doutorando, Universidade de Brasília-UnB

⁵Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

023 - EXPRESSÃO DE GENE ISOLADO DE *Vigna unguiculata* COM POTENCIAL PARA O CONTROLE DO BICUDO-DO-ALGODOEIRO (Expression of gene from *Vigna unguiculata* with potential to control *Anthonomus grandis*)

Paula, A.W.M.¹, Bittar, P.², Viana, A.A.³, Mulinari, F.⁴, Lima, J.N.⁵, Oliveira Neto, O.B.⁶, Oliveira, R.S.⁷, Freitas, S.M.⁸, Grossi-de-Sá, M.F.⁹

O bicudo-do-algodoeiro (*Anthonomus grandis*) é a principal praga da cotonicultura nacional. Sua dieta é do tipo endofítica, o que dificulta o controle da praga pelo uso de produtos químicos. A obtenção de plantas geneticamente modificadas contendo gene de resistência representa uma alternativa para auxiliar no controle desse inseto. O inibidor BTCl purificado de sementes de *Vigna unguiculata*, apresentou atividade contra enzimas do bicudo-do-algodoeiro, o que justifica a utilização do seu gene na transformação genética vegetal para conferir resistência ao inseto. Este trabalho teve como objetivo expressar o gene *btc1* para utilizar a proteína em bioensaios. Foram construídos vetores para expressão em planta modelo fumo, algodão e levedura, respectivamente, via *Agrobacterium*, tubo polínico e utilizando células de *Pichia pastoris*. Os resultados preliminares indicaram baixa expressão do BTCl em *Nicotiana tabacum*. Em levedura foi possível observar a expressão do BTCl em alguns dos clones analisados. Após a microinjeção, análises de aproximadamente 25.000 sementes e plantas desafiadas com o antibiótico canamicina, indicaram 62 plantas apresentando resistência ao agente seletivo. De 47 plantas analisadas por PCR, utilizando iniciadores para o gene *btc1*, 12 plantas candidatas a transformantes apresentaram uma banda de aproximadamente 350 pb, correspondendo ao tamanho do gene. A expressão do BTCl em *Pichia pastoris* foi satisfatória e sugere um resultado promissor para a expressão em larga escala. Então, será possível purificar a proteína, para posteriores análises de inibição *in vitro* e *in vivo* contra proteínas do bicudo-do-algodoeiro. As plantas de algodão candidatas a transformantes serão confirmadas após a detecção do número de cópias do gene introduzido (análises de Southern blot) e análise de expressão da proteína via Western Blot e Elisa.

Apoio: CNPq, Embrapa e FACUAL.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

³Biólogo, M.Sc., Universidade de Brasília-UnB

⁴Farmacêutica, doutoranda, Universidade Federal do Rio Grande do Sul-UFGRS

⁵Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

⁶Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁷Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

⁸Bióloga, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁹Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

024 - EXPRESSÃO DO FATOR IX DE COAGULAÇÃO SANGÜÍNEA HUMANA EM SEMENTES DE SOJA [*Glycine max* L. (MERRIL)] TRANSGÊNICAS [Expression of the human coagulation factor IX in transgenic soybean seeds *Glycine max* L. (Merril)]

Ramos, G.L.¹, Cunha, N.B.², Cipriano, T.M.³, Vianna, G.R.⁴, Aragão, F.J.L.⁴, Rech, E.L.⁴

A crescente demanda por biomoléculas de interesse farmacológico tem levado ao desenvolvimento de sistemas alternativos para a sua produção em larga escala e sob custos mais reduzidos. Sistemas de expressão utilizando células de eucariotos superiores vêm sendo apontados como possíveis alternativas para a produção de proteínas de interesse farmacológico. A expressão desses polipeptídeos em plantas permite seu processamento e modificação pós-traducional de maneira similar ao que ocorre em células humanas. A compartimentalização de proteínas heterólogas em diferentes organelas cotiledonares de sementes, tem apresentado características interessantes tanto com relação à manutenção de seu processo de síntese, enovelamento e processamento, quanto à significativa redução de custos, aumento de estabilidade, manutenção de atividade biológica, ausência de contaminantes e patógenos comuns aos humanos e facilidades tais como práticas de cultivo, colheita, transporte, estocagem e processamento já conhecidos. O fator IX de coagulação sangüínea é uma glicoproteína da classe das serino-proteases que apresenta massa molecular de aproximadamente 51 kDa. O polipeptídeo é sintetizado no fígado e secretado posteriormente no sangue, onde participa de uma cascata complexa de reações envolvendo mais três fatores de coagulação e duas proteínas: a pró-trombina e o fibrinogênio, a qual leva à coagulação sangüínea. Alterações genéticas que levam à disfunção ou à ausência de síntese do FIX levam à hemofilia B, doença recessiva ligada ao cromossomo X que afeta cerca de 1 em cada 30.000 homens. No presente trabalho foram desenvolvidas 11 linhagens de plantas de soja (*Glycine max* L.) cv. BR 16, via biobalística, contendo o gene do FIX humano sob controle do promotor tecido-específico da β -phaseolina de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) e do peptídeo sinal α -coix de *coixina* (*Coix lacrima-jobi* L.), em co-transformação com o gene marcador de seleção *ahas*. A análise do número de cópias integradas ao genoma das progênies R₁ foi verificada por Southern blot. Análises bioquímicas de Western blot e imunocitoquímica evidenciaram a expressão e o endereçamento molecular do FIX humano para os corpos protéicos cotiledonares de sementes transgênicas. Experimentos de espectrometria de massa estão sendo conduzidos no presente momento com o intuito de sequenciar a porção N-terminal do FIX recombinante sintetizado pelas plantas em estudo.

Apoio: Embrapa e CNPq.

¹Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., mestrando, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Eng. Agr., mestrando, Universidade de Brasília-UnB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

025 - IDENTIFICAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE GENES ENVOLVIDOS NA TOLERÂNCIA À SECA EM *Coffea canephora* VAR. CONILLON (Identification and characterization of genes involved in drought tolerance in *Coffea canephora* var. Conillon)

Vieira, N.G.¹, Freire, L.P.², Ferreira, D.L.A.¹, Alvarenga, M.O.³, Soares, C.M.⁴, Marraccini, P.⁵, Andrade, A.C.⁶

Os longos períodos de seca afetam significativamente a produtividade do cafeeiro, sendo que as estimativas de perdas variam de 10 a 15% (~ 4 milhões de sacas), nos últimos anos. Desta forma, o desenvolvimento de ferramentas moleculares para auxiliar o rápido desenvolvimento de variedades mais tolerantes à seca é uma prioridade. O Brasil é o maior produtor mundial de café, produzindo tanto o café arábica (*Coffea arabica*) quanto o café robusta (*Coffea canephora*), as duas espécies cultivadas comercialmente no mundo. A espécie *C. arabica* é a mais cultivada no país, sendo alotetraplóide ($2n=4x=44$) e autógama. Já a espécie de *C. canephora* é cultivada principalmente no Espírito Santo, sendo diplóide ($2n=22$), alógama e, portanto, com maior variabilidade genética que as variedades de *C. arabica*. O objetivo principal deste trabalho foi identificar genes potencialmente envolvidos na tolerância à seca em cafeeiro, por análises da expressão gênica, utilizando-se clones tolerantes e sensíveis de café robusta (*C. canephora* var. Conillon), desenvolvidos no Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (INCAPER). Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação, com mudas em vasos caracterizadas fisiologicamente até atingirem potencial hídrico de antemanhã de -3,0MPa. Foram analisados três clones sensíveis (14, 73 e 120) e um clone tolerante (22). Os genes candidatos analisados foram selecionados a partir de análises *in silico* na base de dados e hibridizações em arranjos de DNA. Os resultados das análises da expressão gênica indicam que a maioria dos genes candidatos identificados pelas análises de Northern eletrônico, também apresentaram expressão diferencial nas análises por Northern-blot e PCR quantitativo em tempo real. Além disso, alguns desses genes candidatos, apresentaram perfil de expressão diferencial entre os quatro materiais genéticos testados (clones sensíveis vs. tolerantes à seca).

Apoio: CBP&D-Café e Finep.

¹Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Biologia, graduada, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

³Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Agronomia, graduando, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

⁵Biólogo, Ph.D., CIRAD/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

026 - INIBIÇÃO NO CRESCIMENTO DE *Moniliophthora perniciosa* E *Colletotrichum gloeosporioides* POR UM AGENTE QUÍMICO (Inhibition of growth of *Moniliophthora perniciosa* and *Colletotrichum gloeosporioides* by a chemical agent)

Oliveira Júnior, G.P.¹, Ramos, A.R.², Lüdke, L.F.³, Gander, E.S.⁴, Marcellino, L.H.⁵

Fungos fitopatogênicos tem grande relevância para agricultura, pois causam doenças importantes nas mais variadas culturas levando a perdas na produtividade. Um exemplo deste tipo de fungo é o basidiomiceto *Moniliophthora perniciosa*, causador da vassoura-de-bruxa, que tem comprometido grandemente a cacauicultura no Brasil. Outro exemplo é o fungo *Colletotrichum gloeosporioides*, causador de doenças como antracnose e podridão peduncular em várias espécies de plantas tropicais e subtropicais como mamão, abacate, goiaba, maracujá, frutas cítricas, berinjela, jiló e muitas outras. O controle para estes tipos de fungos é feito pelo uso de fungicidas, poda fitossanitária ou tratamento térmico, entre outros. Entretanto estes tratamentos são dispendiosos, laboriosos ou antiecológicos e não apresentam eficácia necessária. Neste trabalho procuramos investigar o potencial de agentes químicos não agressivos ao meio ambiente no controle destes fungos. Em particular, foi testado um agente químico normalmente utilizado na agricultura orgânica aqui denominado US. Este agente foi analisado em diferentes concentrações (0,05%; 0,1%; 0,15%; 0,2%; 0,3%; 0,5%; 0,75%; 1%; 1,5%) em meio de cultura BDA (batata, dextrose e ágar) inoculados com *M. perniciosa* e *C. gloeosporioides*. O inóculo foi feito utilizando discos de micélio de 0,8 cm e o crescimento dos fungos acompanhado pela medida do diâmetro do disco durante 12 dias, a cada 3 dias. Com este teste foi possível observar que o agente químico US foi bastante efetivo no controle do crescimento destes fungos in vitro, mesmo na concentração mais baixa utilizada (0,05%). Para determinação da menor concentração deste agente, efetiva no controle do crescimento do micélio, este será testado em BDA em concentrações inferiores a 0,05%. Futuramente testes serão realizados para avaliar o potencial do US no controle destas doenças no campo.

¹Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Biólogo, Ph.D., Universidade Federal do Pará-UFPa

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

027 - ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE GENES CODIFICANTES PARA OSMOTINA EM BIBLIOTECA BAC DE *Theobroma cacao* (Isolation and characterization of osmotin genes from *Theobroma cacao* BAC libraries)

Pereira, J.M.N.¹, Ramos, A.R.², Pavin, M.E.³, Lüdke, L.F.⁴, Gander, E.S.⁵, Marcellino, L.H.⁶

Osmotina pertence à família de proteínas do tipo PR-5 que são expressas em resposta a estresses bióticos e abióticos. Até recentemente nenhum gene deste tipo foi descrito em cacau e, como genes da classe PR-5 poderiam ser envolvidos na defesa contra fungos fitopatogênicos e.g. *Moniliophthora perniciosa* ou *Phytophthora* spp., foram iniciadas a clonagem e a caracterização deste gene em *T. cacao*. Para tal foi feita uma seleção em bibliotecas BAC de cacau utilizando o gene *osm1*, previamente isolado no laboratório. Foram obtidos 8 clones que, subsequentemente, foram analisados por PCR, utilizando como primers oligonucleotídeos correspondente a regiões codificante de *osm1*. Em seguida estes clones foram analisados com enzimas de restrição e *Southern blots*. Análise por PCR demonstrou a presença do fragmento correspondente a região codante de *osm1* em 5 clones, 2 clones não apresentaram o fragmento esperado e 1 clone apresentou uma fraca amplificação do fragmento esperado. A análise por enzima de restrição seguida por *Southern Blot* foi compatível com os resultados de PCR e revelou 5 clones positivos, 2 negativos e um clone com fraca hibridização com a sonda. O padrão de restrição e de hibridização sugerem que existem dentro da nossa amostragem, duas regiões genômicas. Além disso, as análises indicam que o genoma de cacau contém pelo menos 5 paralogos de osmotina. Estes clones BACs selecionados representam uma fonte para o estudo da estrutura gênica do gene *osm1*, que pode estar ligado a outros genes de resistência a patógenos e, portanto, ser de grande importância agrônômica.

¹Biologia, graduando, Universidade Paulista-UNIP

²Biólogo, Ph.D., Universidade Federal do Pará-UFPA

³Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

028 - ISOLAMENTO E CARACTERIZAÇÃO DE RGAS A PARTIR DE BIBLIOTECAS BAC DE ESPÉCIES SILVESTRES DO GÊNERO *Arachis* (Isolation and characterization of RGAs from BAC libraries of wild *Arachis*)

Vidigal, B.S.¹, Guimarães, P.M.², Bertoli, D.J.³, Leal-Bertoli, S.C.⁴, Nielen, E.⁵

Arachis hypogaea, o amendoim cultivado, é uma leguminosa de grande importância na alimentação humana em países da África e Ásia. O amendoim cultivado apresenta um genoma tetraplóide muito extenso e apesar de ser morfológicamente variável, apresenta baixa diversidade genética, além de não possuir fontes de resistência a diversas pragas como *Cercospora arachidicola*, *Cercosporidium personatum*, e *Meloidogyne* spp. Essa baixa variabilidade genética em *A. hypogaea* pode causar um grande problema com a geração de marcadores moleculares polimórficos. Marcadores como RAPDs, AFLPs, RFLPs e SSRs têm apresentado baixo polimorfismo dentro de *A. hypogaea* e isto torna muito difícil a construção de mapas usando populações derivadas de cruzamentos dentro da espécie. Por constituírem importante fonte de genes úteis, espécies silvestres de *Arachis* vêm sendo introduzidas em programas de melhoramento. O processo de introgressão apenas dos genes úteis pode ser utilizado e acelerado pelo uso de seleção assistida por marcadores. Para o uso dessa seleção assistida, é necessário identificar marcadores proximamente ligados a genes de resistência a doenças (RGAs). Muitos dos genes de resistência são caracterizados pela presença do domínio NBS-LRR, que em plantas, a única função associada é em resistência a doenças. Em 2006, duas bibliotecas de BACs foram construídas para espécies silvestres de *Arachis* com genomas AA (*A. duranensis*) e BB (*A. ipaensis*). Sondas contendo RGAs previamente selecionadas por mapearem próximas a genes de resistência foram isoladas de ambas as bibliotecas para sua caracterização. O clone S1A36 placa F09 da biblioteca AA de *A. duranensis* foi sub-clonado em plasmídeo pBS (pBluescript) e 96 clones foram seqüenciados em seqüenciador ABI377. Estas seqüências estão sendo submetidas à análise através do programa que integra busca de microssatélites (TROLL), processamento das seqüências (Staden package) e desenho de primers (Primer 3) visando o desenvolvimento de marcadores SSRs. Estes marcadores serão utilizados para saturação do mapa genético diplóide de *Arachis* genoma AA já construído na região associada ao QTL de resistência ao fungo *C. personatum*.

Apoio: FUNARBE.

¹Biologia, mestrando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Botânico, Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

029 - LOCALIZAÇÃO SUBCELULAR DA PROTEÍNA ROL A (Subcellular localization of the Rol A protein)

Teixeira, R.P.¹, Dantas, J.A.², Lacorte, C.³, Barros, L.M.G.², Carneiro, M.³

A expressão do gene *rol A* de *Agrobacterium rhizogenes* em *Nicotiana tabacum* produz alterações morfológicas marcantes como, por exemplo, baixo porte, folhas escuras e enrugadas, sistema radicular pouco desenvolvido, entre outras. Baseadas em análises da estrutura primária da proteína Rol A foram formuladas hipóteses para explicar de que forma essa proteína acarretaria mudanças fenotípicas tão intensas. Uma delas prevê a possibilidade de Rol A interagir com seqüências promotoras de genes envolvidos no desenvolvimento da planta. Entretanto, um estudo de fracionamento celular detectou a proteína Rol A na fração de membrana. De fato, uma análise da hidrofobicidade de Rol A indica a presença de uma região transmembrana. O conhecimento da localização subcelular de uma proteína pode contribuir na determinação de seu papel nas células eucarióticas já que os diversos compartimentos subcelulares desempenham processos fisiológicos e bioquímicos específicos e a função biológica de uma proteína está diretamente relacionada ao seu endereçamento. Com o objetivo de esclarecer a localização subcelular de Rol A foi realizado um ensaio de expressão transiente. Para tal, um cassete contendo a região codificadora do gene *rol A* fusionada à região codificadora do gene repórter da “green fluorescent protein” (*gfp*), sob regulação do promotor CaMV35S, foi introduzido em células de epiderme de cebola por biobalística. A observação em microscópio de fluorescência mostrou a presença de Rol A nos plastídeos das células da epiderme de cebola. Esta observação corrobora a hipótese de proteína transmembrana, caso a Rol A esteja integrada à membrana dos cloroplastos. Entretanto, não foi possível identificar em qual compartimento da organela ela se encontra. Para esta verificação é necessário que sejam realizados experimentos de imunolocalização em microscopia eletrônica.

¹Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

030 - OBTENÇÃO DE PLANTAS TRANSGÊNICAS DE SOJA [*Glycine max* L. (MERRIL)] ACUMULANDO O HORMÔNIO DE CRESCIMENTO HUMANO (hGH) EM CORPOS PROTÉICOS COTILEDONARES DE SEMENTES (Development of transgenic soybean plants [*Glycine max* L. (Merril)] accumulating the human growth hormone (hGH) in seed cotyledon protein bodies]

Cunha, N.B.¹, Ramos, G.L.², Cipriano, T.M.³, Leite, A.⁴, Aragão, F.J.L.⁵, Vianna, G.R.⁵, Rech, E.L.⁵

A utilização de plantas transgênicas permite expressar proteínas complexas que não podem ser produzidas de forma economicamente viável em microrganismos, cultura de células eucarióticas ou secretadas em urina e leite de animais transgênicos. Os significativos baixos custos operacionais para a produção de compostos não processados fazem com que as plantas transgênicas apresentem maior economia do que outros sistemas de produção de proteínas recombinantes. No caso de plantas como biorreatores, a soja surge como um sistema promissor para a obtenção de proteínas heterólogas, por sua alta produtividade, por ser uma cultura de ciclo curto, sensível a variações de fotoperíodo e acumuladora de proteínas por excelência. Outras vantagens desse sistema estão relacionadas ao alto grau de conservação entre os processos de síntese protéica, enovelamento e ocorrência de modificações pós-traducionais descritos em humanos e em vegetais superiores. Utilizando um sistema desenvolvido na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, baseado no uso do gene *ahas* mutado de *Arabidopsis thaliana* e o herbicida imazapyr, foram obtidas plantas transgênicas de soja expressando o gene do hormônio de crescimento humano em corpos protéicos de sementes de soja madura, regulado pelo promotor e terminador da porção *alpha primer* da proteína trimérica β -Faseolina de feijoeiro-comum, e pelo peptídeo sinal α -Coixina de *Coix lacrima-jobi* L., responsável pela retenção do polipeptídeo humano nos corpos protéicos cotiledonares. A presença dos transgenes nas plantas foi detectada por PCR e por Southern blot, nas gerações R₁ e R₂. A expressão em nível transcricional foi verificada por RT-PCR. A análise de Western blot semi-quantitativo mostrou que o hGH tem sido acumulado à porcentagem de aproximadamente 0,15% do extrato protéico total, o que indica um potencial para produção do polipeptídeo de pelo menos 1,5 kg/ha cultivado. A compartimentalização subcelular da proteína foi demonstrada por imunocitoquímica de sementes transgênicas. Pelos resultados as plantas de soja acumularam uma quantidade significativa de hGH e o sistema mostrou-se estável mesmo após as sementes serem armazenadas por 5 anos sob temperatura ambiente.

Apoio: Embrapa, CNPq, UCB e UnB.

¹Eng. Agr., mestrando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., mestranda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Biólogo, Ph.D., Universidade de Campinas-Unicamp

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

031 - PRODUÇÃO DE UM MICROBICIDA ANTI-HIV POR MEIO DE EXPRESSÃO TRANSIENTE E ESTÁVEL EM PLANTAS (Production of an hiv microbicide by stable and transient expression in plants)

Madeira, L.M.¹, Lacorte, C.² Vianna, G.R.³, Verza, N.C.⁴, Souto, B.M.¹, Oliveira, P.F.⁵, Sexton, A.⁶, Ma, J.K.C⁶, Rech, E.L.³

Cyanovirin-N (CV-N) é uma candidata à microbicida capaz de inativar várias linhagens de HIV se ligando irreversivelmente à gp120 viral, e tem sido demonstrada eficiente como um microbicida tópico vaginal ou retal em macacos. A produção de CV-N, assim como de qualquer microbicida, deve ser em níveis muito altos para o suprimento da demanda mundial. Dessa forma, plantas geneticamente modificadas oferecem um sistema adequado para a produção de CV-N. Duas diferentes estratégias foram utilizadas para expressão de CV-N em plantas. A primeira envolveu a transformação nuclear de embriões de soja por meio de biobalística com um plasmídeo contendo o gene de CV-N sob controle do promotor da β -conglucina seguido de seu peptídeo sinal, visando a expressão de CV-N nas sementes. A presença do transgene foi detectada por PCR em oito das plantas regeneradas e na geração F₁. As sementes positivas serão analisadas para a expressão de CV-N por Western-blot, e a atividade será testada por meio de ELISA de ligação ao gp120. A outra estratégia envolve a expressão transiente via *Agrobacterium tumefaciens* com vetores plasmidiais e virais. A expressão e a atividade de CV-N recombinante após a agroinfiltração em folhas de *Nicotiana benthamiana* foi confirmada por meio de uma ELISA de ligação ao gp120. Futuramente, pretende-se avaliar a capacidade dos extratos protéicos de folhas de *N. benthamiana* agroinfiltradas e de sementes de soja transgênicas de inativar o vírus HIV por meio de ensaios virais, e é esperado que as moléculas recombinantes previnam a infecção in vitro de células T pelo HIV.

Apoio: CNPq.

¹Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Bolsista CNPq

⁵Bióloga, mestranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

⁶Eng. Agr., Ph.D., St. George's University of London

032 - PRODUÇÃO E PURIFICAÇÃO DE SEDA RECOMBINANTE DA ARANHA *Nephilengys cruentata* (Production and purification of recombinant silk from spider *Nephilengys cruentata*)

Souto, B.M.¹, Verza, N.C.², Oliveira, P.E.F.³, Bittencourt, D.M.C.⁴, Madeira, L.M.¹, Andrade, A.C.⁵, Da Silva, F.R.⁶, Lewis, R.V.⁷, Rech, E.L.⁵

Aranhas produzem uma variedade de sedas, que possuem extraordinárias propriedades moleculares e mecânicas. Utilizando seqüências expressas nas glândulas da seda, foram identificadas quatro proteínas produzidas pelas glândulas “major ampullate”, “minor ampullate”, “flagelliform” e “tubuliform” da espécie de aranha brasileira *Nephilengys cruentata* (Araneae:Nephilidae). As novas proteínas identificadas mostraram grande similaridade com outras sedas previamente descritas. Dentre estas, a produzida pela glândula “flagelliform” (NCFlag-like) é extremamente elástica, o que facilita a captura de presas sem que ocorra o rompimento do fio. A engenharia genética permitiu a produção de sedas de aranhas em sistemas heterólogos e com o objetivo de utilizá-las para gerar novos biomateriais. NCFlag-like é composta por seqüências altamente repetitivas formadas pelos peptídeos (GPGGX)_n (X representa A, V, S e Y) e três repetições de GGX (X representa A, S e T) separados por uma seqüência não repetitiva conhecida como espaçador. A seqüência GPGGX parece formar estruturas secundárias β-espiral que contribuem para o mecanismo de elasticidade da fibra. Foram identificados nesta seda três módulos repetitivos diferentes e um espaçador. Foi realizada uma otimização de códon para *Escherichia coli* e utilizando PCR de oligonucleotídeos e síntese de seqüências de nucleotídeos. Foram clonados os quatro módulos repetitivos *in tandem* no vetor de expressão pET19b e obteve-se *E. coli* BL21(DE3) pLysS recombinante. A purificação foi realizada utilizando uma coluna de cromatografia de afinidade carregada com níquel, para cauda de histidina. A proteína resultante expressa foi identificada por “Western blot”, utilizando anticorpo contra a cauda de histidinas codificada pelo vetor. A produção em larga escala das fibras da seda de aranhas tornaria possível a produção de uma nova geração de biomateriais com alto grau de biodegradabilidade, que envolvem aplicações práticas em diferentes segmentos do setor industrial.

Apoio: CNPq, Embrapa e UnB.

¹Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Bióloga, Ph.D., Bolsista CNPq

³Bióloga, mestranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

⁴Méd. Vet., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁷Eng. Agr., Ph.D., University of Wyoming, Laramie- WY, USA

033 - SILENCIAMENTO MEDIADO POR RNA INTERFERENTE DO GENE *SBE1* QUE CODIFICA PARA A ENZIMA DE RAMIFICAÇÃO DO AMIDO I (SBE I) EM MILHO (*Zea mays* L.) [RNAi-mediated silencing of the *sbe1* gene that codes for the StarchBranching Enzyme I (SBE I) in transgenic maize (*Zea mays* L.)]

Cipriano, T.M.¹, Carneiro, N.P.², Carneiro, A.A.³, Carvalho, L.J.C.B.⁴, Aragão, F.J.L.⁴

O milho é uma cultura de grande importância econômica e o amido contido em seus grãos é altamente utilizado na nutrição humana, animal e também na indústria. O amido é composto de dois tipos de polímeros da glicose estruturalmente diferentes, a amilose constituída por cadeia linear, e a amilopectina com cadeia ramificada. A enzima de ramificação do amido (*Starch-Branching Enzyme* - SBE) catalisa a formação de ligações glicosílicas α -1,6, que podem afetar diretamente a estrutura da amilopectina. Esta diferenciação está associada à especificidade de substrato, que por sua vez é dependente das isoformas desta enzima. Em milho foram identificadas três isoformas da enzima de ramificação, a SBE I, SBE IIa e SBE IIb. As isoformas da enzima possuem propriedades diferentes entre si. O presente trabalho visa estudar o efeito do silenciamento do gene *sbe1* que codifica para a enzima de ramificação do amido I (SBE I) em milho e monitorar as alterações na estrutura da amilopectina do grão de amido. Para o silenciamento do gene *sbe1* foi construído um vetor de RNA interferente (pPKZmBE), que contém o gene *bar* como marcador de seleção. O plasmídeo foi utilizado na transformação genética de calos embriogênicos de milho via biobalística. Foram obtidas 10 plantas de milho transgênico com o silenciamento do gene *sbe1*. As plantas transgênicas estão em fase de desenvolvimento em casa de vegetação. Após a fecundação, a progênie será avaliada por meio da análise molecular, morfológica e anatômica das sementes geneticamente modificadas.

¹Eng. Agr., mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Milho e Sorgo

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Milho e Sorgo

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

034 - TRANSFORMAÇÃO GENÉTICA DE *Coffea arabica* COM INIBIDORES DE α -AMILASE (Genetic transformation of *Coffea arabica* with α -amylase inhibitors)

Barbosa, A.E.A.D.¹, Barros, E.V.S.A.², Teixeira, J.B.³, Reis, A.M.⁴, Jimenez, A.V.⁵, Gomes Júnior, J.E.⁶, Nakasu, E.Y.T.⁷, Grossi-de-Sá, M.F.⁸

O Brasil é o maior produtor mundial de café, detendo 36% do mercado, e as espécies *Coffea arabica* (65%) e *Coffea canephora* (35%) são as mais comercializadas. As plantações de café são atacadas por uma série de pragas agrícolas, sendo a principal delas a broca-do-café (*Hypothenemus hampei*). Este coleóptero é difícil de ser controlado, pois passa todo o ciclo de vida protegido dentro do fruto do café. O controle é restrito a utilização de inseticida carcinogênico e tóxico para o meio ambiente. Recentemente, foi demonstrado em experimentos in vitro que o inibidor α -A11 do feijão *Phaseolus vulgaris* inibe a atividade das duas α -amilases presentes no trato intestinal da broca-do-café. Em nosso grupo de trabalho foi demonstrado que um inibidor de α -amilase presente em acessos do feijão selvagem *Phaseolus coccineus* (aIPC) é altamente ativo contra α -amilases desta praga. A disponibilidade em nosso laboratório destes genes e de técnicas eficientes para transformar geneticamente *C. arabica* tornou possível a obtenção de plantas de café transformadas com o gene do inibidor α -A11 e de embriões selecionados com o inibidor aIPC para o controle da broca. Utilizando a técnica de biobalística em calos embriogênicos de *C. arabica* foram obtidas 6 plantas positivas para o gene α -A11, já identificadas via Southern Blot. Estas plantas apresentaram baixo número de cópias, 5 delas com 1 cópia e apenas uma planta com duas cópias do gene. Duas das plantas positivas por Southern Blot estão produzindo frutos, o que permitiu avaliar o nível de expressão do inibidor α -A11 via Western Blot e a atividade dos frutos transgênicos no controle da broca-do-café via bioensaios. Os calos embriogênicos de *C. arabica* transformados com o inibidor de alfa-amilase do feijão *Phaseolus coccineus* estão em meio de indução de regenerando embriões dos calos selecionados. O resultado deste trabalho poderá resultar em cultivares de café menos impactantes ao meio ambiente, tornando o café brasileiro mais competitivo no mercado internacional.

Apoio: CNPq, CAPES e Embrapa Café.

¹Biólogo, doutorando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Bióloga, doutoranda, Universidade Federal do Rio Grande do Sul-UFRGS

³Eng.Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Universidade de Campinas-Unicamp

⁵Eng. Agr., doutorando, Universidade de Brasília-UnB

⁶Biólogo, mestrando, Universidade Federal do Rio Grande do Norte-UFRN

⁷Biólogo, mestrando, Universidade Federal do Rio Grande do Sul-UFRGS

⁸Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

035 - USO DE DIFERENTES MARCADORES SCAR PARA IDENTIFICAÇÃO DE POPULAÇÕES DE *Meloidogyne incognita* (Use of different scar markers to identify *Meloidogyne incognita* populations)

Santos, M.F.A.¹, Carneiro, R.M.D.G.²

Meloidogyne incognita é uma espécie de nematóide de galhas, incluída entre as principais pragas para as culturas agrícolas do Brasil. Recentemente, foram desenvolvidos diferentes marcadores específicos do tipo SCAR (Sequence Characterized Amplified Region) para a espécie. O objetivo do trabalho foi testar a especificidade dos marcadores SCAR- incK14F/R, SCAR- incB06F/R e SCAR - miF/R com diferentes populações de *M. incognita*, provenientes de diferentes localidades do Brasil e com perfis isoenzimáticos típicos da espécie (I1, I2 e I3). Foram também incluídos três isolados de *M. hispanica* (H3N1) e seis de *Meloidogyne* sp. (S2N1 e S2N3). Em condições de reação previamente descrita para os diferentes marcadores SCAR, os pares de primers inc-K14-F/R, inc-B06F/R e miF/R amplificaram um fragmento de 399pb, 1200pb e 955pb respectivamente, em oito isolados de *M. incognita* (I1, I2 e I3) e em quatro de *Meloidogyne* sp (S2N1) provenientes do Brasil. O par de primer miF/R apresentou uma amplificação diferente daquela descrita nos isolados *M. hispanica* e *Meloidogyne* sp. (S2N3). Os resultados mostraram uma alta especificidade dos primers para *M. incognita* independente do perfil enzimático (I1, I2 e I3), assim como os isolados de *Meloidogyne* sp. do Brasil agruparam-se como *M. incognita*. A amplificação de tamanho diferenciada do primer miF/R nos isolados de *M. hispanica* e *Meloidogyne* sp. (S2N3) mostrou tratar-se da mesma espécie. Estudos mais detalhados serão realizados com os referidos isolados.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

036 - VALIDAÇÃO DE EST TECIDO-ESPECÍFICA DE FRUTO DE *Coffea arabica* POR NORTHERN BLOT (Fruit tissue-specific EST of *Coffea arabica* validation by Northern blot)

Cotta, M.G.¹, Abreu, M.S.¹, Santos, D.B.M.², Eira, M.T.S.³, Almeida, J.D.⁴, Barros, L.M.G.⁴, Carneiro, M.⁵

Na maioria das plantas transgênicas disponíveis no mercado a região promotora do transgene induz a expressão da proteína em todos os tecidos da planta, o que causa para o vegetal gastos energéticos desnecessários e aumenta as precauções com biossegurança. Além disso, a maioria dos promotores disponíveis é de propriedade de transnacionais o que onera o desenvolvimento de novos transgênicos. Por estes motivos foi proposto o isolamento de promotores de genes de *Coffea arabica* com expressão preferencial em raiz, folha ou fruto. Para tanto, foi utilizado o Banco de Dados do Genoma Café com o intuito de selecionar “contigs” preferencialmente expressos nos tecidos alvo, para futura prospecção de suas regiões promotoras. O objetivo do presente trabalho foi verificar, por Northern blot, a expressão do gene GCFr1 (Gene Candidato de Fruto 1) selecionado in silico como preferencialmente expresso em fruto e validado em experimentos de RT-PCR e qRT-PCR. Para extração do RNA total de raiz, folha e fruto os tecidos foram macerados em N₂ líquido e solubilizados em tampão apropriado para remoção das proteínas. Após centrifugação, recupera-se a fase aquosa rica em DNA e RNA na qual se adicionou LiCl. O Lítio promove uma precipitação preferencial do RNA que é finalmente recuperado por centrifugação. Depois de isolado, o RNA total foi fracionado por eletroforese em gel desnaturante e transferido a vácuo para membrana de náilon. A membrana foi hibridizada com um fragmento do gene GCFr1 marcado com ³²P. O resultado do Northern blot confirma alta expressão do gene exclusivamente em fruto e revela um transcrito de aproximadamente 600 pb confirmando as análises virtuais e experimentais anteriores. Portanto, o promotor desse gene apresenta os requisitos necessários para ser utilizado em programas de melhoramento de fruto e a próxima etapa será seu isolamento e clonagem em vetor apropriado para transformação de planta.

Apoio: Embrapa.

¹Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., graduada, Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Café/ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

037 - VALIDAÇÃO DE ESTS TECIDO-ESPECÍFICAS DE FRUTO PRÉ-SELECIONADAS NO BANCO DE DADOS DO GENOMA FUNCIONAL DE CAFÉ (Experimental validation of ESTs pre-selected from the Coffee Genome Database for fruit-specific expression)

Abreu, M.S.¹, Cotta, M.G.¹, Santos, D.B.M.², Barros, L.M.G.³, Eira, M.T.S.⁴, Almeida, J.D.³, Andrade, A.C.⁵, Carneiro, M.⁶

O melhoramento genético de plantas dispõe de várias estratégias para incorporar características desejáveis em uma determinada espécie. Uma delas é a transgenia. Atualmente, os transgenes utilizados estão sob controle de promotores constitutivos, que conduzem sua expressão de forma indiscriminada por toda a planta. Promotores tecido-específicos e induzíveis são ferramentas importantes na geração de plantas transgênicas mais adequadas às exigências do mercado, pois limitam as precauções com biossegurança, reduzem custos com testes de segurança alimentar e ambiental, além de minimizarem o gasto energético do vegetal, decorrente da expressão indiscriminada do transgene. Desta forma, o banco de dados do projeto Genoma Funcional do Café foi utilizado na identificação de genes preferencialmente expressos em raiz, folha e fruto que serão utilizados na prospecção de seus respectivos promotores. Para tal, foi realizada uma análise *in silico* das seqüências de bibliotecas de cDNA presentes nesse banco, a qual resultou na seleção de 40 candidatos com ocorrência maior em frutos. Dois deles (GCFr1 e GCFr2) foram escolhidos para as validações experimentais do caráter de tecido-especificidade. Para tanto, foram realizadas análises de PCR semi-quantitativo utilizando-se cDNAs de raiz, folha e fruto como molde nas reações. Os resultados mostraram que o gene GCFr1 apresenta amplificação muito superior em fruto do que nos demais tecidos, enquanto que o GCFr2 apresenta expressão semelhante nos três tecidos testados. Análises por PCR quantitativo em Tempo Real comprovaram a expressão diferencial de GCFr1 entre os diferentes tecidos analisados, mostrando que a expressão em fruto é 268 vezes maior do que em folha e 145 vezes maior do que em raiz. Os resultados obtidos indicam que as análises virtuais são úteis para uma pré-seleção de genes, mas requerem uma validação experimental posterior. Os demais unigenes candidatos serão validados em análises futuras.

Apoio: CNPq, PNP&D/Café e Finep.

¹Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., graduada, Universidade de Brasília-UnB

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Café/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

038 - VALIDAÇÃO EXPERIMENTAL DE ESTs PRÉ-SELECIONADAS NO BANCO DE DADOS DO GENOMA FUNCIONAL DE CAFÉ, COM EXPRESSÃO PREFERENCIAL EM FOLHAS (Experimental validation of ESTs pre-selected from the Coffee Genome Database for leaf-specific expression)

Santos, D.B.M.¹, Cotta, M.G.², Andrade, A.C.³, Eira, M.T.S.⁴, Barros, L.M.G.⁵, Almeida, J.D.⁵, Carneiro, M.⁶

A transgenia é uma técnica de melhoramento de plantas que permite incorporar características desejáveis em uma espécie através da inserção de genes de interesse. Nos transgênicos disponíveis no mercado, o transgene é expresso em todos os tecidos da planta, sob o controle de promotores constitutivos. Existem críticas e discussões em torno da expressão indiscriminada do transgene nos diversos tecidos e em todas as fases do desenvolvimento da planta. Essa questão pode ser resolvida mediante a utilização de promotores tecido-específicos e induzíveis que promovem expressão do transgene somente em seu tecido-alvo ou sob algum stress. Nesse caso, a expressão do transgene passa a ocorrer somente onde e quando é necessária, limitando as precauções com biossegurança, reduzindo custos de testes de segurança alimentar e ambiental e o gasto energético do vegetal. Além disso, os promotores em uso na Embrapa são de propriedade de transnacionais, onerando a pesquisa e causando dependência tecnológica. Assim, para identificar genes preferencialmente expressos em raiz, folha e fruto que possam ser utilizados no isolamento de seus respectivos promotores, foi utilizado o banco de dados do genoma funcional de café. Foram então selecionados 72 candidatos, sendo 18 de folha, 14 de raiz e 40 de fruto. O objetivo do presente trabalho é a validação experimental da tecido-especificidade de ESTs de folha por meio das técnicas de PCR semiquantitativa e Real Time PCR em cDNAs de raiz, folha e fruto. Os resultados da PCR semiquantitativa mostraram que dos quatro genes candidatos testados (GCFo1, GCFo2, GCFo3 e GCFo4), GCFo1 comportou-se de forma constitutiva, tendo o mesmo grau de expressão nos três tecidos, e GCFo2, GCFo3 e GCFo4 apresentaram-se como preferencialmente expressos em folha. Com a técnica de Real Time PCR, foram obtidos os mesmos resultados e pôde-se comparar, em valores absolutos, o nível de expressão dos genes testados em cada um dos tecidos. Os demais genes candidatos serão validados em análises futuras.

¹Agronomia, graduada, Universidade de Brasília-UnB

²Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Café/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Reprodução Animal

039 - ANÁLISE DE OVÓCITOS TRATADOS COM ACTINOMICINA DE SUA UTILIZAÇÃO PARA TRANSFERÊNCIA NUCLEAR DE BOVINOS (Analysis of actinomycin D treated oocytes and their use for bovine nuclear transfer)

Moura, M.T.¹, Sousa, R.V.², Leme L.O.³, Rumpf, R.⁴

A enucleação de ovócitos é um dos fatores limitantes da clonagem por Transferência Nuclear (TN). O objetivo do trabalho foi avaliar o efeito do inibidor irreversível de transcrição e replicação Actinomicina D como método de enucleação química de ovócitos. Ovócitos bovinos foram maturados in vitro (MIV) por 4 ou 6 horas e expostos a Actinomicina D (T1= controle; T2 = 1,0 $\mu\text{g ml}^{-1}$ /16hs; T3 = 1,0 $\mu\text{g ml}^{-1}$ /14hs; T4 = 2,5 $\mu\text{g ml}^{-1}$ /14hs; T5 = 5,0 $\mu\text{g ml}^{-1}$ /14hs). Os ovócitos foram avaliados para maturação e ativados com 24-26 horas de MIV. As taxas de clivagem foram avaliadas 48 horas após a ativação (D2) e as de blastocisto após 168 (D7) e 192 (D8) horas de cultivo. Parte dos ovócitos foi fixada para determinação da fase da meiose ou visualização da morfologia dos cromossomos. Ovócitos tratados com 1,0 $\mu\text{g ml}^{-1}$ por 14 horas foram utilizados para TN, sendo que parte dos embriões (D3) foi fixada para avaliar o percentual de células apoptóticas pelo teste de TUNEL. A taxa (%) de maturação (T1= 90,4; T2= 82,3; T3= 79,1; T4= 83,4; T5= 74,7), clivagem (T1= 68,9; T2= 46,0; T3= 49,7; T4= 33,4; T5= 29,3) e blastocisto em D8 (T1= 41,1; T2= 1,4; T3= 1,3; T4= 0,9; T5= 0,0) após o tratamento com Actinomicina D foi menor. Ao avaliar os cromossomos, foi observada uma descondensação significativa com as concentrações mais altas (2,5 e 5,0 $\mu\text{g ml}^{-1}$). A taxa de clivagem dos embriões reconstruídos (61,3%) foi semelhante ao grupo partenogenético tratado (61,3%) e inferior ao não tratado com Actinomicina D (70,2%), embora a taxa de blastocisto tenha sido mais alta no grupo de TN (11,8%) em relação ao controle tratado (3,6%) e inferior ao controle sem tratamento (38,0%). Os embriões partenogenéticos tratados apresentaram maior índice de células positivas no teste TUNEL do que os partenogenéticos não tratados (24,2% contra 4,8%). No entanto, os embriões oriundos do grupo TN tratado não foram diferentes estatisticamente dos TN controle (9,3 contra 13,0%). A Actinomicina D é eficiente no bloqueio do desenvolvimento embrionário. Além disso, foi possível obter embriões reconstruídos que apresentavam percentual de células apoptóticas indistinguível do controle.

Apoio: CAPES e Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

¹Biólogo, doutorando, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Méd. Vet., mestrand, Universidade de Brasília-UnB

⁴Méd. Vet., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

040 - CARACTERÍSTICAS DA CÉLULA ESPERMÁTICA BOVINA APÓS SELEÇÃO EM GRADIENTE DE PERCOLL EM DIFERENTES VOLUMES, TEMPO E FORÇA DE CENTRIFUGAÇÃO (Bovine sperm cell characteristics after selection by Percoll gradient using different volumes, time and force of centrifugation)

Carvalho, J.O.¹, Machado, G.M.², Rumpf, R.³, Franco, M.M.³, Sartori, R.³, Dode, M.A.N.³

Para a PIVE, técnicas de preparação de sêmen, como centrifugação em gradiente de Percoll, são usualmente utilizadas, aumentando a qualidade e seleção espermática após descongelamento. Este estudo buscou avaliar a qualidade espermática antes e após a passagem pelo Percoll, utilizando diferentes velocidades, tempo de centrifugação e volume de Percoll. Foram utilizadas amostras de sêmen do mesmo touro e partida e realizadas 5 réplicas. Em cada réplica descongelou-se 5 palhetas de 0,5 mL formando um pool, com retirada de amostras para avaliação pré-Percoll da motilidade, morfologia espermática, integridade acrossomal (*peanut agglutinin [PNA]-fluorescein isothiocyanate [FICT]*), integridade de membrana (iodeto de propídeo e diacetato de carboxifluoresceína) e integridade de cromatina (*acridine orange*). O restante do sêmen foi dividido em 3 frações de volumes iguais, distribuídas em 3 tratamentos: T1- 2 mL de Percoll 45% e 2 mL de Percoll 90%, centrifugados por 20min. a 700 G; T2- 400 μ L de Percoll 45% e 400 μ L de Percoll 90% centrifugados por 20min. a 700 G e T3- 400 μ L de Percoll 45% e 400 μ L de Percoll 90% centrifugados por 5min. a 5200 G. Após a passagem pelo Percoll, foi feita lavagem em 1,0 mL de meio de capacitação por 5min. à 700 G (T1 e T2) e 5200 G (T3). Após lavagem foram retiradas amostras para as mesmas avaliações realizadas pré-Percoll. Os dados foram analisados utilizando-se ANOVA ($P < 0,05$). A porcentagem de espermatozóides móveis pré-Percoll foi de 31,0% \pm 6,5 aumentando ($P < 0,05$) após passagem pelo Percoll em todos os tratamentos (T1=86,0% \pm 8,9; T2=83,0% \pm 8,3; T3=81,25% \pm 8,5). Porém, não houve efeito do tratamento ($P > 0,05$) na porcentagem de espermatozóides morfolologicamente normais, integridade da membrana, integridade acrossomal e integridade de cromatina. Observou-se uma tendência no aumento de espermatozóides com membrana íntegra em T1 (45,3% \pm 13,4), T2 (41,8% \pm 26,9) e T3 (54,0% \pm 11,7) em relação à avaliação pré-Percoll (38,5% \pm 4,8). Os dados mostram que a passagem pelo Percoll aumenta a porcentagem de espermatozóides móveis e não afeta as demais características avaliadas, independente do volume de Percoll, tempo e força de centrifugação utilizada. Os resultados sugerem ser possível utilizar menor volume de Percoll, diminuindo custo e tempo de manipulação da FIV. Para uso de rotina, mais avaliações são necessárias com maior número de touros e analisando o efeito dos tratamentos na proporção macho:fêmea dos embriões produzidos.

¹Méd. Vet., mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Méd. Vet., mestranda, Universidade de Brasília-UnB

³Méd. Vet., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

041 - COMPETÊNCIA OVOCITÁRIA DE ACORDO COM O TAMANHO FOLICULAR EM BOVINOS (Bovine oocyte competency according to follicle size)

Caixeta, E.S.¹, Franco, M.M.², Dode, M.A.N.²

Competência é a capacidade do ovócito de completar a maturação, ser fecundado e ter desenvolvimento embrionário normal, e está relacionada com o diâmetro do ovócito e tamanho do folículo. O tamanho folicular tem sido utilizado como indicador da qualidade do ovócito. Entretanto, na maioria dos estudos essa avaliação é feita na superfície do ovário, a qual não permite uma medição precisa. Este trabalho objetivou avaliar o potencial de desenvolvimento de ovócitos de diferentes tamanhos de folículos, visando estabelecer um modelo para estudos da competência ovocitária. Folículos de ovários de abatedouro foram individualmente dissecados e selecionados pela presença de vasos sanguíneos e aspecto translúcido. Aqueles selecionados foram mensurados e distribuídos em 4 categorias: 1) 1,0 a 3,0 mm (n= 82); 2) 3,1 a 6,0 mm (n=160); 3) 6,1 a 8,0 mm (n=33); 4) > 8,1 mm (n=39). Os complexos cumulus-ovócitos foram classificados de acordo as camadas e aspecto das células do cumulus e uniformidade do citoplasma, em viáveis e não viáveis. Os ovócitos viáveis foram maturados, fecundados e cultivados *in vitro* ou desnudados para avaliação de seu diâmetro. O potencial de desenvolvimento dos ovócitos foi avaliado pela taxa de clivagem e de blastocisto. As taxas de clivagem, blastocisto e porcentagem de ovócitos viáveis foram analisados pelo teste de χ^2 e os tamanhos dos ovócitos pela análise de variância e teste de Tukey. A porcentagem de ovócitos viáveis foi maior ($P<0,05$) nos grupos 3 (96,9%) e 4 (89,7%) que nos grupos 1 (60,9%) e 2 (70,65%). Os ovócitos dos grupos 3 (131,5 mm \pm 9,08) e 4 (132,5 mm \pm 14,05) apresentaram maior diâmetro ($P<0,05$) que os de folículos do grupo 1 (124,8 mm \pm 10,87) e 2 (128,3 mm \pm 8,55). As taxas de clivagem e blastocistos foram maiores ($P<0,05$) nos ovócitos de folículos de 6,1 a 8,0 mm (92% e 67%), que nos obtidos de folículos menores, dos grupos 1 (63% e 23%) e 2 (66% e 27%), sendo que as do grupo 4 não diferenciaram ($P>0,05$) dos demais (80% e 43%). Os resultados mostraram que ovócitos provenientes de folículos de 6,1 a 8,0 mm são mais competentes, pois apresentaram maior diâmetro e melhor potencial de desenvolvimento. Portanto, a dissecação dos folículos para avaliação do tamanho, pode ser utilizada com segurança para estudos envolvendo diferentes graus de competência ovocitária.

¹Méd. Vet., mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Méd. Vet., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

042 - EFEITO DA CONDIÇÃO CORPORAL E DA INGESTÃO ALIMENTAR SOBRE A RESPOSTA SUPEROVULATÓRIA E PRODUÇÃO EMBRIONÁRIA EM NOVILHAS NELORE (Effect of body condition score and feed intake on the superovulatory response and embryo production in Nelore heifers)

Bastos, M.R.¹, Martins, A.C.¹, Melo, L.F.², Carrijo, L.H.D.², Rumpf, R.³, Sartori, R.³

Objetivou-se avaliar a influência do ECC associado ou não ao “flushing” nutricional sobre a resposta superovulatória e qualidade embrionária em novilhas da raça Nelore. Foram utilizadas 36 novilhas com menor ($2,7 \pm 0,1$; $n=18$) ou maior ($3,7 \pm 0,1$; $n=18$) ECC (escala de 1 a 5). Cada grupo foi subdividido em Manutenção (dos requerimentos nutricionais) ou Flushing (180% da dieta de manutenção), formando quatro subgrupos experimentais: <ECC + Manutenção (<M), <ECC + “flushing” (<F), >ECC + Manutenção (>M), >ECC + “flushing” (>F). O “flushing” foi realizado por 14 dias antes do início da SOV, sendo finalizado no momento da primeira aplicação de FSH, quando os animais retornaram à dieta de manutenção. As novilhas foram superovuladas com um total de 150 UI de FSHp utilizando-se o protocolo descrito por Mollo et al. (2006). Decorridas 12 horas da última injeção de FSH, aplicou-se GnRH im e todas as novilhas foram inseminadas 12 e 24 horas após com a mesma partida de sêmen. Sete dias depois do GnRH, os embriões foram coletados e avaliados. Trinta e cinco dias após a primeira SOV, as novilhas foram novamente superovuladas e os tratamentos nutricionais foram invertidos (“cross-over”). Exames ultra-sonográficos ovarianos foram realizados para avaliar a população folicular no momento da primeira e última aplicação de FSH. Também realizou-se ultra-sonografia dois e sete dias após a aplicação de GnRH para estimar o número de folículos ovulados. Na análise estatística, utilizou-se a ANOVA para comparação das variáveis estudadas. Os resultados estão apresentados sob a forma de média \pm erro padrão. O número de folículos ≥ 3 mm no dia do primeiro FSH ($56,4 \pm 6,0$; $55,1 \pm 4,5$; $54,3 \pm 6,9$ e $48,2 \pm 4,8$) e número de ovulações ($11,8 \pm 1,4$; $10,3 \pm 1,6$; $13,4 \pm 1,3$ e $12,4 \pm 1,4$) não diferiram entre os grupos >M, >F, <M e <F, respectivamente ($P > 0,10$). Também não houve diferença entre os tratamentos quanto ao número de estruturas totais coletadas ($7,4 \pm 1,2$; $6,6 \pm 1,3$; $8,5 \pm 1,4$ e $8,5 \pm 1,0$) ou embriões viáveis ($3,5 \pm 0,7$; $3,6 \pm 1,0$; $4,4 \pm 0,7$ e $3,9 \pm 0,8$). Nas condições do presente experimento, o ECC ou o “flushing” nutricional parecem não ter influenciado a resposta superovulatória ou produção embrionária nas novilhas da raça Nelore.

Apoio: Edital Universal do CNPq, Embrapa-Macroprograma II, Integral Nutrição Animal e FAPESP.

¹Méd.Vet., mestranda, Universidade do Estado de São Paulo-UNESP/Botucatu

²Méd.Vet., Integral Nutrição Animal

³Méd.Vet., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

043 - EFEITO DO “FLUSHING” NUTRICIONAL SOBRE A RESPOSTA SUPEROVULATÓRIA EM VACAS MISTIÇAS (Effect of nutritional flushing on the superovulatory response of crossbred cows)

Bastos, M.R.¹, Ramos, A.F.², Driessen, K.³, Martins, A.C.¹, Rumpf, R.⁴, Sartori, R.⁴

Objetivou-se avaliar o efeito do “flushing” nutricional de onze dias de duração sobre a resposta superovulatória de vacas mestiças F1 Nelore x Simental. Quatorze vacas não lactantes, com escore de condição corporal (ECC) médio igual a 4,0 foram divididas aleatoriamente em dois grupos experimentais (Manutenção=M e Flushing=F). Três semanas antes do início da superovulação (SOV), as vacas, que estavam mantidas a pasto, passaram para um piquete sem gramíneas e receberam alimentação à base de silagem de milho e uma fonte protéica para manutenção (dieta de adaptação). Sete dias antes do início da SOV, as vacas do grupo F passaram a ser alimentadas com dieta balanceada recebendo 180% da dieta de manutenção. O grupo M continuou recebendo a mesma dieta anterior. Todas as vacas foram superovuladas conforme protocolo descrito por Mollo et al. (2006). Doze horas após o último FSH, aplicou-se GnRH. No grupo F, o encerramento do “flushing” coincidiu com a última aplicação de FSH e retorno à dieta de manutenção. Sete dias após a IA, os embriões foram coletados e avaliados e as vacas receberam PGF2á im e retornaram ao pasto. Quarenta dias após, nova SOV foi realizada e os tratamentos foram invertidos (“cross-over”). Exames ultra-sonográficos ovarianos foram realizados para avaliar a população folicular no momento da primeira e última aplicação de FSH. Também realizou-se ultra-sonografia dois e sete dias após a aplicação de GnRH para estimar o número de folículos ovulados. Para comparar as variáveis entre os grupos, utilizou-se o teste t pareado. Os resultados estão apresentados sob a forma de média ± erro padrão. O número de folículos recrutados (19,6±1,8 e 16,4±2,0) e ovulados (15,0±1,6 e 13,0±1,6) não diferiu entre os grupos M e F, respectivamente (P>0,10). Entretanto, o número de estruturas totais (14,1±2,3 e 9,5±1,5) e embriões viáveis (10,1±2,1 e 6,7±1,5) coletados foi maior no grupo M comparado ao F (P<0,05). Com base nos resultados do presente estudo, pode-se sugerir que ocorreu efeito contrário ao esperado devido ao elevado ECC dos animais utilizados. Dessa forma, mais pesquisas precisam ser desenvolvidas para avaliar o efeito do “flushing” na produção de embriões em vacas com diferentes ECC.

Apoio: Apoio do edital Universal do CNPq, Embrapa-Macroprograma II, Integral Nutrição Animal e FAPESP.

¹Méd. Vet., mestranda, Universidade do Estado de São Paulo-UNESP/Botucatu

²Méd. Vet., doutorando, Universidade Federal de Minas Gerais-UFMG

³Méd. Vet., mestranda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Méd. Vet., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

044 - FUNÇÃO OVARIANA E PRODUÇÃO DE EMBRIÕES EM NOVILHAS DA RAÇA NELORE SUBMETIDAS A BAIXA OU ALTA INGESTÃO ALIMENTAR (Ovarian function and embryo production in Nelore heifers with low or high feed intake)

Mollo, M.R.¹, Rumpf, R.², Ramos, A.F.³, Martins, A.C.⁴, Carrijo, L.H.D.⁵, Sartori, R.²

Este trabalho avaliou o efeito da nutrição na função ovariana e produção de embriões em novilhas da raça Nelore. Novilhas púberes foram submetidas a alta (A, n=20) ou baixa (B, n=19) ingestão, recebendo alimentação à vontade (170%) ou 70% da dieta de manutenção, respectivamente. Foram realizados acompanhamento através de ultra-sonografia trans-retal e coletas de sangue para dosagens hormonais diariamente, durante um ciclo estral completo. Em seguida, as novilhas foram superovuladas e os embriões coletados e avaliados. Na análise estatística, utilizou-se o teste t de Student. As novilhas do grupo A apresentaram duração de estro mais curta e comportamento estral menos intenso. Apesar das novilhas do grupo A terem ovulado folículos maiores (14,0±0,2 vs 11,8±0,2 mm), os grupos não diferiram quanto ao pico de estradiol sérico. A taxa de crescimento do folículo ovulatório foi maior no grupo A, podendo estar associada às maiores concentrações séricas de insulina detectadas neste grupo. Não foi detectada diferença nas concentrações séricas de IGF-I total entre os grupos durante o período peri-ovulatório. O volume luteal máximo durante o ciclo estral também foi maior no grupo A, entretanto não houve diferença nas concentrações séricas de progesterona. Apesar das novilhas do grupo A terem apresentado concentrações séricas de insulina mais altas, a resposta superovulatória e o número de estruturas coletadas foram superiores no grupo B. Pelos resultados obtidos, concluiu-se que diferentes níveis de ingestão de matéria seca afetam consideravelmente a fisiologia reprodutiva de fêmeas bovinas, podendo refletir em alterações comportamentais, de ciclicidade e de fertilidade dos animais.

Apoio: Apoio da FAP-DF a jovens pesquisadores Nº 016/2004-PPP, Embrapa-Macroprograma II, Integral Nutrição Animal e CNPq.

¹Méd. Vet., mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Méd. Vet., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Méd. Vet., doutorando, Universidade Federal de Minas Gerais-UFMG

⁴Méd. Vet., mestranda, Universidade do Estado de São Paulo-UNESP/Botucatu

⁵Méd. Vet., Integral Nutrição Animal

045 - PROSPECÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE POLIMORFISMOS SNPS NO GENE QUE CODIFICA PARA O RECEPTOR DO HORMÔNIO FOLÍCULO ESTIMULANTE (FSHR) EM BOVINOS (Prospection and characterization of SNPs polymorphisms in the gene that encodes the follicle-stimulating hormone receptor (FSHR) in cattle)

Michalczechen-Lacerda, V.A.¹, Valeriano, A.C.M.², Schneider, A.³, Lim, A.⁴, Laender, C.R.⁵, Melo, E.O.⁶, Franco, M.M.⁵

O estudo da foliculogênese e de genes candidatos envolvidos no processo de ovulação são ferramentas valiosas para o aumento da fertilidade de rebanhos bovinos e da eficiência das biotécnicas de multiplicação animal. A hipótese de que vacas respondem diferencialmente a tratamentos superovulatórios (SOV) vem sendo corroborada por relatos de vários profissionais que trabalham com técnicas de reprodução assistida em bovinos. O objetivo do trabalho foi prospectar e caracterizar polimorfismos de DNA no gene FSHR de bovinos. Para isso foram desenhados *primers* específicos para amplificar uma região do DNA que codifica parte dos domínios transmembrana e C-terminal da proteína, além de parte da região 3' UTR do gene. Foram utilizadas amostras de DNA de dez fêmeas bovinas de três raças diferentes (Nelore, Simental e Jersey), com histórico de respostas positivas e negativas a protocolos de superovulação. Os produtos amplificados por PCR foram purificados utilizando o kit GenClean II (Bio 101 Systems), avaliados para qualidade em gel de agarose e sequenciados pelo menos duas vezes para cada amostra. Foi utilizado o programa DNAMAN versão 4.0 para o alinhamento das seqüências obtidas com uma seqüência do gene FSHR depositada no *GenBank*. Três polimorfismos SNPs foram identificados. Destes, dois são mutações silenciosas e um deles gera uma troca de aminoácido na seqüência da proteína (treonina ® serina). Como a mutação se encontra em uma região do domínio intracelular rica em aminoácidos serina e treonina (aceptores clássicos de fosforilação), pode-se especular que este polimorfismo possa estar envolvido com a integridade do sítio ativo da transdução de sinal desse receptor. Finalmente, baseado na função da proteína FSHR e na característica da seqüência dessa região, este polimorfismo é um bom candidato para estudos de prospecção de marcadores moleculares relacionados as características de fertilidade em bovinos.

Fonte: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia e CNPq.

¹Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB, CNPq

²Méd. Vet., mestranda, Universidade de Brasília-UnB

³Med. Vet., graduando, Universidade Federal de Pelotas-UFPel

⁴Med. Vet., graduando, União Pioneira de Integração Social-UPIS

⁵Méd. Vet., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

CONTROLE BIOLÓGICO

046 - ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE *Spodoptera frugiperda* (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) EM CULTURAS DE MILHO E ALGODÃO NO BRASIL (Genetic variability analysis of populations of *Spodoptera frugiperda* in corn and cotton crops in Brazil)

Ramiro, C.A.¹, Queiroz, P.R.², Monnerat, R.G.³

A lagarta *S. frugiperda* (J. E. Smith) é uma praga de grande importância econômica em âmbito mundial que, por ser polífaga, ataca severamente diferentes cultivos. Este inseto tem uma grande capacidade de dispersão, apresenta uma ação voraz e ocasiona perdas na produção agrícola que variam de 15% a 34%. Uma importante ferramenta para melhorar as práticas de gerenciamento da praga e seu controle é a caracterização de diferenças genéticas entre populações. O objetivo desse trabalho foi analisar a variabilidade genética entre populações de *S. frugiperda* de ocorrência em diferentes regiões do Brasil, nas culturas de milho e algodão utilizando-se marcadores RAPD. As ampliações do DNA das amostras de *S. frugiperda* utilizando 20 oligonucleotídeos para cinco populações produziram um total de 752 loci de RAPD. AMOVA revelou que a maior variabilidade genética (76,34 %) foi originária dentro das populações e que entre as populações foi de 23,66 %. Através do dendrograma UPGMA obteve-se dois agrupamentos distintos, os indivíduos das populações oriundas do milho e os das oriundas do algodão. As análises de RAPD diferenciaram as populações de *S. frugiperda* por meio de fragmentos monomórficos presentes para todos os indivíduos de determinadas populações. Assim, poderão ser desenvolvidas estratégias moleculares para o monitoramento da deriva genética, dinâmica da população e o auxílio ao controle da dispersão desse inseto.

¹Bióloga, M.Sc., Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, Ph.D., Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

047- ANÁLISE MOLECULAR POR MEIO DE DNAmT DE POPULAÇÕES DE *Spodoptera frugiperda* (J.E. SMITH, 1797) (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) [Molecular analysis using mtDNA from populations of *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae)]

Martins, E.S.¹, Carvalho, S.E.S.¹, Queiroz, P.R.², Lima, L.H.C.³, Monnerat, R.G.³

As larvas de lepidópteros além de causarem grande dano e serem em determinadas regiões as principais pragas, pouco se conhece sobre suas espécies e muito menos a respeito da composição genética de suas populações. Recentes trabalhos realizados por uma rede de investigadores latino-americanos indicam que a variabilidade genética dentro da espécie *S. frugiperda* é muito grande, alcançando coeficientes de similaridade de 60%. Além disso, essas populações têm apresentado diferenças de susceptibilidade a diferentes toxinas por *B. thuringiensis*. Diante dessas informações, faz-se necessário o desenvolvimento de trabalhos para se estudar a variabilidade genética de populações de *S. frugiperda* por meio de marcadores moleculares e a relação desta variabilidade com a susceptibilidade a diferentes toxinas produzidas por *B. thuringiensis*, uma vez que, um aspecto importante no controle de pragas é o conhecimento de suas características fenotípicas e genotípicas. O objetivo desse trabalho foi analisar a variabilidade genética entre populações de *S. frugiperda* originárias de várias localidades utilizando-se marcadores de DNAmT. Utilizando-se a análise de DNAmT do gene NADH-DH foram obtidos padrões diferenciados de amplificação entre as populações em função da cultura onde estas foram coletadas. A análise de PCR-RFLP utilizando-se a enzima *SspI* indicou um perfil de restrição diferenciado para uma população. A amplificação da região 16S produziu um fragmento de DNA comum a todas as populações analisadas. Seguindo-se a análise por PCR-RFLP utilizando-se a enzima *XbaI* não houve padrão diferenciado entre as populações. A comparação entre as seqüências do gene da NADH-DH permitiu organizar um dendrograma indicando diferenças entre as populações analisadas. Estes resultados podem auxiliar no estabelecimento do perfil genético dos insetos e na identificação de marcadores que apontem para populações resistentes a inseticidas ou toxinas de Bt. Além disso, esses conhecimentos poderão auxiliar no desenvolvimento de um banco de marcadores moleculares para o monitoramento dessa espécie em campo, como também, para a elaboração de um kit de identificação baseado em DNA de populações suscetíveis ao *B. thuringiensis*.

¹Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, Ph.D., Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

048 - ATIVIDADE INSETICIDA DE ÓLEO VEGETAL EMULSIONÁVEL SOBRE *Aphis gossypii* (HEMIPTERA: APHIDIDAE) [Insecticidal activity of emulsifiable vegetable oil on *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae)]

Oliveira, S.O.D.¹, Allam, T.D.², Souza, R.E.T.², Frazão, H.S.³, Michereff Filho, M.⁴, Sujii, E.R.⁴, Faria, M.R.⁵, Schimidt, F.G.V.⁶

O pulgão *Aphis gossypii* destaca-se como praga de várias culturas por ocasionar severos prejuízos ao se alimentar da seiva e transmitir viroses às plantas. Óleos vegetais podem ser utilizados no controle agroecológico de pragas, isoladamente ou como adjuvantes de inseticidas biológicos; contudo, sua ação inseticida sobre *A. gossypii* ainda não foi devidamente estudada. Este trabalho teve por objetivo determinar o potencial do óleo vegetal emulsionável como inseticida para controle desta praga. No laboratório foram avaliadas seis concentrações (1% a 15% v/v) de óleo vegetal emulsionável [Natur'Oil] e uma testemunha, apenas com água destilada estéril. Os tratamentos foram aplicados, via atomizador de bico rotativo sobre folhas de algodoeiro contendo 15 ninfas de 3º instar, durante 10 segundos. Após secagem, as folhas foram acondicionadas em placas de Petri, sobre ágar-água a 3%, e mantidas em incubadora B.O.D. (25±2°C, 75±8% de UR e fotofase de 12 h), avaliando-se a mortalidade de ninfas durante sete dias. No campo foram testadas três concentrações de óleo vegetal emulsionável (0,3%, 0,5% e 1%), além da testemunha. Foram utilizadas plantas de algodoeiro, cv. Delta Opa, infestadas com seis adultos/planta, sendo mantidas em gaiolas de PVC teladas. Efetuou-se três aplicações (20 mL da suspensão/planta) a cada cinco dias, com aspersor de jardim. A população de pulgões foi avaliada um dia antes e após sete dias da terceira pulverização, inspecionando-se toda a planta. Os dados foram submetidos à ANOVA e as médias comparadas, respectivamente, pelos testes de Tukey e t pareado (5%). No laboratório, o óleo vegetal emulsionável a 1% e 2,5% resultou em baixas taxas de mortalidade no sétimo dia da pulverização, enquanto em concentrações superiores verificou-se controle efetivo do pulgão (mortalidade corrigida de 60% a 80%) logo no terceiro dia da pulverização. No campo a densidade populacional do pulgão em plantas pulverizadas com óleo vegetal emulsionável a 0,3% não diferiu da testemunha, mas as colônias de *A. gossypii* foram significativamente menores nos tratamentos com óleo vegetal emulsionável a 0,5% e 1%, propiciando eficiências de controle superior a 70%.

Apoio: EMBRAPA e CNPq/FAP-DF.

¹Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

³Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., doutorando, Cornell-USA / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

049 - AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE TÓXICA DA PROTEÍNA RECOMBINANTE Cry11A DE *Bacillus thuringiensis* PARA LARVAS DE *Aedes aegypti* (Evaluation of toxic activity of recombinant Cry11A protein of *Bacillus thuringiensis* against *Aedes aegypti* larvae)

Lima, G.M.S.¹, Aguiar, R.W.S.², Corrêa, R.F.T.³, Dumas, V.F.⁴, Monnerat, R.G.⁵, Ribeiro, B.M.⁶

Bacillus thuringiensis (*Bt*) é uma bactéria Gram-positiva, entomopatogênica, que se caracteriza pela presença de inclusões cristalinas denominadas de δ -endotoxinas ou proteínas Cry. Essas proteínas podem ser altamente tóxicas para insetos suscetíveis, não apresentando atividade para outros organismos. Neste trabalho, foi clonado um fragmento de DNA de 1.950 pb, contendo a seqüência codificadora do gene *cry11A* no genoma do baculovírus *Autographa californica* multiple *nucleopolyhedrovirus* (AcMNPV), utilizado como sistema de expressão, com o objetivo de avaliar toxicidade da proteína para larvas de *Aedes aegypti*. O gene *cry11A* amplificado por PCR foi isolado da estirpe *Bacillus thuringiensis* subsp. *israelensis* (Bti) S1806. Este gene foi clonado no vetor pGem®-T Easy, seqüenciado e subclonado no plasmídeo de expressão pFastBac™1. O vírus recombinante foi utilizado para infectar células de *Trichoplusia ni* (BTI-Tn5B1-4) e larvas de *Spodoptera frugiperda*. Possíveis cristais da proteína recombinante Cry11A, obtidos a partir do extrato de lagartas infectadas com o vírus recombinante (vAcCry11A), foram analisados por SDS-PAGE a 12% e evidenciada a presença de um polipeptídeo de aproximadamente 70 kDa. A estrutura dos possíveis cristais foi observada em microscopia de luz e eletrônica de varredura apresentando-se na forma rombóide. Em um bioensaio preliminar, a proteína foi tóxica para larvas de segundo instar de *A. aegypti* apresentando uma CL₅₀ de 65 ng/mL.

Apoio: CAPES.

¹Biomédica, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

³Biólogo, doutorando, Universidade de Brasília-UnB

⁴Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

⁵Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Biólogo, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

050 - AVALIAÇÃO DA SUSCEPTIBILIDADE DE *Plutella xylostella* A DOIS PRODUTOS FORMULADOS À BASE DE *Bacillus thuringiensis* NA CULTURA DO REPOLHO (Evaluation of *Plutella xylostella* susceptibility to two *Bacillus thuringiensis* based products in cabbage crop)

Ramos, F.¹, Wagner, F.O.², Praça, L.³, Sujii, E.R.⁴, Soares, C.M.S.⁵, Monnerat, R.G.⁶

A susceptibilidade de *P. xylostella* a dois produtos biológicos formulados foi avaliada na cultura do repolho. Os experimentos foram realizados durante os meses de agosto de 2006 a janeiro de 2007 em duas áreas, denominadas Campo 1 e 2, situadas na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF. O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com quatro tratamentos e cinco repetições. Foram testadas duas formulações à base de *Bacillus thuringiensis*, uma comercial e uma formulação experimental (Teste) produzida com uma estirpe do Banco de Bactérias Entomopatogênicas da Embrapa, além de tratamento-controle com água e um tratamento com inseticida químico à base de deltametrina (Decis). Em todos os tratamentos foi adicionado espalhante adesivo Extravon (30 mL/100 L de água). O limiar de controle foi a média de furos nas quatro folhas centrais igual ou superior a seis furos por parcela. Os resultados obtidos demonstraram que, em ambos os campos, os tratamentos Dipel e Teste foram mais eficientes no controle de *P. xylostella* quando comparados com os demais tratamentos. Os tratamentos Dipel e Teste foram estatisticamente semelhantes quanto à média das notas de furos por cabeça, mas diferiram estatisticamente na porcentagem de cabeças comercializáveis, onde o tratamento Dipel obteve vantagem. O tratamento controle e químico não diferiram entre si estatisticamente no Campo 1. No Campo 2 os tratamentos Dipel e Teste obtiveram resultados semelhantes tanto nas médias das notas quanto na porcentagem de cabeças comercializáveis. O tratamento controle e químico do Campo 2 não diferiram entre si e apresentaram resultados menos significativos em relação aos tratamentos Dipel e Teste assim como ocorreu no Campo 1. Os resultados apresentados nesse trabalho comprovam a maior eficiência dos bioinseticidas no controle de pragas agrícolas em relação aos tradicionais inseticidas químicos utilizados atualmente.

Apoio: EMBRAPA e CNPq.

¹Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Agronomia, graduando, União Pioneira de Integração Social-UPIS

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Bthek Biotecnologia

⁶Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

051 - AVALIAÇÃO DA TOXICIDADE DAS PROTEÍNAS INSETICIDAS PURIFICADAS DE *Bacillus thuringiensis* CONTRA LARVAS DE *Anticarsia gemmatalis* HÜBNER, 1818 (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) [Toxicity evaluation of purified insecticidal proteins of *Bacillus thuringiensis* against *Anticarsia gemmatalis* Hübner, 1818 larvae (Lepidoptera: Noctuidae)]

Dumas, V.F.¹, Martins, E.S.², Melatti, V.M.³, Siqueira, C.B.⁴, Praça, L.B.⁵, Monnerat, R.G.⁶

A lagarta da soja, *Anticarsia gemmatalis* Hübner, 1818 (Lepidoptera: Noctuidae) é a principal desfolhadora da soja no Brasil, sendo considerada um risco à produção e à qualidade dos cultivos brasileiros. Uma alternativa para o controle dessa praga é a utilização de agentes de controle biológico, como *Bacillus thuringiensis* (Bt), uma bactéria caracterizada pela produção de inclusões protéicas (proteínas Cry), ativas contra insetos. O estudo da toxicidade dessas proteínas se torna indispensável para um melhor entendimento dos mecanismos pelas quais as mesmas atuam. Este trabalho teve como objetivo determinar a patogenicidade de quatro proteínas purificadas de *B. thuringiensis* tóxicas a *A. gemmatalis*. As proteínas Cry1Aa, Cry1Ab, Cry1Ac e Cry2A foram expressas individualmente por estirpes recombinantes de Bt, pertencentes ao banco de *Bacillus* spp. da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Estas proteínas foram purificadas e testadas isoladamente para avaliar a sua atividade tóxica para *A. gemmatalis*. As estirpes foram crescidas por 72 h em meio nutritivo e seus cristais foram purificados por gradiente de sacarose. As proteínas foram solubilizadas e quantificadas pelo método de Bradford. Após preparação das proteínas, foram realizados bioensaios de dose para a determinação da CL₅₀. Os resultados obtidos mostraram que, apesar de todas as proteínas testadas apresentaram toxicidade para larvas de segundo ínstar de *A. gemmatalis*, a proteína Cry1Ab demonstrou uma eficiência cerca de dez vezes maior que as outras proteínas testadas. A partir destes resultados, serão desenvolvidas novas estratégias para complementar o estudo da toxicidade de proteínas Cry tóxicas a *A. gemmatalis*.

¹Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

³Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Eng. Agr., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

052 - AVALIAÇÃO DE BIOINSETICIDAS À BASE DE *Bacillus thuringiensis* E INSETICIDA QUÍMICO À BASE DE *Deltametrina* NO CONTROLE DA TRAÇA DAS CRUCÍFERAS (*Plutella xylostella*) EM TELADO [Evaluation of *Bacillus thuringiensis* bioinsecticides and *Deltamethrin* chemical insecticide in the control of the diamondback moth (*Plutella xylostella*)]

Wagner, F.O.¹, Ramos, F.R.², Praça, L.B.³, Sujii, E.R.⁴, Soares, C.M.S.⁵, Monnerat, R.G.⁶

O cultivo do repolho é de grande importância no mercado de olerícolas no Distrito Federal, e a principal praga que ataca essa cultura é *Plutella xylostella*. Populações dessa praga vêm se tornando resistentes a inseticidas químicos devido ao manejo inadequado, tal como o uso constante de um mesmo princípio ativo. A utilização de agentes de controle microbiano de insetos, como a bactéria *Bacillus thuringiensis*, é uma alternativa ao controle químico. O presente trabalho teve como objetivo avaliar a eficiência de dois bioinseticidas a base de *B. thuringiensis* e um inseticida químico a base de Deltametrina no controle de *P. xylostella*, visando observar os padrões de qualidade do produto final da cultura do repolho. O trabalho foi conduzido em telado, visando reduzir a influência de condições adversas, tais como a insolação direta e a precipitação, sobre a sobrevivência das lagartas e melhor avaliar a eficiência dos tratamentos. O delineamento utilizado foi em blocos ao acaso com quatro tratamentos e quatro repetições. As aplicações foram estabelecidas após diagnóstico semanal realizado em seis plantas de cada parcela escolhidas ao acaso, contando-se os furos nas quatro folhas centrais. O valor médio de seis furos por tratamento foi usado como limiar para aplicação dos tratamentos. Após avaliação dos resultados finais, constatou-se que os produtos à base de *B. thuringiensis* não apresentaram diferenças significativas quanto ao percentual de cabeças comercializáveis, e foram significativamente superiores em relação ao produto químico e ao controle que não diferiram entre si. Para avaliação qualitativa dos tratamentos foi utilizada uma escala de notas, sendo que os melhores resultados obtidos foram dos bioinseticidas à base de *B. thuringiensis*, que não apresentaram diferenças significativas entre si, mas diferiram do controle e do inseticida químico que foram diferentes entre si.

Apoio: EMBRAPA e CNPq.

¹Agronomia, graduando, União Pioneira de Integração Social-UPIS

²Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Bthek Biotecnologia

⁶Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

053 - AVALIAÇÃO DE RESPOSTAS DE *Diabrotica speciosa* (GERMAR) (COLEOPTERA: CHRYSOMELIDAE) A VOLÁTEIS DE *Lagenaria vulgaris* SER. (CUCURBITACEAE) UTILIZANDO ESTUDOS DE ELETROANTENOGRRAFIA (EAG) E COMPORTAMENTO [Evaluation of responses of *Diabrotica speciosa* (Germar) (Coleoptera: Chrysomelidae) to volatiles from *Lagenaria vulgaris* Ser. (Cucurbitaceae) using electroantennographic (EAG) and behavioral studies]

Vieira, H.G.¹, Borges, M.², Laumann, R.A.², Cavalcante, C.³, Moraes, M.C.B.⁴

Experimentos de campo e bioensaio em laboratório têm demonstrado que extratos aquosos e orgânicos de *Lagenaria vulgaris* possuem poder atrativo para adultos desta espécie. Análises químicas de extratos orgânicos permitiram identificar compostos pertencentes aos grupos de hidrocarbonetos, álcoois, aldeídos, cetonas, monoterpenóides, homoterpenos e sesquiterpenóides. Assim o objetivo deste trabalho é estudar a resposta eletrofisiológica e comportamental de *D. speciosa* aos compostos identificados nos extratos de *L. vulgaris* (Cucurbitaceae) a fim de estabelecer a mistura de compostos que produzem a atração do inseto visando seu manejo comportamental. Os primeiros compostos avaliados por eletroantennografia foram nonanal, nonanol, decanal, 6-metil-5-hepten-2-ona na concentração de 10 mg/mL em n-hexano. Dez microlitros da solução a ser usada foram aplicados em tiras de papel filtro que foram usados como estímulo. Nos testes com EAG, foram feitas aplicações em série alternando o composto com o controle (n-hexano). Cada estímulo foi aplicado quatro vezes com intervalos de 30 s entre eles. Após uma série de estímulos foi dado um intervalo de 1 minuto para a antena voltar a polarizar antes de aplicar a próxima série. Cada composto foi avaliado em antenas de cinco indivíduos. Os resultados obtidos indicam que os decanal e 6-metil-5-hepten-2-ona geraram respostas das antenas significativamente maiores à resposta produzida pelo n-hexano (teste t $p < 0,05$). No estudo comportamental em olfatômetro de quatro escolhas *D. speciosa* não mostrou resposta comportamental para o decanal e 6-metil-5-hepten-2-ona na concentração de 1 mg/mL.

¹Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

054 - AVALIAÇÃO DE SEMENTES DE MILHETO NO CULTIVO DE *Trichoderma* SPP. (Evaluation of millet seed on the culture of *Trichoderma* spp.)

Souza, R.C.¹, Marques, G.A.², Menêzes, J.E.³, Silva, J.B.T.⁴, Mello, S.C.M.⁵

A produção massal do agente de biocontrole constitui uma das etapas mais importantes no desenvolvimento de biofungicidas. O gênero *Trichoderma* spp. tem sido indicado para fins de controle biológico de patógenos de plantas, sob condições de campo, sendo uma estratégia utilizada por não causar danos ao meio ambiente. Para o crescimento do fungo tem sido utilizado o substrato arroz parboilizado. Tem-se procurado substituir o arroz parboilizado por outro substrato que apresente o mesmo potencial de cultivo para *Trichoderma* spp. e que seja mais barato. Para isto, testaram-se sementes de milho, adotando-se diferentes tempos de quebra, devido a não uniformidade das sementes. Foram utilizados 30 g de substrato, depositados em erlenmeyer (250 mL), adicionando 18 mL de água destilada (60% de umidade) em cada uma das repetições dos tratamentos 1 (arroz parboilizado) e 2 (sementes de milho), onde os tratamentos constaram de sementes inteiras. Nos tratamentos 3, 4, 5, 6, 7 e 8, as sementes de milho foram trituradas por 0, 2, 4, 6, 8 e 10 segundos, respectivamente, em liquidificador marca "Waring commercial", na velocidade baixa. A esses tratamentos foram adicionados 24 mL de água destilada (80% de umidade) por repetição, sendo em seguida autoclavados. O inóculo semente foi preparado a partir de placas com o isolado CEN 257, em meio BDA, pertencente à coleção de fungos para controle biológico de fitopatógenos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. A incubação ocorreu a 25°C, por 7 dias. Após esse período, fez-se a avaliação do crescimento de *Trichoderma* spp. através de contagens de esporos com câmara de Neubauer. Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Tukey, ao nível de 5% de probabilidade. De acordo com os resultados, o substrato semente de milho apresentou maior formação de esporos que o arroz parboilizado. Usando umidade de 80%, sem quebra das sementes de milho, proporcionou maior formação de esporos, entretanto, não diferiu do tratamento 7, com 8 segundos de quebra. Os outros tratamentos foram estatisticamente semelhantes. O milho é outra alternativa que pode ser utilizada como substrato para cultivo de *Trichoderma*.

¹Biologia, graduando, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

055 - AVALIAÇÃO DO EFEITO AGUDO DE INSETICIDAS BACTERIANOS SOBRE CARAMUJOS DA ESPÉCIE *Biomphalaria glabrata* (Evaluation of the acute effect of bacterial insecticides on *Biomphalaria glabrata* snails)

Ramos, F.R.¹, Muniz, D.H.F.², Oliveira-Filho, E.C.³, Monnerat, R.G.⁴

Moluscicidas são substâncias químicas usadas na agricultura para combater caramujos que se alimentam de plantas cultivadas e na saúde pública para o controle de caramujos aquáticos do gênero *Biomphalaria*, hospedeiros intermediários do *Schistosoma mansoni*. Alguns agentes microbiológicos de controle (*Bacillus*) possuem eficácia comprovada e têm sido utilizados para o controle de larvas de insetos vetores de doenças. O objetivo deste trabalho foi avaliar a toxicidade aguda de quatro cepas de *Bacillus* para o caramujo *Biomphalaria glabrata*. Foram testadas duas cepas de *Bacillus thuringiensis* (Bt) – S1905 e S1806, e duas de *Bacillus sphaericus* (Bs) – S242 e S260 mantidas em meio NYSM. Para a realização dos ensaios seguiu-se o protocolo experimental da Agência de Proteção Ambiental dos Estados Unidos (USEPA, xxxx), que recomenda a exposição dos organismos a uma concentração máxima do agente (10^6). Para efeito de cálculo foram testadas as concentrações de 1×10^6 e 5×10^6 unidades do microrganismo por mL de água de diluição. A água de diluição utilizada foi a água mole sintética padronizada pela ABNT. Durante 30 dias foram expostos dez caramujos *Biomphalaria glabrata* às duas concentrações especificadas de cada cepa e dez caramujos ao controle negativo contendo apenas água mole, num volume de 3000 mL, em béqueres de 4000 mL. A alimentação foi oferecida diariamente e trocas de solução ocorreram duas vezes a cada semana. Após o término da exposição, foi observada ausência de mortalidade e de quaisquer sintomas de intoxicação, resultado esse evidenciando que de acordo com o protocolo americano, as cepas testadas não apresentaram efeito adverso agudo aos caramujos da espécie *Biomphalaria glabrata*. Além disso, esse dado mostra que as cepas testadas não apresentaram eficiência como moluscicida e que pelo ponto de vista ambiental não apresentam efeito agudo sobre caramujos não-alvo presentes no ambiente aquático.

Apoio: EMBRAPA.

¹Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Química, pós-graduanda, Universidade Estadual de Goiás-UEG

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Cerrados

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

056 - AVALIAÇÃO DO EFEITO AGUDO DE INSETICIDAS BACTERIANOS SOBRE PEIXES DA ESPÉCIE *Danio rerio* (Evaluation of the acute effect of bacterial insecticides on *Danio rerio* fishes)

Ramos, F.R.¹, Muniz, D.H.F.², Oliveira-Filho, E.C.³, Monnerat, R.G.⁴

Os agentes microbiológicos de controle (AMC) são mundialmente utilizados como alternativa à utilização dos tradicionais agrotóxicos. Em março de 2006, a ANVISA, o IBAMA e o MAPA publicaram uma Instrução Normativa Conjunta onde foram estabelecidos os critérios e exigências para o registro e a avaliação de um AMC. Dentre as exigências previstas na Instrução encontram-se os testes de ecotoxicidade para a predição da periculosidade ambiental dos produtos. Esses testes consistem em determinar potenciais danos a organismos não-alvo do bioinseticida. Neste contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito agudo de quatro cepas de *Bacillus* para o peixe *Danio rerio* (paulistinha). Foram testadas duas cepas de *Bacillus thuringiensis* (Bt) – S1905 e S1806, e duas de *Bacillus sphaericus* (Bs) – S242 e S260 mantidas em meio NYSM. Para a realização dos ensaios seguiu-se o protocolo experimental da Agência de Proteção Ambiental dos Estados Unidos (USEPA), que recomenda a exposição dos organismos a uma concentração máxima do agente. Para efeito de cálculo foram testadas as concentrações de 1×10^6 e 5×10^6 unidades por mL de água de diluição. A água de diluição utilizada foi a água mole sintética padronizada pela ABNT. Durante 30 dias foram expostos dez peixes às duas concentrações especificadas de cada cepa, e dez peixes ao controle negativo contendo apenas água mole, num volume de 3000 mL, em béqueres de 4000 mL. A alimentação foi oferecida diariamente e trocas de solução ocorreram duas vezes a cada semana. Após o término da exposição, foi observada ausência de mortalidade e de quaisquer sintomas de intoxicação, dado esse evidenciando que, de acordo com o protocolo americano, as cepas testadas não apresentaram efeito adverso agudo aos peixes expostos da espécie *Danio rerio*.

Apoio: EMBRAPA.

¹Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Química, pós-graduanda, Universidade Estadual de Goiás-UEG

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Cerrados

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

057 - AVALIAÇÃO DO EFEITO DE METABÓLITOS PRODUZIDOS POR *Trichoderma* SPP. SOBRE A ESPORULAÇÃO DE *Fusarium* SP. (Evaluation of the effect of metabolites produced by *Trichoderma* spp. on the sporulation of *Fusarium* sp.)

Santos, H.A.¹, Martins, I.², Marques, G.A.³, Macedo, M.A.³, Peixoto, J.R.⁴, Mello, S.C.M.⁵

A Fusariose tem como agente causador o fungo *Fusarium* spp., sendo responsável pela redução da produtividade e constantes migrações em diversas cultura. O controle desta doença é basicamente preventivo, já que não existe ainda um tratamento eficaz, uma vez estabelecida. Espécies do gênero *Trichoderma* são micoparasitas que agem inibindo o desenvolvimento de fungos fitopatogênicos seja por parasitismo, competição ou produção de metabólitos. Este trabalho objetivou avaliar o potencial antagonístico de isolados de *Trichoderma* sp. (CEN 201, CEN 129, CEN 240, CEN 280 e CEN 523), pertencentes à coleção da Embrapa-Cenargen, por meio de produção de metabólitos termoestáveis (MT), não termoestáveis (MNT) e voláteis (MV) na inibição da esporulação de *Fusarium* spp. Nos ensaios MT e MNT os isolados foram cultivados em meio líquido (batata-dextrose) sob agitação a 150 rpm à temperatura de 25°C, no escuro. Após 10 dias, a parte líquida foi coletada por filtração. Para o experimento MT, o filtrado foi adicionado ao meio BDA na proporção de 25% (v/v), antes da autoclavagem (temperatura de 120°C, por 20 minutos). Já para o MNT, o filtrado foi esterilizado em membrana millipore 0,45µm e adicionado ao meio BDA após autoclavagem na proporção de 25% (v/v). Em ambos os casos, o meio foi distribuído em placa de Petri e inoculado com disco (5mm de diâmetro) do patógeno. No ensaio MV discos de micélio (5 mm) do patógeno e do antagonista foram inoculados em meio BDA e incubados por 12 horas, sendo então vertidas as placas de *Fusarium* spp. sobre as de *Trichoderma* spp. Avaliou-se o crescimento e produção de esporos do *Fusarium* spp., após nove dias. O ensaio foi conduzido em delineamento inteiramente ao acaso com quatro repetições. Todos os testes feitos com metabólitos influenciaram negativamente na esporulação de *Fusarium* spp., sendo que, nos testes com MNT os isolados não apresentaram diferença estatística entre si. Já nos testes com MT, o isolado CEN 201 foi o que apresentou melhor resultado. No ensaio MV o isolado que mais se destacou foi o CEN 129. Concluiu-se que os isolados selecionados são candidatos potenciais para o controle da Fusariose.

¹Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

058 - AVALIAÇÃO DO USO DE DIETA ARTIFICIAL NA CRIAÇÃO DA JOANINHA, *Cycloneda sanguinea* (COLEOPTERA: COCCINELIDAE), EM LABORATÓRIO [Evaluation of an artificial diet used on the ladybeetle, *Cycloneda sanguinea* (Coleoptera: Coccinellidae), laboratory rearing]

Bernardes, T.A.¹, Teixeira, M.M.², Ribeiro, P.A.³, Pires, C.S.S.⁴, Fontes, E.M.G.⁴, Sujii, E.R.³

A joaninha *Cycloneda sanguinea* L. é um importante predador de pulgões em várias culturas. Sua elevada capacidade de predação dificulta a criação em laboratório devido a alta demanda por presas. A utilização de dieta artificial é uma alternativa que reduziria significativamente os custos de produção e viabilizaria o uso do inseto como indicador biológico da predação em agroecossistemas. Este trabalho tem por objetivo avaliar o uso de uma dieta artificial usada para outro coccinélídeo como alimento ou suplemento alimentar de *C. sanguinea*. Larvas de *C. sanguinea* no estágio de 1^o instar foram individualizadas e submetidas a três diferentes tipos de dieta: artificial, pulgão *Aphis gossypii* Glover (Hemiptera: Aphididae) e artificial + pulgão. Joaninhas alimentadas apenas com dieta artificial (tratamento 1) demandaram maior tempo para o desenvolvimento larval ($20,0 \pm 1,55$ dias) em relação aos tratamentos 2 que continha pulgão na dieta, e o tratamento 3 com pulgão + dieta artificial ($9,0 \pm 0,00$ dias para ambos) que não diferiram entre si (Kruskal Wallis $H_2=21,56$ $P < 0,001$). Porém, indivíduos submetidos à dieta artificial apresentaram menor tempo em seu estágio de pupa ($3,7 \pm 1,03$ dias) em relação aos indivíduos alimentados com os outros dois tipos de dieta (Kruskal Wallis $H_2=9,98$ $P=0,007$), não havendo diferença significativa entres os tratamentos 2 ($5,1 \pm 1,55$ dias) e 3 ($5,4 \pm 0,84$ dias). A análise estatística preliminar, em relação ao peso médio das joaninhas na fase adulta, mostrou diferença significativa com maior peso dos adultos do tratamento 3 ($18,2 \pm 3,96$ mg) em relação ao tratamento 1 ($11,5 \pm 2,88$ mg), sendo que o tratamento 2 ($15,1 \pm 2,96$ mg) não diferiu significativamente dos tratamentos 1 e 3 (ANOVA $F_{2,19}=7,06$ $P=0,005$). Além disso, 100% dos indivíduos que receberam uma dieta completa (pulgão + artificial) alcançaram a fase adulta enquanto que apenas 60% dos indivíduos do tratamento 1 e 70% no tratamento 2 completaram o desenvolvimento até fase adulta. De acordo com os resultados preliminares dos testes, pode-se concluir que o uso desta dieta artificial como alimento exclusivo de joaninhas não se mostrou apropriada, sendo que alimentação com pulgões complementada com dieta artificial aumentou a sobrevivência de larva a adulto, o peso dos adultos e a sincronização no recrutamento das fases imaturas.

Apoio: CNPq e FINEP.

¹Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

059 - BIOLOGIA DE ESTÁGIOS IMATUROS DE *Dichelops melacanthus* (DALLAS) (HEMIPTERA: PENTATOMIDAE) (Biology of *Dichelops melacanthus* (Dallas) (Hemiptera: Pentatomidae) immature stages)

Paz, A.¹, Laumann, R.A.², Borges, M.², Moraes, M.C.B.³

O percevejo barriga verde, *Dichelops melacanthus* (Dallas) (Heteroptera: Pentatomidae), causa danos significativos em culturas de milho, soja e trigo. O conhecimento da biologia do percevejo é fundamental para a realização de estudos posteriores de seus semioquímicos, os quais poderão ser utilizados no manejo de populações desta espécie. A biologia de ninfas do inseto foi estudada em laboratório. Posturas de adultos foram individualizadas em placas de Petri. Somente as posturas que tiveram eclosão de pelo menos uma ninfa foram selecionadas para o experimento. Foram selecionadas 35 posturas com uma média de 11,69 ovos. As ninfas de cada postura foram mantidas desde a eclosão nas placas de Petri e alimentadas com sementes de soja e vagem até completarem o 3º ínstar. Ao atingirem o 4º ínstar, as ninfas foram transferidas para potes de plástico de 300 mL e foram alimentadas com vagem e com sementes de amendoim cru, grãos de soja, sementes de girassol e grãos de bico colados em cartela de papel. Os ovos e ninfas foram observados diariamente a fim de se verificar a mudança de ínstar e a mortalidade. O tempo médio de desenvolvimento embriológico foi de 5,2 dias e 61,36% dos ovos eclodiram. O tempo médio de duração de cada ínstar foi: 1º ínstar: 2,85 dias; 2º ínstar: 6,83 dias; 3º ínstar: 6,04 dias; 4º ínstar: 5,31 dias; 5º ínstar: 7,18 dias. As taxas de mortalidade em cada ínstar foram respectivamente: 23,5%, 46,875%, 13,75%, 6,81% e 3,65%. O tempo médio de desenvolvimento até a fase adulta foi de 28,23 dias. A taxa de mortalidade dos insetos durante todo o desenvolvimento foi de 68,5%.

¹Biologia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

060 - BIOLOGIA DE *Labidus coecus* (FORMICIDAE: ECITONINAE) EM UMA ÁREA DE PLANTIO DE TOMATE ORGÂNICO NO DISTRITO FEDERAL (Biology of *Labidus coecus* (Formicidae: Ecitoninae) in an area of organic tomato crop in the Distrito Federal)

Milane, P.V.N.G.¹, Monteiro, A.F.N.², Togni, P.H. B.², Medeiros, M.A.³, Sujii, E.R.⁴

A subfamília Ecitoninae reúne as formigas de correição exclusivas da região Neotropical onde as características mais marcantes são a predação em grupo organizada, incluindo caça e transporte, e um ciclo de vida nômade. Em *Labidus praedator*, por exemplo, as operárias capturam e transportam as presas para os ninhos e escolhem sítios de agregação temporário, podendo percorrer mais de 30 m de trilhas de forrageamento. Entretanto, para *Labidus coecus* faltam informações básicas sobre sua biologia como as apresentadas para *L. praedator*. O objetivo deste trabalho foi descrever aspectos básicos da biologia de *L. coecus* em uma área de plantio de tomateiro orgânico no DF. O plantio de tomate não estaqueado e associado com coentro foi realizado no Campo Experimental da Embrapa Hortaliças - DF, no período de Abril-Agosto/2007. Para localização dos ninhos de *L. coecus* foram utilizadas iscas de sardinha em diferentes pontos na borda do sistema de plantio que possuía uma área de 60 x 30 m. A área foi monitorada semanalmente quanto à presença de formigas nas armadilhas amarelas adesivas (n= 72), acompanhando-se os sítios de nidificação e os comportamentos de formação de trilhas e frentes de forrageamento de formigas. Os dados de presença/ausência e de posição dos ninhos foram plotados em um desenho representativo da área. As operárias forragearam em diferentes manchas dentro do sistema de plantio nas fases finais do ciclo de cultivo do tomateiro. Foi verificado um padrão de ocorrência cíclico de *L. coecus* nas armadilhas adesivas amarelas com alternância entre presença residual (até 10% das armadilhas), baixa (>10% das armadilhas) e alta (>50% das armadilhas) na área, o que poderia ser explicado pela alternância entre as fases do seu ciclo de vida (estacionária ou nômade) ou pela variação na disponibilidade de presas na área. Este é o primeiro registro de sítio de nidificação de *L. coecus* em *Brachiaria* sp. com aproximadamente 1 m de altura, associado a pequenos vazamentos do sistema de irrigação. Foi observado que o início da atividade de forrageamento dá-se por volta das 11 horas e intensificase a partir das 17 horas, sendo o pico de atividade aparentemente noturno. Faixas de plantio com milho e *Brachiaria* sp., adjacentes ao tomateiro, associado à irrigação por gotejamento, parecem criar as condições ótimas e os recursos necessários ao estabelecimento de colônias de *L. coecus*. Como perspectiva futura, é necessário comparar a metodologia de amostragem utilizada neste trabalho com aquelas tradicionalmente utilizadas nos trabalhos com formigas.

¹Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Hortaliças

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

061 - CONSTRUÇÃO DE BIBLIOTECA GENÔMICA DE UM BACULOVIRUS PATOGENICO À LAGARTA DO ÁLAMO (*Construction of genomic DNA library of a baculovirus pathogenic to *Condylorrhiza vestigialis**)

Almeida, L.M.¹, Pinedo, F.J.R.², Castro, M.E.B.³

O controle biológico pelo uso de baculovirus tem sido uma interessante alternativa ao combate de pragas na agricultura e floresta pois, ao contrário dos inseticidas químicos, não poluem o meio ambiente e são inofensivos a insetos não-alvo e vertebrados. O estudo da patologia e biologia molecular desses vírus tem fornecido importantes dados para o entendimento de sua biologia e uso como bioinseticidas e como vetor de expressão gênica. O vírus *Condylorrhiza vestigialis multiple nucleopolyhedrovirus* (CvMNPV), recentemente identificado, pertence à família Baculoviridae (gênero *Nucleopolyhedrovirus*) e ataca a lagarta *Condylorrhiza vestigialis*, praga de uma planta da família Salicaceae, gênero *Populus* conhecida como Álamo ou Choupo muito utilizada na fabricação de palitos e caixas para a indústria do fósforo. A fim de conhecer e aplicar o vírus no controle dessa lagarta, estudos de caracterização têm sido conduzidos, entre estes, a construção de uma biblioteca genômica de CvMNPV, a base para posteriores estudos de mapeamento genético e sequenciamento do genoma do vírus. DNA de CvMNPV foi clivado com a endonuclease de restrição *HindIII* e os fragmentos gerados (20 fragmentos de diferentes tamanhos) foram inseridos em plasmídeos (pBluescript), também clivado com esta enzima, através do uso de técnicas de engenharia genética. Estes plasmídeos contendo insertos do DNA de CvMNPV foram então introduzidos em células competentes (XL-1-Blue) por eletroporação e estas foram plaqueadas em meio sólido seletivo contendo ampicilina (0,1 mg/ml), X-Gal e IPTG. Após seleção de colônias brancas (evidência de transformação bacteriana), as mesmas foram multiplicadas em meio LB líquido com ampicilina e submetidas a uma minipreparação de plasmídeos com vista em se obter concentração suficiente do inserto desejado para posterior seqüenciamento de suas extremidades.

Apoio: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia.

¹Biologia, graduando, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Biólogo, Ph.D., Bolsista CNPq/ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

062- CULTIVO DE *Trichoderma* SPP E *Dicyma pulvinata* EM SUBSTRATOS SÓLIDOS (Growth of *Trichoderma* spp and *Dicyma pulvinata* in solid substrates)

Marques, G.A.¹, Menêzes, J.E.², Martins, I.³, Santos, R.P.⁴, Silva, J.B.T.⁵, Mello, S.C.M.⁶

Os fungos do gênero *Trichoderma* spp e *D. pulvinata* são micoparasitas que agem inibindo o desenvolvimento de microrganismos fitopatogênicos. Para o cultivo desses agentes tem-se procurado utilizar fontes de nutrientes que apresentem baixo custo e boa esporulação. Neste sentido, avaliou-se o efeito da adição de cama de frango e da água de coco em substratos sólidos na eficiência da produção de esporos de *Trichoderma* spp. e *D. pulvinata*. Em dois substratos, arroz parboilizado e arroz comum com casca foram acrescentados diferentes concentrações de cama de frango proveniente de galpão de criação. Para o cultivo, foram usados erlenmeyers de 125mL, contendo 50 g de substrato previamente umedecido com água destilada (60%), acrescentado-se cama de frango nas seguintes concentrações: 0, 5, 10 e 20%. Para cada substrato + cama de frango foram feitas três repetições. Em relação a água de coco, foram colocados 25 g de arroz em casca, triturado em liquidificador por 10 segundos, em erlenmeyer de 250mL umedecido com água de coco nas seguintes concentrações: 0, 25, 50, 75 e 100%. Para cada concentração foram realizadas quatro repetições. Em cada erlenmeyer foram inoculados dois discos de 9 mm, para os erlenmeyer de 125ml e quatro para os de 250mL, retirados de placas com colônias crescidas em meio BDA. A incubação ocorreu em sala de crescimento à temperatura de 25°C, com fotoperíodo de 12 horas. Após 10 dias de incubação para *Trichoderma* spp e 17 dias para *D. pulvinata*, realizou-se a avaliação da suspensão de esporos feita com adição de Tween 0,05%. Dessa suspensão, retirou-se uma alíquota para contagem dos esporos com a ajuda da câmara de Neubauer. A análise dos dados de esporulação foi feita pelo programa Estat, através da análise fatorial de dois fatores e submetidos ao teste de Tukey com probabilidade de 5%. A esporulação dos micoparasitas foi influenciada pela adição de cama de frango e água de coco. Os maiores valores médios de números de esporos/mL de suspensão foram obtidos nos substratos à base de arroz parboilizado adicionado de 20% de cama de frango para os dois agentes biológicos. E em água de coco não houve diferença significativa na esporulação de ambos os fungos. A procura de fontes que proporcionem aumento e qualidade da esporulação é importante para o estabelecimento de padrões que possam otimizar a produção em maior escala.

¹Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

⁵Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

063 - DEFESAS INDUZIDAS POR HERBIVORIA EM SOJA E SUA AÇÃO COMO SINOMÔNIOS NA INTERAÇÃO TRI-TRÓFICA SOJA – *Euschistus heros* (FABRICIUS) (HEMIPTERA – PENTATOMIDAE) – *Telenomus podisi* ASHMEAD (HYMENOPTERA: SCELIONIDAE) [Herbivory induced defenses in soybean and their action as sinomones in the tri-trophic interactions soybean – *Euschistus heros* (Fabricius) (Hemiptera – Pentatomidae) – *Telenomus podisi* Ashmead (Hymenoptera: Scelionidae)]

Aquino, M.F.S.¹, Moraes, M.C.B.², Araújo, A.R.³, Borges, M.⁴, Laumann, R.A.⁴

Os sinais químicos são os maiores responsáveis pela comunicação entre os insetos e seu meio ambiente. Nas interações tri-tróficas entre plantas–insetos herbívoros-parasitóides, voláteis são emitidos quando plantas sofrem danos causados por herbivoria com conseqüente atração dos inimigos naturais dos herbívoros. Plantas de soja quando atacadas pelo percevejo marrom *Euschistus heros* liberam compostos voláteis que atraem os parasitóides de ovos *Telenomus podisi*. O objetivo do presente trabalho foi identificar os componentes da mistura de voláteis de soja com ação sinomonal neste complexo de interações tri-tróficas. Foram realizados experimentos de eletroantenografia para detectar a resposta antenal, bioensaios em olfâmetro de escolha dupla para verificar o efeito biológico dos compostos, e em casa de vegetação para se obter o índice de parasitismo em áreas tratadas e não tratadas com os componentes que foram efetivos no bioensaio em laboratório. Os testes de eletroantenografia e bioensaios foram conduzidos com fêmeas de *T. podisi* de 24-48 h de idade sem experiência em oviposição utilizando-se extratos totais e padrões sintéticos dos voláteis induzidos em soja, respectivamente. O trabalho com eletroantenografia, mostrou que o parasitóide de ovos respondeu aos compostos: 6-Methyl-5-hepten-2-ona, Limoneno e Citronelal. Estes compostos foram testados individualmente em bioensaios comprovando que (+) Limoneno e Citronelal obtiveram efeitos positivos sobre as fêmeas de *T. podisi* atraindo-as para a área tratada com estes componentes. Estudos em casa de vegetação com estes dois compostos constataram que os maiores índices de parasitismo foram em áreas tratadas com citronelal em relação à área controle com n-hexano. Os resultados obtidos neste trabalho indicam que o composto citronelal pode ser um importante agente no manejo comportamental do parasitóide de ovos *T. podisi* incrementando sua eficiência como inimigo natural de percevejos-praga.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Biólogo, graduado, Universidade Católica de Brasília-UCB

⁴Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

064 - DETERMINAÇÃO DO NÚMERO DE MARCADORES MOLECULARES PARA A ANÁLISE DA VARIABILIDADE GENÉTICA DE *Spodoptera frugiperda* (J.E. SMITH, 1797) (LEPIDOPTERA: NOCTUIDAE) (Determination of the molecular markers number useful to analyze the genetic variability of *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae))

Martins, E.S.¹, Queiroz, P.R.², Praça, L.B.³, Lima, L.H.C.⁴, Monnerat, R.G.⁴

A lagarta do cartucho do milho *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae) é uma espécie polífaga que ataca culturas de valor comercial em vários países. No Brasil, este inseto pode atacar culturas de importância econômica, ocasionando perdas que variam de 15 % a 34 % da produção. Um aspecto importante no controle de pragas é o conhecimento de suas características fenotípicas e genotípicas. Este conhecimento pode auxiliar no estabelecimento do perfil genético dos insetos e na identificação de marcadores que apontem para populações resistentes a inseticidas ou potencialmente transmissoras de doenças. O objetivo desse trabalho foi determinar o número de marcadores moleculares de RAPD ideal para a análise da variabilidade genética dos indivíduos de *S. frugiperda* em uma colônia. O emprego de dez primers produziu um total de 60 fragmentos de RAPD sendo, em média, $5,5 \pm 3,2$ fragmentos de DNA por primer. Observou-se que três primers forneceram fragmentos úteis para a identificação molecular dessa espécie, como também, outros três primers produziram o maior número de fragmentos de RAPD adequados para os estudos de variabilidade genética. A partir dessas informações foram obtidos 25 prováveis fragmentos candidatos para a identificação molecular dos indivíduos de *S. frugiperda*. A comparação entre os dendrogramas e as matrizes de distância genética, geradas pela análise de 5 ou 10 primers de RAPD, mostrou variação mínima. Dos primers previamente analisados sugere-se o emprego dos oligonucleotídeos OPA-03, OPA-04, OPA-10, OPA-11 e OPA-13 para a identificação molecular de indivíduos que sejam pertencentes à espécie *S. frugiperda*. Contudo, para a análise da variabilidade genética desses indivíduos sugere-se o emprego dos dez primers de RAPD. Além disso, os primers OPA-20 e OPE-03 apresentaram potencial para o desenvolvimento de marcadores SCAR que são mais específicos para a identificação desse inseto e para o monitoramento do mesmo em campo. Dessa forma, os marcadores moleculares obtidos por RAPD mostraram-se úteis para o desenvolvimento de estratégias para o estudo da dinâmica das populações de lepidópteros, assim como para a identificação destas a partir de amostras de campo.

¹Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, Ph.D., Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

065 - DIVERSIDADE DE FORMIGAS EM ÁREAS DE CULTIVO DE ALGODÃO (*Gossypium hirsutum* L.) (MALVACEAE) NO DISTRITO FEDERAL (Diversity of ants in cotton crop areas in the Distrito Federal)

Monteiro, A.F.M.¹, Togni, P.B.¹, Sujii, E.R.²

Dada sua diversidade e biomassa, as formigas exercem um papel significativo no funcionamento dos ecossistemas, podendo ser úteis como indicadores das condições de um ambiente. No Brasil, o algodoeiro é cultivado em diversos sistemas de manejo que incluem práticas como plantio direto, irrigação, uso de inseticidas, etc. Este trabalho avaliou se a composição e a atividade de forrageamento das formigas varia entre diferentes sistemas de manejo. A pesquisa foi realizada de fevereiro a maio de 2006 no DF e entorno, em três áreas distintas de cultivo de algodão - SLC, Coperbrás (COP) e Cenargen (CEN) - com 5 diferentes sistemas de manejo: SLC irrigado com pivô central (PIV); Cenargen em aspersão (ASP); SLC e COP em sequeiro (SEQ); e SLC em sequeiro sobre cascalheira (SEC). As formigas foram coletadas por iscas de sardinha e armadilhas tipo pitfal. No total dos 5 sistemas foram coletadas 16 espécies pertencentes a 9 gêneros de formigas. A área CEN-ASP apresentou a maior riqueza com 10 espécies, seguida por SLC com 5 espécies e COP com 4 espécies. O gênero *Pheidole* apresentou maior riqueza. Na parcela CEN-ASP também foi registrada uma maior ocorrência de formigas (em mais de 90 % das iscas) em todo o período, mas nas demais parcelas, COP-SEQ e SLC SEQ, houve uma baixa ocorrência a partir de março (menos de 20%), enquanto nas parcelas SLC-SEC e SLC-PIV não foi registrada a presença de formigas. Em SLC-SEC, o solo é pedregoso, formado por cascalho, e supõe-se que as pedras atinjam uma temperatura que excede a tolerância térmica máxima das colônias de formigas. Em SLC-PIV, irrigações periódicas de até 3 vezes por semana mantinha o solo freqüentemente encharcado, e disso resultaria a perda da qualidade dos sítios de nidificação, o que também poderia limitar a colonização e estabelecimento de populações de formigas na área de pivô central. Nas demais áreas de sequeiro, a tendência a uma reduzida ocorrência e riqueza de formigas pode ser decorrente do fato de serem ambientes bastante sujeitos a perturbação, principalmente a aplicação freqüente de inseticidas de amplo espectro que levaria à intoxicação ou repelência das formigas bem como à depleção das suas presas. Se as cascatas tróficas *top-down* e os efeitos das formigas sobre herbívoros são características dominantes na estruturação de comunidades de invertebrados no algodoeiro, futuros estudos deverão avaliar a densidade de herbívoros e os danos na área SLC-SEC onde não há registro desses predadores.

¹Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

066 - EFEITO DA PROTEÍNA Cry1Ac SOBRE O PREDADOR *Cycloneda sanguinea* (COLEOPTERA: COCCINELIDAE) EM ENSAIO TRITRÓFICO – PROTOCOLO EXPERIMENTAL (Effect of the protein Cry 1Ac on the predator *Cycloneda sanguinea* (Coleoptera: Coccinellidae) in a tritrophic assay – experimental protocol)

Ferreira, V.A.¹, Sálame, J.P.A.², Bernardes, T.A.³, Ribeiro, P.A.⁴, Nakasu, E.Y.T.⁵, Dias, S.C.⁶, Paula, D.P.⁷, Fontes, E.M.G.⁷, Sujii, E.R.⁸, Pires, C.S.S.⁷

As plantas transgênicas resistentes a insetos expressam toxinas provenientes de *Bacillus thuringiensis*, como a δ -endotoxina Cry1Ac, visando o controle de insetos-alvo da ordem Lepidoptera. Embora tenham alta especificidade, essas toxinas podem potencialmente afetar de forma inesperada insetos não-alvo como predadores e desestabilizar funções ecológicas vitais para a produção. Estão sendo desenvolvidas metodologias de ensaio tritrófico com algodoeiro Bt variedade DP404BG e sua isolínea DP4049, o pulgão *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae) e o predador *Cycloneda sanguinea* com o objetivo de avaliar a exposição de insetos não-alvo à proteína Cry1Ac. Larvas neonatas de *C. sanguinea* foram criadas individualmente em gaiolas plásticas contendo plantas de algodão Bt (tratamento teste) e não Bt (tratamento controle) com no máximo 6 folhas verdadeiras totalmente expandidas e infestadas com pulgões. As joaninhas foram acompanhadas diariamente até a fase adulta para avaliação de sua bionomia. As plantas foram substituídas diariamente por outras previamente infestadas com pulgões para avaliação do consumo diário. Até o momento, foram monitoradas 24 joaninhas por tratamento, não havendo diferença significativa nas variáveis analisadas para os tratamentos teste e controle respectivamente: duração média do estágio larval de 14,54 \pm 3,64 dias no algodoeiro Bt e 14,79 \pm 1,96 dias no controle (Mann-Whitney: $z= 0,77$; $P= 0,44$); peso médio do adulto de 0,012 \pm 0,006g e 0,017 \pm 0,017g (Mann-Whitney: $z= 0,81$; $P= 0,42$); número médio de ovos por fêmea 108,4 \pm 73,66 e 191,1 \pm 171,97 ($t=1,09$; $P= 0,30$), viabilidade média dos ovos de 63,33 \pm 36,5% e 59,03 \pm 23,28% ($t=0,25$; $P= 0,81$). A quantificação de Cry1Ac no tecido foliar, floema e pulgão do tratamento-teste foi realizada pela técnica de ELISA. Apesar da quantificação de 0,49 \pm 0,14 mg de Cry1Ac nas folhas, houve apenas a detecção de traços da toxina nos pulgões e floema. A metodologia de bioensaio em desenvolvimento tem se mostrado adequada para a avaliação da exposição tritrófica do predador *C. sanguinea* à toxina expressa no algodoeiro Bt. Observamos que a interação tritrófica planta-pulgão-joaninha não foi afetada pela transgenia do algodoeiro Bt variedade DP404BG.

Apoio: FINEPE e CNPq.

¹Biólogo, graduado, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Biologia, graduando, Centro universitário de Brasília-UniCEUB

³Biologia, graduanda, Centro universitário de Brasília-UniCEUB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁵Biólogo, mestrando, Universidade Federal do Rio Grande do Sul-UFRGS

⁶Bióloga, Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

⁷Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁸Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

067 - ESTRUTURA DA COMUNIDADE DE FORMIGAS EM ÁREA DE ALGODOEIRO NA REGIÃO DO DISTRITO FEDERAL (Community structure of ants in cotton crop fields in the Distrito Federal)

Viana, C.S.A.¹, Schimidt, F.G.V.², Faria, M.R.³, Fontes, E.M.G.⁴, Pires, C.S.S.⁴, Michereff Filho, M.⁵, Sujii, E.R.⁵

Práticas agrícolas, tais como aração, gradagem, capina e aplicação de defensivos químicos são fatores de perturbação que podem afetar a diversidade de artrópodes nos agroecossistemas. As formigas estão entre os artrópodes com maior biomassa e diversidade em ecossistemas e por isso são importantes no funcionamento dos mesmos. O objetivo do presente trabalho foi avaliar como a comunidade de formigas que ocorre no Cerrado se estrutura quando ocorre a implantação da cultura do algodoeiro sob diferentes manejos (com e sem inseticida). O estudo foi realizado no Núcleo Rural de Tabatinga (DF), em área de cultivo comercial de algodão conduzida de forma tradicional, uma área contígua onde o emprego de inseticidas químicos não foi realizado e uma área de Cerrado. O levantamento das morfo-espécies de formigas que frequentam a superfície do solo nas áreas com algodão e no cerrado foi realizada através de amostragens com um “grid” de 30 armadilhas do tipo Pitfall em cada área. As amostragens foram realizadas em quatro épocas distintas do ciclo da cultura e por duas safras contínuas (2003 e 2004). Foram coletados 3.311 indivíduos distribuídos em 121 espécies, 7 subfamílias e 33 gêneros no presente estudo. Destas, 103 espécies distribuídas em 25 gêneros. As mais abundantes em número de indivíduos: Pheidole (40), Camponotus (9) Solenopsis (8) Brachymyrmex (5) Dorymyrmex (5) Hypoponera (4) Linepitherna (3) Ectatomma (3) e Pachycondila (3) possuíam hábito alimentar onívoro ou carnívoro (predador). As outras 18 espécies pertenciam a formigas desfolhadoras, cultivadoras de fungos, granívoras e inquilinas. A área do Cerrado apresentou maior riqueza de formigas com 84 espécies, seguido pelo algodão sem inseticida com 76 espécies (44 e 56 espécies no 1° e 2° ano respectivamente) e o algodão com aplicação de inseticidas com 46 espécies (29 e 27 espécies no 1° e 2° ano respectivamente) produzindo um gradiente de diversidade relacionado a um possível gradiente de perturbação. A distribuição de espécies exclusivas para cada ambiente e espécies comuns para duas ou as três áreas repetiu o padrão observado de gradiente de diversidade. Fica assim demonstrado que formigas podem servir como indicadores ambientais para uso em estudos de avaliação de impacto.

Apoio: FINEP e CNPq.

¹Biologia, graduando, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., doutorando, Cornell – USA/ Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

068 - ESTUDO DA ATIVIDADE E CARACTERIZAÇÃO DE ESTIRPES DE *Bacillus thuringiensis* TÓXICAS PARA O PULGÃO DO ALGODOEIRO (*Aphis gossypii*) (Study of the activity and characterization of *Bacillus thuringiensis* strains toxic to *Aphis gossypii*)

Melatti, V.M.¹, Praça, L.B.², Martins, E.S.³, Sujii, E.R.⁴, Monnerat, R.G.⁵

A cotonicultura vem crescendo e ocupando grandes áreas de cultivo. Este crescimento expõe esta cultura ao ataque severo de diversas pragas, entre elas o pulgão do algodoeiro (*Aphis gossypii*). Este inseto tem causado até 44% de perdas à cultura do algodão, atacando principalmente os estágios iniciais da cultura, devido à sucção contínua da seiva ou à transmissão de doenças viróticas como o vermelhão e o mosaico das nervuras (“azulão”). Uma alternativa para o controle biológico desta praga é a utilização de *Bacillus thuringiensis*. Recentemente, foi constatada que esta bactéria pode circular de forma sistêmica na planta, podendo ser utilizada no controle de insetos sugadores. Este trabalho teve como objetivo estabelecer uma metodologia de bioensaio seletivo e de dose de *B. thuringiensis* contra *A. gossypii* e selecionar estirpes tóxicas a este inseto. Os bioensaios foram realizados com uma estirpe de *B. thuringiensis* marcada com gfp (“green fluorescence protein”), que permitiu a visualização da bactéria em um macerado do inseto alimentado da planta tratada com essa bactéria, através de microscopia ótica de fluorescência, confirmando a eficiência da metodologia testada. Em seguida, foram testadas 400 estirpes do Banco de germoplasma de *Bacillus* sp. da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, das quais foram selecionadas as estirpes S29, S40, S616, S1168 e S1576 que apresentaram atividade superior a 50%. Após o bioensaio seletivo foi realizado o bioensaio de dose com proteína purificada em duplicata, sendo a estirpe S616 a mais eficaz entre as testadas. As cinco estirpes selecionadas foram caracterizadas quanto ao perfil protéico e molecular, sendo algumas delas positivas para a presença dos genes *cry1Aa*, *cry1D*, *cry2* e *cry8*.

Apoio: EMBRAPA.

¹Biologia, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

069 - ESTUDO DA ATIVIDADE TÓXICA PARA *Aedes aegypti* DAS PROTEÍNAS HETERÓLOGAS Cry4Aa E Cry4Ba DE *Bacillus thuringiensis* EXPRESSAS EM BACULOVÍRUS RECOMBINANTES (Study of toxic activity to *Aedes aegypti* of Cry4Aa and Cry4Ba heterologous proteins from *Bacillus thuringiensis* expressed in recombinant baculovirus)

Corrêa, R. F. T¹, Lima, G. M. S.², Aguiar, R. W. S.³, Fernandez, R. S.⁴, Martins, E. S.⁵, Dumas, V. F.⁶, Monnerat, R.G.⁷, Ribeiro, B. M.⁸

Bacillus thuringiensis (Bt) é uma bactéria entomopatogênica, Gram-positiva, que produz inclusões protéicas na esporulação, tóxicas a insetos, mas inofensivas a outros organismos. Dois fragmentos de 3.500 pb dos genes *cry4Aa* e *cry4Ba*, foram inseridos no genoma do baculovírus *Autographa californica* multiple nucleopolyhedrovirus (AcMNPV). Os vírus recombinantes foram usados como vetores para expressão das proteínas Cry heterólogas em insetos e avaliação da atividade tóxica dessas proteínas para larvas de *A. aegypti*. Os genes *cry4Aa* e *cry4Ba* foram isolados das estirpes de Bt S1806 e S1989, respectivamente, pertencentes ao Banco de *Bacillus* Entomopatogênicos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, amplificados por PCR e inseridos no vetor de clonagem pGem®-T Easy. O gene *cry4Aa* foi subclonado nos vetores de transferência pSynXIVVI⊕ e pFastBac™1, e o gene *cry4Ba* no vetor de transferência pSynXIVVI⊕X3, levando à construção dos vírus recombinantes. Os vírus construídos foram usados para infectar células de inseto BTI-TN5B1-4 e larvas de *S. frugiperda*. Os extratos obtidos dos insetos infectados foram analisados em gel de poliacrilamida e possíveis cristais destas proteínas, visualizados em microscopia de luz. Bioensaios foram conduzidos utilizando larvas de segundo instar de *A. aegypti* e mostraram que a proteína Cry4Ba heteróloga é tóxica (CL₅₀ = 57,87 ng/mL). A proteína Cry4Aa expressa, a partir da construção de dois vírus recombinantes, também foi tóxica (CL₅₀ = 83,31 ng/mL e CL₅₀ = 92,24 ng/mL), não diferindo estatisticamente pelo programa Sigma Stat 3.1.

¹Biólogo, doutorando, Universidade de Brasília-UnB

²Biomédica, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁴Biologia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

⁵Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

⁶Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

⁷Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁸Biólogo, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

070 - ESTUDO DA COMUNICAÇÃO VIBRACIONAL DE DUAS ESPÉCIES SIMPÁTRICAS DE *Chinavia* (HEMIPTERA: PENTATOMIDAE) [Studies on vibrational communication of two sympatric species of *Chinavia* (Hemiptera: Pentatomidae)]

Caetano, L.D.¹, Laumann, R.A.², Moraes, M.C.B.³, Borges, M.², Lopes, A.P.S.⁴

Os pentatomídeos apresentam um complexo sistema de comunicação baseado em sinais químicos, visuais e vibracionais. A comunicação vibracional ocorre pela propagação, através de plantas, de vibrações geradas pelos movimentos do corpo do inseto. A especificidade destas vibrações é tão alta quanto a do feromônio sexual. Os insetos, machos e fêmeas, emitem vibrações com diferentes frequências padrões temporais que transportam diferentes mensagens (p. ex. chamamento ou acasalamento). O objetivo deste trabalho foi estabelecer categorias comportamentais durante o acasalamento e/ou cópula de duas espécies simpátricas de percevejos, *Chinavia impicticornis* e *Chinavia ubica*. Estas duas espécies além de terem distribuições geográficas similares possuem os mesmos componentes no seus feromônios sexuais. Neste trabalho foi avaliada a hipótese de que a comunicação vibracional pode assegurar o isolamento reprodutivo das espécies. Insetos adultos das espécies estudadas foram isolados em arenas de estudo formadas com o fundo de placas de Petri de 9 cm de diâmetro colocado, invertido, acima de uma membrana formada por papel de filtro de 12 cm de diâmetro, a arena foi apoiada sobre um alto-falante, que atuou como receptor das vibrações emitidas. Foram estudados casais formados homo (*C. impicticornis* (n=64) e *C. ubica* (n=54)) e heteroespecíficos (n= 40 para todas as combinações de sexo e espécie). Durante as observações foram registrados sons vibracionais e o comportamento de cada inseto. A análise de parâmetros temporais e físicos dos sinais vibratórios mostrou que existem claras diferenças entre as duas espécies. Estas diferenças foram encontradas basicamente em parâmetros temporais como duração e tempo de repetição dos cantos. As diferenças na comunicação vibracional, junto às diferenças nas categorias comportamentais durante o acasalamento e cópula permitem o isolamento reprodutivo das duas espécies estudadas.

¹Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

071 - ESTUDOS PRELIMINARES DA ECOLOGIA QUÍMICA DO PERCEVEJO *Dichelops melacanthus* (DALLAS) (HEMIPTERA: PENTATOMIDAE) [Preliminary studies on chemical ecology of *Dichelops melacanthus* (Dallas) (Hemiptera: Pentatomidae)]

Paz, A.¹, Borges, M.², Laumann, R.A.², Silva, F.A.C.³, Panizzi, A.R.⁴, Moraes, M.C.B.⁵

O percevejo barriga-verde, *Dichelops melacanthus*, vem sendo relatado como praga de diferentes culturas, como a soja, o milho e o trigo. Este pentatomídeo é comumente encontrado nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste do Brasil, sendo que a sua distribuição vem aumentando, devido ao processo de expansão agrícola de suas culturas hospedeiras. O controle desta espécie é feito, principalmente, pelo uso de inseticidas com o conseqüente impacto ambiental. Dessa forma, a utilização de semioquímicos surge como alternativa ecológica para o monitoramento e/ou controle desta praga. O objetivo deste estudo foi caracterizar os semioquímicos do percevejo *D. melacanthus*. Para a obtenção de voláteis, grupos de 20 insetos virgens (machos e fêmeas), com 10 a 25 dias na fase adulta, foram mantidos separadamente em câmaras de vidro. Os voláteis foram coletados a cada 24 horas em adsorventes químicos (Super Q) e eluídos com hexano. Os extratos foram pré-concentrados a 10 ml/inseto e analisados por cromatografia gasosa e espectrometria de massa acoplada a cromatografia gasosa. Nos extratos obtidos da aeração de machos e fêmeas os principais compostos identificados foram: (*E*)-2-hexenal, (*E*)-2-octenal, undecano, dodecano, (*E*)-2-acetato de octenila, tridecano, tetradecano e pentadecano. Possivelmente, estes compostos são produtos das glândulas metatorácicas, já que são os mesmos compostos identificados em outras espécies de Pentatomidae. Adicionalmente, foram encontrados dois compostos específicos dos machos. O padrão de fragmentação dos dois compostos foi muito semelhante indicando que provavelmente são isômeros, e da classe dos sesquiterpenóides com o íon molecular em m/z 220; m/z (abundância); (M^+ 220(16), 191 (2), 161 (6), 150 (22), 124 (13), 121 (33), 107 (9), 96 (19), 79 (12), 57 (100), 41 (14)).

¹Biologia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Biólogo, M.Sc., Embrapa Soja

⁴Biólogo, Ph.D., Embrapa Soja

⁵Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

072 - EXPRESSÃO EM CÉLULAS DE INSETO DA PROTEÍNA Cry2Aa DE *Bacillus thuringiensis* TÓXICA PARA LARVAS DE *Anticarsia gemmatalis* (Expression in insect cells of Cry2Aa protein of *Bacillus thuringiensis* toxic to *Anticarsia gemmatalis* larvae)

Lima, G.M.S.¹, Aguiar, R.W.S.², Martins, E.S.³, Gomes, A.C.M.M.⁴, Monnerat, R.G.⁵, Ribeiro, B.M.⁶

Bacillus thuringiensis (Bt) é uma bactéria Gram-positiva, formadora de esporo, com atividade entomopatogênica. Essa atividade deve-se à presença de proteínas denominadas delta-endotoxinas ou proteínas Cry, que são produzidas durante a fase estacionária e permanecem no compartimento da célula mãe durante a esporulação. As proteínas podem ser muito tóxicas para diversas ordens de insetos suscetíveis e uma grande vantagem das proteínas Cry é a ausência de atividade para mamíferos. Nesse trabalho, um fragmento de 1900 pares de bases (pb), contendo a seqüência do gene *cry2Aa*, foi clonado no genoma do baculovírus *Autographa californica* multiple *nucleopolyhedrovirus* (AcMNPV), usado como vetor de expressão de proteínas heterólogas em células de inseto. O gene *cry2Aa* amplificado por PCR foi isolado de *Bacillus thuringiensis* subsp. *kurstaki* (Btk) S447. O gene foi clonado no vetor de clonagem pGem®-T Easy, sequenciado e subclonado no vetor de transferência pFastBac™1®. O vírus recombinante foi construído por transposição sítio-específica pela transformação em células de *E. coli* DH10Bac com o recombinante pFast*cry2Aa*. O vírus recombinante foi amplificado em células de *Trichoplusia ni* (BTI-Tn5B1-4) e usado para infectar larvas de *Spodoptera frugiperda*. O extrato total das larvas infectadas com o vírus recombinante (vAcCry2Aa) foi analisado por SDS-PAGE, que detectou a presença de um polipeptídeo de aproximadamente 65 kDa. A estrutura dos possíveis cristais foi evidenciada por microscopia ótica e eletrônica de varredura apresentando morfologia cubóide. No bioensaio, a proteína heteróloga mostrou toxicidade para larvas de segundo instar *A. gemmatalis* com uma CL₅₀ de 1,036 µg/mL.

Apoio: CAPES.

¹Biomédica, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

³Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Biólogo, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

073 - FUNGOS ISOLADOS DE AMOSTRAS DE GOIABEIRAS INFECTADAS POR *Meloidogyne mayaguensis* (Fungi isolates obtained from samples of guava crops infected by *Meloidogyne mayaguensis*)

Souza, J.F.¹, Martins, I.², Carneiro, R.M.D.G.³, Díaz, L.H.⁴, Arevalo, J.⁵, Tigano, M. S.³

A goiabeira é uma das fruteiras que melhor se adaptou na região do sub-médio do vale do São Francisco, e constituiu-se numa das principais opções aos pequenos produtores da região. O nematóide das galhas, *Meloidogyne mayaguensis*, vem dizimando as goiabeiras na região sub-médio do vale do São Francisco, e foi recentemente detectado em goiabeiras em outros estados. Considerando a perspectiva de manejo integrado desta praga, uma das alternativas de controle poderá ser o controle biológico utilizando fungos que parasitam ovos. Esses fungos podem ser facilmente produzidos in vitro, e em certos casos colonizam a rizosfera, sem causar prejuízo para as raízes das plantas. Esse estudo teve por objetivo isolar fungos endoparasitas de ovos de *M. mayaguensis*, infectando culturas de goiabeiras em amostras coletadas nos seguintes estados: Pernambuco, Paraná, Rio Grande do Sul, Rio Grande do Norte e Espírito Santo. As raízes infectadas com o nematóide foram separadas e lavadas. As massas de ovos foram retiradas e colocadas em placas de Petri contendo ágar/água com adição de antibiótico. As raízes maceradas foram diluídas em ágar/água 0,05% e inoculadas em placas de Petri com meio seletivo. Das amostras analisadas, foram obtidos nove isolados de fungos endoparasitas de nematóides, das seguintes espécies: sete isolados de *Pochonia chlamydosporia*; um isolado de *Lecanicillium psalliotae* e um isolado de *Lecanicillium* sp.. Os isolados obtidos foram armazenados na coleção de fungos entomopatogênicos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Dois isolados de *P. chlamydosporia* e o isolado de *L. psalliotae*, obtidos em amostras de Pernambuco, foram caracterizados por parâmetros morfológicos, biológicos e moleculares.

¹Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria-Cuba

⁵Eng. Agr., M.Sc., Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria-Cuba

074 - IDENTIFICAÇÃO DO GENE DE VIRULÊNCIA *p74* DE UM VÍRUS ISOLADO DA LAGARTA-DO-ÁLAMO *Condylorrhiza vestigialis* (Identification of *p74* virulence gene of a virus isolate from *Condylorrhiza vestigialis caterpillar*)

Almeida, G.F.¹, Souza, M.L.², Castro, M.E.B.²

A proteína P74, associada aos envelopes dos vírus derivados de oclusão (ODV), é essencial para a infectividade oral dos baculovirus. Neste trabalho, foram desenhados dois pares de *primers* para a amplificação da região interna do gene *p74* de CvMNPV (*Condylorrhiza vestigialis multiple nucleopolyhedrovirus*), baculovirus recentemente identificado no Laboratório de Virologia de Insetos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, baseando-se na comparação da sequência de genes *p74* de baculovirus do gênero *Nucleopolyhedrovirus* (grupo I e II). Para a localização do gene *p74* no genoma de CvMNPV, o produto de PCR foi utilizado como sonda na hibridização (*Southern blot*) com fragmentos de DNA gerados pela clivagem com enzimas de restrição (*EcoRI*, *PstI* e *HindIII*). Após a identificação dos possíveis fragmentos de restrição contendo o gene *p74*, os fragmentos *EcoRI* (3,2kb) e *HindIII* (1,0 e 1,1kb) foram selecionados, inseridos no vetor plasmidial pBluescript, e utilizados na transformação de células competentes (XL-1-blue) por choque térmico. As células transformadas foram então semeadas em meio LB ágar (ampicilina 100µg/ml, X-GAL 25 µg/ml e IPTG 20µg/ml) para seleção dos clones positivos. Os produtos obtidos por PCR e os fragmentos de restrição clonados foram enviados para a plataforma de sequenciamento da Embrapa para sequenciamento do gene *p74*. A obtenção da sequência nucleotídica completa do gene *p74* será utilizada para análises filogenéticas do CvMNPV, por se tratar de um gene altamente conservado entre todos os baculovirus já sequenciados. Os resultados deste estudo serão uma importante contribuição para a caracterização desse novo vírus (CvMNPV), cujo hospedeiro é uma praga (lagarta-do-álamo) de uma planta de floresta (família: Salicaceae, gênero: *Populus*) de alto valor econômico agregado.

Apoio: Bolsa de mestrado CAPES-UnB, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

¹Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

075 - IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE POPULAÇÕES DE *Spodoptera frugiperda* POR MEIO DO DNA MITOCONDRIAL (Molecular identification of populations of *Spodoptera frugiperda* with mitochondrial DNA)

Ramiro, C.A.¹, Queiroz, P.R.², Monnerat, R.G.³

A lagarta-do-cartucho-do-milho *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith, 1797) (Lepidoptera: Noctuidae) é uma espécie polífaga que ataca diversas culturas economicamente importantes em vários países. Em virtude da sua ação voraz, da variedade de espécies vegetais utilizadas em sua dieta e da capacidade de dispersão para outras culturas, esse lepidóptero ocasiona perdas na produção agrícola que variam de 15 a 34 %. Portanto, o emprego de marcadores de DNA visando o desenvolvimento de ferramentas moleculares de caracterização e de identificação tornam-se importantes no estudo genético de populações naturais de *S. frugiperda*. A técnica utilizando marcadores moleculares baseados no DNA mitocondrial (mtDNA) pode ser utilizada no estudo de filogenia e de diversidade, tendo como vantagem a pouca variação e a baixa taxa de mutação em algumas de suas seqüências e a capacidade de resistir a degradação por agentes externos. Sendo assim, o objetivo desse trabalho foi a utilização do mtDNA para a identificação de populações de *S. frugiperda* ocorrendo em culturas comerciais de diferentes localidades. Neste trabalho, indivíduos de *S. frugiperda* pertencentes a populações ocorrendo em culturas de algodão e milho do Brasil e em uma cultura de milho no México foram caracterizadas pela região específica do mtDNA que codifica para o gene da NADH desidrogenase (NADH-DH) e também o gene da região 16 S do mtDNA. Por meio dessa estratégia, obteve-se um fragmento de amplificação de 600 pb que foi encontrado nos indivíduos das populações coletadas em culturas de milho no Brasil e no México, não havendo amplificação para os indivíduos da população que se alimentaram com algodão no Brasil. Para a região 16 S do mtDNA obteve-se um fragmento de 550 pb para todos os indivíduos das quatro populações das culturas de milho e algodão. Os resultados obtidos mostraram que a região 16 S está conservada para esse lepidóptero nas quatro populações estudadas e através da amplificação da região NADH-DH foi possível diferenciar as populações dessa praga nessas duas culturas por meio dos marcadores de mtDNA. Assim, poderão ser desenvolvidas estratégias moleculares para o monitoramento de populações específicas de *S. frugiperda*, bem como, a análise da dinâmica da população e o auxílio ao controle da dispersão desse inseto.

¹Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

²Biólogo, Ph.D., Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

076 - INFECÇÃO DE LAGARTAS DE *Spodoptera frugiperda* POR BACULOVIRUS EM COMBINAÇÃO COM BRANQUEADOR ÓPTICO (Infection of *Spodoptera frugiperda* caterpillars by baculovirus in combination with optical brightener)

Souza, L.C.¹, Azevedo, F.I.², Ribeiro, Z.M.A.³, Siqueira, C.B.⁴, Valicente, F.H.⁵, Souza, M.L.⁶, Castro, M.E.B.⁶

Vários aditivos químicos, incluindo os branqueadores ópticos, têm sido incorporados a formulados derivados de baculovirus visando aumentar a atividade ou mesmo patogenicidade desses vírus, como também a capacidade de proteção contra a luz ultravioleta, tornando-os bioinseticidas mais eficazes no controle de insetos-praga. Com base nisso, este trabalho pretende avaliar o efeito da mistura do baculovirus *Spodoptera frugiperda multiple nucleopolyhedrovirus* (SfMNPV) com o branqueador óptico *Blankophor P167* em infecções de larvas de *S. frugiperda*, uma importante praga da cultura do milho. Inicialmente foram conduzidos bioensaios, em duplicata, sendo testados dois isolados de SfMNPV (o I-18 menos infectivo e o I-19 mais infectivo), nas concentrações de $1,3 \times 10^6$; $6,5 \times 10^6$ e $3,2 \times 10^7$ OB/ml, combinados ou não com branqueador P167 na concentração de 1%. Foram utilizados 4 tratamentos consistindo de vírus e branqueador; vírus; branqueador; e água, sendo os dois últimos controles. Baseando-se nos resultados obtidos até agora, pode-se verificar que ambos isolados, I-18 e I-19, tiveram suas atividades virais aumentadas quando o branqueador P167 foi adicionado e que a adição do branqueador ao isolado menos infectivo, I-18, parece causar maior efeito na mortalidade larval do que quando adicionado ao isolado mais infectivo (I-19). Utilizando o isolado I-18 o aumento das taxas de mortalidade larval para as concentrações testadas foram respectivamente 1,6; 2,3 e 6,3 vezes maior que as obtidas somente com o vírus, enquanto que para o I-19 o aumento foi de apenas 1,8; 1,8 e 2,6 vezes. Em continuidade, mais duas concentrações serão testadas ($2,6 \times 10^5$ e $1,6 \times 10^8$ OB/ml), e ao final dos bioensaios, realizados em triplicata, serão determinados os parâmetros de mortalidade - concentração letal (CL_{50}), tempo letal (TL_{50}), tempo de morte (TM) e atividade viral (AV).

Apoio: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia/CNPq (bolsa PIBIC).

¹Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Biologia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

³Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Biólogo, Ph.D., Embrapa Milho e Sorgo

⁶Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

077 - INFLUÊNCIA DA COMUNICAÇÃO VIBRACIONAL DE PERCEVEJOS NO COMPORTAMENTO DE BUSCA DE HOSPEDEIROS DO PARASITÓIDE *Telenomus podisi* ASHMEAD (HYMENOPTERA: SCELIONIDAE) [Influence of vibratory communication of stink-bugs on host searching behavior of the parasitoid *Telenomus podisi* Ashmead (Hymenoptera: Scelionidae)]

Lopes, A.P.S.¹, Moraes, M.C.B.², Borges, M.³, Laumann, R.A.³

Nos insetos, a comunicação através de vibrações transmitidas pelo substrato é um eficiente mecanismo para troca de informações. A emissão de sinais vibratórios permite a comunicação eficiente através das plantas que constituem excelentes meios para a transmissão desses sinais. Dentre os insetos que se comunicam através de sinais vibratórios destacam-se os percevejos (Hemiptera: Pentatomidae), nestes insetos os sinais são utilizados para comunicação, inclusive a sexual sendo específicos e característicos de cada sexo. Recentemente foi demonstrado que o parasitóide de ovos *Telenomus podisi* se movimenta em forma direcional para a fonte de estímulos vibratórios (cantos) de fêmeas do percevejo marrom, *Euschistus heros*, o que sugere que este parasitóide utiliza os sinais vibratórios dos percevejos durante a busca de hospedeiros. Este fenômeno pode ter influência na evolução da comunicação vibracional dos percevejos e no comportamento de forrageamento dos parasitóides. Neste trabalho foram realizados experimentos em laboratório orientados a estabelecer alguns aspectos da utilização de sinais vibratórios de percevejos pelo parasitóide *T. podisi*. Os sinais vibratórios do percevejo *E. heros* foram registrados e posteriormente foram transmitidos através de plantas de feijão. Os resultados obtidos mostram que o parasitóide se movimenta orientado preferencialmente para cantos de fêmeas em relação aos cantos de machos e acasalamento. Esta preferência pode estar relacionada com a maior probabilidade de encontro de ovos em locais da planta onde se encontram as fêmeas.

Apoio: CNPq/Embrapa, International Foundation for Science (IFS), CNPq e FAPDF.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

078 - INFLUÊNCIA DE *Trichoderma* SPP. NA FORMAÇÃO E GERMINAÇÃO DE ESCLERÓDIOS DE *Sclerotium rolfsii* (Influence of *Trichoderma* spp. in the formation and germination of *Sclerotium rolfsii* sclerotia)

Macedo, M.A.¹, Martins, I.², Mello, S.C.M.³

O *Sclerotium rolfsii* Sacc. causa prejuízos em diversas culturas de importância econômica. Uma das grandes dificuldades no controle e na eliminação deste patógeno é o fato deste fungo possuir uma estrutura de resistência, os escleródios, que permanecem viáveis no solo por um longo período. A forma mais tradicional de controle é o uso de defensivos químicos. No entanto, efeitos negativos desse tipo de controle têm estimulado a redução do seu uso, paralelamente, cresce a utilização de métodos naturais de controle. Este trabalho visou avaliar a influência de 12 isolados de *Trichoderma* spp. sobre a germinação de escleródios de *S. rolfsii* previamente colonizados pelo antagonista. Após 14 dias do confronto do patógeno e antagonista, em meio de cultura, coletaram-se os escleródios, os quais foram submetidos a tríplice esterilização com solução de hipoclorito a 20%, durante 30 segundos. No intervalo de cada esterilização os escleródios foram lavados com água esterilizada. Em seguida, os escleródios foram semeados na superfície de meio BDA, cada placa recebeu cinco escleródios. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente ao acaso com oito repetições. As avaliações foram feitas diariamente até que todos os escleródios germinassem. Os isolados que mais inibiram a formação de escleródios foram CEN 281 e CEN 219, no entanto os CEN 277 e CEN 284 também proporcionaram baixa produção de escleródios. Não houve influência significativa na germinação de escleródios formados no cultivo pareado. Após 72h, 100% dos escleródios haviam germinado. Foi possível concluir que a interação dos escleródios sob influência dos isolados de *Trichoderma* avaliados, durante o período de 14 dias, não foi capaz de causar inibição no poder germinativo destas estruturas.

¹Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

079 - INIBIÇÃO DO CRESCIMENTO DE *Cylindrocladium* IN VITRO POR ISOLADOS DE *Trichoderma* (Growth inhibition of *Cylindrocladium in vitro* by *Trichoderma* isolates)

Santos, R.P.¹, Carvalho Filho, M.R.², Macedo, M.A.³, Marques, G.A.³, Martins, I.⁴, Mello, S.C.M.⁵

Espécies de *Cylindrocladium* causam tombamentos, podridões, canela-preta e manchas foliares, em diversas culturas de importância econômica, entre as quais as Mirtáceas, como eucaliptos e goiabeira. O objetivo deste trabalho foi avaliar 17 isolados de *Trichoderma* sp. obtidos da rizosfera de goiabeira, procedentes de Petrolina (PE) quanto à capacidade de inibir o crescimento desse patógeno. Foram utilizados os métodos de cultivo pareado, metabólitos voláteis, metabólitos não voláteis termoestáveis e não termoestáveis. No cultivo pareado utilizou-se meio de Batata-Dextrose-Ágar (BDA). Placas de Petri contendo 20mL desse meio receberam dois discos de micélio/ágar (5 mm), opostamente entre si, sendo um de *Cylindrocladium* e o outro de *Trichoderma*. Placas testemunhas foram inoculadas unicamente com o patógeno. A avaliação da inibição foi baseada em escala (Bell, D.K. et al., *Phytopathology*, 72:379-382,1982), expressa em notas (1 a 5) correspondendo a colonização do meio (100%, 75%, 50%, 25%, 0%, respectivamente). Nos metabólitos voláteis utilizou-se meio BDA, fundos de placas de Petri contendo 20 mL do meio receberam discos de micélio/ágar (5 mm). Após 24h de incubação, juntaram-se fundos das placas, que foram selados com parafilme. Como testemunhas, utilizaram-se placas inoculadas unicamente com o patógeno. Para os testes relativos aos metabólitos não voláteis termoestáveis e não termoestáveis. O meio utilizado foi o BD. Erlenmeyer contendo 250 mL do meio foram inoculados com cinco discos de micélio/ágar (5mm) e mantidos sob agitação (150 rpm). Após sete dias, coletou-se a suspensão em papel filtro: 15 mL do filtrado foi adicionado a 45 mL de BDA antes da autoclavagem para o experimento dos metabólitos não voláteis termoestáveis e outros 15 mL foram esterilizado através de membrana milipore (0,45 µm) e então, adicionado a 45 mL de BDA já autoclavado para os metabólitos não termoestáveis. Nas avaliações, determinaram-se os diâmetros das colônias, calculando-se os valores médios da porcentagem de inibição em relação à testemunha. Maiores índices de inibição de *Cylindrocladium* sp. foram obtidos com os isolados CEN 500, 503, 504, 505, 508, 512, 518. Todos os isolados foram classificados como antagonicos, pelos testes in vitro, com variações relativas a cada um dos parâmetros experimentais utilizados.

¹Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

³Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

080 - INIBIÇÃO DO CRESCIMENTO MICELIAL DE *Sclerotium rolfsii* POR METABÓLITOS DE *Trichoderma* SPP. (Inhibition of the mycelial growth of *Sclerotium rolfsii* by volatile metabolites of *Trichoderma* spp.)

Macedo, M.A.¹, Santos, R.P.², Marques, G.A.¹, Martins, I.³, Mello, S.C.M.⁴

Dentre os agentes de controle biológico, os mais utilizados são os fungos do gênero *Trichoderma*, por apresentarem efeito antagonista contra uma gama de fitopatógenos, entre os quais, *Sclerotium rolfsii* Sacc, fungo que causa podridão do colo, murcha e tombamento em diversas culturas de importância econômica. As espécies de *Trichoderma* atuam principalmente a partir de hiperparasitismo, competição e produção de metabólitos tóxicos, voláteis e não voláteis. No presente trabalho, estudou-se o potencial in vitro de *Trichoderma* spp. na inibição do crescimento micelial de colônias do patógeno *S. rolfsii* pela produção de metabólitos voláteis. Foram utilizados 12 isolados de antagonistas pertencentes à coleção de fungos para controle biológico de fitopatógenos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O método utilizado foi o de placas sobrepostas. Discos de micélio (5 mm de diâmetro) do patógeno e do antagonista foram inoculados separadamente em meio BDA no centro de placas de Petri. Após 24 horas, as placas contendo o fitopatógeno foram sobrepostas às do antagonista, e ambas foram unidas por filme de PVC para impedir o escape de metabólitos voláteis. Como testemunha, placas inoculadas com o patógeno foram sobrepostas a outras contendo meio BDA. Após incubação em BOD a $\pm 25^{\circ}\text{C}$ por nove dias, com fotoperíodo de 12 horas, iniciaram-se as avaliações do crescimento micelial, medindo-se o diâmetro das colônias a cada três dias. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente ao acaso com quatro repetições. Os resultados foram submetidos à análise de variância e ao teste de comparação de médias Tukey, a 5% de probabilidade. Todos os isolados inibiram o crescimento das colônias do *S. rolfsii*, sendo que CEN 277 e CEN 278 proporcionaram o maior percentual de redução. Vale ressaltar que os metabólitos encontrados sob condições controladas podem se distinguir quantitativamente daqueles presentes em campo, devido à variação das condições ambientais, adsorção por partículas do solo, etc. Assim, faz-se necessário avaliar a eficácia dos isolados em casa de vegetação e campo para confirmar os resultados obtidos.

¹Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

³Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

081 - MECANISMOS BIOQUÍMICOS ENVOLVIDOS NO ANTAGONISMO DE *Trichoderma asperellum* A *Sclerotium rolfsii* (Biochemical mechanisms related to the *Trichoderma asperellum* antagonism to *Sclerotium rolfsii*)

Alvarenga, D.O.¹, Queiroz, P.R.², Lima, L.H.C.³, Mello, S.C.M.⁴

Fungos pertencentes ao gênero *Trichoderma* são simbioses de plantas e são amplamente utilizados em programas de biocontrole de fungos fitopatogênicos. Entre as formas de inibição destes patógenos, destaca-se competição, micoparasitismo, antibiose e indução de resistência em plantas. O objetivo deste trabalho foi determinar o principal mecanismo utilizado pela linhagem *T. asperellum* CEN201 para inibição de *Sclerotium rolfsii*, causador da podridão do colo do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris*). Realizou-se sua comparação com *T. harzianum* CEN241, uma linhagem de baixo antagonismo. Os fungos foram avaliados nos aspectos de crescimento micelial e esporulação em meio sólido, expressão de quitinases e N-acetilglicosaminidases em presença de quitina, expressão de celulases em presença de celulose, produção de agentes inibitórios voláteis em meio sólido e produção de agentes inibitórios não voláteis em meio líquido. Apesar da linhagem *T. harzianum* CEN241 ter apresentado maior velocidade de crescimento, não houve diferença significativa entre as duas linhagens quanto à produção de conídios. CEN201 apresentou menor capacidade de expressão de quitinases e N-acetilglicosaminidases, enzimas envolvidas no processo de micoparasitismo. Constatou-se baixa atividade celulolítica em ambos os fungos, o que geralmente sugere uma baixa capacidade de competência rizosférica. Não foi verificada inibição do desenvolvimento micelial por agentes inibitórios voláteis em meio sólido. Quanto à produção de agentes inibitórios não voláteis, observou-se uma maior capacidade de inibição de micélio de *S. rolfsii* e *Sclerotinia sclerotiorum* por filtrado de cultura líquida de CEN201, não havendo correlação positiva com a liberação de proteínas no meio de cultura. Não houve redução significativa do crescimento micelial de *Rhizoctonia solani*, *Fusarium* sp. e *Cylindrocladium* sp. por nenhum dos dois fungos. A partir destes dados, presume-se que a principal forma de inibição do desenvolvimento de *S. rolfsii* em feijoeiro por *T. asperellum* CEN201 seja a antibiose, com a liberação de metabólitos não voláteis. Confirmado o potencial de inibição de *S. sclerotiorum* pela linhagem CEN201, esta metodologia poderá ser utilizada para a otimização do processo de seleção de antagonistas, tornando-o de menor custo operacional e mais eficiente.

¹Biologia, graduando, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Biólogo, Ph.D., Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

082 - MUDANÇA NA POPULAÇÃO VIRAL DO FENÓTIPO *MANY POLYHEDRA* PARA *FEW POLYHEDRA* DECORRENTE DA PASSAGEM SERIAL DO BACULOVIRUS *Anticarsia* EM CULTURA DE CÉLULAS (Change in the viral population from many polyhedra to few polyhedra phenotype due to serial passage of baculovirus *Anticarsia* in cell culture)

Rezende, S.H.M.S.¹, Castro, M.E.B.², Souza, M.L.²

O *Anticarsia gemmatalis nucleopolyhedrovirus* (AgMNPV), conhecido como baculovírus anticarsia, tem sido largamente empregado para o controle da lagarta da soja no Brasil. Baculovirus são vírus de insetos que possuem um ciclo de infecção singular no qual são produzidas duas formas infecciosas distintas: o *budded virus* (BV) e a forma viral oclusa em uma matriz protéica denominada poliedro (PIB). A passagem serial de baculovirus em cultura de células leva a indução de alterações genéticas no genoma viral. O tipo mais comum de mutação é a formação e acumulação do fenótipo *Few Polyhedra* (FP) em substituição à forma selvagem *Many Polyhedra* (MP). A reduzida produção de poliedros e o decréscimo da virulência, características de mutantes FP, são fatores indesejáveis para a produção de baculovírus em sistema in vitro. Neste trabalho a geração de mutantes FP e a taxa de produção de poliedros por célula foram determinadas durante dez passagens seriais do clone viral AgMNPV-2D em células BTI-Tn5B1-4. Inicialmente, a hemolinfa de larvas infectadas com o vírus foi utilizada como inóculo para a primeira passagem. Passagens subseqüentes foram realizadas utilizando como inóculo 1ml do sobrenadante contendo os BV's produzidos durante a infecção, sendo o número de poliedros produzido por célula determinado por contagem em câmara de Neubauer. O perfil da produção de poliedros por célula variou bastante durante a passagem serial. Todas as células apresentavam sinais evidentes de infecção, embora nem todas formavam poliedros em seus núcleos (células sem PIB). A porcentagem de células contendo muitos poliedros (células com MP) manteve-se alta e constante até a quinta passagem (em torno de 60%). A partir desse ponto houve um significativo aumento de células com poucos poliedros (40 %) em paralelo à queda do número de células com muitos poliedros (20%). Nas últimas passagens (P9 e P10) o número de células com FP manteve-se constante enquanto o número de células com MP caiu para níveis basais (5%). O título viral nas passagens mais altas foi significativamente maior do que em passagens iniciais o que, de acordo com a literatura, confirma a predominância de mutantes FP na população.

Apoio: EMBRAPA e Bolsa de doutorado CNPq-UnB.

¹Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

083 - PATOGENICIDADE DOS FUNGOS *Beauveria bassiana* E *Metarhizium anisopliae* PARA LARVAS DE *Aegopsis bolboceridus* (COLEOPTERA: MELOLONTHIDAE) [Pathogenicity of *Beauveria bassiana* and *Metarhizium anisopliae* fungi to *Aegopsis bolboceridus* larvae (Coleoptera: Melolonthidae)]

Oliveira, S.O.D.¹, Allam, T.D.¹, Oliveira, M.W.M.², Michereff Filho, M.³, Oliveira, C.M.⁴, Schimidt, F.G.V.⁵

Larvas rizófagas de besouros da família Melolonthidae, vulgarmente conhecidos como corós, vêm se tornando pragas de solo severas em diferentes cultivos agrícolas no Cerrado, com destaque para a espécie *Aegopsis bolboceridus* (Thomson, 1860), cujas larvas causam redução no estande de plantas e na produção de milho e hortaliças. O controle químico mostra-se pouco eficiente diante da elevada população de larvas, demandando-se novas alternativas de controle. Este trabalho teve por objetivo determinar a patogenicidade dos fungos *Beauveria bassiana* e *Metarhizium anisopliae* para larvas de *A. bolboceridus*, sob condições de laboratório. Foram avaliados os isolados IBCB 66 de *B. bassiana* e CG 996 de *M. anisopliae*. Larvas de terceiro ínstar foram coletadas em cultivo de milho e mantidas sob quarentena por 21 dias. Para cada isolado foram utilizadas 40 larvas, sendo inoculadas mediante imersão durante cinco segundos em suspensão aquosa padronizada na concentração de $1,0 \times 10^8$ conídios/mL, enquanto a testemunha foi imersa apenas em água estéril + Tween 80 a 0,1%. Após a imersão, as larvas foram transferidas individualmente para copos de plásticos (250 mL) contendo solo estéril umedecido e rodela de cenoura para alimentação. Avaliou-se a mortalidade dos insetos durante 30 dias, sendo a infecção pelos fungos confirmada em câmara úmida. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, com quatro repetições, cada repetição representada por 10 larvas. Os isolados avaliados de *B. bassiana* e de *M. anisopliae* foram patogênicos às larvas de terceiro ínstar de *A. bolboceridus*, porém mostraram baixa virulência, constatando-se taxas de mortalidade corrigida entre 23,2% e 28,8%. Novos estudos serão necessários visando testar maior gama de isolados destes fungos entomopatogênicos.

Apoio: EMBRAPA.

¹Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Químico, Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Cerrados

⁵Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

084 - PERSISTÊNCIA DE ISOLADOS DE *Trichoderma* SPP. E *Sclerotium rolfsii* NO SOLO EM CULTIVO DE FEIJÃO (Persistence of *Trichoderma* spp. and *Sclerotium rolfsii* isolates in the soil of bean culture)

Araújo, K.A.C.¹, Souza, R.C.², Mello, S.C.M.³, Silva, J.B.T.⁴

O feijão é uma cultura de grande importância, pois seu grão é fonte de carboidratos, ferro e proteínas. Sua cultura é susceptível a vários fatores ambientais e a diversos patógenos, como o fungo *S. rolfsii*, causador de diversos males, como murcha, tombamento e podridão, e que pode persistir no solo. O objetivo do trabalho foi avaliar a capacidade de persistência de isolados de *Trichoderma* spp. e de *S. rolfsii*, provenientes da Coleção de Culturas de Fitopatógenos e Agentes de Controle Biológico de Fitopatógenos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em solo cultivado com feijão carioca, em casa de vegetação. Os ensaios foram realizados em vasos contendo três gramas de solo adubados e autoclavados. Para inóculo semente, discos com micélios dos isolados fúngicos, retirados de colônias com 8 dias de idade em meio BDA, foram transferidos para recipientes contendo arroz parboilizado, previamente umedecido com água destilada (60% p/v) e autoclavado. Os recipientes foram colocados em BOD a 25°C, fotoperíodo de 12 horas, por 10 dias. Para inóculo dos isolados nos solos, utilizaram-se 2g de substrato/kg de solo. Foram testados 10 isolados de *Trichoderma* spp. e um isolado de *S. rolfsii*, dispostos no seguinte esquema: a) 10 vasos inoculados com os isolados de *Trichoderma*, b) 10 vasos com os isolados de *Trichoderma* e *S. rolfsii*, c) um vaso contendo apenas *S. rolfsii* e d) um vaso sem inóculo (testemunha). Em relação ao esquema b, os isolados de *Trichoderma* spp. foram inoculados 24 horas após a inoculação de *S. rolfsii*. Em seguida, fez-se o semeio do feijão, com seis sementes por vaso. Para cada tratamento foram feitas 03 repetições. As primeiras avaliações foram realizadas com 30 e 60 dias através de pesos fresco e seco das plantas. Em todos os vasos inoculados com isolados de *Trichoderma* spp., as plantas germinaram tanto com 30 e 60 dias de cultivo. Já nos vasos inoculados com *S. rolfsii*, após 30 dias de cultivo, cerca de 68,2% das plantas não germinaram e com 60 dias, apenas 24,25%. Nestes casos, as plantas que germinaram apresentaram menor desenvolvimento que as inoculadas com *Trichoderma*. Preliminarmente, esses resultados mostram que os isolados de *Trichoderma* apresentam maior persistência que *S. rolfsii* em cultivo de casa de vegetação e que, provavelmente, continuam exercendo efeito antagônico.

¹Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Biologia, graduando, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

085 - PÓLEN COMO RECURSO ALIMENTAR DO BICUDO *Anthonomus grandis* BOHEMAN, 1843 (COLEOPTERA: CURCULIONIDAE) NA SAFRA E ENTRESSAFRA DO ALGODOEIRO (Pollen as alimentary resource of the boll weevil *Anthonomus grandis* Boheman, 1843 (Coleoptera: Curculionidae) outside cotton fields)

Ribeiro, P.A.¹, Sujii, E.R.², Fontes, E.M.G.³, Diniz, I.R.⁴, Medeiros, M.A.⁵, Branco, M. C.⁵, Salgado-Labouriau, M.L.⁴, Pires, C.S.S.³, Pereira, B.A.S.⁶

A cultura do algodoeiro na região de cerrado teve um enorme potencial de crescimento, após a década de 90, em virtude da área disponível, clima favorável e adoção de alta tecnologia. Porém, o ataque do bicudo-do-algodoeiro, a praga que causa os maiores prejuízos, é uma das principais limitações ao aumento da produtividade e do lucro do agricultor. O presente estudo foi realizado com o objetivo de identificar que recursos alimentares são utilizados pelo bicudo no início e no final do ciclo do algodoeiro. Foram identificados grãos de pólen encontrados no trato digestório de 216 bicudos coletados de armadilhas com feromônio na Fazenda Coperbrás, Distrito Federal. A análise de grãos de pólen foi realizada com a técnica de acetólise de Erdtman (1960). Foram encontrados grãos de pólen em 117 bicudos, com um total de 465 grãos, dos quais 371 foram identificados como pertencentes a 19 famílias de plantas. A família Smilacaceae apresentou 49% dos grãos de pólen, a família Proteaceae 8% e as famílias Melastomataceae-Combretaceae e Myrtaceae 5%. O bicudo possui a capacidade de se dispersar entre áreas de vegetação natural e campos de algodoeiro durante e após a colheita em busca de pólen de diversas plantas.

¹Biologia, pós-doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁵Bióloga, Ph.D., Embrapa Hortaliças

⁶Biólogo, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

086 - PRINCIPAIS POLINIZADORES DE *Gossypium hirsutum Latifolium* (MALVACEAE), V. DELTA OPAL, EM UMA LOCALIDADE DO DISTRITO FEDERAL, BRASIL (Main pollinators of *Gossypium hirsutum Latifolium* (Malvaceae), v. Delta Opal, in one locality of the Federal District, Brazil)

Cardoso, C.F.¹, Silveira, F.A.², Oliveira, G.M.³, Cavéchia, L.A.⁴, Almeida, J.P.S.⁵, Sujii, E.R.⁶, Fontes, E.M.G.⁷, Pires, C.S.S.⁷

Em outros países, as abelhas são os principais visitantes florais, responsáveis pela transferência de pólen entre as plantas cultivadas do gênero *Gossypium*. Identificamos as abelhas visitantes florais e seu papel como polinizadoras de *Gossypium hirsutum latifolium* v. Delta Opal em uma localidade do DF. Realizamos os estudos na Embrapa Hortaliças em 2005, quando coletamos 22 espécies, e em 2006, 19 espécies. *Apis mellifera*, *Paratrigona lineata*, *Schwarziana quadripunctata*, *Melissodes nigroaenea*, *Melissoptila cnecomala* foram avaliadas quanto à eficiência como polinizadoras. Observações do comportamento de forrageamento, mostraram que *P. lineata* nunca toca as anteras/estigma durante a coleta de néctar e as operárias de *A. mellifera*, apesar de tocarem as anteras, raramente tocam o estigma. Entretanto, 100% dos indivíduos de *M. cnecomala* durante a coleta de pólen tocam o estigma. *Melissodes nigroaenea*, *M. cnecomala* e *A. mellifera* durante as visitas saem com pólen aderido a todas as partes do corpo. Experimentos de primeira visita para avaliação da eficiência de polinização indicaram que: *P. lineata* não é polinizadora desta variedade de algodoeiro. *S. quadripunctata* é polinizadora, mas pelo pequeno número de flores visitadas (N=2), não foi possível avaliar a sua eficiência. Levando-se em conta a produção de frutos e o número médio de sementes por fruto devido à primeira visita em flor, verificou-se que *M. cnecomala*, *M. nigroaenea* e *A. mellifera* são polinizadoras igualmente eficientes. Porém devido a grande frequência nas flores e a distribuição generalizada nas diferentes áreas de produção, *A. mellifera* pode ser considerada o maior agente carreador de pólen entre flores dessa variedade de algodão. Estas informações são fundamentais para subsidiar os estudos sobre polinização e fluxo gênico em *Gossypium* spp.

Apoio: CNPq, FACUAL e FAP-DF.

¹Biologia, mestranda, Universidade Federal de Minas Gerais-UFMG

²Eng. Agr., Ph.D., Universidade Federal de Minas Gerais-UFMG

³Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

⁴Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

⁵Biologia, graduando, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

⁶Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁷Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

087 - PROTOCOLO DE CRIAÇÃO DA BORBOLETA *Chlosyne lacinia* (GEYER) (LEPIDOPTERA: NYMPHALIDAE) PARA AVALIAÇÃO DA TOXICIDADE DA PROTEÍNA Cry1Ac (Protocol for rearing the butterfly *Chlosyne lacinia* (Geyer) (Lepidoptera: Nymphalidae) for Cry1Ac protein toxicity evaluation)

Teixeira, M.M.¹, Bernardes, T.A.², Pires, C.S.S.³, Paula, D.P.³, Fontes, E.M.G.³, Sujii, E.R.⁴

As plantas transgênicas contendo o gene que codifica a proteína Cry1Ac de *Bacillus thuringiensis* (Bt), produzem toxinas inseticidas ativas para lepidópteros-praga. Entretanto, variedades destas plantas podem causar efeitos adversos a organismos não-alvo. Está sendo desenvolvida uma metodologia de criação da borboleta *Chlosyne lacinia* (Geyer) (Lepidoptera: Nymphalidae) com o objetivo de avaliar, por meio de bioensaios, a toxicidade potencial da proteína Cry1Ac sobre essa borboleta polinizadora de flores de algodoeiro. A criação foi realizada a 25°C ± 2°C, 70% U.R. e 16 h de fotoperíodo. As lagartas de *C. lacinia* trazidas da Embrapa Cerrados foram criadas em potes plásticos (350ml) com 5 indivíduos cada um, sendo alimentadas com folhas de girassol-anão (*Helianthus annuus*). Após a emergência dos adultos, estes foram mantidos em uma gaiola de tela medindo 100cm x 40cm x 40cm, contendo uma planta de girassol-anão e alimentadas à base de solução de mel (1:3) embebida em algodão. Foram obtidas três posturas com 77, 82 e 84 ovos colocados nas faces adaxial e abaxial das folhas do girassol que foram transferidos para potes plásticos conforme descrição anterior. O tempo médio para incubação dos ovos foi de 6,67±1,53 dias. O desenvolvimento larval teve duração média de 18,67 ± 4,16 dias nos 5 instares. O tempo médio de emergência dos adultos 7,5 ± 0,71 dias. Os adultos tiveram longevidade média de 16,5 ± 0,71 dias e não chegaram a produzir ovos. Provavelmente a dieta das larvas influenciou na fecundidade, já que em campo as larvas podem ter uma alimentação variada e esta influencia a fertilidade dos adultos. Foi desenvolvida uma dieta artificial com adaptações para a *C. lacinia* baseada em experiências alimentares anteriores com a lagarta da soja, *Anticarsia gemmatalis* Hubner (Lepidoptera: Noctuidae). Foi adicionada à dieta: extrato de folha de girassol na proporção de 50% do peso total da dieta e óleo de girassol 100% puro (100ml). Nos testes com a dieta artificial adaptada observou-se preliminarmente que as larvas apresentaram desenvolvimento mais rápido, algumas pupas foram mal formadas e houve um reduzido índice de emergência de adulto. Estudos adicionais estão sendo conduzidos a fim de comparar os dois sistemas de alimentação.

Apoio: FINEP.

¹Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

088 - PROTOCOLO PARA CRIAÇÃO DE *Aphis gossypii* (HEMIPTERA: APHIDIDAE) EM FOLHAS DE ALGODÃO PARA BIOENSAIOS (Rearing methodology of *Aphis gossypii* (Hemiptera: Aphididae) on cotton leaves for bioassays)

Cavalcante, K.R.¹, Bernardes, T.A.¹, Teixeira, M.M.¹, Ferreira, V.A.¹, Sálame, J.P.A.¹, Teixeira, J.B.², Schmidt, F.G.V.³, Pires, C.S.S.⁴, Fontes, E.M.G.⁴, Sujii, E.R.²

O pulgão *Aphis gossypii* é uma praga primária do algodoeiro que favorece o crescimento de fumagina, que diminui a capacidade fotossintética da planta. Além disso, com a sucção da seiva o inseto pode transmitir viroses que reduzem a produtividade. O objetivo deste trabalho foi desenvolver uma metodologia de criação de *A. gossypii* em folhas de algodão visando produzir indivíduos padronizados e em quantidades programadas para a realização de bioensaios. Foram testadas 10 diferentes concentrações de solução nutriente MS, IBA e BAP, com 5 repetições visando estabelecer o melhor meio nutritivo para a manutenção de folhas de algodoeiro como alimento do pulgão. As soluções foram acondicionadas em tubos de vidro de 5 ml onde o pecíolo de uma folha de algodão foi imerso e testado. Este conjunto foi colocado em um pote de 500ml para contenção dos pulgões. O tempo de duração e a qualidade das folhas foram avaliados diariamente através de notas, inicialmente em folhas sem pulgão e posteriormente com 100 pulgões por folha. Não houve diferença estatística entre as notas médias das 10 concentrações avaliadas após 4 e 7 dias. O tratamento 20ml de macro e micronutrientes + 1 ml/L Bap e Iba foi escolhido para a criação dos pulgões. Uma nova avaliação foi realizada com pulgões criados em um conjunto de 3 folhas por gaiola mantidas em pote plástico de 250 ml contendo um furo central na tampa por onde os pecíolos foram inseridos na solução nutriente. Após serem inoculados com pulgões, estes conjuntos foram colocados em potes de 3,5L com tampa telada e mantidos em salas climatizadas (26±4°C, U.R. 70%) com 1280 lux e fotofase de 14h. A curva populacional, produzida a partir da média de 5 gaiolas, mostrou uma taxa de crescimento diário da população de 1,346 considerando o número inicial de 10 pulgões que alcançaram a média de 145,4 pulgões por gaiola após 9 dias.

Apoio: CNPq e FINEP.

¹Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

089 - RESISTÊNCIA DE CULTIVARES DE *Capsicum annuum* A *Meloidogyne* SPP. (Resistance of *Capsicum annuum* cultivars to *Meloidogyne* spp.)

Cirotto, P.A.¹, Resende, F.O.², Quintanilha, A.P.³, Carneiro, R.M.D.G.⁴

Nematóides fitoparasitas do gênero *Meloidogyne* são parasitas obrigatórios que causam danos severos às raízes, em diversas culturas, entre elas, as Solanáceas. Recentemente foi detectada na região de Reginópolis (SP), propriedade do Sr. Ludovico Marcato, uma população mista de *M. mayaguensis* e *M. incognita*, parasitando o pimentão cultivar Silver, considerado resistente a *Meloidogyne* spp. Essas populações foram previamente purificadas e reproduzidas em tomateiro cv.Santa Clara. Foi objetivo deste trabalho, avaliar a reação de dois cultivares de pimentão ('Silver' e 'Magali R, suscetíveis à meloidoginose) quanto à reprodução de *M. mayaguensis* e duas populações de *M. incognita* (coletada em pimentão Silver) e *M. incognita* (coletada em tomateiros) no Distrito Federal. O experimento foi conduzido em delineamento em blocos ao acaso, com seis tratamentos e oito repetições. As plantas com um mês de idade foram inoculadas com 10.000 ovos/planta e avaliadas três meses após a inoculação com base nos índices de galhas e massas de ovos, número de ovos/g de raiz e no fator de reprodução (FR). Em condições de casas de vegetação, a cultivar Silver comportou-se como suscetível a *M. mayaguensis* (FR = 15,0) e a *M. incognita* de Reginópolis (FR=111,2) e resistente a *M. incognita* do DF (FR=0,3). De uma maneira geral, pode-se concluir que: i) *M. mayaguensis* é patogênico a cultivar de pimentão 'Silver', ii) o pimentão 'Silver' é resistente a *M. incognita*, embora possam se desenvolver populações virulentas, quando ocorrem cultivos contínuos dessa cultivar numa mesma área, como foi o caso da população de *M. incognita* de Reginópolis (SP).

¹Biólogo, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

²Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Biólogo, graduado, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

090 - SELEÇÃO DE ESPÉCIES ANTAGONISTAS A *Meloidogyne ethiopica* WHITEHEAD 1968 (Selection of antagonistic plants to *Meloidogyne ethiopica* Whitehead, 1968)

Lima, E.A.¹, Mattos, J.K.², Carneiro, R.G.³, Carneiro, R.M.D.G.⁴

Meloidogyne ethiopica é uma espécie introduzida no Brasil a partir de mudas de quivi provenientes do Chile, e que vem causando sérios prejuízos à viticultura naquele país. No Brasil, esse nematóide foi recentemente detectado em quivi, soja, tomate, yacon e fumo no Rio Grande do Sul, São Paulo, Distrito Federal e Santa Catarina. Não existem estudos sobre a utilização de rotação de cultura com plantas antagonistas para o controle dessa espécie, que é uma alternativa eficaz no combate ao nematóide de galhas, sobretudo em áreas altamente contaminadas. Vinte e sete espécies de plantas foram cultivadas em casa de vegetação à temperatura média de 25-30 °C e foram inoculadas com 5000 ovos. O delineamento foi de blocos ao acaso com 8 repetições e o tomateiro foi usado como padrão de suscetibilidade. A avaliação foi realizada dois meses após a inoculação, com base nos índices de galhas e massas de ovos, número de ovos/g de raiz e no fator de reprodução (FR). Das 27 espécies selecionadas, 12 se mostraram resistentes (FR<1,0) a *M. ethiopica*: amendoim, nabo, guandu forrageiro, guandu anão, mamona, mucuna anã, *Crotalaria grantiana*, *C. apioclice*, azevém, sorgo, aveia preta e centeio, essas quatro últimas boas antagonistas para o inverno. Das espécies que se mostraram suscetíveis, mucuna preta, arroz, serradela e ervilhaca comum tiveram baixos fatores de reprodução (FR<10). Milho, ervilha, ervilhaca forrageira e tremoço branco foram altamente suscetíveis (FR>10), não sendo recomendados para rotação de culturas.

¹Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., Ph.D., Instituto Agrônomo do Paraná-IAPAR

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

091 - SELEÇÃO DE *Psidium* SPP. QUANTO A RESISTÊNCIA A *Meloidogyne mayaguensis* E COMPATIBILIDADE DE ENXERTIA COM *P. guajava* CV. PALUMA (Screening of *Psidium* spp. for resistance to *Meloidogyne mayaguensis* and grafting compatibility with *P. guajava* cv. Paluma)

Carneiro, R.M.D.G.¹, Cirotto, P.A.², Sousa, M.G.³, Silva, D.B.¹, Carneiro, R.G.⁴

Meloidogyne mayaguensis tem sido assinalado em alguns estados do Brasil causando severos danos em goiabeiras comerciais (*Psidium guajava* L.). Acessos de *Psidium* spp. foram selecionados a partir de uma coleção mantida na Embrapa Clima Temperado (Pelotas, RS). Plantas de diferentes acessos foram transplantadas em vasos plásticos e quando atingiram 15-20 cm de altura foram inoculadas com *M. mayaguensis* (10.000 ovos/planta). Oito meses após a inoculação das plantas, os diferentes tratamentos foram avaliados quanto à resistência ou suscetibilidade a esse nematóide. Três acessos de *P. guajava* foram altamente suscetíveis (FR=59,2). *P. friedrichsthalianum* foi considerado moderadamente resistente (FR=1,9). Três acessos de *P. cattleyanum* foram imunes (FR=0) a *M. mayaguensis*. *P. friedrichsthalianum* e *P. cattleyanum* quando usados com porta-enxertos (enxertia de garfagem método inglês simples) foram compatíveis com *P. guajava* cv. Paluma. Considerando esses resultados, o uso de porta-enxertos resistentes é um método promissor para o controle de *M. mayaguensis* em plantios comerciais de goiaba.

¹Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

²Biologia, mestrando, Universidade de Brasília-UnB

³Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Instituto Agrônomo do Paraná-IAPAR

092 - TRANSFEÇÃO E TRANSFORMAÇÃO DE UMA LINHAGEM CELULAR DE *Trichoplusia ni* PELO GENE *25KFP* DO BACULOVIRUS AgMNPV (Transfection and transformation of a *Trichoplusia ni* cell line using the *25KFP* gene of AgMNPV baculovirus)

Maia, A.E.¹, Ribeiro, Z.M.A.², Souza, M.L.³, Castro, M.E.B.³

Os baculovirus constituem o maior grupo de vírus de insetos apresentando grande potencial de uso como agentes de controle biológico de pragas, como vetores de expressão de proteínas heterólogas e, mais recentemente, como vetores de terapia gênica. O sistema de expressão células de insetos/baculovirus é uma poderosa e versátil ferramenta para produção de proteínas recombinantes. Este sistema mesmo apresentando uma vantagem inerente aos baculovirus, que é a de possuir fortes promotores de fases tardias da expressão gênica, algumas desvantagens têm sido verificadas com seu uso, incluindo terminação da expressão da proteína recombinante com o fim do ciclo de infecção e baixa produção de proteína secretada. Para minimizar estes problemas o uso de promotores da fase inicial da expressão e de linhagens celulares de insetos transformadas tem sido investigado. Este trabalho tem o propósito de a partir de uma linhagem hospedeira (BTI-Tn-5B1-4) do vírus *Anticarsia gemmatalis multiple nucleopolyhedrovirus* (AgMNPV) obter uma linhagem celular transformada expressando o gene *25KFP*. O gene *25KFP* é essencial na formação de poliedros e oclusão dos vírions e sua deleção é suficiente para produzir o fenótipo mutante FP, uma das mutações mais freqüentes gerada por passagens sucessivas do vírus em cultura de células de inseto. Tendo isso em vista, este trabalho é também o início de um estudo que tem como objetivo investigar a capacidade da linhagem transformada em produzir partículas virais com base em infecções por mutantes FP de AgMNPV. Para isso, um plasmídeo contendo um gene marcador de seleção, que confere resistência à blasticidina, foi usado para inserir o gene *25KFP* (pIBV5His *25K FP*). O plasmídeo então construído foi utilizado na transfeção de células BTI-Tn-5B1-4, mediada por lipossomos presentes no reagente cellfectina (Invitrogen), seguindo as instruções descritas pelo fabricante. Células transformadas foram então selecionadas pela resistência à blasticidina (50µg/ml), e o DNA extraído para comprovação da presença do gene *25 KFP* e de sua expressão por meio de reações de PCR e RT-PCR. A análise dos produtos de reações PCR em gel de agarose mostrou um fragmento de tamanho (~800pb) correspondente ao gene *25KFP* indicando sucesso na transformação das células. Os experimentos de transcrição gênica envolvendo a técnica de RT-PCR estão em andamento..Para confirmação da estabilidade das células transformadas, as mesmas estão sendo repicadas e mantidas em meio TNMFH completo com blasticidina. Após 50 repiques (P50) parte das células foram criopreservadas em nitrogênio líquido.

Apoio: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia / CNPq (bolsa PIBIC).

¹Bióloga, B. Sc., Universidade de Brasília, UnB

²Bióloga, M. Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

093 - VIABILIDADE DE ISOLADO *Dicyma pulvinata* APÓS DIFERENTES PERÍODOS DE ARMAZENAMENTO (Viability of the isolated *Dicyma pulvinata* in different periods of storage)

Marques, G.A.¹, Macedo, M.A.¹, Araújo, K.A.C.², Martins, I.³, Mello, S.C.M.⁴

O fungo *D. pulvinata* é um micoparasita que vem sendo estudado como agente de controle biológico do mal-das-folhas da seringueira causado por *Microcyclus ulei*. Esse trabalho teve como objetivo avaliar a viabilidade de conídios dos isolados de *Dicyma pulvinata*, CEN 58, CEN 62, CEN 91 e CEN 93, pertencente à coleção de culturas da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Cada linhagem foi produzida em erlenmeyer de 2 L contendo 250 gramas de arroz parboilizado, previamente umedecidos com 150 mL de água destilada e autoclavados. O inóculo foi produzido em SDY (extrato de levedura, peptona bacteriológica e dextrose), sob agitação de 150 rpm por 7 dias. Foram adicionados 25 ml do inóculo em cada erlenmeyer e a incubação por 17 dias a 25°C e fotoperíodo de 12 horas. Após esses 17 dias foram realizados dois experimentos a 4°C, (em suspensão 30 ml de tween 0,05%, com 5, 10, 20, 30 e 40 dias e o arroz com inóculo de 7 em 7 dias) para testar a viabilidade dos fungos. No eppendorf colocou-se cinco grãos de arroz e 1 ml de Tween. Agitou-se o eppendorf no agitador por 1 minuto. As avaliações foram realizadas em lâminas contendo meio ágar-água, que receberam uma gota de suspensão de esporos e foram mantidas a 25°C com alternância claro/escuro, por 24 h. A análise dos dados de germinação foi realizada pelo teste de Tukey com probabilidade de 5%. Os maiores valores médios foram obtidos com o isolado CEN 93 e CEN 62.

¹Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

³Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

RECURSOS GENÉTICOS

Caracterização

094 - ANÁLISE MEIÓTICA DE HÍBRIDOS DE *Arachis vallsii* X *A. williamsii* (LEGUMINOSAE) [Meiotic analysis of hybrids of *Arachis vallsii* x *A. williamsii* (Leguminosae)]

Silva, G.S.¹, Valls, J.F.M.², Santos, S.³, Peñaloza, A.P.S.²

Arachis vallsii Krapov. & W.C.Greg., espécie silvestre exclusivamente brasileira, foi originalmente alocada na secção taxonômica *Procumbentes* do gênero, mas há fortes evidências de que pertença à secção *Arachis*, a mesma do amendoim (*A. hypogaea*). Entre tais evidências, estão a cruzabilidade com espécies da secção *Arachis*, o insucesso parcial da hibridização com membros da secção *Procumbentes*, aspectos citológicos, exomorfológicos e o ciclo vital. Híbridos de *A. vallsii* com outras espécies das secções *Procumbentes*, *Erectoides* e diversas da secção *Arachis*, mantidos em telado, sob as mesmas condições, não floresceram por mais de um ano. Entretanto, duas plantas híbridas F₁ de *A. vallsii* (acesso V 7635) x *A. williamsii* Krapov. & W.C.Greg. (Wi 1118), da secção *Arachis*, floresceram, e delas foram coletados botões florais para análise meiótica. Anteras retiradas desses botões foram maceradas em carmim propiônico 2% e as células em meiose analisadas sob microscópio. Observou-se que a maturação das anteras de um mesmo botão floral não é uniforme, já que, para um mesmo botão, foram encontradas tanto células em telófase II, quanto tétrades e grãos de pólen. Além das tétrades normais (79,4%), foram encontradas tétrades anormais (0,8%), díades (4,9%), tríades (12,9%), pentades (1,0%) e hexades (1,0%). A presença de tantas tétrades normais pode indicar que, apesar de ocorrerem anormalidades durante o processo meiótico, como a presença de cromossomos retardatários e alguns fragmentos cromossômicos, a terminalização da meiose apresenta uma alta taxa de normalidade. Testes de germinabilidade e corabilidade dos grãos de pólen ainda não puderam ser conduzidos, devido à baixa floração dos indivíduos híbridos em estudo. A duplicação dos cromossomos com colchicina, já obtida em outros indivíduos representativos do mesmo cruzamento, com o conseqüente restabelecimento da normalidade da floração, das taxas de germinabilidade dos grãos de pólen e do comportamento meiótico deverá facilitar a incorporação desses híbridos às ações de pré-melhoramento voltadas ao melhoramento genético do amendoim.

Apoio: CAPES e CNPq.

¹Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB, Bolsista Capes

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Assistente de Operações, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

095 - ANÁLISE POPULACIONAL E MAPEAMENTO GENÉTICO DE MICROSSATÉLITES TETRA E PENTANUCLEOTÍDEOS EM ESPÉCIES DE *Eucalyptus* (Population analysis and genetic mapping of tetra and pentanucleotide microsatellites in *Eucalyptus* species)

Sansaloni, C.P.¹, Mamani, E.M.², Pappas Junior, G.J.³, Grattapaglia, D.⁴

Marcadores microsatélites são utilizados eficientemente para o gerenciamento de variabilidade genética, proteção varietal e identificação individual em populações de melhoramento e produção de *Eucalyptus*. Entretanto a análise genética é feita com base em microsatélites dinucleotídeos. Seguindo os padrões de qualidade estabelecidos na genética forense humana, existe a necessidade de um conjunto de locos de maior robustez e mais fácil interpretação, o que permitiria uniformizar e comparar com alta precisão os perfis genotípicos entre laboratórios. O objetivo deste estudo foi o desenvolvimento de sistemas de genotipagem baseados em microsatélites tetra e pentanucleotídeos, para os quais a declaração de alelos é mais precisa por diferirem por um maior número de pares de bases e serem menos sujeitos ao fenômeno de “stuttering”. Um conjunto de 45 novos microsatélites (30 tetra e 15 pentanucleotídeos) de interpretação robusta, transferíveis entre espécies e polimórficos foi selecionado após duas etapas de triagem visando a análise com detecção por fluorescência. Estes locos foram caracterizados nas duas principais espécies plantadas (*E. grandis* e *E. globulus*) em quatro procedências da Austrália. A heterozigosidade esperada (He) média nas espécies foi similar para tetranucleotídeos (He 0,5), e pentanucleotídeos. Valores menores de He foram observados em *E. globulus* em comparação com *E. grandis* consistente com o que se observa para dinucleotídeos. A herança e segregação foi confirmada para os 45 locos em uma família de referência do Genolyptus. Especificamente nesta família, 28 locos apresentaram configuração de segregação informativa sendo 11 com 3 ou 4 alelos distintos e apenas 6 locos foram monomórficos. Até o momento 8 locos foram incorporados ao mapa de referência posicionados em 5 grupos de ligação distintos. Os marcadores que não segregaram na família estão sendo analisados em outras duas famílias de referência visando o posicionamento no mapa. Sistemas multiplex foram padronizados para os locos mais polimórficos e até o momento os 45 locos podem ser amplificados e analisados com eficiência em 11 triplex e 2 hexplex.

¹Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Bióloga, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Florestal, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

096 - ANATOMIA FOLIAR DE ESPÉCIES E HÍBRIDOS DE *Arachis*, SECT. *Arachis* (LEGUMINOSAE) RELACIONADOS À ORIGEM DO AMENDOIM (Leaf anatomy of species and hybrids of *Arachis*, sect. *Arachis* (Leguminosae) related to the origin of the peanut)

Silva, G.S.¹, Ribeiro, D.G.², Valls, J.F.M.³, Santos, S.⁴

Arachis é um gênero sul-americano com espécies relevantes para a produção de grãos ou forragem, controle de erosão e paisagismo. Sua espécie mais notável é o amendoim (*A. hypogaea*), da secção *Arachis*, cujos genitores diplóides são *A. ipaënsis* e *A. duranensis*. As relações entre essas espécies podem aclarar questões taxonômicas e direcionar estudos para o melhoramento do amendoim. A descrição da lâmina foliar buscou semelhanças entre espécies e híbridos diplóides e tetraplóides. Fez-se cortes transversais de folha de *A. hypogaea*, *A. ipaënsis*, *A. duranensis*, do híbrido diplóide *A. ipaënsis* x *A. duranensis* e do anfidiplóide dele obtido. O material foi fixado e preparado de forma convencional para a obtenção de lâminas. A epiderme é uniestratificada, revestida por cutícula delgada e suas células são irregulares; em *A. hypogaea* e nos híbridos diplóide e anfidiplóide, tendem à forma tabular. Na nervura principal, são menores e regulares, e no bordo foliar são ainda menores. Notam-se células mucilaginosas adaxialmente, organização anfiestomática e câmara subestomática ampla. Em *A. ipaënsis* há estômatos anisocítico e paracítico. Tricomas glandulares de extremidades unicelulares e base lignificada só não foram vistos em *A. duranensis*; em *A. hypogaea*, são numerosos. O mesofilo tem organização dorsiventral e hipoderme. No bordo, ocorre grupo de fibras de paredes espessas e pontuações simples. Feixes colaterais têm bainha parenquimática e extensões para a face adaxial. No híbrido diplóide, observaram-se feixes de primeira ordem; no anfidiplóide, de primeira e terceira ordem e, em *A. hypogaea*, de primeira, segunda e terceira ordem. Na nervura, o feixe colateral é do tipo arco aberto, envolto por fibras, com concavidade voltada para a face abaxial. *Arachis duranensis* tem feixe de terceira ordem na nervura. O parênquima fundamental desta região tem células isodiamétricas, exceto em *A. duranensis*, onde são irregulares e menores que as de *A. ipaënsis*. A notável semelhança das estruturas estudadas apoia a teoria da origem de *A. hypogaea* a partir das espécies diplóides citadas.

Apoio: CAPES e CNPq.

¹Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB, Bolsista Capes

²Bióloga, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Bolsista CNPq

⁴Assistente de Operações, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

097 - AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA À *Spodoptera frugiperda* EM ESPÉCIES SILVESTRES DE *Arachis* (Evaluation of the resistance to *Spodoptera frugiperda* in wild species of *Arachis*)

Martins, A.E.¹, Andrade, M.T.², Alves, E.E.A.³, Fávero, A.P.⁴, Custódio, A.R.⁵, Ramos, V.R.⁶, Valls, J.F.M.⁴

O amendoim (*Arachis hypogaea* L.) é uma leguminosa sul-americana com sementes ricas em óleo e proteína, mundialmente utilizada na produção de óleo e no consumo dos grãos como confeitos ou *in natura*. Estudos clássicos de cruzamentos têm sido feitos com espécies silvestres de *Arachis*, para incorporação de suas características de resistência a doenças e pragas, como a lagarta do cartucho (*Spodoptera frugiperda*), ao amendoim. Este trabalho teve por objetivo verificar a resistência de espécies silvestres de *Arachis* à *S. frugiperda* em dois estágios de desenvolvimento da lagarta. O experimento foi realizado em condições de laboratório. Uma folha destacada de cada acesso e, duas lagartas em primeiro instar foram mantidas em cada placa de petri lacrada e forrada com algodão e papel filtro umedecidos e em quatro repetições. Um outro ensaio foi conduzido com lagartas de terceiro instar. No ensaio com lagartas de 1º instar, foram avaliados 68 acessos de espécies silvestres de *Arachis*, quanto à área foliar lesionada e ao instar que cada lagarta atingiu no final do ensaio, após o quinto dia do início do experimento. Foram identificados três grupos de acessos, de acordo com seu comportamento, classificados em resistentes (48), intermediários (07) e susceptíveis (12). No ensaio com lagartas de 3º instar, foram avaliados 48 acessos de *Arachis*, que mostraram vários níveis de desfolhamento, sendo observados 34 grupos pelo Teste de Scott e Knot. Verificou-se que três acessos se mostraram como os mais resistentes (*A. retusa* (Sv 4915), *A. major* (V 7632), *A. prostrata* (Sv 8241)) recebendo a letra A no teste de médias. O acesso mais susceptível dentro da amostra estudada foi a testemunha *A. hypogaea* cv. Tatu. Os demais acessos foram considerados de resistência intermediária. A identificação do nível de resistência das espécies irá auxiliar em pesquisas futuras de pré-melhoramento.

Apoio: EMBRAPA, CNPq e Generation Challenge Program.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Agronomia, graduanda, União Pioneira de Integração Social-UPIS

³Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Bióloga, doutoranda, Universidade Federal de Santa Catarina-UFSC

⁶Eng. Agr., Ph.D., Universidade Estadual de São Paulo-Unesp-Botucatu

098 - AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE ANANAS COM POTENCIAL ORNAMENTAL (Evaluation of genotypes of ananas with ornamental potential)

Silva, C.M.¹, Ferreira, F.R.², Teixeira, J.B.², Cabral, J.R.S.³, Souza, F.V.D.⁴

Os abacaxis ornamentais, nativos do Brasil, vêm despertando interesse não apenas no Brasil, mas também na Europa e nos Estados Unidos. O interesse de novos consumidores pelo abacaxi ornamental, que conquista cada vez mais espaço entre as plantas tropicais voltadas a ornamentação, é devido principalmente ao fato de que a maioria de suas espécies apresenta, além de durabilidade, uma beleza diferenciada, exótica e exuberante em suas inflorescências e coroas usadas em arranjos florais, jardins, vasos ou ambientes externos. Visando atender essa nova demanda por abacaxis ornamentais, materiais estão sendo coletados e cultivados pela EMBRAPA em busca da formação de bancos de germoplasma para essas variedades, através da caracterização e avaliação com base em descritores previamente estabelecidos. Na coleção mantida na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em Brasília, foram selecionados cinco acessos, o BGA 12, BGA 21, BMTW 1045, FRF 202 e FRF 1383, os quais foram submetidos à multiplicação rápida por meio de biorreator de imersão temporária objetivando-se a obtenção de lotes homogêneos para avaliações subseqüentes e hibridações intra e inter-específicas. Após aclimatação os cinco acessos foram plantados no campo e observados durante este ano de 2007, e mostraram as seguintes características: Os acessos BGA 12 e BGA 21 apresentaram bom desenvolvimento e homogeneidade em relação ao tamanho de plantas, apesar de não chamarem tanta atenção em coloração. Todas as plantas do acesso FRF 202 produziram flores e frutos, já as plantas do acesso FRF 1383 apresentaram coroas muito bonitas, de cores fortes e exuberantes, porém com pouco desenvolvimento de tamanho, assim como o acesso BMTW 1045. As avaliações continuam e os melhores materiais poderão ser selecionados como variedades ou inter cruzados.

¹Agronomia, graduando, União Pioneira de Integração Social-UPIS

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical

099 - CARACTERIZAÇÃO DA RESISTÊNCIA A *Anticarsia gemmatalis* EM ESPÉCIES SILVESTRES DO GÊNERO *Arachis* (Characterization of the resistance of *Anticarsia gemmatalis* in wild species of genus *Arachis*)

Andrade, M.T.¹, Martins, A.E.², Alves, E.E.A.³, Fávero, A.P.⁴, Custodio, A.R.⁵, Ramos, V.R.⁶, Valls, J.F.M.⁴

O amendoim (*Arachis hypogaea*) é uma leguminosa consumida mundialmente por apresentar alto teor de óleo e proteína em seus grãos. Seu gênero, *Arachis*, contém mais de 80 espécies. Algumas, principalmente as silvestres, mostram resistência a pragas, como a lagarta da soja (*Anticarsia gemmatalis*), cujo ataque reduz a área foliar e causa danos severos no enchimento dos grãos, afetando a produção. O objetivo do trabalho foi verificar a resistência de espécies de *Arachis* à lagarta da soja em primeiro instar. Foram utilizados 58 acessos de amendoim e de espécies silvestres e, de cada acesso retiraram-se quatro folhas, que foram acondicionadas em placas de petri, com uma camada de algodão e uma folha de papel filtro umedecido. Em cima de cada folha, foram colocadas duas lagartas no primeiro instar. A testemunha utilizada foi a cultivar Runner IAC. As folhas foram observadas periodicamente. Ao final do bioensaio avaliou-se o dano causado nas folhas e o estágio de desenvolvimento das lagartas, do 1º ao 5º instar. Os acessos apresentaram resultados variados em relação ao nível de desfolhamento. Porém, oito acessos silvestres destacaram-se, pela maior resistência à lagarta (*A. hermannii* V 10396, *A. lutescens* V 15058, *A. pflugeae* V 13589 e 14050, *A. prostrata* Sv 8223 e 8241 e *A. triseminata* V 13080), enquanto a cultivar Runner, mostrou-se a mais suscetível. A caracterização do material silvestre poderá auxiliar futuros experimentos de pré-melhoramento.

Apoio: EMBRAPA, CNPq e Generation Challenge Program.

¹Agronomia, graduanda, União Pioneira de Integração Social-UPIS

²Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Bióloga, doutoranda, Universidade Federal de Santa Catarina-UFSC

⁶Eng. Agr., Ph.D., Universidade Estadual de São Paulo-Unesp-Botucatu

100 - CARACTERIZAÇÃO DO ÓLEO DA SEMENTE DE ESPÉCIES NATIVAS DO CERRADO BRASILEIRO: *Passiflora cincinnata* MAST, *Passiflora setacea* D.C., *Passiflora nitida* HBK E *Hancornia speciosa* GOMES (Characterization of oil seeds of species of the Brazilian Cerrado: *Passiflora cincinnata* Mast, *Passiflora setacea* D.C., *Passiflora nitida* HBK and *Hancornia speciosa* Gomes)

Lopes, R.M.¹, Sevilha, A.², Silva, D.B.³, Vieira, R.F.⁴, Faleiro, F.G.⁵, Agostini-Costa, T.S.⁶

Muitos parentes silvestres evoluíram para enfrentar as condições adversas da natureza. Os programas de melhoramento utilizam uma parte pequena dos recursos genéticos disponíveis, já que o potencial deste material geralmente não está suficientemente caracterizado. O objetivo deste trabalho foi à caracterização química do teor de lipídios e perfil de ácidos graxos nas sementes de maracujás e mangaba nativos no cerrado brasileiro. Foram colhidos três lotes de *P. cincinnata* e um de *P.setacea* e de *H. speciosa* em localidades diferentes do norte do estado de Minas Gerais; um lote de *P. nitida* e um de *P. setacea* na Embrapa Cerrados, Planaltina, DF. A espécie comercial *P. edulis* foi empregada como referência. O óleo foi extraído com éter de petróleo em extrator Tecnal. O perfil de ácidos graxos foi caracterizado por cromatografia a gás-FID, segundo AOCS. As sementes de *P. setacea* apresentaram o maior teor de óleo (33,5±0,10%; 32,3±2,2%), seguida pelo *P.nitida* (29,5±0,7%), pelo *P. edulis* (27,3±1,3%) e *P.cincinnata* (17,0±0,3%; 19,2±0,4%; 16,7±0,4%). O óleo de *P. edulis* apresentou os ácidos mirístico (0,1%), palmítico (12,4%), palmitoléico (0,2%), esteárico (3,2%), cis-oléico (15,7%), trans-oléico (0,5%), linoleico (67,0%), linolênico (0,4), araquídico (0,1%) e gadoleico (0,1%). O óleo de *P. setacea* apresentou menos palmítico (10,1%), linoléico (63,8%) e mais cis-oléico (20,4%); o óleo de *P.nitida* apresentou mais láurico (0,7%), mirístico (0,8%), palmítico (16,5%), palmitoleico (1,7%), cis-oléico (22,8%) e menos linoleico (52,8%); o óleo de *P.cincinnata* apresentou menos cis-oléico (9,1%), palmítico (10,7%) e mais linoleico (75,8%). As sementes de *H. speciosa* apresentaram teor de óleo igual a 26,3±0,7%, sendo os ácidos mirístico (0,07%), palmítico (17,8%), palmitoléico (0,2%), esteárico (6,8%), cis-oléico (61,4%), linoleico (11,7%), linolênico (0,5%), araquídico (0,5%), gadoleico (0,1%); be-hênico (0,2%) e lignocérico (0,04%). Este trabalho foi financiado pelo Programa Biodiversidade Brasil-Itália (PBBI), com o apoio do Centro de Agricultura Alternativa e Cooperativa Grande Sertão de Montes Claros-MG.

Apoio: Programa Biodiversidade Brasil-Itália (PBBI), Centro de Agricultura Alternativa e Cooperativa Grande Sertão de Montes Claros-MG.

¹Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Biólogo, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Cerrados

⁶Farmacêutica, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

101 - COMPOSIÇÃO DE CAROTENÓIDES E TEOR DE ÓLEO E UMIDADE DE CANISTEL (*Pouteria campechiana*) [Composition of carotenoids and content of oil and moisture of canistel (*Pouteria campechiana*)]

Wondracek, D.C.¹, Lopes, R.M.², Ferreira, F.R.³, Agostini-Costa, T.S.⁴

O canistel (*Pouteria campechiana* (H. B. K.) Baehni) é uma fruta nativa da América Central e do sul do México, pertencente à família Sapotaceae, introduzida no Brasil na década de 80, mas ainda pouco conhecida. Apresenta uma polpa amarelo alaranjada, rica em carotenóides, que tem despertado interesse, por ser, supostamente, boa fonte de vitamina A. O objetivo deste trabalho foi determinar o teor de carotenóides e o valor pró-vitamina A na polpa de canistel, assim como os teores de umidade e lipídeos na polpa e na semente. Os frutos foram coletados na região do Distrito Federal em maio de 2007. Os carotenóides foram extraídos em acetona, saponificados, separados em coluna de óxido magnésio: hyflosupercel 1:2, identificados e quantificados segundo Rodriguez-Amaya et al. 1999. O teor de lipídios totais foi determinado em determinador de gordura Tecnal; o teor de umidade foi determinado por secagem em estufa a 100°C. O conteúdo de carotenóides totais foi de 226,1 µg/g. Violaxantina e neoxantina foram os carotenóides predominantes com 142,8 µg/g e 52,8 µg/g, respectivamente, seguidos por zeta-caroteno (9,1 µg/g), beta-caroteno 5,6-epóxido (7,8 µg/g), beta-caroteno (7,1 µg/g) e fitoflueno (6,5 µg/g). A semente foi a parte do fruto que apresentou maior teor de lipídeos totais com 4,62 ± 0,15% (47,25 ± 0,08% de umidade); a polpa apresentou 0,61 ± 0,03% (49,54 ± 0,15% de umidade). Os resultados indicam que, embora esta fruta apresente teores de carotenóides totais muito elevados, os principais carotenóides encontrados são destituídos de atividade pró-vitamina A. Entretanto, o canistel ainda pode ser considerado uma boa fonte de pró-vitamina A (117,7 RE/100g), se comparado com outras frutas normalmente consumidas.

Apoio: Programa Biodiversidade Brasil-Itália (PBBI).

¹Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

²Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Farmacêutica, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

102 - COMPOSIÇÃO QUÍMICA DO ÓLEO ESSENCIAL DE 28 ACESSOS MENTA (*Mentha* SSP.) NO DISTRITO FEDERAL [Chemical composition of essential oil of 28 Mint accessions (*Mentha* spp.) in the Federal District]

Paula, K.D.S.¹, Silva, D.B.², Bizzo, H.R.³, Vieira, R.F.⁴

A menta (*Mentha* spp.) é uma planta herbácea, da família Lamiaceae, originária da Europa e Ásia. O produto principal da cultura da menta é o óleo essencial produzido em glândulas especializadas presentes nas folhas e flores com larga aplicação pelas indústrias alimentícias, de cosméticos e farmacêuticas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a porcentagem e a composição do óleo essencial de 28 acessos procedentes da coleção de Menta da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia no Distrito Federal. As plantas foram cultivadas a campo em canteiros de 1,5 m² no período de janeiro a maio de 2007. O material foi colhido em 15/05/2007 no período da manhã. Após a secagem em estufa a 38°C por dois dias, o material foi submetido à hidrodestilação em aparelho Clevenger para a obtenção do rendimento (%) do óleo essencial. Os constituintes do óleo essencial foram identificados através de cromatografia gasosa e GC/MS. Os teores do óleo essencial variaram de 0,12% a 1,33% com média de 0,55%. A metade dos acessos ficaram acima da média, destacando os acessos CM-59 (1,33%), CM-71 (1,13%) e CM-50 (1,05%). Os resultados obtidos revelaram que os principais constituintes presentes nos acessos avaliados foram Mircenol (10-12% nos genótipos CM49, 58 e 64); Limoneno (35,7% em CM49); 1,8-Cineol (26% em CM 58 e 64); Linalol (57% em CM45); Mentona (13-50% em CM 46, 50 e 59); Mentol (24-70% em CM 33, 46 e 59); Pulegona (63-67% em CM 31, 40 e 52); Linalil Acetato (23-74% em CM 61, 66 e 71); Carvona (43-71% em CM 44, 49, 51, 53, 54 e 55) e Óxido de Piperitona (44-88% em CM 30, 38, 39, 41, 65, 68, 70, 72).

Apoio: EMBRAPA Recursos Genéticos e Biotecnologia e Programa Biodiversidade Brasil-Itália (PBBI).

¹Farmácia, graduanda, Centro Universitário-UNIEURO

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Químico, Ph.D., Embrapa Agroindústria de Alimentos

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

103 - CONSTRUÇÃO DE UM MAPA DE LIGAÇÃO PARA O AMENDOIM (*Arachis hypogaea* L.), UTILIZANDO ANFIDIPLÓIDES SINTÉTICOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES [Construction of a linkage map for peanut (*Arachis hypogaea* L.) using synthetic amphidiploids and microsatellite markers]

Lustosa, F.L.F.¹, Gouvêa, E.G.¹, Guimarães, P.M.², Leal-Bertioli, S.C.M.³, Fávero, A.P.², Bertioli, D.J.⁴, Moretzsohn, M.C.²

O amendoim é uma cultura importante internacionalmente, tanto para consumo direto, devido ao seu alto teor de proteína, como para produção de óleo. A grande maioria das 80 espécies conhecidas de *Arachis* é diplóide, mas o amendoim cultivado é alotetraplóide (AABB). *Arachis hypogaea* apresenta pouca variabilidade para diversas características de interesse agrônomo, tais como resistências a doenças e à seca, cujos genes de interesse são encontrados nas espécies silvestres do gênero. Para a introgressão mais eficiente desses genes no amendoim, são necessários mapas de ligação e o mapeamento dos genes de interesse. O objetivo deste trabalho foi, portanto, a construção de um mapa genético para o genoma tetraplóide de *Arachis*. Foram utilizados marcadores microssatélites, por serem codominantes, distribuídos por todo o genoma, multialélicos e baseados em PCR. Dos 636 marcadores testados, 173 mostraram-se polimórficos, sendo analisados em 156 indivíduos da população F₂ tetraplóide {*A. hypogaea* - cv. IAC Runner886 x (*A. ipaënsis* - genoma BB x *A. duranensis* - genoma AA, tratada com colchicina)}. Dos 173 marcadores, 119 foram polimórficos para locos no genoma A e 54 no genoma B, identificados pela inclusão de amostras das espécies diplóides envolvidas no cruzamento. Para o genoma A, foram mapeados 99 locos, distribuídos em 10 grupos de ligação. Para o genoma B, foram mapeados 54 marcadores em oito grupos de ligação. O amendoim é uma planta dissômica alotetraplóide (2n=4x=40) e, portanto 20 grupos eram esperados. A inclusão de novos marcadores, em andamento, deverá possibilitar a identificação dos outros dois grupos esperados também no genoma B. A comparação com dois mapas para espécies diplóides de genomas AA e BB, mostrou que as ordens dos marcadores são mantidas, validando os marcadores mapeados. Genes de resistência a doenças e à seca estão sendo mapeados nessas populações, visando à implementação de seleção assistida por marcadores nos programas de melhoramento, o que irá acelerar consideravelmente, além de tornar mais eficiente, o processo de introgressão desses genes no amendoim cultivado.

Apoio: Generation Challenge Program.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Biólogo, Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB/Embrapa

104 - DESENVOLVIMENTO DE UM PAINEL DE MICROSSATÉLITES PARA ESTUDOS DE ESTRUTURA POPULACIONAL DE ESPÉCIES DE *Eucalyptus* (Development of a microsatellite panel for population genetic structure analysis of *Eucalyptus* species)

Correia, L.Q.¹, Faria, D.A.², Grattapaglia, D.³

O mapeamento de associação constitui uma abordagem interessante para a identificação de genes responsáveis pela variação quantitativa em características de importância econômica. A utilização eficaz de testes de associação em populações naturais de *Eucalyptus* depende, entretanto, do nível de sub-estruturação das populações. O objetivo deste trabalho foi o desenvolvimento e avaliação de um painel de microsatélites úteis para estudos de estruturação em populações naturais e coleções de germoplasma e distinção das espécies e procedências mais amplamente utilizadas no melhoramento. Foram estudadas 212 árvores de quatro espécies de eucalipto (*E. camaldulensis*, *E. urophylla*, *E. dunnii* e *E. saligna*), oriundas de diferentes procedências da Austrália. Foram analisados 35 microsatélites previamente selecionados com base em informação de mapeamento, de forma a cobrir o genoma como um todo. Nove desses locos são provenientes de regiões não traduzidas de ESTs (Expressed Sequence Tags). Os genótipos foram obtidos pela detecção fluorescente em sequenciador automático ABI 3100 e os dados analisados com o programa GenAlEx 6. Todos os 35 locos foram altamente polimórficos em todas as procedências, com exceção de um loco que foi monomórfico em *E. dunnii*. Todas as espécies apresentaram alelos privativos. A proporção de variância molecular dentro de espécies (80%) é maior do que entre espécies (20%), e analogamente maior dentro de procedências (79%) do que entre (21%). Na análise individual de cada loco, microsatélites derivados de EST revelaram uma maior diferenciação (maior *F_{st}*) entre espécies e procedências indicando uma maior capacidade de detectar estruturação. Foram identificados ainda locos com maior capacidade de discriminação de procedências dentro de espécies, particularmente úteis para vir a compor uma bateria reduzida de microsatélites para a análise de estrutura em populações de associação.

Apoio: CNPq - Projeto Genolyptus MCT-FINEP.

¹Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Zootecnista, doutoranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Eng. Florestal, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

105 - DIAGNÓSTICO DOS AGRICULTORES FAMILIARES FEIRANTES DA COMUNIDADE ÁGUA BOA II, NORTE DE MINAS GERAIS (Local farmer market's diagnostic, Comunidade Água Boa II, Minas Gerais, Brazil)

Cavechia, L.A.¹, Bustamante, P.G.², Correia, J.R.³

As feiras livres são espaços onde grupos de pessoas (feirantes) realizam suas estratégias de sobrevivência, exercendo trabalhos de revenda de produtos, principalmente alimentícios e onde pessoas das mais distintas classes sociais se abastecem, faz parte do caldeirão das tradições mineiras. São nas sextas-feiras que agricultores familiares levantam cedo e começam arrumar seus produtos para serem levados aos seus fregueses da cidade em todas as manhãs de sábado. Freguesia que tem o benefício de um abastecimento regular de alimentos de qualidade, adaptado aos seus hábitos culturais. Com objetivo de fazer um levantamento do perfil do agricultor familiar e feirante, bem como diagnosticar problemáticas e potencialidades por estes enfrentadas semanalmente, o presente trabalho foi realizado na comunidade Água Boa II, no município de Rio Pardo de Minas, nos meses de Julho e Setembro. Utilizou-se o método denominado Bola de Neve para identificação dos agricultores chaves para que fossem então, feitas as entrevistas semi-estruturadas bem como observação participante no dia-a-dia destes. Entre as oito entrevistas, seis foram realizadas com as mulheres que, além de cuidar dos serviços domésticos e dos filhos, eram também encarregadas de cuidar da horta, ressaltando que três destas também eram artesãs (confecção de vasos, chapéus e biscoito). Os itens como coentro, banana, cenoura, andu levados à feira condizem com a época da seca, em que os produtos das hortas enchem os cestos dos feirantes e os olhos dos fregueses. Além de produtos processados, como artesanato com palha, barro e biscoitos. Em muitas ocasiões tais produtos são limitados a serem levados a cidade por causa do transporte. Há, além da preocupação com esforço animal daqueles que vão de charrete (quatro entrevistados), bem como aquelas (duas) que usam o único veículo comunitário, ônibus superlotado, a preocupação de estragar produtos devido a estrada ser de difícil acesso. Mas o fato de se ter, atualmente, tais meios de transportes foram questões positivas levantadas, além de seis citarem o lucro que se tem nas vendas. Não há promessas de melhoria de estradas e nem inserção do transporte gratuito aos feirantes, mas há início da construção do novo galpão onde feirantes poderão melhor se acomodar, garantindo assim essa alternativa de fonte de renda de muitos agricultores familiares da comunidade.

Apoio: MDA.

¹Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Cerrados

106 - DIVERSIDADE HAPLOTÍPICA DE MICROSSATÉLITES DE CLOROPLASTO EM ESPÉCIES DE *Eucalyptus* E INFERÊNCIA DA HERANÇA MATERNA (Haplotype diversity of chloroplast microsatellites markers in *Eucalyptus* species and inference of maternal inheritance)

Vieira, M.C.¹, Faria, D.A.², Grattapaglia, D.³

O genoma de cloroplasto é uma ferramenta importante para estudos de genética de populações e investigações filogenéticas devido ao conteúdo genômico apresentar alto grau de conservação. Este trabalho visou estimar a diversidade haplotípica intra e inter específica para um conjunto de cpSSR nas principais espécies de *Eucalyptus* spp. Esta diversidade é fundamental na identificação da origem materna de clones híbridos elite que surgiram por hibridação espontânea e constituem grande parte da base florestal do país. A diversidade haplotípica foi estudada nas seis principais espécies e respectivas procedências (populações) originárias da Austrália e ilhas adjacentes. A validação da herança materna do haplótipo de cpSSR foi conduzida em trios envolvendo genitor paterno, materno e descendentes obtidos por polinização controlada. Os haplótipos foram estimados a partir da análise de 12 marcadores microssatélites mono e dinucleotídeos derivados de regiões intergênicas no DNA cloroplastidial de *E. globulus*, por detecção fluorescente em sequenciador ABI3100. Foi observada uma elevada transferibilidade dos marcadores entre espécies e robustez de amplificação em três sistemas multiplex. O número de haplótipos encontrados entre as espécies foi variado: cinco para *E. camaldulensis*, seis para *E. grandis*, *E. globulus* e *E. saligna*, oito para *E. dunnii* e quatro para *E. urophylla*, este pertinente a sua distribuição geográfica isolada nas ilhas da Indonésia. A análise de diversidade haplotípica revelou que a maior proporção da variação é encontrada entre procedências dentro de espécies (43,52%). As estimativas de distância genética entre as espécies aderem aos grupos taxonômicos conhecidos, com espécies da mesma seção e simpátricas na Austrália (*E. grandis* e *E. saligna*) geneticamente mais próximas em comparação a *E. grandis* e *E. globulus* que pertencem a seções distintas. A diversidade haplotípica observada permitiu a confirmação da herança materna em todos os cruzamentos analisados. Este painel poderá ser facilmente utilizado para a determinação da origem materna de árvores híbridas de *Eucalyptus*, sua identificação de espécies e procedências em coleções de germoplasma.

Apoio: CNPq.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Zootecnista, doutoranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Eng. Florestal., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

107 - DIVERSIDADE NUCLEOTÍDICA E MAPEAMENTO DE GENES CANDIDATOS EM *Eucalyptus* SPP. (Nucleotide diversity and mapping of candidate genes in *Eucalyptus* spp.)

Neves, L.G.¹, Faria, D.A.², Pappas Júnior, G.J.³, Pasquali, G.⁴, Grattapaglia, D.⁵

Considerando o declínio rápido do desequilíbrio de ligação no genoma de *Eucalyptus*, a perspectiva de mapeamento de associação depende essencialmente da análise direta de genes candidatos. O enriquecimento dos atuais mapas genéticos com estes genes e a sua co-localização com QTLs é uma estratégia de longo alcance na definição de candidatos posicionais para experimentos de genética de associação. Portanto, um entendimento da variação nucleotídica de genes candidatos é necessário para avaliar o potencial de mapeamento e estudos de associação em *Eucalyptus*. Assim, quatro genes (consensos EST do Genolyptus #5971, 15398 e as enzimas de lignificação F5H e CCR) foram selecionados dentre um grupo de genes diferencialmente expressos entre o xilema de *E. grandis* e *E. globulus*. Consensos 5971 e 15398 são *no hit* nos bancos de dados públicos. Posteriormente, foram resequenciados amplicons de oito indivíduos para cada uma das espécies: *E. globulus*, *E. grandis* e *E. urophylla*, detectados SNPs intra e interespecíficos e estimada a diversidade nucleotídica. Em uma segunda parte, uma população segregante de um cruzamento entre *E. urophylla* e *E. grandis* foi genotipada com SNPs informativos para os mesmos genes. Os genes foram posicionados no mapa genético analisando a segregação de haplótipos de SNPs. No transcrito 5971, em 279 bp, encontrou-se 9, 3 e 5 SNPs em *E. globulus*, *E. grandis* e *E. urophylla*, respectivamente, e a diversidade nucleotídica (π) estimada em 0,01604; 0,00391 e 0,00305; no transcrito 15398, em 268 bp, identificou-se 3 SNPs para cada espécie e estimou-se valores de π de 0,00478; 0,00351 e 0,00411; em 155 bp do gene F5H, observou-se 1, 2 e 3 SNPs em cada espécie respectivamente, e valores de π estimados em 0,00360; 0,00425 e 0,00809, respectivamente. A maior π observada no gene 5971 ocorreu, provavelmente, devido a amplificação de um íntron (região mais rica em SNPs). A variância molecular revelou que 66% da variação está contida entre e 34% dentro de espécies para o transcrito 5971; 46% e 54 para o 15398, e 34% e 66% para o gene F5H. A matriz de Fst indica maior diferenciação nucleotídica entre *E. grandis* e *E. urophylla* no transcrito 5971, entre *E. grandis* e *E. globulus* no 15398 e maior entre *E. globulus* e *E. urophylla* no gene F5H. O gene CCR pôde apenas ser mapeado. A análise de co-localização destes genes candidatos com QTLs mapeados para características de qualidade da madeira fornece pistas para a utilização destes genes em testes de associação.

Apoio: CNPq/MCT/Projeto Genolyptus.

¹Eng. Florestal, mestrando, Universidade Federal de Viçosa-UFV

²Zootecnista, doutoranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Farmacêutico, Ph.D., Universidade Federal do Rio Grande do Sul-UFRGS

⁵Eng. Florestal, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

108 - ESTUDO DAS RELAÇÕES GENÉTICAS DE *Heliconia* (HELICONIACEAE) UTILIZANDO MARCADORES RAPD [Study of genetic relation of *Heliconia* (Heliconiaceae) using RAPD markers]

Marouelli, L.P.¹, Ferreira, M.A.², Buso, G.S.C.³

As Zingiberales são monocotiledôneas de ocorrência praticamente restritas as regiões tropicais e incluem oito famílias: Musaceae, Strelitziaceae, Lowiaceae, Heliconiaceae, Zingiberaceae, Costaceae, Cannaceae e Marantaceae. A família Heliconiaceae compreende um único gênero, *Heliconia* L. com aproximadamente 200 a 250 espécies de plantas herbáceas, rizomatosas e perenes. As helicônias são comumente utilizadas como plantas ornamentais nos mercados nacionais e internacionais, pela beleza de suas inflorescências. Variações naturais têm causado confusões entre produtores comerciais e colecionadores, sendo necessário a correta identificação das espécies. Marcadores RAPD são ferramentas úteis para a caracterização e o estudo da diversidade genética dessas plantas, além de ser uma técnica precisa, rápida, de baixo custo. O presente trabalho teve por objetivo investigar a relação entre algumas espécies de *Heliconia* e de representantes da ordem Zingiberales alicerçada com base em marcadores RAPD. Foram analisados 63 acessos e até o momento, foram selecionados 18 primers que geraram 213 marcadores polimórficos, que possibilitaram a análise fenética e a construção de um dendrograma composto por dois grupos principais; um formado pelas famílias: Musaceae, Strelitziaceae e Heliconiaceae (bootstrap de 82,26%); e outro pelas famílias Zingiberaceae e Lamiaceae (bootstrap de 75,37%). No primeiro grupo, foram formados dois subgrupos; um com a família Musaceae e outro com as famílias Heliconiaceae e Strelitziaceae. Neste foram formados dois grupos, um com a família Heliconiaceae (bootstrap de 97,25%) e outro com a família Strelitziaceae (bootstrap de 74,31%). No grupo da família Heliconiaceae foi possível identificar indivíduos idênticos, ou seja, clones e indivíduos diferentes que formaram agrupamentos de acordo com sua espécie. As Zingiberaceae formaram um agrupamento mais externo em relação às demais famílias da ordem Zingiberales. A análise genética com a utilização de marcadores RAPD corroborou com a classificação morfológica das espécies em suas respectivas famílias, permitindo uma análise da similaridade entre as espécies investigadas. Como alguns agrupamentos deram valor de bootstrap inferior a 50%, é necessário um maior número de marcadores para fornecer melhor confiabilidade nesses agrupamentos.

Apoio: CAPES.

¹Bióloga, graduada, Universidade de Brasília-UnB

²Químico, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

109 - FREQUÊNCIA DE ALELOS ASSOCIADOS A COR DE PELAGEM (GENE *KIT 1*) E TAMANHO DE LEITEGADA (GENE *ESR*) EM RAÇAS COMERCIAIS E NATURALIZADAS DE SUÍNOS NO BRASIL (Allele frequencies of candidate genes associated with coat color *KIT 1* and litter size in commercial and local pig breeds in Brazil)

Beluco, W.¹, Souza, C.A.², Paiva, S.R.³, Pereira, R.W.⁴, Mariante, A.S.⁵

Levantamentos realizados sob a coordenação da FAO mostram que várias raças estão ameaçadas de extinção em todo o mundo, de maneira que no Brasil, pelo menos onze grupos genéticos naturalizados de suínos se encontram nessa situação. Com o objetivo de aumentar o conhecimento sobre as raças naturalizadas brasileiras e dar subsídios adicionais à sua conservação, este trabalho analisou a frequência de SNPs já identificados nos genes *KIT 1* e *ESR*, associados à cor de pelagem (alelo branco dominante) e ao aumento no tamanho da leitegada, respectivamente. A técnica de PCR-RFLP foi utilizada para a genotipagem de 222 animais, de forma que 87 pertenciam a raças comerciais (Landrace, Large White, Pietran, Duroc e Composto MS60, desenvolvido pela EMBRAPA Suínos e Aves) e 137 a grupos naturalizados (Piau, Moura, Monteiro, Nilo, Canastrão, Caruncho, Tatu; Casco-de-Burro e Rabo-de-Peixe). Foi verificada a fixação do alelo selvagem *i* do gene *KIT 1* em todos os grupos genéticos, exceto nas raças Landrace e Large White, as quais apresentaram 100% de heterozigose com o alelo branco dominante (*I/i*). No gene *ESR*, o alelo favorável B, associado ao aumento no tamanho da leitegada, foi encontrado somente em animais MS60, Large White, Moura, Piau, Monteiro, Nilo e Tatu, sendo que os grupos de maior *n* amostral: MS60 ($H_o=0,15217$, $P<0,35141$), Moura ($H_o=0,19444$, $P<0,20305$), Monteiro ($H_o=0,25000$, $P<0,30455$) e Piau ($H_o=0,27273$, $P<0,30723$), não apresentaram desvios significativos do Equilíbrio de Hardy-Weinberg neste loco. Novos SNPs serão prospectados nestes e em outros genes para as raças naturalizadas, de maneira que seja montado um painel que permitirá que uma estratégia de conservação seja criada a partir destes resultados e de outros obtidos por marcadores moleculares neutros.

Apoio: CAPES, CNPq e EMBRAPA.

¹Biomedicina, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Zootecnista, doutoranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Méd. Vet., Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

110 - GENÉTICA DE ASSOCIAÇÃO EM *Eucalyptus*: IMPACTO DA ESTRUTURA DE POPULAÇÕES EM ESPÉCIES E CLONES ELITE (Towards association genetic in *Eucalyptus*: survey of population stratification in breeding species and elite clones)

Faria, D.A.¹, Correia, L.Q.², Pereira, R.W.³, Grattapaglia, D.⁴

Mapeamento de QTLs tem revelado associações úteis entre marcadores e fenótipos para a seleção assistida dentro de famílias. Entretanto, tendo em vista a heterogeneidade genética de *Eucalyptus*, somente uma abordagem baseada em genética de associação em regiões de forte desequilíbrio de ligação (DL) pode descobrir associações aplicáveis entre populações em geral. Três questões definem a probabilidade de sucesso de mapeamento via DL: diversidade nucleotídica, extensão do DL e escolha de populações adequadas. Mostramos anteriormente que espécies de *Eucalyptus* apresentam uma elevada diversidade nucleotídica (1 SNP a cada ~70 pb) e o DL declina rapidamente após 200 a 1000 pb. A estratificação populacional é, por outro lado, o fator que pode causar erros sistemáticos e a consequente declaração de associações espúrias. Neste estudo foi avaliada a estrutura populacional em *Eucalyptus* com 33 microssatélites comparando as opções disponíveis nos programas de melhoramento, espécies puras e clones elite. Foi analisada uma coleção de 180 árvores das espécies *E. grandis*, *E. globulus*, *E. urophylla*, *E. saligna*, *E. dunnii* e *E. camaldulensis*, e um conjunto de 30 clones utilizados comercialmente. A possibilidade de detectar estruturação foi investigada utilizando o programa Structure. Inicialmente, com o número de grupos (K) = 3, ficou evidenciada a formação de três grupos sendo um das espécies *E. globulus* e *E. dunnii*; um segundo com *E. saligna*, *E. camaldulensis* e *E. grandis* e um terceiro com *E. urophylla*, consistentes com a distribuição geográfica e posição taxonômica. Todavia, para K = 6, os dados revelaram seis subpopulações compostas pelas seis espécies. Uma AMOVA estimou 9,7% da variação entre espécies, 3,9% entre procedências dentro de espécies e 86,4% entre indivíduos dentro de procedências. O Fst foi elevado entre espécies (0,18 *E. grandis* x *E. globulus*) porém baixo entre procedências. Testes de alocação revelaram a extensão da miscigenação existente nos clones elite. A maioria deles foi alocada com elevada probabilidade a *E. grandis* e *E. urophylla* com 50% para cada espécie, corroborando sua origem híbrida recente. Estes resultados mostram que populações de espécies puras são as mais indicadas para testes de associação. Utilizando este conjunto de microssatélites é possível decompor a amostra de árvores estudadas, mesmo provenientes de uma população miscigenada, em diferentes subpopulações homogêneas nas quais testes de associação entre genes candidatos e fenótipos podem ser realizados.

¹Zootecnista, doutoranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Méd. Vet., Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

⁴Eng. Florestal, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

111 - GENOTIPAGEM E VALIDAÇÃO DE SNPs NO GENE DGAT1 EM ANIMAIS DA RAÇA CANCHIM (Genotyping and validation of SNPs in gene *dgat1* in animals of Canchim breed)

Santos, L.P.¹, Regitano, L.², Pappas, M.³, Faria, D.A.⁴, Grattapaglia, D.⁵

A raça bovina Canchim foi obtida por meio do cruzamento entre as raças Charolesa e raças Zebuínas. O objetivo de sua formação foi de unir as qualidades de rusticidade, precocidade e adaptação às regiões de clima tropical das raças zebuínas, àquelas de alto desempenho e boa qualidade de carne da raça Charolesa. O gene DGAT1 (diacilglicerol aciltransferase) possui um polimorfismo (K232A – substituição de uma Lisina por Alanina) que altera a eficiência da enzima na conversão de diglicerídeos a triglicerídeos, a gordura de depósito em animais. Em algumas populações de raças taurinas, essa substituição mostrou-se responsável pela variação nas características fenotípicas de produtividade e conteúdo de gordura no leite e de deposição de gordura intramuscular, algumas das principais características quando se trata de produtividade leiteira e de qualidade de carne. Este trabalho visou avaliar a distribuição alélica e genotípica de polimorfismos na posição K232A no gene do DGAT1, estimar a diversidade nucleotídica na região e identificar novos SNPs de interesse. As amostras utilizadas pertencem a um rebanho Canchim fenotipado para características de produção e qualidade de carne da Embrapa Pecuária Sudeste. Neste estudo foi seqüenciado um trecho do gene DGAT1 (414pb) compreendendo os introns 7 e 8 e exon 8. As seqüências foram alinhadas para a estimativa de diversidade nucleotídica e identificação de novos SNPs na região. Foram encontrados seis polimorfismos sendo que dois estão localizados na região do intron 7 (substituições na borda exon/intron) e quatro na região do exon 8, usando como referência para este alinhamento a seqüência AY065621. Todos os polimorfismos encontram-se em EHW, ($p < 0,01$). A diversidade nucleotídica estimada no gene DGAT na raça Canchim foi alta (1,3%) refletindo sua origem híbrida. Este resultado revela ainda uma elevada diferenciação genética no DGAT entre as raças taurina e zebuína formadoras do Canchim e a participação de um amplo tamanho efetivo populacional na formação da raça. A distribuição de freqüências genotípicas para o polimorfismo K232A foi de 35% AA, 12% KK e 53% de AK.

Apoio: CAPES-Pibic e EMBRAPA.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Embrapa Pecuária Sudeste

³Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Zootecnista, doutoranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

⁵Eng. Florestal, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

112 - GERMOPLASMA DE TRIGO E SUAS CARACTERÍSTICAS CROMOSSÔMICAS APÓS 30 ANOS DE ARMAZENAMENTO (Wheat germplasm and its chromosomic characteristics after 30 years of storage)

Ribeiro, M.R.¹, Lima, G.S.², Pozzobon, T.M.³, Santos, S.⁴, Peñaloza, A.P.S.³

As mudanças no clima podem perturbar o ambiente, forçando modificações na agricultura. Por questões de segurança e estratégia, é fundamental a conservação dos recursos genéticos das plantas cultivadas e de seus parentes silvestres. O Banco de Germoplasma de Sementes (Colbase) da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia incorporou, ao longo de 30 anos, mais de 5000 acessos de germoplasma de trigo. A integridade desse acervo é essencial como fonte para o desenvolvimento de novas cultivares. A instabilidade somática não é rara em trigo. Sabe-se que fatores ambientais associam-se a características genotípicas, interferindo nos processos mitótico e meiótico, podendo comprometer seu uso no melhoramento. Para monitorar a integridade genética do germoplasma de trigo conservado a longo prazo na Colbase, procedeu-se à análise citogenética. Pontas de raiz foram coletadas e pré-tratadas em 8-hidroxiquinoleína (4h), ou bromonaftaleno (2h), fixadas em solução Carnoy (24h) e estocados em etanol 70%. As raízes foram coradas pela técnica de Feülgen e maceradas em carmim acético. Entre os acessos armazenados por 30 anos (BRA-143154, 147753, 142241, 142794 e 142891), além de células mitóticas normais, observou-se pontes e fragmentos em anáfases, além de um pequeno número de quebras cromossômicas em metáfases. Estes dados são importantes, já que esses acessos foram armazenados inicialmente com uma taxa de germinação entre 50 e 75%, considerada baixa, pelos padrões internacionais da International Seed Testing Association. Em acessos armazenados há 20 anos em câmaras frias na Embrapa Trigo (BRA 009946, BRA 016322, BRA 146188), também foram identificadas células com as mesmas irregularidades. A subsequente análise meiótica de indivíduos F1 dará subsídios para o esclarecimento da real qualidade e estabilidade cromossômica do germoplasma armazenado. A melhor compreensão dos mecanismos de alterações citogenéticas contribuirá com informações importantes para a conservação do germoplasma de trigo e para garantir o sucesso em programas de melhoramento no Brasil, podendo servir de modelo para outros cereais de importância para o país.

Apoio: CNPq.

¹Biologia, graduando, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB, PIBIC/CNPq/Cenargen

²Biologia, graduando, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

³Eng Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Assistente de Pesquisa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

113 - GOIABAS “SIAMESAS” (Siamese guavas)

Silva, C.M.¹, Ferreira, F.R.², Pádua, J.G.²

As deformações que ocorrem em frutos, independente das causas, geralmente são depreciativas, ou seja, prejudicam os frutos principalmente no aspecto de aparência e conseqüentemente refletindo de forma negativa na sua comercialização. No caso das goiabas “siamesas”, há que se destacar a raridade com que essa anomalia ocorre e também o aspecto de curiosidade. De acordo com Pinto & Genu (1981) citando outros autores, esse fenômeno já foi descrito em maçã, mamona e manga, ocorrendo com mais freqüência em frutos de banana e café. Esses autores explicam que na formação de frutos grudados de manga ocorre a fusão de dois frutos no estágio inicial de desenvolvimento, podendo apresentar desenvolvimento uniforme, chegando ao final com tamanhos e formatos idênticos, ou um se desenvolver mais rapidamente que o outro, resultando em uma composição com um fruto grande e outro pequeno. De qualquer forma, deduz-se que o ponto comum neste tipo de anomalia, refere-se ao fato de que os frutos anormais são originários de inflorescências compostas de flores pequenas e próximas, o que obviamente facilita o fenômeno da fusão. Tratando das goiabas “siamesas” em evidência, nota-se que os frutos fusionados apresentam tamanhos ligeiramente diferentes um do outro, assim como o estágio de maturação que se mostra diferenciado. No entanto, os aspectos da polpa e das sementes são idênticos em ambos os frutos. Acompanhou-se a germinação das sementes destes dois frutos. Cem sementes de cada um deles foram retiradas e limpas. A germinação foi realizada em papel germiteste úmido mantido a temperatura alternada de 20°C no escuro e 30°C sob luz. A germinação iniciou-se 16 dias após a sementeira e estendeu-se por mais 15 dias. Todas as sementes germinaram e produziram plântulas normais. Esses frutos foram colhidos numa chácara localizada no Condomínio Solar de Brasília, Conjunto 6, Casa 26, cujas coordenadas são: 15°51'28,1" de latitude Sul e 047°48'43,2" de longitude Oeste, em uma altitude de 1107 metros. No vocábulo popular, essa anomalia que ocorre quando os frutos se formam pregados um ao outro, ou seja, “gêmeos”, é conhecida como fruto incho ou fruto felipe e está relacionado a uma série de crendices. Quando se encontra, por exemplo, um “café felipe” é dito que isso dá sorte, e após receber algo inusitado, conseqüência da “sorte”, deve-se passar o “café felipe” adiante para que surta o mesmo efeito ao próximo. Para frutos comestíveis *in natura*, como é o caso da goiaba, recomenda-se: “não se deve comer fruta inchoa; quem assim fizer arrisca-se, casando-se, a ter filhos gêmeos”.

¹Agronomia, graduando, União Pioneira de Integração Social-UPIS

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

114 - HAPLOTIPOS DE MTDNA COMO FERRAMENTA PARA AUXILIAR A ORIGEM DE RAÇAS NATURALIZADAS DO BRASIL: CASO DA OVELHA CRIOULA DO PANTANAL (MTDNA haplotypes in the study of naturalized livestock In Brazil: the case of the Creole sheep of Pantanal)

Araújo, A.R.¹, Gomes, W.S.², Caetano, A.R.³, Martins, C.F.⁴, Vargas Junior, F.M.⁵, McManus, C.⁶, Paiva, S.R.⁷

O Brasil possui grande potencial de crescimento da ovinocultura, porém é necessário um conhecimento mínimo dos principais padrões de diversidade genética existentes entre e dentro das raças. Estudos anteriores identificaram alguns padrões de diversidade genética entre várias raças naturalizadas e comerciais brasileiras. Recentemente, foi identificado um novo grupamento genético extremamente adaptado às condições do Pantanal Mato-grossense Brasileiro, conhecidos como raças “crioulas” ou “naturalizadas”, que podem apresentar vantagens em regimes de produção extensiva. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi identificar se este grupo genético é mais próximo às raças naturalizadas ou as raças comerciais existentes no Brasil. Foram selecionadas inicialmente 32 amostras desses animais coletadas em um rebanho mantido pela UNIDERP, Campo Grande-MS. O DNA foi extraído e um fragmento de aproximadamente 600 pares de bases foi amplificado e seqüenciado da região controle do mtDNA de todos os indivíduos. A amostragem foi acrescida de seqüências do GenBank para várias raças de ovinos bem como de outras seqüências previamente obtidas pelos autores. A Análise de variância Molecular (AMOVA) evidenciou uma baixa distância genética entre estes animais e outras raças naturalizadas brasileiras previamente analisadas (5-7%, $p < 0,00001$), do que sua diferenciação em relação às raças comerciais (30%). Dos quatro grupos, as raças comerciais e o rebanho da UNIDERP apresentaram maior número de haplótipos, enquanto que a maior diversidade foi observada entre as raças lanadas locais brasileiras. Desta forma, os animais da UNIDERP apresentaram haplótipos que os aproximam das raças naturalizadas lanadas (Sul) e deslanadas (Nordeste) brasileiras, reforçando a variabilidade genética do grupo e sua confirmação com um novo grupamento genético que deve se inserido no sistema de formação e monitoramento de conservação de recursos genéticos da Embrapa e parceiros.

Apoio: CAPES, CNPq e EMBRAPA.

¹Biologia, graduanda, Universidade Paulista-UNIP

²Biólogo, graduado, Universidade Federal de Uberlândia-UFU

³Zootecnista, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Méd.Vet., Ph.D., Univ. para o Desenvolvimento do Estado e da Região do Pantanal-UNIDERP

⁵Zootecnista, Ph.D., Univ. para o Desenvolvimento do Estado e da Região do Pantanal-UNIDERP

⁶Zootecnista, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁷Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

115 - IDENTIFICAÇÃO DE CAROTENÓIDES EM MARACUJÁ-DO-CERRADO (*Passiflora setacea*) [Carotenoids identification of passion fruits (*Passiflora setacea*) of Brazilian Cerrado]

Wondracek, D.C.¹, Sevilha, A.C.², Vieira, R.F.³, Faleiro, F.G.⁴, Agostini-Costa, T.S.⁵

A espécie *Passiflora setacea* DC, conhecida como maracujá-do-sono, maracujá-do-cerrado, maracujá-sururuca e maracujá-de-boi, é nativa do cerrado. Possui frutos com a casca verde-claro com listras verde-escuro em sentido longitudinal e a polpa, cor amarelo-claro ou creme. Apresenta potencial agrônômico, econômico e medicinal. *Passiflora edulis* Sims é a espécie de maracujá comercial, conhecida como maracujá-amarelo ou maracujá-azedo. O objetivo deste trabalho foi identificar os carotenóides na polpa de *P. setacea*, empregando a espécie *P. edulis* como referência. As amostras de *P. setacea* foram coletadas no CPAC, em Planaltina, DF, 2007 e na região de Montes Claros, MG, 2006. Os frutos de *P. edulis* foram adquiridos em uma rede de supermercados, na mesma época. Os carotenóides foram extraídos em acetona, saponificados, separados em coluna de óxido de magnésio: hyflosupercel e por HPLC (coluna ODS-2, 150 x 4,6 mm, 3 micras; gradiente de acetonitrila-trietilamina, metanol e acetato de etila) e identificados segundo Rodriguez-Amaya et al. 1999. Na espécie *P. edulis* predominou o zeta-caroteno (33,2%); o prolicopeno (11,4%) e o beta-caroteno (9,7%) foram encontrados em concentrações menores. Na espécie *P. setacea* predominou o beta-caroteno (36,4%); o zeta-caroteno foi encontrado em concentração bem menor (8,4%), assim como o prolicopeno (2,3%). Outros carotenóides encontrados em ambas as espécies foram a beta-criptoxantina, a anteraxantina, a violaxantina, a neoxantina, a auroxantina e um carotenóide não identificado.

Apoio: Programa Biodiversidade Brasil-Itália (PBBI).

¹Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

²Biólogo, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Cerrados

⁵Farmacêutica, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

116 - MAPEAMENTO E CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE NOVOS MICROSSATÉLITES DERIVADOS DE EST EM *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus urophylla* (Mapping and genetic characterization of new EST-SSR for *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus urophylla*)

Sena, J.S.¹, Mamani, E.M.², Pappas Junior, G.J.³, Grattapaglia, D.⁴

Mapas genéticos permitem o estudo de características multifatoriais complexas e fornecem a estrutura sobre a qual pode ser ancorado um mapa físico e, finalmente, a seqüência completa de um genoma. Neste trabalho incorporou-se um novo conjunto de microssatélites derivados de regiões transcritas no mapa genético referência construído com base em uma população de *E.grandis* x *E.urophylla*. Estes novos microssatélites agregam informação transcricional ao mapa genético e podem fornecer pistas sobre genes candidatos posicionais e/ou eventualmente permitir a seleção assistida. Uma bateria de 85 microssatélites foi selecionada a partir de uma triagem de mais de 220 pares de iniciadores desenhados sobre os consensos do banco de EST do Genolyptus. Do total de 85 locos, 19 apresentaram fragmentos de tamanho superior ao esperado não sendo possível a sua detecção. Dos 66 locos restantes, 67% segregaram em configuração informativa para mapeamento. Para a construção do mapa genético utilizou-se o software Joinmap gerando 11 grupos de ligação a um LOD 10,0 e fração de recombinação de 0,40. Os novos locos incorporados se distribuíram ao longo do genoma, enriquecendo principalmente o grupo de ligação 8. Dez locos em comum com um outro mapa genético construído para uma população pura da espécie temperada *E.globulus* revelaram-se sintênicos com as espécies tropicais. Uma análise comparativa da diversidade alélica entre 34 locos derivados de seqüências gênicas e 13 locos derivados de bibliotecas genômicas enriquecidas foi realizada em 16 indivíduos de populações naturais de *E. grandis* e *E. globulus*. O número médio de alelos por loco foi maior no grupo de microssatélites derivados de bibliotecas genômicas (13,9) em comparação àquele derivado de EST (8,4). Entretanto, apesar dos locos derivados de ESTs serem menos polimórficos, 11 dos 34 locos avaliados apresentaram entre 10 e 20 alelos com uma Hesp. média de 0,62. Um Fst de 0,23 foi estimado entre as espécies com elevados números de alelos privados em diversos locos, independentemente de sua origem. Finalmente, embora os microssatélites derivados de EST sejam relativamente menos informativos, eles apresentam vantagem no que se refere à robustez de amplificação, ausência de alelos nulos e transferibilidade interespecífica, possivelmente por se localizarem em regiões mais conservadas entre espécies.

Apoio: CNPq - Projeto Genolyptus MCT-FINEP.

¹Biologia, mestranda, Universidade Federal de Viçosa-UFV

²Biologia, doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

³Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Florestal, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

117 - MORFOLOGIA DE PLÂNTULAS RECÉM GERMINADAS DE ESPÉCIES DE *Arachis* (Seedling morphology of *Arachis* species)

Carpes, G.M.¹, Valls, J.F.M.²

As espécies do gênero *Arachis* mostram adaptações morfológicas bastante variadas, derivadas da necessidade de ajustes milenares às condições edáficas e climáticas dos ecossistemas em que habitam. Algumas adaptações morfológicas já podem ser percebidas durante a germinação das sementes e o desenvolvimento inicial do eixo central e dos primeiros ramos laterais. Derivado de um ramo em que, em teoria, todas as folhas seriam alternas, o modelo de plântula predominante resulta do bloqueio do alongamento dos entre-nós situados entre os cotilédones e entre as duas primeiras folhas normais. Desta maneira, os cotilédones mostram-se opostos, assim como as duas primeiras folhas, às quais seguem, no eixo central, folhas alternas. Entretanto, exceções casuais podem afetar raros indivíduos de um acesso. O alongamento de um entre-nó muito distinto entre os cotilédones foi documentado em duas plântulas de *A. pintoi* e a presença de dois pares de folhas normais opostas, em vez de um, foi observada em uma plântula de *A. simpsonii*. Todavia, alguns caracteres discrepantes do modelo predominante são típicos de todos os indivíduos de uma espécie. Aspectos muito peculiares são mostrados por espécies das secções taxonômicas *Heterantheae* e *Triseminatae*, ocorrentes no Nordeste semi-árido brasileiro. No gênero, como um todo, há grande variação na velocidade de germinação e alongamento dos primeiros entre-nós, assim como na intensidade e distribuição da pilosidade e na pigmentação inicial das plântulas. Mas, também se registram diferenças marcantes na proporção entre os comprimentos de hipocótilo e epicótilo, na forma e ornamentação interna dos cotilédones e na brotação das gemas que originam ramos cotiledonares. Algumas espécies, como *A. giacomettii* e *A. interrupta*, mostram cotilédones nitidamente peciolados. Esta última espécie e *A. triseminata* têm seus cotilédones internamente sulcados, enquanto a superfície ventral tende a ser plana na maioria das espécies. *Arachis seridoënsis* e *A. pusilla* mostram uma condição muito peculiar, com as gemas dos ramos cotiledonares afastadas da axila dos cotilédones, que, provavelmente, resulta de escorrimento dos tecidos em direção apical. A variação morfológica das plântulas enfatiza a heterogeneidade da secção *Heterantheae*.

Apoio: CNPq e Generation Challenge Program.

¹Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

118 - NOVOS DADOS GEOGRÁFICOS, CITOGENÉTICOS E MORFOLÓGICOS SOBRE *Arachis stenosperma* (New geographic, cytogenetic and morphological data on *Arachis stenosperma*)

Custodio, A.R.¹, Silva, G.S.², Valls, J.F.M.³, Peñaloza, A.P.S.⁴, Santos, S.⁵

Desde 2004, novas populações de *Arachis stenosperma* foram localizadas no litoral de São Paulo, em Praia Grande e Iguape, esta em área prevista por DIVA-GIS e a 800m de um sítio arqueológico. Uma população de Caraguatatuba/rio Juqueriquerê deve corresponder à coleta de G. Edwall, realizada entre 1891 e 1905. Na praia de Caiobá, Paraná, localizou-se a espécie sobre as primeiras dunas, vegetando sob estresse salino e hídrico. O acesso foi incorporado a estudos de resistência à seca. A espécie é eventualmente cultivada, no litoral, para fins medicinais. Uma população encontrada no Campus da USP, em São Paulo, discrepante pela altitude, deve estar vinculada à coleta de A. Gehrt, de 1920, no Instituto Butantã. Novas populações também foram detectadas em Paredão Grande e São Félix do Araguaia, no Mato Grosso, expandindo a área conhecida. Apesar da longa persistência dessas populações, outras estão ameaçadas pela urbanização e monoculturas. Análises citogenéticas indicaram $2n=20$ e a presença do par A nos acessos Sv3042 e V14092. O acesso V9010 mostrou cromossomo satelitado (SAT) tipo 5, confirmando observações prévias. Já o acesso V10309 mostrou tipo e posição do SAT distintos de relatos anteriores, sugerindo variabilidade intrapopulacional. Dados anteriores indicavam a ocorrência de folíolos extranumerários apenas em plantas litorâneas, mas estes também ocorrem naquelas ruderais da região central do Brasil, consideradas, por RAPD, as mais próximas aos acessos litorâneos. O acesso Sv3042 mostrou quinto e sexto folíolos nos ramos laterais, a campo e em telado, enquanto V12575 e V13796, tipicamente ruderais, mostraram somente um quinto folíolo. O acesso V13824 mostrou, em telado, folhas com até sete folíolos. As observações mostram que a ocorrência de folíolos extranumerários também se manifesta quando as plantas são cultivadas fora de seu ambiente natural e não está restrita à área disjunta litorânea. Os acessos mato-grossenses V14090 e V14091, de sítios distantes apenas 40km, foram comparados experimentalmente, surgindo folíolos extranumerários nas 25 plantas de V14090 e em nenhuma das 25 de V14091.

Apoio: Capes e CNPq.

¹Bióloga, doutoranda, Universidade Federal de Santa Catarina-UFSC

²Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB, Bolsista Capes

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Bolsista CNPq

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Assistente de Pesquisa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

119 - OTIMIZAÇÃO DE MARCADORES SSR PARA USO NO MAPEAMENTO GENÉTICO DE BANANEIRA (SSR molecular markers optimization for banana breeding programs)

Menezes, N.P.¹, Ciampi, A.Y.²

A banana, (*Musa* spp, Musaceae), é uma das frutas mais consumidas no mundo, sendo produzida e explorada na maioria dos países tropicais. A bananicultura brasileira apresenta vários fatores que podem afetar a produtividade, desde o baixo potencial de produtividade das principais cultivares exploradas até a intolerância à estiagem. Um dos principais problemas são as pragas como a sigatoka-amarela e a sigatoka-negra que podem causar perdas severas na produção, além de comprometer a qualidade das bananas causando danos para a economia. O desenvolvimento e aplicação de tecnologias baseadas no uso de marcadores moleculares fornecem ferramentas únicas, capazes de revelar polimorfismos ao nível de seqüências de DNA, suficientes para discriminar a variação genética existente entre indivíduos de populações segregantes para resistência as Sigatokas. Os SSR (*Simple Sequence Repeats*) ou microsatélites são marcadores genéticos que gera alto conteúdo informacional e grande confiabilidade em seus dados e possibilita a análise genômica para saturação de mapas genéticos para melhoramento genético de *Musa* spp. O objetivo deste trabalho foi otimizar os marcadores SSR identificados em seqüências de cDNA para resistência à *sigatoka* e de BAC de *Musa*, no sentido de serem disponibilizados para na construção de mapas genéticos de *Musa* spp. A otimização dos iniciadores SSRs foram realizados utilizando a amplificação das regiões com SSRs por meio de PCR utilizando 20 amostras de DNAs de *Musa* spp, incluindo indivíduos diplóides (que deram origem as cultivares de banana) resistentes e susceptíveis para Sigatokas. A detecção dos fragmentos amplificados foi realizada em eletroforese em géis de agarose/brometo de etídio e desnaturante de poliacrilamida com coloração por prata. Dos 48 iniciadores testados 25 apresentaram amplificações na temperatura de anelamento entre 56 – 60 °C. O nível de polimorfismo foi verificado foi de 2,7 alelos /iniciador. Estes resultados permitirão genotipar as população segregante de banana produzida, para mapeamento genético de bananeira da Embrapa Mandioca e Fruticultura.

Apoio: CNPq pelo suporte financeiro no projeto e da bolsista.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

120 - PRODUÇÃO DE NOVOS HÍBRIDOS ENTRE ESPÉCIES SILVESTRES ASSOCIADAS AOS GENOMAS A E B DO AMENDOIM (Production of new hybrids between wild species associated to the peanut A and B genomes)

Custodio, A.R.¹, Valls, J.F.M.²

Os parentes silvestres do amendoim, *Arachis hypogaea*, são uma fonte de diversidade genética e de características de interesse para o melhoramento da cultura. Porém, para que sua utilidade seja demonstrada, justificando iniciativas de conservação *ex situ*, é preciso caracterizar e apontar o uso potencial desses materiais. Espécies silvestres de *Arachis* vêm sendo coletadas, caracterizadas e incorporadas em ações de pré-melhoramento, que visam à produção de tetraplóides compatíveis com o amendoim. Mas, por muitos anos, o uso de diplóides silvestres havia sido fortemente concentrado em plantas associadas a seu genoma A. Buscando a produção de anfidiplóides (de fórmula AABB), foi realizado um ciclo de cruzamentos de quatro espécies associadas ao genoma A do amendoim, como genitores masculinos, e uma espécie (*A. gregoryi*, acesso V14957) vinculada a seu genoma B, como genitor feminino. Para a hibridação, os botões florais do genitor feminino foram emasculados, sempre ao entardecer. Na manhã seguinte, as flores do genitor feminino eram polinizadas artificialmente e identificadas por uma pequena etiqueta. Após quinze dias, aproximadamente, já era possível confirmar o sucesso na polinização, pelo surgimento do “peg”. Para as quatro combinações de cruzamento, foram realizadas 214 polinizações, que produziram 39 segmentos de frutos e 36 sementes. Nos cruzamentos entre *A. gregoryi* x *A. stenosperma* (V10309), iniciados ao final do período mais favorável ao crescimento vegetal, não houve sucesso, devido à baixa qualidade das flores produzidas pelo genitor feminino a esta época. No cruzamento *A. gregoryi* x *A. villosa* (V14309), houve formação de quatro sementes, que germinaram voluntariamente no vaso, permitindo o estabelecimento de três plântulas saudáveis. Dos cruzamentos *A. gregoryi* x *A. duranensis* (V14167) e *A. gregoryi* x *A. diogeni* (Vp5000), foram estabelecidas 28 e 4 plântulas, respectivamente, que estão em início de desenvolvimento em telado. O sucesso da produção de novos híbridos entre espécies silvestres diplóides da seção taxonômica *Arachis* associadas aos genomas A e B do amendoim enfatiza uma interessante via para introgressão de características de interesse restritas às espécies associadas ao genoma B, para programas de melhoramento do amendoim.

¹Bióloga, doutoranda, Universidade Federal de Santa Catarina-UFSC

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

121 - RELAÇÕES DE CRUZABILIDADE ENTRE ESPÉCIES E ACESSOS DE GERMOPLASMA BRASILEIRO DE ESPÉCIES SILVESTRES DE *Arachis* ASSOCIADAS AO GENOMA B DO AMENDOIM (*A. hypogaea*) [Crossing relationships between species and accessions of Brazilian wild *Arachis* germoplasm associated to the B genome of the peanut (*A. hypogaea*)]

Custodio, A.R.¹, Valls, J.F.M.²

O Banco Ativo de Germoplasma de *Arachis* conserva, há 27 anos, germoplasma silvestre de amendoim. O uso dessa fonte de variabilidade para o melhoramento de *A. hypogaea* exige sua caracterização. A incorporação de genes de espécies silvestres ao amendoim é uma etapa inicial de pré-melhoramento, que depende de manipulações de nível de ploidia. O aporte de genes dos parentes silvestres tem se concentrado em espécies diplóides que compartilham com o amendoim um dos seus genomas, o genoma A, o que se devia à baixa disponibilidade de acessos associáveis ao genoma B. A descoberta de muitos acessos brasileiros de espécies associadas a este segundo genoma abriu a perspectiva de introgressão de características genéticas disponíveis nas espécies de genoma B, o que exige conhecimento das relações e diversidade destas espécies e acessos. Assim, foi realizada uma etapa de hibridação, envolvendo 12 espécies diplóides da secção *Arachis*, não portadoras do par de cromossomos A e, portanto mais similares ao genoma B. Para a hibridação, os botões florais do genitor feminino, *A. Gregoryi*, acesso V14957, foram emasculados, sempre ao entardecer. Na manhã seguinte, tais flores eram polinizadas artificialmente e identificadas por uma pequena etiqueta. Após quinze dias, já era possível confirmar o sucesso na polinização, pelo surgimento do “peg”. Foram realizadas, 1154 polinizações, que produziram 317 segmentos de frutos e 271 sementes. O material encontra-se em desenvolvimento em condições de telado. No cruzamento entre *A. Gregoryi* x *A. glandulifera* V13738, houve formação de 27 segmentos de frutos, dos quais, 25 tiveram aborto do embrião nos estágios iniciais de desenvolvimento. No cruzamento *A. Gregoryi* x *A. Batizocoi* K 9484, as plântulas formadas não mostraram desenvolvimento da parte aérea e foram cultivadas *in vitro*. A mesma ação foi tomada para o cruzamento *A. Gregoryi* x *A. Hoehnei* KG 30006, que apresentou plântulas incapazes de se manterem. Nos demais cruzamentos, houve boa produção de híbridos, indicando maior proximidade entre as espécies e, abrindo linhas alternativas para a introgressão de características de interesse para o programa de melhoramento.

¹Bióloga, doutoranda, Universidade Federal de Santa Catarina-UFSC

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

122 - TRANSFERIBILIDADE DE PRIMERS MICROSSATÉLITES DE *Cucumis melo* PARA *Cucurbita moschata* E *Luffa cylindrica* (Transference of primers microsatellite of *Cucumis melo* for *Cucurbita moschata* and *Luffa cylindrica*)

Leite, T.L.¹, Diniz, B.T.¹, Ferreira, M.A.², Ferreira, M.A.J.F.³, Buso, G.S.C.³

A família Cucurbitaceae, grupo vegetal que habita as regiões tropicais do mundo, é formada por cerca de 118 gêneros que contém em torno de 825 espécies. Entre as espécies cultivadas desta família estão o melão (*Cucumis melo*), abóbora (*Cucurbita moschata*) e a abobrinha (*Cucurbita pepo*) que junto com algumas outras espécies, ocupam uma parcela significativa do agronegócio brasileiro, estimado em R\$ 300 milhões anuais. Estas espécies também são importantes para a agricultura familiar, pois essa culturas são utilizadas em lavouras de sub-existência. A espécie *Luffa cylindrica* (bucha vegetal), apesar de apresentar menor expressão econômica, é cultivada em áreas onde predomina a agricultura familiar. Sua produção tem aumentado diante do mercado promissor de consumo das esponjas vegetais. A bucha vegetal apresenta uma série de vantagens em relação àquelas fabricadas com materiais sintéticos pelo fato de serem naturais, biodegradáveis e não poluentes, já que não geram resíduos contaminantes na sua produção e beneficiamento. Devido a sua importância econômica, programas de melhoramento genético vêm sendo desenvolvidos para aumentar a eficiência do sistema produtivo. Uma forma eficiente de auxiliar os programas de melhoramento é a análise da variabilidade genética de genitores por meio de marcadores moleculares. O objetivo do trabalho é utilizar três diferentes grupos de famílias, buscando a transferibilidade de primers microsatélites entre espécies aparentadas pois podem possuir homologia das regiões que flanqueiam os microsatélites. A possibilidade de se usar marcadores microsatélites reduzirá de forma significativa o custo e o tempo necessário para realização das análises utilizadas nestes programas. Foram otimizados para este estudo em torno de 150 primers microsatélites, dos quais 40 mostraram-se promissores para as espécies estudadas, com temperaturas de anelamento dos primers variando de 48° a 60°C.

¹Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Químico, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

123 - VIABILIDADE DO GRÃO-DE-PÓLEN EM ESPÉCIES SILVESTRES DE *Arachis* (LEGUMINOSAE) [Pollen viability in wild species of *Arachis* (Leguminosae)]

Custodio, A.R.¹, Valls, J.F.M.²

Várias espécies silvestres de *Arachis* mostram características de interesse para o melhoramento genético do amendoim (*A. hypogaea*). No entanto, a utilização de características das espécies diplóides depende da construção de linhagens anfidiplóides, para cruzamentos viáveis com o amendoim. A avaliação da utilidade do germoplasma silvestre para incorporação a programas de melhoramento depende da confirmação de sua compatibilidade em cruzamentos, o que exige experimentos de hibridação intra e interespecífica, antes dos quais é necessário confirmar a viabilidade do pólen. Para a análise desta viabilidade, foram aplicadas duas técnicas, uma indireta, por coloração com carmim acético, e a outra direta, por germinação em Meio 11 com adição de sacarose. Durante um período de oito semanas, foi coletada uma flor a cada semana de cada um dos 21 acessos selecionados, sempre entre as 08:00 e 10:00h. No método indireto, de cada flor foram contadas cinco repetições de 100 grãos-de-pólen, totalizando 500 grãos por flor. Foi calculada a média e os valores foram expressos em porcentagem. No método direto, foi contado o número de tubos polínicos mais longos que o maior diâmetro do grão-de-pólen, expressando-se os resultados em porcentagem. Os resultados de coloração mostraram valores acima de 80% para a grande maioria dos acessos, tendo algumas contagens individuais alcançado 100%. Apenas um acesso (*A. valida* V13514) mostrou valor médio inferior, limitado a 71,92%. As primeiras flores produzidas por este acesso apresentaram grãos-de-pólen mal formados. Passadas algumas semanas, os grãos-de-pólen mostraram melhor formação, aumentando estatisticamente a relação entre grãos bem e mal formados. Os valores percentuais de germinação variaram entre 60,02 e 87,45%. A diferença de 10 a 20 % entre os métodos utilizados é relatada na literatura como comum e, deve-se à diferença de exatidão entre as duas técnicas. Contudo, mesmo considerando-se os percentuais menores da análise de germinação, todos os acessos estudados apresentaram alta viabilidade dos grãos-de-pólen, o que confirmou que os acessos selecionados como paternos eram aptos para polinizar eficientemente as flores do genitor maternal.

¹Bióloga, doutoranda, Universidade Federal de Santa Catarina-UFSC

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Conservação

124 - A IMPORTÂNCIA DO SIBRARGEN NA GESTÃO DA COLEÇÃO DE BASE (The importance of Sibrargen to base collection management)

Couto, C.S.¹, Pereira Neto, L.G.², Padilha, L.S.³, Monteiro, J.S.⁴

O Sistema Brasileiro de Informação de Recursos Genéticos (Sibrargen) foi iniciado em 1977, com o objetivo de armazenar e tornar acessíveis as informações geradas sobre recursos genéticos vegetais. O sistema foi desenvolvido com a finalidade de Introduzir, Classificar, Analisar, Preservar e Renovar Material Genético, e vem sendo acrescido de conceitos novos utilizados em outros sistemas de informação, exemplo, o Germplasm Resource Information Network -GRIN, USDA/USA. Em 1976, a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia iniciou uma Coleção de Base Germoplasma-Sementes (Colbase) de espécies com importância alimentar e agrícola para o país. Atualmente, a Colbase é formada por 102.683 acessos de 652 espécies e através do Sibrargen pode-se verificar os registros quanto sua origem, testes de germinação, umidade, patologia e sanidade, de cada acesso armazenado, para servir como fonte de pesquisa para programas de melhoramento. Devido à complexidade da Coleção, o Sibrargen vem facilitando o manuseio das atividades, desde a introdução e identificação dos acessos até o armazenamento nas câmaras frias -20°C, e monitorações realizadas periodicamente nas populações de sementes. O Sibrargen é uma ferramenta importante e eficaz para registrar os dados com segurança de toda a coleção conservada a longo prazo.

¹Ciências Contábeis, graduando, Faculdade Michelangelo

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Assistente, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Administração, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

125 - ANÁLISE GENÉTICA DE *Dyckia distachya* HASSLER (BROMELIACEAE) UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD (Genetic analysis of *Dyckia distachya* Hassler (Bromeliaceae) using RAPD molecular marker)

Gavião, C.F.C.¹, Sujii, P.S.², Alegria, M.R.M.¹, Ciampi, A.Y.³

A avaliação da variabilidade genética das espécies nativas é um importante parâmetro a ser considerado na definição de programas de conservação e coleta, principalmente para aquelas sob forte pressão antrópica. A *Dyckia distachya* Hassler (Bromeliaceae), é uma espécie endêmica da América do Sul, ocorre exclusivamente em ilhas e ao longo de bancos rochosos dos rios Uruguai e Paraná, no oeste de Santa Catarina e sul do Paraná. É considerada uma espécie em perigo de extinção de acordo com a Lista Oficial de Flora Ameaçada de Extinção – IBAMA, 1992, possivelmente pela sua utilização como planta ornamental e pela degradação do habitat. O uso de marcadores moleculares constitui uma estratégia que possibilita estimar eficientemente esta variabilidade genética, mesmo com pouca ou nenhuma informação genética prévia da espécie, como no caso da *D. distachya*. Desta forma, a metodologia RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*) tem sido indicada por ser uma técnica baseada em PCR, de baixo custo, que permite a análise genética de um grande número de indivíduos em curto prazo, evidenciando vários fragmentos amplificados e facilitando a obtenção de polimorfismo. Com o objetivo de avaliar a variabilidade genética de quatro populações de *D. distachya* que ocorrem na área de Aproveitamento Hidroelétrico (AHE) de Barra Grande, SC/RS, o DNA de folhas frescas de 92 indivíduos foi extraído. Para a análise genética, foi feita uma seleção de iniciadores utilizando um indivíduo de cada população, com 173 iniciadores da *Operon Technologies*, dos quais 19 permitiram ampliações de 3 a 8 fragmentos polimórficos/iniciador. A genotipagem de todos os indivíduos permitiu gerar 85 marcas RAPD, as quais foram analisadas pelo programa NTSYS 2.1, utilizando o coeficiente de similaridade DICE pelo método de agrupamento UPGMA. O dendrograma gerado mostrou dissimilaridade média entorno de 40%, evidenciando a formação de três agrupamentos distintos, o primeiro formado por indivíduos da população 1, o segundo pela população 2 e o terceiro, por indivíduos das populações 3 e 4. A variabilidade genética considerável e a existência de uma diferenciação entre as populações analisadas, fornecem subsídios para o programa de conservação e coleta de germoplasma da *D. distachya* visando a recuperação de áreas degradadas.

Apoio: Baesa e Funarbe.

¹Bióloga, B.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Bolsista Funarbe

²Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

126 - ANÁLISE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *Butia eriosphata* (MART. EX DRUDE) BECC UTILIZANDO MARCADORES MOLECULARES RAPD (Genetic variability in populations of *Butia eriosphata* using RAPD markers)

Santos, A.C.V.¹, Inglis, P.W.², Ciampi, A.Y.³

Butia eriosphata (Mart. ex Drude) Becc. (Arecaceae), espécie endêmica da Região Sul do Brasil, ocorre em florestas abertas e florestas de Araucária e foi considerada vulnerável de acordo com a lista da IUCN (2007). Butiá, como é conhecida, é utilizada para ornamentação, artesanato, alimentação e preparo de bebidas. A avaliação da variabilidade genética da espécie é um importante parâmetro para definir programas de manejo e de conservação de espécies, principalmente para aquelas sob forte pressão antrópica. Neste estudo é necessário o uso de marcadores moleculares, como o RAPD (*Random Amplified Polimorphism DNA*), que possibilita analisar espécies das quais não se tem informação genética prévia, sendo uma técnica baseada em PCR (*Polymerase Chain Reaction*), de baixo custo e que permite a análise de um grande número de indivíduos em curto prazo. O objetivo é avaliar a variabilidade genética em populações de *B. eriosphata*, ocorrentes na área de Aproveitamento Hidroelétrico (AHE) de Barra Grande, SC/RS. Para a análise genética, foi extraído DNA de folhas frescas de 76 indivíduos de três populações. A seleção inicial de *primers* foi feita utilizando um indivíduo de cada população, com 48 iniciadores da *Operon Technologies*, dos quais 21 permitiram ampliações de duas a cinco bandas polimórficas por iniciador. A genotipagem dos 76 indivíduos permitiu gerar 71 marcas RAPD, que foram analisadas pelo programa NTSYS 2.1, utilizando o coeficiente DICE pelo método de agrupamento UPGMA. O dendrograma gerado mostrou dissimilaridade média em torno de 50%, com a formação de dois grupos distintos: o primeiro formado por indivíduos da população 1 e o segundo por indivíduos das populações 2 e 3. No entanto, para o desenvolvimento de estratégias de conservação com parâmetros genéticos mais robustos, recomenda-se a realização de estudos utilizando outras técnicas de análise molecular codominante a utilização de marcadores moleculares microssatélites, os quais fornecem resultados mais detalhados para o desenvolvimento de estratégias de conservação e manejo sustentável da espécie.

Apoio: Baesa e Funarbe.

¹Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia-Consultor Funarbe

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

127 - CONSERVAÇÃO A LONGO PRAZO DE GERMOPLASMA-SEMENTE DE CEVADA (*Hordeum vulgare* L.) [Long term conservation of seed of barley (*Hordeum vulgare* L.)]

Silva, R.C.¹, Goedert, C.O.²

A alta variabilidade genética é condição essencial para o desenvolvimento de cultivares com mais alta produtividade, adaptadas a diversas condições ecológicas e com maior resistência a pragas e doenças. A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia é responsável pela conservação a longo prazo da coleção de cevada (*Hordeum vulgare* L.), com objetivo de garantir por muitas décadas, a sobrevivência dessas sementes e sua disponibilização para programas de melhoramento genético. As sementes de cevada têm comportamento ortodoxo, ou seja, podem ser desidratadas a baixos teores de umidade e mantidas em temperaturas sub-zero. O presente trabalho tem como principal objetivo, avaliar o comportamento, após 15 anos, de 35 acessos de germoplasma da duplicata da coleção internacional de cevada, hábito de primavera, conservados na Colbase, em câmara fria (-20°C), através de testes de germinação e teor de umidade das sementes. Os resultados dos testes de umidade não se mostraram satisfatórios, pois de acordo com as normas que regem a conservação a longo prazo, recomendadas pelo Comitê Assessor para Armazenamento de Sementes do International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI, 1994), as sementes armazenadas a longo prazo, devem permanecer com teores entre 5±2% de umidade. Isso não foi encontrado nos acessos apresentados, de modo que os teores variaram entre 6 e 10%, indicando que as sementes dos acessos já entraram no processo com alto teor de umidade. Porém, parece que não houve dano às sementes, como pode ser observado nos resultados do teste inicial da germinação, dos 35 acessos analisados; todos entraram no sistema de armazenamento com alta percentagem de viabilidade, e após 15 anos permaneceram ou aumentaram seu poder germinativo, como observado no teste de monitoração. Conclui-se que esta coleção, nas condições de armazenamento usadas, mesmo com teores de umidade acima do recomendado e embaladas em envelopes impermeáveis, foram suficientes para a manutenção da energia vital das sementes por longos anos.

¹Biologia, graduando, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

128 - CONSERVAÇÃO DE SEMENTES DE CULTIVARES DE *Coffea arabica* POR MEIO DE CRIOPRESERVAÇÃO (Conservation of *Coffea arabica* seeds by cryopreservation)

Silva, P.A.P.¹, Oliveira, M.A.P.², Carvalho, C.H.S.³, Eira, M.T.S.⁴

A introdução de sementes de café em 1727 e o isolamento de mutantes e recombinantes naturais de plantações na década de 1930, marca a primeira fase do melhoramento genético de café no Brasil, com variedades como a “Typica”, “Amarelo de Botucatu”, “Maragogipe”, “Caturra” e “Bourbon Amarelo”. Atualmente, essas cultivares antigas não são mais recomendadas, mas apresentam grande valor como germoplasma. A segunda fase teve início a partir de 1933, quando o Instituto Agrônomo de Campinas através de melhoramento clássico selecionou progênies de materiais introduzidos como “Bourbon” e “Sumatra”. E entre as décadas de 1940 e 1960, desenvolveu as cultivares “Mundo Novo” e “Catuaí”, as quais constituem atualmente quase toda base da cafeicultura brasileira. No gênero *Coffea*, as sementes apresentam comportamento intermediário e os estudos sobre armazenamento tem indicado a criopreservação como alternativa de conservação a longo prazo. O objetivo deste trabalho foi estudar o comportamento de sementes de cultivares antigas, mutantes e melhoradas em condições de criopreservação. Nas sementes recém-colhidas determinou-se o grau de umidade em 2 repetições de 5 sementes, em estufa a 105±3°C, por 24 horas. O teste de germinação foi realizado com 4 repetições com 10 sementes, em rolos de papel a 25°C, por 60 dias. Contagens intermediárias foram feitas a cada 15 dias. As sementes tiveram o grau de umidade ajustado em solução salina de brometo de potássio (KBr, UR=78%), atingindo cerca de 20% de grau de umidade, ideal para a criopreservação. Após dois meses sob criopreservação, a viabilidade das sementes apresentou uma queda que variou de 5 a 47%, sendo mais acentuada nas variedades que apresentavam porcentagem de germinação inicial mais baixa. De maneira geral a viabilidade das sementes tanto de materiais melhorados quanto de materiais mais antigos foi mantida, evidenciando a criopreservação como alternativa viável de conservação do germoplasma de café.

Apoio: PNP&D/Café.

¹Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Bióloga, Ph.D., Bolsista

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Café

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Café / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

129 - CONSERVAÇÃO A LONGO PRAZO DE SEMENTES DE ALGODÃO-DO-CAMPO (*Cochlospermum regium* (SCHRANK) PILGER) [Long term seed conservation of algodão-do-campo (*Cochlospermum regium* (Schrank) Pilger)]

Camillo, J.¹, Vieira, R.F.², Salomão, A.N.³, Mundim, R.C.⁴

O algodão-do-campo é um arbusto de aproximadamente 2 metros de altura, com raízes lenhosas, resistentes e bastante profundas. A espécie é de ocorrência comum no bioma Cerrado (*cerrado sensu stricto*, cerradão, campo limpo, campo sujo, campo cerrado, mata ciliar), Caatinga e Pantanal, das regiões Centro-Oeste e Nordeste do Brasil. Na medicina popular suas raízes são utilizadas na forma de fatias, lascas ou pó, no preparo de decoctos, infusões e garrafadas para o tratamento de infecções uterinas, intestinais e ovarianas, gastrite, úlceras, artrite e afecções da pele. O extrativismo crescente somado à destruição dos habitats naturais, colocaram o algodão-do-campo como uma espécie medicinal nativa necessária de conservação. O objetivo deste trabalho foi avaliar as melhores condições de germinação de sementes de Algodãozinho, visando estabelecer um protocolo de conservação de sementes em longo prazo. As sementes foram coletadas em populações selecionadas no entorno do Distrito Federal, na fase de dispersão das sementes, cerca de 70 dias após a floração. As sementes foram colocadas para germinar em caixas gerbox, tendo como substrato papel filtro umedecido com água destilada. Realizaram-se três tratamentos com quatro repetições, sendo T – testemunha; T₁ – escarificação por 40 minutos em H₂SO₄; e T₂ – substrato umedecido com KNO₃; em presença e ausência de luz. As caixas foram depositadas em germinadores a temperatura constante de 25°C, com avaliações diárias por um período de 30 dias. Os resultados preliminares indicam que a escarificação com H₂SO₄ por 40 minutos, promoveu uma quebra de dormência nas sementes. O percentual médio de germinação em T₁ foi de 66,25%, bastante elevado em comparação com a testemunha, que obteve 0% de germinação e T₂ que obteve apenas 2,5%. A combinação da escarificação em ácido sulfúrico e luminosidade proporcionaram a melhor condição para a germinação desta espécie, até o momento.

Apoio: Embrapa.

¹Eng. Agr., mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Florestal, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

130 - CONSERVAÇÃO *IN SITU* DE PEQUI (*Caryocar brasiliense* CAMB.) EM CERRADO *SENSU STRICTO* NA TERRA INDÍGENA KRAHÔ (*In situ* conservation of Pequi (*Caryocar brasiliense* Camb.) in Cerrado *sensu stricto* in the Krahô's land)

Minervino, J.¹, Dias, T.A.B.², Krahô, A.³

O *Caryocar brasiliense* Camb. foi tombado como patrimônio ecológico, pelo decreto nº 14.783 de 17 de Junho de 1993. A comunidade indígena Krahô utiliza o pequi para fins medicinais, cosméticos e alimentares, além de estar associado aos diversos ritos ligados à sua cultura. Atualmente, queimadas descontroladas, tanto na área indígena, quanto no entorno, tem dificultado a regeneração de mudas e plântulas de pequi, com conseqüências à estrutura das populações locais desta espécie. A partir da troca de conhecimentos proporcionados pelo Programa Biodiversidade Brasil Itália – PBBI, entre extrativistas da Chapada do Araripe e indígenas Krahô, foi implementada uma unidade de extração de óleo vegetal na Associação União das Aldeias Indígenas Krahô – Kapéy, nordeste do Tocantins, a maior área de cerrado contínuo preservado do Brasil. Com o objetivo de substituir o uso do óleo de soja pelo óleo de pequi e de conservar os recursos genéticos desta espécie, pretende-se estudar a área que compreende os 6km que separam a Kapéy da Aldeia Santa Cruz. Primeiramente a fitossociologia local para efeito de comparação, onde já foram mensuradas as variáveis de DAB (Diâmetro a altura da base), DAP (Diâmetro a altura do peito) e H (altura). Na primeira etapa se fará a identificação das espécies encontradas em 10 parcelas de 0,1ha cada, distribuídas aleatoriamente em 2.500m de estrada por 200m de largura em um cerrado *sensu stricto*. Na segunda etapa irá se estudar a densidade, estrutura de populações, distribuição e produtividade dos pequizeiros a fim de colher informações acerca da dinâmica desta espécie. As informações e os resultados obtidos devem compor, juntamente com o conhecimento tradicional, subsídios e ações para o manejo *in situ* na Terra Krahô.

Apoio: PBBI, Programa de Agricultura Familiar e Macro 6 – Embrapa.

¹Engenharia Florestal, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Coordenador Associação União das Aldeias Indígenas Krahô, Kapéy

131 - ESPÉCIES UTILIZADAS COMO LENHA PELOS AGRICULTORES DA COMUNIDADE ÁGUA BOA II, RIO PARDO, MINAS GERAIS/MG (Species used for firewood by farmers from Água Boa II, Rio Pardo de Minas, Minas Gerais state, Brazil)

Oliveira, A.C.¹, Cavechia, L.A.², Lima, I.L.P.³, Correia, J.R.⁴, Bustamante, P.G.⁵

A totalidade das 80 residências da Comunidade Água Boa II, localizada em área de transição Cerrado/Caatinga, na Serra do Espinhaço/MG, utiliza fogão a lenha para preparar suas refeições diárias e extrai esse recurso a partir da coleta de espécies vegetais no entorno de suas residências. Com objetivo de se conhecer as espécies utilizadas como lenha pelas famílias, para subsidiar estudos sobre o impacto gerado por essa atividade e para sugerir manejo sustentável do cerrado local, foram aplicadas entrevistas estruturadas, em fevereiro de 2007 (época das águas) e agosto do mesmo ano (época seca) com a seguinte pergunta: *‘Que lenha você usa nessa época?’*. A entrevista foi realizada junto a todas as famílias dos geraizeiros, população tradicional que habita a região desde tempos imemoriais. A partir de 1970, entretanto a vida dos habitantes da região passou por grandes transformações com a chegada das empresas reflorestadoras e a introdução das culturas de *Pinus* e *Eucaliptus*, por meio de grandes projetos. Para o governo federal as terras eram consideradas “inteiramente desocupadas e inproveitadas”. Grande foi o impacto na oferta de alimentos e lenha para a população local. Houve conseqüências também na disponibilidade de água. Diante disso, os resultados obtidos indicam mais do que as espécies utilizadas. Dão indicativos das espécies de cerrado fundamentais para o reflorestamento. Os resultados obtidos foram: 18 famílias locais citaram Eucalipto (*Eucaliptus* sp.), 14 citaram vários tipos de lenha coletada em área de carrasco, 13 citaram qualquer tipo de lenha, 12 citaram Vinhático (*Plathymenia* sp.), 11 citaram vários tipos de lenha coletada em área de tabuleiro, 10 citaram angico (*Anadenanthera* sp.), 9 citaram veludo (*Gochnatia* sp.), 8 citaram macaqueira (*Diospyros* sp.).

¹Bióloga, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

²Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB, Finatec

³Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Cerrados

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

132 - ESTIMATIVA DE DIVERSIDADE GENÉTICA DE *Cedrela fissilis* VELL (MELIACEAE), UMA ESPÉCIE AMEAÇADA (Genetic diversity estimative of *Cedrela fissilis* Vell (Meliaceae), an endangered species)

Sujii, P.S.¹, Azevedo, V.C.R.², Ciampi, A.Y.²

O cedro, *Cedrela fissilis* Vell. (Meliaceae), é utilizado para marcenaria, construção e reflorestamento heterogêneo de áreas degradadas. É classificado como espécie ameaçada, com alto risco de extinção pela IUCN (2007) devido ao alto nível de exploração e à degradação das áreas de ocorrência (florestas semidecídua e pluvial Atlântica). Estudos genéticos de populações ameaçadas são importantes para o planejamento de estratégias de conservação que proporcionem maior viabilidade da espécie. Marcadores *SSR* (*Simple Sequence Repeats*) são vantajosos para esse fim, pois possuem elevado conteúdo de informações de polimorfismo, apresentam expressão co-dominante e multialélica, além de serem muito freqüentes e distribuídos ao acaso em genomas eucariotos. O presente estudo teve como objetivo gerar informações de diversidade genética a fim de fornecer subsídios para a conservação e a reintrodução de *C. fissilis*. Fragmentos de DNA de oito famílias (um adulto e 11 indivíduos da progênie de meio-irmãos) de uma população foram amplificados via *PCR* (*Polymerase Chain Reaction*) utilizando três iniciadores microssatélites desenvolvidos para a espécie. A genotipagem dos fragmentos foi feita utilizando seqüenciador automático e os programas GeneScan e Genotyper. A partir dos dados gerados, foram calculados: heterozigosidades esperada (H_e) e observada (H_o), número de alelos polimórficos por loco (A_p) e índice de fixação (f). Os três iniciadores utilizados permitiram a amplificação de quatro locos, com A_p variando entre quatro e 10; $H_e=0,67$; $H_o=0,68$; $f=-0,02$. Esses resultados evidenciam a potência dos marcadores nas investigações de estimativa de fluxo gênico, paternidade e diversidade genética. Estudos com outros dois iniciadores estão sendo desenvolvidos visando obter pelo menos cinco locos para avaliar quatro populações, estabelecer sua estrutura populacional e diversidade genética para subsidiar estratégias de conservação e recuperação áreas degradadas.

¹Biologia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

133 - FEIRAS DE SEMENTES TRADICIONAIS E A CONSERVAÇÃO LOCAL DE RECURSOS GENÉTICOS DO POVO INDÍGENA KRAHÔ (Traditional seeds fair on local conservation of the genetic resources of the Krahô Indian nation)

Minervino, J.¹, Magalhães, V.², Dias, T.A.B.³, Krahô, A.⁴

O resgate das variedades tradicionais de milho pöhympej, realizado pelo povo Krahô, das câmaras de conservação de sementes – Colbase no ano de 1995, fortaleceu a auto – estima daquela comunidade. As sementes tradicionais estão associadas à cultura do povo Krahô, ou seja, estes recursos genéticos estão intimamente ligados às suas músicas, cantos, rituais e dieta alimentar. Com a introdução de novas espécies agrícolas e as constantes queimadas na região, algumas variedades tradicionais se encontram ameaçadas e/ou já extintas localmente. A partir desta situação, as lideranças da Associação União das Aldeias Indígenas Krahô – Kapéy se reuniram e resolveram organizar encontros, de dois em dois anos, entre os agricultores indígenas, fomentando a troca de sementes tradicionais como uma forma de disseminar e recuperar esses materiais genéticos e conservá-los *in situ* sob cultivo (*on farm*). A primeira feira de troca de sementes tradicionais Krahô foi realizada em 1997, a partir de então elas vêm acontecendo bienalmente nas épocas que antecedem os plantios. O evento, a ser realizado este ano, está em sua sétima edição e conta com a participação de diversos povos indígenas, como os Canela/MA, Krikati/MA Gavião/MA, Kaingang/SC, Guarani/MS, Macuxi/RR, Wapixana/RR, Shanenawa/AC, Avá-Canoeiro/GO, Carajá/MT, Kaxinawá/AC, Xerente/TO, Cariri – Xocó/AL, Desana/AM, Guató/MS, além de representantes do povo Quilombola Kalunga, indigenistas e pesquisadores. Nesta ocasião, ocorre também a premiação por agrobiodiversidade local, onde a Aldeia que apresentar a maior diversidade de espécies e variedades de fava, milho, inhame, arroz e batata-doce é premiada. A promoção da Feira de Sementes Tradicionais Krahô e desta premiação são estratégias locais para: a conservação *in situ* sob cultivo (*on farm*) de sementes tradicionais, a troca de conhecimentos entre etnias e o fomento a circulação de sementes de produtos alimentícios, cosméticos, medicinais e artesanais, refletindo na valorização do orgulho da herança cultural.

Apoio: Petrobrás, FUNAI e PBBI.

¹Engenharia Florestal, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Agronomia, graduando, Universidade de Brasília-UnB

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Coordenador da Associação União das Aldeias Krahô-Kapéy

134 - MICROPROPAGAÇÃO DE ALGODÃO-DO-CAMPO [*Cochlospermum regium* (SCHRANK) PILGER] [Algodão-do-campo (*Cochlospermum regium* (Schrank) Pilger) micropropagation]

Camillo, J.¹, Vieira, R.F.², Mendes, R.A.², Cardoso, L.D.³

O algodão-do-campo é uma planta de porte arbustivo, podendo chegar até 2 metros de altura, com raízes lenhosas e bastante profundas. Apresenta ampla distribuição e ocorrência local pouco freqüente, característico de bioma de Cerrado (cerrado *sensu stricto*, cerradão, campo limpo, campo sujo, campo cerrado, mata ciliar), Caatinga e Pantanal das regiões Centro-Oeste e Nordeste do Brasil. Na medicina popular suas raízes são utilizadas na forma de fatias, lascas ou pó, no preparo de decoctos, infusões e garrafadas para o tratamento de infecções uterinas, intestinais e ovarianas, gastrite, úlceras, artrite e afecções da pele. O objetivo deste trabalho foi avaliar o comportamento *in vitro* da espécie, para estabelecer um protocolo de multiplicação e conservação. As sementes foram mantidas em água destilada por 48 horas, e inoculadas em meio de cultura ½ MS, após serem submetidas a tratamento com e sem escarificação química (40 minutos em ácido sulfúrico). As plântulas regeneradas a partir das sementes escarificadas, foram utilizadas como fonte de explante para a multiplicação. Foram avaliados diferentes tipos de explantes: raiz (R), caule (C), caule com gema axilar (Cg) e ponteira (P). Para a multiplicação, foi testado o meio de cultura ½ MS com e sem adição de carvão ativado (2g/l). As sementes escarificadas apresentaram, aos 30 dias após a inoculação, um percentual de germinação de 93,33%, enquanto que sementes não escarificadas apresentaram crescimento desuniforme e percentual de germinação de apenas 16,66%, contudo aos 180 dias atingiram 76,66% de germinação. Os explantes tipo Cg mostraram maior eficiência do que os demais, regenerando novos brotos em 96,1% dos explantes. A concentração ½ MS + carvão mostrou-se mais propícia para manutenção das plântulas, porque reduziu significativamente a queima de ponteira e de bordos foliares.

Apoio: Embrapa.

¹Eng. Agr., mestranda, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Assistente de Pesquisa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

135 - MONITORAÇÃO DE ACESSOS DE TOMATE (*Solanum lycopersicum*) CONSERVADOS A LONGO PRAZO NA EMBRAPA [Monitoring of tomato (*Solanum lycopersicum*) accessions in a long term storage at Embrapa]

Cunha Junior, A.R.¹, Pereira Neto, L.G.², Wetzel, M.M.V.S.³, Pais, V.O.⁴

O tomateiro (*Solanum lycopersicum*) é uma espécie originária da América Central, pertencente à família Solanaceae. A cultura do tomate é uma das mais importantes dentre as hortaliças cultivadas no Brasil, sendo também uma das culturas mais pesquisadas em melhoramento genético. A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia possui uma Coleção de Base de Germoplasma-Semente (Colbase) de 103.000 acessos de 894 espécies, sendo o tomate uma das coleções formada por 1.388 acessos. A Coleção de Base encontra-se armazenada com sementes desidratadas (3-7%), em temperatura de -20°C. Testes de germinação são realizados no início do período de armazenamento e a cada 10 anos, sendo este processo denominado de monitoração da Colbase. Foram monitorados em três períodos consecutivos 14 acessos de tomate com média do poder germinativo inicial em 1980 de 69,2% , em 1995 a média do PG foi de 69,7% e em 2006 a média foi de 65,5%, demonstrando que após um período de 26 anos de armazenamento os acessos estão com uma perda mínima da qualidade fisiológica inicial. Outros 136 acessos foram avaliados durante dois períodos, sendo a média do PG inicial em 1980 de 87,05% e em 2006 foi de 85,10%, confirmando o resultado apresentado anteriormente. Pode-se concluir que os procedimentos adotados na conservação a longo prazo do banco de germoplasma-semente da Embrapa são altamente viáveis e satisfatórios, estando de acordo com os procedimentos adotados a nível internacional.

¹Estudante Nível Médio, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Assistente de Pesquisa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

136 - MONITORAMENTO GENÉTICO DO NÚCLEO DE CONSERVAÇÃO DA RAÇA SOMALIS BRASILEIRA (*Ovis aries*) POR MEIO DE LOCOS DE MICROSSATÉLITES [Genetic monitoring of the conservation nucleus from Brazilian hair sheep breed Somalis (*Ovis aires*) by means microsatellite markers]

Barretto, G.B.¹, Facó, O.², Lobo, R.N.², Egito, A.A.³, Castro, S.T.R.³, Albuquerque, M.S.M.⁴, Mariante, A.S.⁴, Paiva, S.R.⁵

Os primeiros registros da introdução dos ovinos Somalis no Brasil datam do início do século passado no Estado do Rio de Janeiro, entretanto, estes não se adaptaram à região. Desta forma, os mesmos foram levados para a região Nordeste do país, onde se adaptaram ao clima e a escassez de alimentos. Objetivando testar o potencial dos marcadores moleculares para uso rotineiro no manejo genético de rebanhos foram utilizados 19 locos de microsatélites em 48 animais do Núcleo de Conservação da raça Somalis Brasileira pertencentes a Embrapa Caprinos. A amostragem foi realizada no período de 1997 a 2001. Em termo de diversidade total do rebanho foi observada uma média de 5,32 alelos, uma heterozigosidade esperada de 0,5896, uma heterozigosidade observada de 0,6451 e um índice de consangüinidade (F_{IS}) de -0,095. A exceção do valor de F_{IS} a raça Somalis Brasileira apresentou uma menor variabilidade quando comparada com outras raças de ovinos brasileiras estudadas anteriormente, o que talvez possa ser explicado pela amostragem contemplar apenas indivíduos de um rebanho. Para corroborar este padrão foi observada uma média de 0,4126 para o coeficiente de coancestralidade molecular dentro do rebanho. A comparação das médias de coancestralidade molecular ao longo dos anos evidenciou uma tendência de aumento progressivo deste parâmetro dentro do rebanho de maneira que o menor valor observado foi de 0,4157 em 1999 e o maior foi de 0,4769 no ano de 2001 (uma variação de aproximadamente 12%). Estimativas do índice de consangüinidade a partir da análise direta das genealogias dos animais confirmam os resultados obtidos pelos microsatélites de maneira que foi identificado um aumento contínuo da consangüinidade do rebanho. A partir destes resultados foi possível verificar que os microsatélites são ferramentas úteis no manejo genético de rebanhos, principalmente quando não houver controle zootécnico adequado e rotineiro. Com base nos resultados obtidos, e apesar da existência do controle zootécnico rotineiro realizado no rebanho da raça Somalis Brasileira da Embrapa Caprinos, medidas de manejo adicionais serão realizadas neste rebanho, visando reduzir o índice de consangüinidade e otimizar sua variabilidade genética.

Apoio: CNPq e Embrapa.

¹Med. Vet., graduando, União Pioneira de Integração Social-UPIS

²Zootecnista, Ph.D., Embrapa Caprinos

³Med. Vet., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

137 - ORIGEM DAS RAÇAS LOCAIS DE SUÍNOS NO BRASIL A PARTIR DO DNA MITOCONDRIAL: PERSPECTIVAS PARA A CONSERVAÇÃO DA ESPÉCIE (Origin of local pig breeds in Brazil based on mitochondrial DNA: perspectives for species conservation)

Souza, C.A.¹, Paiva, S.R.², Mariante, A.S.³, Murata, L.S.⁴, Sereno, J.R.B.⁵, Guimarães, S.E.F.⁶, Dutra Jr, W.M.⁷, Piovezan, U.⁸, Bertani, G.R.⁹, Ledur, M.C.¹⁰, Pereira, R.W.¹¹

A caracterização genética dos recursos genéticos de suínos de raças naturalizadas remanescentes é uma ferramenta importante para o planejamento de programas de manejo e conservação. Assim, com o objetivo de caracterizar as relações filogenéticas entre raças locais e comerciais de suínos no Brasil, foram estudadas variações na seqüência do citocromo B do DNA mitocondrial (mtDNA), compreendendo ao todo 979 pb. Foram seqüenciados 107 animais, representados por nove raças/grupos locais (Baé, Canastrão, Monteiro, Moura, Nilo, Pirapetinga, Tatuí, Rabo-de-Peixe, e o fenótipo Casco-de-Burro), por quatro raças comerciais (Landrace, Large White, Duroc e Pietran), e pelo composto MS60, desenvolvido pela Embrapa Suínos e Aves. Adicionalmente, foram usadas 104 seqüências disponíveis no GenBank. Foram identificados 24 sítios polimórfimos (23 transições e uma transversão) com valor de diversidade médio (Pi) de 5,58%. Dentre os 12 haplótipos encontrados nas populações brasileiras, seis ainda não foram descritos na literatura e dois foram identificados apenas nas raças locais. Grande parte das raças locais e comerciais apresentam haplótipos europeus e, dentre as raças locais, somente as raças Moura, Piau e Baé apresentam haplótipos asiáticos. Dentro do haplogrupo europeu, resultados da AMOVA indicaram uma variação de 16,53% ($P < 0,001$) entre haplótipos das raças locais e haplótipos europeus. As raças Piau, Monteiro e Nilo não apresentaram diferenças significativas em relação às raças europeias Ibéricas, evidência que reforça a contribuição das raças da Península Ibérica para a formação das raças locais brasileiras. A variação de 32,44% ($P < 0,001$) entre as raças naturalizadas Piau, Monteiro, Nilo e Moura pode ser explicada pela ocorrência de um haplótipo único na raça Moura em relação às demais raças. Estes resultados servirão como um critério adicional para a formação e o monitoramento de núcleos de conservação destas raças no Brasil.

Apoio: CAPES, CNPq e Embrapa.

¹Zootecnista, doutoranda, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Biólogo, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Zootecnista, Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁵Méd. Vet., Ph.D., Embrapa Cerrados

⁶Med. Vet., Ph.D., Universidade Federal de Viçosa-UFV

⁷Zootecnista, Ph.D., Universidade Federal Rural de Pernambuco-UFRPE

⁸Biólogo, Ph.D., Embrapa Pantanal

⁹Méd. Vet., Ph.D., Embrapa Suínos e Aves

¹⁰Zootecnista, Ph.D., Embrapa Suínos e Aves

¹¹Méd. Vet., Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

138 - PRODUTOS FLORESTAIS NÃO MADEIREIROS COMO UMA FONTE ALTERNATIVA DE RENDA PARA O POVO KRAHÔ (Non-wood forest products as an alternative source of income to the Krahô nation)

Minervino, J.¹, Dias, T.A.B.², Krahô, A.³

Os produtos florestais não madeireiros são recursos biológicos, provenientes de vegetações nativas, sistemas agroflorestais e plantações, vitais para a subsistência de comunidades indígenas, com utilizações medicinais, cosméticas, artesanais e alimentares, também destinadas ao abrigo e aos rituais da etnia Krahô. A identidade do povo Krahô vem sendo ameaçada pela perda de importantes variedades agrícolas, através da introdução de espécies híbridas e pelas constantes queimadas na região. O aproveitamento desses recursos na região do cerrado, apesar de pouco utilizado, é uma ótima alternativa para a substituição dos produtos, que hoje em dia, são comprados nas cidades (óleo de soja e sabão), além da geração de renda local. Preocupados com a situação atual e a segurança alimentar do seu povo, as lideranças, através da troca de conhecimentos e parceria com a Embrapa, tentam resgatar e conservar suas espécies. Recentemente, com o apoio do Programa Biodiversidade Brasil Itália – PBBI e do Programa de Agricultura Familiar da Embrapa, foi implementada uma unidade de extração de óleo vegetal na Associação União das Aldeias Indígenas Krahô – Kapéy, localizada no nordeste do Tocantins. Com isso, a promoção de novas fontes alternativas de geração de renda para o povo Krahô, a partir de derivados do pequi (polpa, óleo da polpa, castanha, óleo da castanha, semente, muda e sabão), do buriti e da bacaba (polpa, óleo da polpa, semente e muda); além dos resíduos para adubação, se tornam uma alternativa promissora para o aumento da qualidade de vida destes antigos habitantes do cerrado brasileiro. O peso e o tamanho dos produtos serão mensurados, assim como a quantidade e a qualidade destes em fase final; servindo, assim, de subsídio às atividades de conservação e ao manejo sustentável destas espécies na Terra Indígena Krahô. As atividades e os resultados relacionados vão integrar pesquisas e ações de desenvolvimento local em processos participativos de capacitação continuada, tanto de pesquisadores como de multiplicadores indígenas, na busca do fortalecimento do desenvolvimento diferenciado do povo Krahô, o chamado etnodesenvolvimento.

Apoio: PBBI, Programa de Agricultura Familiar e Macro 6 – Embrapa.

¹Engenharia Florestal, graduando, Universidade de Brasília-UnB

²Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Coordenador Associação União das Aldeias Indígenas Krakô, Kapéy

139 - QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES DE TRIGO ARMAZENADAS A LONGO PRAZO NA COLEÇÃO DE BASE (COLBASE) DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA (CENARGEN) (Physiological wheat seed quality long-term stored in the Base Collection at Embrapa's National Genetic Resources and Biotechnology Centre)

Silva, R.C.¹, Goedert, C.O.², Santos, S.³, Peñaloza, A.P.S.², Pozzobon, M.T.²

A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia é responsável pela conservação a longo prazo da coleção de sementes de trigo (*Triticum aestivum*), com objetivo de garantir por muitas décadas, a sobrevivência dessas sementes de elevada importância para a alimentação e agricultura do país. A Colbase (Coleção de Base) conta com mais de cinco mil acessos de germoplasma semente de trigo armazenados. No sistema de conservação de germoplasma é essencial que as sementes estejam viáveis e capazes de germinar quando regeneradas ou semeadas pelo usuário. Neste contexto, testes periódicos de germinação são realizados nessas coleções, cujos resultados indicam a situação fisiológica da população de sementes do acesso armazenado. O objetivo deste estudo fundamenta-se no conhecimento do estado fisiológico, que se encontra parte da coleção de sementes de trigo, armazenadas durante trinta anos. Partindo-se dos dados de armazenamento inicial de cada acesso, classificou-se a coleção em três grupos quanto a sua germinabilidade: Grupo I - germinação de 86 a 100% ; Grupo II - germinação de 51 a 84% e Grupo III – germinação de 0 a 50%. Iniciaram-se os estudos pelo Grupo III realizando-se monitoração dos 43 acessos no Grupo classificados; os resultados parciais confirmaram que, a sobrevivência do germoplasma semente no armazenamento a longo prazo, é diretamente dependente do estado fisiológico desse germoplasma semente no momento de entrada no sistema, representado por sua germinação inicial. Verificou-se que, quase todos os acessos com germinação inicial abaixo de 50% tiveram reduzidos seu potencial de vida no armazenamento a longo prazo. Adicionalmente, a literatura científica informa que sementes de gramíneas armazenadas com valores de germinação abaixo de 85%, estão em risco de progressiva deterioração fisiológica causando possíveis danos na constituição genética da semente, como mutações.

¹Biologia, graduando, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Eng. Agr.,Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Assistente de Pesquisa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

140 - SEGUNDA ATUALIZAÇÃO DA FLORA VASCULAR DA FAZENDA SUCUPIRA, BRASÍLIA, DF (Second check list of vascular flora of fazenda Sucupira, Brasília/DF)

Vale, G.D.¹, Fontes, C.G.¹, Pereira, J.B.², Vieira, R.C.², Walter, B.M.T.³

Inúmeros estudos sobre ecologia, taxonomia e caracterização vegetal (levantamentos florísticos e fitossociológicos) de ambientes naturais vem sendo realizados no Distrito Federal (DF) nas últimas décadas. Contudo, a maior parte desses estudos concentra-se nas Unidades de Conservação (UC's), sejam Áreas de Preservação Ambiental (APA's), Parques ou Estações Ecológicas. O estudo objetivou ampliar o conhecimento sobre a florística, diversidade e distribuição das espécies vasculares da Fazenda Sucupira (FS), disponibilizando informações atuais sobre aquela área. Localizada no alto Riacho Fundo (bacia do Paranoá), a FS é uma propriedade da União Federal, que não se insere em nenhuma UC, cujos direitos de uso pertencem à Embrapa (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária). As coleções botânicas na FS foram iniciadas em 1995, nas suas diferentes fitofisionomias naturais e paisagens antrópicas, cujos esforços de coleta se intensificaram no período 1998 a 2000. No entanto, somente em 2006 as coletas foram reiniciadas de forma sistemática, e hoje há mais de 3.700 coleções oriundas daquela área. A principal coleção está depositada no Herbário CEN e pequena parcela no UB. Com os dados atuais foram quantificadas 131 famílias botânicas (11 pteridófitas e 120 fanerógamas), 526 gêneros e 1.263 espécies. Houve um acréscimo de 14 famílias, 114 gêneros e 437 espécies em relação à primeira atualização da lista, efetuada em 2000. As famílias mais ricas são Asteraceae (130 espécies/57 gêneros), Leguminosae (127/48), Poaceae (101/33) e Orchidaceae (70/37). Os gêneros mais ricos são *Paspalum* (28 espécies), *Habenaria* (24), *Miconia* (19) e *Rhynchospora* (18). Dentro do DF e entorno, espécies como *Barbacenia flavida* Goethart & Henrard (Velloziaceae), *Habenaria culicina* Rchb.f. & Warm. (Orchidaceae), *Pleurothallis* aff. *laciniata* Barb. Rodr. (Orchidaceae) e *Wunderlichia mirabilis* Riedel (Asteraceae), hoje, só são conhecidas pelas populações da FS. Além de espécies raras ou ameaçadas de extinção no DF, casos de *Cariniana estrellensis* (Raddi) Kuntze (Lecythidaceae), *Gymnopogon doelli* Boechat & Valls (Poaceae) e *Lychnophora ericoides* Mart. (Asteraceae), foram encontradas espécies novas para a ciência, como *Hyptis taciannae* Harley, e outras que se encontram em processo de descrição. Das Orchidaceae, pelo menos três espécies são novas para a ciência. Os resultados apresentados ampliaram significativamente as informações florísticas da Fazenda, e deixaram evidente que aquela área atua como importante repositório de diversidade vegetal no DF. Ademais, sua vegetação nativa atua decisivamente no sistema hidrológico da micro-bacia do Riacho Fundo. Neste sentido, a inclusão da FS entre as Unidades de Conservação do DF é uma questão de urgência.

¹Engenharia Florestal, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

²Auxiliar de Operações, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

SEGURANÇA BIOLÓGICA

141 - APLICAÇÃO DAS TÉCNICAS DE MULTIPLICAÇÃO E CRIOPRESERVAÇÃO DE FITONEMATÓIDES *Ditylenchus africanus*, *D. destructor* E *Pratylenchus* SPP. [Application of procedures for multiplication and cryopreservation for plant-parasitic nematodes *Ditylenchus africanus*, *D. destructor* and *Pratylenchus* spp.]

Silva, P.H.A.¹, Sousa, A.I.M.², Gonzaga, V.³, Tenente, R.C.V.³, Prates, M.⁴

Os fitonematóides são de significativa importância econômica para a agricultura brasileira. O estudo destes parasitas consiste em um processo fundamental para adoção de medidas fitossanitárias apropriadas e seguras. Os nematóides do gênero *Ditylenchus* provocam lesões em plantas superiores e são responsáveis pelos danos diretos e indiretos na produção de diversas culturas como a de amendoim (*D. africanus*), batata (*D. destructor*). O gênero *Pratylenchus* spp também é muito importante, pois infectam raízes de plantas ornamentais e plantas comerciais (batata, café, algodão) causando sérios danos para a economia brasileira. Estes gêneros contêm espécies exóticas que em estudos, visando a prevenção e erradicação em caso de futura ocorrência em Território Nacional. A manutenção de populações puras de fitonematóides in vitro necessita de uma renovação contínua sendo a multiplicação e a criopreservação, métodos muito eficazes para a manutenção das espécies de fitonematóides. O objetivo do trabalho é a conservação das espécies de fitonematóides através da multiplicação em cilindros de cenoura e da criopreservação em nitrogênio líquido, para estudos de caracterização desses parasitas. Para esses estudos foram utilizados os fitonematóides (*D. africanus*, *D. destructor* e *Pratylenchus* spp) e estes foram multiplicados in vitro. Primeiramente foram recuperados vivos em uma proporção de 10 machos e 20 fêmeas, em caso de espécies anfimíticas e 20 fêmeas para espécies partenogênicas. Foram então colocados em vidros de siracusa e depois axenizados em estreptomomicina, para eliminação de bactérias que possam estar associadas ao nematóide. Em seguida foram inoculados em cilindro de cenouras que previamente foram preparados em condições estéreis. Esses cilindros foram armazenados em BOD, à temperatura de 25°C, permanecendo armazenados durante três meses. Após este período, os espécimes foram incubados em etileno glicol 10% a 27°C, por duas horas. A seguir, foram colocados em etileno glicol 35%, por 45 minutos, seguido da colocação dos nematóides em tiras de papel de cromatografia e essas foram submersas em nitrogênio líquido (-196°C). Os procedimentos foram repetidos para renovação da população, através de cilindros de cenoura e portanto uma nova multiplicação dos parasitas ou da criopreservação que garante a sobrevivência dos mesmos por um longo período de tempo para estudos de caracterização dos nematóides.

¹Biologia, graduando, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Secretariado Executivo, graduanda, CECAP

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Assistente de Operações, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

142 - AVALIAÇÃO DE GENÓTIPOS DE *Psidium* SPP., VISANDO IDENTIFICAR FONTES DE RESISTENCIA A *Erwinia psidii* (Evaluation of *Psidium* spp. genotypes aiming the identification of resistance sources to *Erwinia psidii*)

Diener, H.S.¹, Bonato, C.², Tebaldi, N.D.³, Damasceno, J.P.S.⁴, Marques, A.S.A.⁵

Um dos principais problemas fitossanitários da goiabeira (*Psidium guajava*) é a bactéria *Erwinia psidii*, causadora de uma das doenças mais importantes da cultura: a 'seca dos ponteiros' ou 'bacteriose', que atinge folhas, hastes, brotações e frutos jovens, diminuindo a produtividade. Não há relatos de resistência genética à bactéria e as medidas de controle recomendadas, como corte e destruição de ramos atacados e pulverização com cúpricos, não têm garantido o controle da doença. O objetivo deste experimento foi avaliar genótipos de goiabeira e araçá (*P. cattleyanum*), visando identificar fontes de resistência a *E. psidii*. O ensaio foi realizado em casa de vegetação e foram avaliadas três variedades de goiabeira e duas de araçá, com cinco repetições por variedade. Uma suspensão a 10^8 ufc/mL do isolado Emb.A 18-7 de *E. psidii* foi inoculada na última brotação de cada muda, através de ferimento com agulha hipodérmica, seguido da deposição de 10 µL da suspensão. As plantas foram cobertas com saco plástico por 48 horas antes e depois da inoculação para manter a umidade e facilitar a penetração da bactéria. Plantas inoculadas com água serviram como testemunha. Foram feitas quatro leituras da evolução dos sintomas durante 15 dias e reisolamento da bactéria a partir da região afetada. A avaliação na leitura final foi feita através da escala de notas elaborada por Rezende, A.M.F.A. (Dissertação de mestrado, UnB, 2006) para severidade da doença. Das plantas inoculadas, 79,16% apresentaram sintomas. As três variedades de goiabeira apresentaram-se suscetíveis e 50% das plantas receberam nota máxima (4 = 100% de área lesionada em 15 cm a partir do ponto de inoculação). A variedade "Silvestre" teve maior taxa de plantas com nota 4 (75%). Uma das variedades de araçá mostrou-se suscetível, na qual 40% das plantas tiveram nota 4, enquanto a variedade "Leodoro" apresentou aparente resistência, pois não houve surgimento de sintomas (80% das plantas com nota 0). As plantas-controle não apresentaram sintomas. Esse resultado indica que a busca de fontes de resistência para a seca dos ponteiros da goiabeira deve ter continuidade, pois não se conhecem relatos anteriores de reação de resistência ou tolerância à bactéria dentro do gênero *Psidium*.

¹Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB, CNPq/PIBIC

²Agronomia, graduanda, União Pioneira de Integração Social-UPIS

³Eng. Agr., Ph.D., bolsista CNPq/Finep

⁴Assistente de Pesquisa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

143 - BANCO DE DADOS DE VÍRUS E VIRÓIDES ASSOCIADOS A COMMODITIES DE IMPORTÂNCIA PARA O AGRONEGÓCIO BRASILEIRO (Database of viruses and viroids associated with commodities of importance to the brazilian agrobusiness)

Anjos, V.S.¹, Marinho, V.L.A.², Batista, M.F.³

Pragas potenciais associadas à commodities importadas podem se disseminar e colocar em risco sistemas agrícolas e ambientes naturais dos países importadores. Restrições fitossanitárias, embasadas em pesquisa bibliográfica, devem ser aplicadas ao comércio internacional de commodities. Entre as pragas potenciais para a agricultura encontram-se os vírus e os viróides. A interceptação de pragas é facilitada quando se dispõe de informações atualizadas sobre as mesmas. A Unidade de Virologia, do Laboratório de Quarentena, da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, estruturou um banco de dados sobre vírus e viróides associados às culturas de: banana, maçã, melão e uva. Essas frutíferas são, atualmente, relevantes para o agronegócio brasileiro tanto para importação quanto para exportação. Os dados foram obtidos consultando-se catálogos, livros, trabalhos técnico-científicos e bases de dados como, CAB, BIOSIS, <http://image.fs.uidaho.edu/vide>), assinalando-se a presença ou não da praga no Brasil e sua distribuição geográfica mundial. Para a cultura da banana foram listadas 8 espécies de vírus, sendo 5 ainda não relatadas no Brasil. Para a cultura da maçã, 9 espécies de vírus e 3 de viróides, sendo 8 (5 vírus e 3 viróides) não relatadas no país. Para a cultura do melão foram listadas 23 espécies de vírus, sendo 20 ainda não relatadas no país e para a cultura da uva foram listadas 32 espécies de vírus e 3 de viróides, sendo 26 espécies de vírus e 3 de viróides não relatadas no país. Este banco de dados será disponibilizado no site da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (www.cenargen.embrapa.br). Os resultados evidenciam um grande número de vírus e viróides, como pragas potenciais, que podem ser introduzidos no país, através do comércio internacional, colocando em risco as culturas em questão.

¹Agronomia, graduando, União Pioneira de Integração Social-UPIS

²Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

144 - BANCO DE IMAGENS DE PRAGAS, UMA FERRAMENTA VITAL PARA A IDENTIFICAÇÃO DE ÁCAROS E NEMATÓIDES DE EXPRESSÃO ECONÔMICA E QUARENTENÁRIA PARA O BRASIL (Pest image database, an essential tool for mite and nematode identification of economic and quarantine expression to Brazil)

Santos, J.T.S.¹, Santos, T.O.², Rissoli, V.R.V.³, Tenente, R.C.V.⁴, Cares, J.E.⁵, Gonzaga, V.⁴, Hiragi, G.O.⁶, Návía, D.⁷

A agricultura e o agronegócio têm para o Brasil grande importância, gerando bilhões em divisas e tem garantido milhões de empregos para o povo brasileiro, porém seu sucesso depende da atuação das instituições responsáveis pela defesa fitossanitária brasileira, a qual é caracterizada pela manutenção de sistemas que garantem a identificação e combate de pragas associadas às plantas. Estas podem ser introduzidas em sistemas produtivos e ocasionar consequências sócio-econômicas e ambientais desastrosas. Os ácaros e os fitonematóides fazem parte deste grupo, apresentando aspectos ameaçadores para a agricultura. A identificação destes organismos consiste em um processo fundamental para adoção de medidas fitossanitárias apropriadas e seguras, sendo um suporte tecnológico essencial. Portanto, este trabalho teve como objetivo propiciar identificação precisa destas pragas. Foi então desenvolvido um banco de dados com imagens referentes às suas estruturas morfológicas, sendo este elaborado com espécimes depositados nas coleções da Embrapa, espécimes capturados de material importado, exportado, em trânsito interno e de coleta no país. As imagens digitalizadas, obtidas através de uma câmera digital OLY 200 acoplada a um microscópio de contraste de fase, foram processadas em um computador. As imagens foram trabalhadas usando-se o programa Adobe Photoshop 5.0, onde foram feitas montagens e correções sem, entretanto descaracterizá-las. Os dados relevantes sobre cada imagem são catalogados em planilha de controle, armazenados no banco de dados. Esse armazenamento oferece segurança e agilidade na manipulação das informações, independente de serem descritivas, diagramáticas ou fotográficas. O desenvolvimento do sistema de informações que manipula esse banco de imagens foi realizado por meio de ferramentas computacionais gráficas de 4ª geração, o que subsidiou a elaboração de um sistema intuitivo e de fácil utilização. O banco com cerca de 1.000 imagens, referentes a 30 diferentes gêneros de nematóides e de ácaros.

¹Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Ciência da Computação, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Ciência da Computação, Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁶Ciência da Computação, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁷Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

145 - BASE DE DADOS “FUNGOS EM PLANTAS DO BRASIL” – 2007 (Database of plant fungi in Brazil - 2007)

Simões, L.G.¹, Silva, V.A.M.², Ashiuchi, C.S.³, Melo, L.A.M.P.³, Urben, A.F.⁴, Mendes, M.A.S.⁵

A base de dados “Fungos em plantas no Brasil”, foi atualizada devido às informações disponíveis em 2006 estarem quatro anos desatualizadas. Foram levantadas informações com as seguintes características: espécie ou gênero do fungo, sua fase anamórfica/teleomórfica, sinonímias, planta hospedeira (nome científico e comum), nome comum da doença, sintomas, forma de transmissão, distribuição geográfica por estado ou região e referências bibliográficas. Mais de 7.100 novos registros da combinação de espécies de fungos/ hospedeiros/ referências foram incluídos no banco de dados. Foi possível o conhecimento de 7.508 fungos em 276 famílias e 7.050 hospedeiras. Essas informações são importantes, pois reúne todos os fungos patogênicos ou não, associados às plantas ou parte delas, descritos no Brasil. O banco de dados atualizado está disponível para consulta via internet, no site da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.

<http://icewall2.cenargen.embrapa.br:84/micweb/michtml/fgbanco01.asp>

¹Biologia, graduanda, Centro Universitário de Brasília-UniCEUB

²Bióloga, graduada, Universidade Federal de Lavras-UFLA

³Analista de Sistemas, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

146 - DETECÇÃO DE *Xanthomonas axonopodis* PV. *phaseoli* EM SEMENTES DE FEIJÃO POR IMUNOCAPTURA-PCR (Detection of *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* in bean seeds by imunocapture-PCR)

Bonato, C.¹, Tebaldi, N.D.², Diener, H.S.³, Damasceno, J.P.S.⁴, Marques, A.S.A.⁵

O crestamento bacteriano comum do feijoeiro causado por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*) é uma das doenças mais sérias da cultura por sua ampla distribuição, capacidade de reduzir a produção e dificuldade de controle. O uso de sementes sadias é a principal medida no controle, considerando que a bactéria é eficazmente transmitida pelas mesmas. Diversos métodos são utilizados para a detecção de fitobactérias em sementes, cada um apresenta limitações, mas sua combinação pode melhorar a performance do diagnóstico. A combinação imunologia e PCR, denominada imunocaptura-PCR (IC-PCR) torna a detecção mais sensível que somente a PCR ou ELISA. O objetivo deste trabalho foi otimizar a utilização da IC-PCR para análise de amostras de feijão com baixas taxas de contaminação por *Xap*. Foram utilizadas sementes inoculadas artificialmente (isolado Emb.A 288-10), com as quais foram preparados lotes com diferentes níveis de contaminação: 0, 1, 2, 5 e 10%, com duas repetições por nível. Foi utilizado o antissoro policlonal Emb.*Xap*-N^o 2, da Soroteca da Unidade de Bacteriologia do LQV. O processo constou dos passos seguintes: maceração das sementes em PBS estéril *overnight*; diluição do antissoro (1:50); sensibilização da placa de PCR com 25 mL de antissoro por três horas a 37 °C; lavagem com PBS-Tween; adição dos extratos das sementes (três repetições por amostra) e incubação por três horas. Em seguida, foi feita lavagem das placas e adicionada a mistura da PCR, utilizado-se os primers específicos X4c (GGC AAC ACC CGA TCC CTA AAC AGG) e X4e (CGC CGG AAG CAC GAT CCT CGA AG). Como controle positivo utilizou-se uma suspensão de *Xap* a 10⁷ ufc/mL e PBS como controle negativo. Para a comparação, foi realizada PCR dos extratos das sementes, sem captura prévia. A população bacteriana foi enumerada utilizando-se o meio semi-seletivo XCP1. Através da IC-PCR foi possível a detecção de *Xap* nas amostras com cinco e 10% de sementes contaminadas (a partir de 2,7x10² ufc/g de sementes), enquanto nenhuma amplificação foi observada na PCR convencional. A IC-PCR, além de promover a concentração da bactéria alvo, não é afetada por substâncias inibidoras da amplificação, mostrando-se um método fortemente promissor.

¹Agronomia, graduanda, União Pioneira de Integração Social-UPIS

²Eng. Agr., Ph.D., bolsista CNPq/Finep

³Agronomia, graduanda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Assistente de Pesquisa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

147 - DETECÇÃO E IDENTIFICAÇÃO DE *Ditylenchus dipsaci* EM BULBOS DE ALHO (Detection and identification of *Ditylenchus dipsaci* in garlic bulbs)

Oliveira Junior, G.P.¹, Sousa, A.I.M.², Gonzaga, V.³, Araújo, A.C.G.⁴, Tenente, R.C.V.³

Nematóides parasitas de plantas são considerados uma das principais pragas para a agricultura mundial, causando graves prejuízos na produção de diversas culturas. O nematóide *Ditylenchus dipsaci* pode parasitar mais de 450 espécies de plantas e na cultura do alho esse parasita pode causar perdas de até 100%. A identificação de fitonematóides e diferenciação em gêneros e espécies são baseadas, sobretudo, em caracteres morfológicos de adultos. Para observar essas características, os adultos são analisados com o uso de microscópio óptico e eletrônico de varredura (MEV), os quais possibilitam a visualização de características importantes para a identificação das espécies de nematóides. Objetivou-se neste trabalho registrar as características morfológicas mais marcantes para a identificação de *D. dipsaci*. Cerca de 200 espécimes, recém extraídos de bulbos de alho através da técnica de Funil de Baermann, foram transferidos, um a um, ao estereoscópio, para um vidro de 10 mL, contendo água filtrada. A seguir, a suspensão de nematóides foi deixada em repouso, em refrigerador, a 5 °C, por cerca de 30 minutos. A seguir, o volume de cada vidro foi preenchido com glutaraldeído a 2,5% em tampão cacodilato 0,1M pH 6,8 por 1 hora. Após esse período, os nematóides foram lavados cinco vezes utilizando-se o mesmo tampão, deixando-os nessa solução durante 10 minutos a cada lavagem. Em seguida, retirou-se o tampão e adicionou-se tetróxido de osmium a 2%, para pós-fixação do material, deixando o recipiente à temperatura ambiente durante 60 minutos. Posteriormente, os nematóides foram lavados, por três vezes, durante 5 minutos, em tampão cacodilato 0,1M pH 6,8. Então, foram desidratados em uma série gradual de etanol (30; 50; 70; 80; 90; 95 e 100%), repetindo-se três vezes o último passo da série, sendo 20 minutos de incubação em cada concentração. A seguir, as amostras foram secas, em secador de ponto crítico, utilizando-se de CO₂, montadas em stubs com fita de carbono, metalizadas com uma camada de cerca de 35 nm de ouro, observadas e eletromicrografadas em um MEV Zeiss DSM 962 em 15kV. Através das características morfológicas observadas, conclui-se que os nematóides encontrados em bulbos de alho eram *D. dipsaci*.

¹Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Secretariado Executivo, graduanda, CECAP

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

148 - EFEITO DO TRATAMENTO TÉRMICO ÚMIDO DE SEMENTES DE QUIABO NA TENTATIVA DE ERRADICAÇÃO DO NEMATÓIDE *Ditylenchus equalis*, UMA PRAGA QUARENTENÁRIA PARA O BRASIL (Effect of thermal wet treatment of okra seeds on the eradication of the nematode *Ditylenchus equalis*, a quarantine pest for Brazil)

Silva, H.A.N.S.¹, Tenente, R.C.V.², Cares, J.E.³

O objetivo do estudo foi desenvolver um método de controle com o propósito de erradicar o nematóide *Ditylenchus equalis*, uma praga exótica, que apresentou-se associada à sementes de quiabo. As sementes foram submetidas a tratamento térmico úmido. Os tratamentos incluíram variações de temperatura e de período de exposição ao calor: tratamento úmido de 40°C por 15 minutos, seguido da variação 60°C por 8 minutos; 40°C por 15 minutos, seguido da variação de 60°C por 10 minutos. As variáveis avaliadas foram: infestação de nematóides e poder germinativo das sementes tratadas e não tratadas. Os resultados mostraram que o primeiro tratamento úmido (40°C/15 min, seguido de 60°C/8 min) não erradicou o nematóide das sementes e a perda na germinação não foi significativa. No segundo tratamento (40°C/15 min, seguido 60°C/10 min), as sementes tratadas e a testemunha germinaram em torno de 90% e apresentaram ainda a presença do nematóide, não conseguindo a sua eliminação. Portanto, o material de germoplasma não pode ser liberado ao melhorista, e desta forma contribuiu-se com a defesa vegetal do país, impedindo a entrada de uma nova espécie de nematóide no Brasil.

¹Biologia, graduando, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

149 - ESTUDO DO POTENCIAL DE DISTRIBUIÇÃO GEOGRÁFICA DA MOSCADA-FRUTAS ORIENTAL *Bactrocera dorsalis sensu stricto* NO BRASIL [Study of geographic distribution potential of oriental fruit fly *Bactrocera dorsalis sensu stricto* (Hendel) in Brazil]

Silva, S.F.¹, Melo, L.A.M.P.², Ribeiro, R.J.C.³, Oliveira, M.R.V.⁴

Em relação ao mercado de frutas, o Brasil produz aproximadamente 40 milhões de toneladas em 2,2 milhões de hectares, sendo o terceiro maior produtor mundial. Porém, essa produção pode ser prejudicada devido à ação de pragas. As moscas-das-frutas (Diptera: Tephritidae), que compreendem mais de 4.000 espécies distribuídas no mundo, são os insetos que mais causam prejuízo para a agricultura. A mosca-das-frutas oriental, *B. dorsalis sensu stricto*. (Hendel) ataca mais de 100 plantas, incluindo frutas comerciais e produtos agrícolas, causando danos que podem atingir 100% de perdas em frutas desprotegidas e um alto custo de erradicação. *B. dorsalis* s.s. não está presente no Brasil e, portanto, é uma praga quarentenária e consta da lista de alerta máximo do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA), Instrução Normativa Nº 38, de 14 de outubro de 1999. Um outro fator relevante no estabelecimento de uma praga em uma nova área é quanto às mudanças climáticas, as alterações de temperatura e umidade relativa podem favorecer esse estabelecimento e conseqüente dispersão da mesma para outras áreas. Ressalta-se a importância da elaboração de medidas visando fornecer subsídios à tomada de decisões e políticas públicas voltadas à prevenção da introdução e dispersão de *B. dorsalis* s.s. Neste trabalho foi realizado um estudo inicial de mapeamento de localidades no Brasil que apresentam potencial de estabelecimento para esta praga, que caso seja introduzida pode vir a se estabelecer, a exemplo da mosca-da-carambola *B. carambolae*, a única espécie do gênero presente no país e que se encontra sob controle oficial. Por meio dos dados relativos a temperatura e de algumas plantas hospedeiras relacionadas a *B. dorsalis* s.s. levantados em literatura foram realizados cálculos para dois cenários de variação de temperatura distintos, que permitiram prever as áreas mais favoráveis à ocorrência da praga e elaborados mapeamentos que apontaram os municípios que podem ser considerados como áreas prioritárias para a adoção de medidas preventivas quanto ao estabelecimento de *B. dorsalis* s.s., segundo os critérios adotados neste estudo. Os resultados obtidos, mesmo tratando-se de uma simulação inicial, demonstram que as condições climáticas de várias localidades no Brasil, independente da amplitude das temperaturas consideradas (mais favorável ou mais restritiva), são propícias ao desenvolvimento de *B. dorsalis* s.s. E, portanto, nessas localidades, principalmente, medidas devem ser tomadas a fim de evitar possíveis prejuízos aos sistemas agrícolas, colaborando com a manutenção da sanidade vegetal e a segurança biológica da agricultura brasileira.

¹Geógrafa, graduada, União Pioneira de Integração Social-UPIS

²Ciência da Computação, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Arquitetura e Planejamento Urbano, M.Sc., União Pioneira de Integração Social-UPIS

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

150 - FUNGOS ASSOCIADOS A SEMENTES E FOLHAS DE *Carthamus tinctorius* (Fungi associated to seeds and leaves of *Carthamus tinctorius*)

Silva, V.A.M.¹, Urben, A.F.², Oliveira, A.S.³, Chagas, G.R.⁴, Paz Lima, M.L.⁵, Mendes, M.A.S.⁶

O cártamo (*Carthamus tinctorius*) é uma planta oleaginosa, adaptada ao clima semi-árido com potencial de uso na produção de biocombustível. Para suprir os programas de melhoramento genético, a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia introduziu 894 acessos de germoplasma de cártamo, que foram analisados pela Estação Quarentenária Vegetal Nível 1 (EQVN 1). As sementes deste germoplasma foram submetidas aos métodos de plaqueamento em papel de filtro, meio de cultura e plantio em quarentenário para a detecção de fungos. A identificação em nível de espécie foi feita através das características morfológicas e fisiológicas. Os fungos detectados pelo método de plaqueamento em papel de filtro e meio de cultura foram: *Bipolaris spicifera*, *Ulocladium botrytis*, *Fusarium moniliforme*, *Pestalotiopsis* sp. e *Leptosphaerulina* sp. Estes fungos não foram relatados em cártamo no Brasil. Pelo método de plantio de sementes em quarentenário constatou-se uma elevada incidência de *Cercospora* sp., provavelmente *C. carthami*, (patógeno exótico para o país), causando lesões foliares necróticas em 100 % de incidência nas plantas. Com o trabalho realizado pela EQVN 1 tem se evitado a introdução de pragas exóticas no Brasil.

¹Bióloga, graduada, Universidade Federal de Lavras-UFLA

²Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, B.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, Centro Universitário do Maranhão-UniCEUMA

⁵Eng. Agr., Ph.D., União Pioneira de Integração Social-UPIS/Bolsita Embrapa

⁶Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

151 - FUNGOS DE IMPORTÂNCIA ECONÔMICA ASSOCIADOS ÀS SEMENTES DE ARROZ PROCEDENTES DAS FILIPINAS E DA AUSTRÁLIA (Economic importance of fungi associated to rice seeds from Philippines and Australia)

Silva, V.A.M.¹, Chagas, G.R.², Urben, A.F.³, Oliveira, A.S.⁴, Paz Lima, M.L.⁵, Mendes, M.A.S.⁶

O arroz (*Oryza sativa* L.) originário do Sudeste da Ásia se adapta às mais variadas condições ambientais devido a sua variabilidade genética. A Estação Quarentenária Vegetal nível 1 da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, no período de janeiro a maio de 2007, recebeu para análise 1256 acessos de germoplasma de arroz procedentes das Filipinas e 20 acessos da Austrália, com o objetivo de detectar, identificar e interceptar as pragas associadas a estas sementes. Foram utilizados os métodos de “Blotter Test” para detecção e identificação dos fungos presentes nas sementes de arroz introduzidas no Brasil. Detectou-se no germoplasma procedente das Filipinas os seguintes fungos: *Acremonia* sp., *Alternaria padwickii*, *Bipolaris oryzae*, *C. lunata*, *C. prasadii*, *C. senegalensis*, *Exserohilum rostratum*, *Fusarium moniliforme*, *F. sambucinum*, *F. semitectum*, *Pithomyces* sp., *P. maydicus* e *Phoma* sp., e nas sementes procedentes da Austrália: *Cladosporium cladosporioides*, *Phaeosphaeria* sp. e *Verticillium* sp. Antes da liberação destes materiais foi recomendado tratamento químico para o controle dos fungos, que estão presentes no Brasil.

¹Bióloga, graduada, Universidade Federal de Lavras-UFLA

²Bióloga, Centro Universitário do Maranhão-UniCEUMA

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Bióloga, B.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Eng. Agr., Ph.D., União Pioneira de Integração Social-UPIS/Bolsita Embrapa

⁶Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

152 - FUNGOS EXÓTICOS EM SEMENTES DE LINHAÇA INTERCEPTADOS PELA EQVN 1 (Exotic fungi in seeds of *Linum usitatissimum* intercepted by EQVN 1)

Silva, V.A.M.¹, Urben, A.F.², Oliveira, A.S.³, Paz Lima, M.L.⁴, Chagas, G.R.⁵, Mendes, M.A.S.⁶

A linhaça (*Linum usitatissimum*) é uma planta nativa da Ásia, rica em nutrientes, importante para a saúde humana. A Estação Quarentenária Vegetal Nível 1 (EQVN 1), da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia recebeu em 2006, 1060 acessos de germoplasma de linhaça procedentes dos EUA, com o objetivo de detectar, identificar e interceptar pragas exóticas. As sementes deste germoplasma foram submetidas a análises micológicas, sendo empregados os métodos de plaqueamento em papel de filtro e plantio em quarentenário para a detecção de fungos nas sementes. A identificação foi feita por características morfológicas e fisiológicas. Os fungos identificados foram: *Alternaria alternata*, *Colletotrichum lini*, *Fusarium moniliforme*, *Fusarium equiseti*, *Fusarium semitectum*, *Lasioidiplodia theobromae* e *Pestalotiopsis* sp. O fungo *Colletotrichum lini*, cuja incidência nas sementes foi de aproximadamente 50 %, é exótico para o Brasil. Devido o alto valor genético e a raridade do germoplasma, tratamentos químicos são realizados visando à erradicação dos fungos exóticos. Por meio do trabalho realizado pela EQVN 1 tem-se evitado a introdução de pragas exóticas ao Brasil.

¹Bióloga, graduada, Universidade Federal de Lavras-UFLA

²Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, B.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., União Pioneira de Integração Social-UPIS/Bolsita Embrapa

⁵Bióloga, Centro Universitário do Maranhão-UniCEUMA

⁶Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

153 - INIMIGOS NATURAIS RELATADOS SOBRE ESPÉCIES DE INSETOS DA ORDEM COLEOPTERA QUARENTENÁRIOS PARA O BRASIL (Natural enemies related to insect species of quarantine Order Coleoptera to Brazil)

Silva Neta, B.R.¹, Cruz, K.R.R.², Santos, A.C.A.², Silva, S.F.³, Oliveira, M.R.V.⁴

Historicamente, a agricultura sofre com o ataque de pragas que encontram condições climáticas e de hospedeiros favoráveis ao seu desenvolvimento capazes de causar danos irreversíveis. Entre os insetos, os besouros da Ordem Coleoptera formam o maior grupo do Reino Animal, e ocupam vastas e variadas áreas como *habitats*, explorando uma gama enorme de tipos de alimentação. Muitas espécies de besouros se alimentam de produtos agrícolas e podem atingir grandes populações num curto espaço de tempo causando danos consideráveis aos alimentos, outros danificam as plantas ainda no campo através da alimentação ou como vetores diretos ou indiretos de microrganismos fitopatogênicos. A partir da intensificação de intercâmbio de materiais vegetais entre países, vários organismos, entre eles os coleópteros, passaram a se dispersar para novas áreas. Para prevenir a entrada e o estabelecimento de plantas e animais exóticos hospedeiros de pragas em áreas indenes, leis para regular o comércio internacional foram criadas, dentre elas a inspeção fitossanitária, A identificação dos organismos detectados é fundamental para se decidir os procedimentos que devem ser adotados ao material importado. Os coleópteros, entre os insetos, são os mais comumente interceptados em todos os pontos de introdução de material vegetal em todos os países. Por serem muito destrutivos, principalmente em grãos armazenados, e muitos deles difíceis de serem controlados merecem uma atenção especial. De forma a ser uma fonte de consulta para os trabalhos de quarentena e de Análise de Risco de Pragas, foram analisadas 14 espécies de coleópteros, dando enfoque em espécies exóticas, que apresentam risco para a agricultura brasileira. Notou-se que quase todos são polípagos e podem ser encontrados em diversas regiões do mundo, fatores estes que propiciam uma dispersão eficiente destes insetos, alguns deles podendo também ser dispersores de microrganismos. Pensando em fortalecer o Sistema de Quarentena Vegetal no Brasil foram alistados 98 inimigos naturais referentes às 14 espécies da Ordem Coleoptera citadas anteriormente. Essa planilha visa ajudar na estruturação de bancos de dados de pragas quarentenárias, monitoramento de pragas e melhor estruturação de programas de manejo integrado de pragas.

¹Biologia, graduanda, Faculdade Juscelino Kubitschek-JK

²Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

³Geógrafa, graduada, União Pioneira de Integração Social-UPIS

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

154 - INIMIGOS NATURAIS RELATADOS SOBRE MOSCAS-BRANCAS QUARENTENÁRIAS PARA O BRASIL (Natural enemies related to quarantine whiteflies of Brazil)

Silva Neta, B.R.¹, Cruz, K.R.R.², Santos, A.C.A.², Silva, S.F.³, Oliveira, M.R.V.⁴

Nas últimas décadas várias mudanças ocorreram em decorrência do surgimento de novas tecnologias e do aumento e aceleração da economia global. Paralelamente a esses fatores, a bioglobalização de pragas apresentou-se como um problema sério, porque organismos até então inexistentes em algumas regiões do mundo, nelas passaram a ser introduzidos, causando grandes problemas socioeconômicos e ambientais. Neste contexto, nos últimos trinta anos, as moscas-brancas chamaram a atenção de cientistas e agricultores pelos surtos populacionais destas pragas, revelando-se, desta forma, como pragas agrícolas de expressão econômica, principalmente por apresentar maior resistência a inseticidas, adaptação em diversas regiões e climas diferenciados, transmissão de vírus diferentes em diversas plantas e diferentes hospedeiros. Grandes esforços hoje são direcionados ao controle da mosca branca, como a utilização de inimigos naturais no controle biológico destas pragas. O objetivo deste trabalho, então, será apresentar um levantamento dos principais inimigos naturais das moscas brancas. Para a realização deste levantamento, foi feita uma pesquisa bibliográfica e busca em base de dados CAB Abstract e FSTA, disponíveis no Portal periódicos CAPES e em *sites* especializados da Internet. Os principais inimigos naturais pesquisados foram: *Orius* sp., *Crysopa* pertencente à ordem Neuroptera, *Amblyseius* sp., *Aleochar* e *Anthocoris* sp. Entre outros inimigos naturais ainda estão relacionados parasitóides da ordem Hymenoptera (*Eretmocerus* spp. e *Encarsia* spp.) caracterizados como microhymenopteros, predadores da ordem Coleoptera (*Cycloneda sanguinea*, joaninhas) e da ordem Aracnida (aranhas de várias espécies). A relevância do trabalho pode ser expressa nas medidas preventivas a serem adotadas para o controle das moscas-brancas quarentenárias para o país, garantindo a conformidade e a inocuidade dos alimentos, evitando riscos à saúde pública e protegendo as áreas de cultivo de frutas no país.

¹Biologia, graduanda, Faculdade Juscelino Kubichek-JK

²Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

³Geógrafa, graduada, União Pioneira de Integração Social-UPIS

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

155 - INIMIGOS NATURAIS RELATADOS SOBRE MOSCA-DAS-FRUTAS QUARENTENÁRIAS PARA O BRASIL (Natural enemies related to quarantine fruit flies of Brazil)

Cruz, K.R.R.¹, Santos, A.C.A.¹, Silva Neta, B.R.², Silva, S.F.³, Oliveira, M.R.V.⁴

As moscas-das-frutas estão entre as pragas de maior restrição quarentenária no comércio internacional podendo causar grande impacto econômico por embargos fitossanitários ou mesmo rechaços de produtos se for detectado a presença de apenas uma única larva. As espécies que utilizam frutas como substrato para o desenvolvimento de suas larvas são as mais estudadas, por constituírem o grupo de insetos-praga de maior expressão econômica mundialmente. As moscas-das-frutas pertencem à Ordem Diptera, Família Tephritidae, com 500 gêneros e, aproximadamente, 4.000 espécies já descritas. As espécies de moscas-das-frutas de maior expressão econômica pertencem aos gêneros: *Anastrepha*, *Bactrocera*, *Ceratitis*, *Rhagoletis* e *Toxotrypana*. A inserção de frutas brasileiras no mercado internacional demanda o estabelecimento de áreas com baixa prevalência de espécies-pragas, implantação de sistema de mitigação de risco e o reconhecimento de área livre, em algumas regiões. A sustentabilidade dessas políticas públicas, para viabilizar o comércio internacional, está diretamente relacionada com a capacidade da cadeia produtiva em melhorar as condições fitossanitárias nas áreas produtoras de frutas. Desta maneira, os cuidados para evitar a introdução de outras espécies-pragas de moscas-das-frutas nas áreas de produção devem ser dobrados, principalmente quando o objetivo é aumentar as exportações de frutas para mercados extremamente exigentes. Neste trabalho foram identificados e alistados os inimigos naturais associados às moscas-das-frutas quarentenárias para o Brasil. Os dados foram levantados por meio de buscas bibliográficas nas bases de dados do Portal periódicos CAPES e sites especializados da Internet, a fim de que uma planilha fosse construída. Para as 9 pragas identificadas foram alistados 46 inimigos naturais, pertencentes à 3 ordens principais: Coleoptera, Hymenoptera e Strepsiptera e 11 famílias distintas: Braconidae, Carabidae, Chalcididae, Eulophidae, Figitidae, Pteromalidae, Dipterophagidae, Opiinae, Lchneumonidae, Psylinae e Diapriidae. A relevância do trabalho pode ser expressa nas medidas preventivas a serem adotadas para a proteção das áreas de cultivo de frutas no país.

¹Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Biologia, graduanda, Faculdade Juscelino Kubitschek-JK

³Geógrafa, graduada, União Pioneira de Integração Social-UPIS

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

156 - INIMIGOS NATURAIS RELATADOS SOBRE PRAGAS QUARENTENÁRIAS DA ORDEM LEPIDOPTERA (Natural enemies related to quarantine pests of Lepidoptera Order)

Silva Neta, B.R.¹, Santos, A.C.A.², Cruz, K.R.R.², Silva, S.F.³, Oliveira, M.R.V.⁴

O grande interesse pelo controle biológico de pragas tem crescido consideravelmente no âmbito mundial e no Brasil, em resposta aos efeitos adversos dos pesticidas químicos sobre o ambiente e à saúde humana. Políticas internacionais demandam alternativas para os agrotóxicos, e o uso de inimigos naturais de pragas é uma alternativa promissora. O controle biológico de pragas pode ser classificado como controle biológico natural de pragas, que é aquele que ocorre por meio de inimigos naturais nativos existentes no campo, sem intervenção do homem; controle biológico aplicado, que engloba a introdução e manipulação de inimigos naturais pelo homem, para posteriores liberações desses organismos no campo, ou ainda o controle biológico clássico de pragas, que envolve a transferência de inimigos naturais de pragas de seus ecossistemas nativos para novos ecossistemas, na expectativa de que estes organismos se estabeleçam e promovam o controle da praga desejada. Um dos grandes desafios em relação aos programas de controle biológico será quanto à capacidade de lidar efetivamente com o problema das bioinvasões, que é o deslocamento de organismos vivos de uma região para outra, inadvertida ou intencionalmente, por meio do comércio, transporte, trânsito e turismo, podendo resultar em prejuízos incalculáveis nos âmbitos ambiental, econômico, social e cultural. Nesse sentido, uma série de iniciativas internacionais e regionais tem ocorrido, visando harmonizações de regulamentações e procedimentos para a importação, exportação e o uso adequado de agentes de controle biológico para fins de controle de pragas agrícolas. A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, em seu Núcleo Temático de Segurança Biológica, realizou um levantamento de forma a subsidiar o MAPA (Ministério da Agricultura, Pecuária e do Abastecimento) no levantamento de pragas potenciais para a agricultura brasileira. Foi elaborada uma tabela que mostra exemplos de 19 espécies-pragas potenciais da Ordem Lepidoptera, listando 412 inimigos naturais. Esses dados mostram uma diversidade enorme de inimigos e conseqüentemente uma maior possibilidade de se aplicar o controle biológico. A maioria das pragas listadas nos levantamentos realizados apresenta difícil controle pelos métodos tradicionais, e as possibilidades desses organismos serem controlados por inimigos naturais é uma realidade. A relevância do trabalho pode ser expressa nas medidas preventivas a serem adotadas para o controle das pragas da ordem lepdoptera quarentenárias para o país, garantindo a conformidade e a inocuidade dos alimentos, evitando riscos à saúde pública e protegendo as áreas de cultivo no país.

¹Biologia, graduanda, Faculdade Juscelino Kubischek-JK

²Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

³Geógrafa, graduada, União Pioneira de Integração Social-UPIS

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

157 - INSPEÇÃO ACAROLÓGICA DE MATERIAL VEGETAL INTERCAMBIADO ATRAVÉS DO LABORATÓRIO DE QUARENTENA VEGETAL, EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA, DE JUNHO DE 2006 A SETEMBRO DE 2007 (Acarological inspection of plant material exchanged through the Laboratory of Plant Quarantine of Embrapa Genetic Resources and Biotechnology from June 2006 to September 2007)

Reis, M.T.¹, Magarelli, G.², Calvoso-Miranda, L.³, Navia, D.⁴

Os ácaros fitófagos apresentam diversas características que os tornam espécies invasoras potenciais. Um grande número de espécies causa danos aos seus hospedeiros e apresenta *status* de pragas em sistemas agrosilvopastoris. Além de danos diretos aos hospedeiros, os ácaros fitófagos podem agir como vetores ou disseminadores de fitopatógenos. A detecção dos ácaros é difícil devido às suas reduzidas dimensões e por encontrarem-se em locais protegidos nos hospedeiros. Portanto, é extremamente importante a adoção de medidas preventivas ou de contenção visando evitar a introdução e/ou disseminação de novas espécies de ácaros fitófagos. Este trabalho tem como objetivo apresentar os resultados da análise acarológica realizada no LQV do CENARGEN no período de Junho de 2006 a Setembro de 2007. Estas informações devem ser consideradas para avaliar o risco associado a diferentes produtos/procedências, sendo, portanto, de especial importância para o processo de Análise de Risco de Pragas (ARP). No período de Junho de 2006 a Setembro de 2007 realizou-se inspeção acarológica de 25856 acessos – 19079 de importação, 2555 de exportação e 4222 de trânsito interno. As sementes foram analisadas utilizando-se o exame direto e/ou peneiramento. As estacas e mudas foram analisadas através do exame direto e lavagem e o material *in vitro* através do exame direto. Os ácaros detectados foram preservados em lâminas de microscopia em meio de montagem de Hoyer ou de Berlese Modificado e identificados utilizando-se um microscópio óptico de contraste de fase. Foram detectados ácaros pertencentes a 28 táxons, 13 famílias e 15 gêneros. Foram identificados ácaros pertencentes às quatro principais famílias de fitófagos: Eriophyidae, Tenuipalpidae, Tarsonemidae e Tetranychidae; 3 famílias de predadores: Ascidae, Cunaxidae e Phytoseiidae. Além dessas foram identificadas as famílias Acaridae e Tydeidae. Entre os ácaros quarentenários interceptados foram encontrados os ácaros exóticos *Aceria zeala* em milho da Argentina, *Aceria tosichella* em Trigo dos EUA, *Abacarus hystrix* em Trigo dos EUA e *Brevipalpus chilensis* em Kiwi do Chile. A introdução desses ácaros exóticos poderiam agravar os problemas fitossanitários das culturas no país. Esses resultados vêm reforçar a importância da inspeção acarológica e da quarentena de pós-entrada do material vegetal em trânsito.

¹Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, mestranda, Universidade de Brasília-UnB

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

158 - INSPEÇÃO E IDENTIFICAÇÃO ENTOMOLÓGICA NA ESTAÇÃO QUARENTENÁRIA DE GERMOPLASMA VEGETAL NO PERÍODO DE JUNHO DE 2006 A SETEMBRO DE 2007 (Inspection and entomological identification on plant germplasm quarantine station from June 2006 to September 2007)

Cruz, K.R.R.¹, Magarelli, G.², Santos, A.C.A.¹, Silva Neta, B.R.³, Oliveira, M.R.V.⁴

A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia tem como uma de suas atividades prioritárias, o intercâmbio de germoplasma vegetal, destinado a coleções de base, a programas de melhoramento e demais projetos visando o enriquecimento do acervo nacional de recursos genéticos vegetais e sua caracterização. 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. A maior parte do intercâmbio de germoplasma vegetal do Laboratório de Quarentena Vegetal (LQV) é feito por meio de sementes, mas também de mudas, estacas, rizomas, bulbos, tubérculos e material in vitro. A Unidade Laboratorial de Entomologia no período de junho de 2006 a setembro de 2007 inspecionou aproximadamente 25.856 acessos de importação, exportação e trânsito interno de germoplasma vegetal. O objetivo desse trabalho é apresentar os resultados da inspeção realizada no LQV relacionados à presença ou ausência de insetos no germoplasma intercambiado. O material vegetal de germoplasma foi examinado diretamente no interior de armadilhas luminosas utilizando-se o refletor ou microscópio estereoscópio para a detecção dos insetos. Os insetos detectados são colocados em vidros pequenos contendo álcool 70%. Após a identificação dos organismos coletados, estes vão para a “Coleção referência de insetos da Quarentena Vegetal”. Após a inspeção do material vegetal, o mesmo é encaminhado para o tratamento de modo a erradicar as possíveis formas vivas presentes no germoplasma. A Entomologia, no período de junho de 2006 a setembro de 2007 inspecionou aproximadamente 19079 acessos de importação, 2555 acessos de exportação e 4222 acessos de trânsito interno de germoplasma vegetal. Neste período, os materiais recebidos com maior frequência foram: sementes de milho, algodão, soja, trigo, e arroz. Foram identificados insetos pertencentes a três ordens: Coleoptera, Lepidoptera, Psocoptera, pertencentes a cinco famílias: Cucujidae, Curculionidae, Dermestidae, Gelechiidae, Liposcelidae; cinco gêneros: *Cryptolestes*, *Sitophilus*, *Liposcelis*, *Sitotroga*; quatro espécies: *Cryptolestes ferrugineus*, *Sitophilus oryzae*, *Liposcelis corrodens*, *Sitotroga cerealella*. Não foi detectado no período nenhum inseto exótico, somente insetos de grãos armazenados já relatados no Brasil.

¹Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Biologia, graduanda, Faculdade Juscelino Kubitschek-JK

⁴Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

159 - NEMATÓIDES DETECTADOS EM MATERIAL VEGETAL IMPORTADO PELO BRASIL NO ANO DE 2006 ATÉ AGOSTO DE 2007 (Nematodes detected in imported plant material by Brazil in the year 2006 until August 2007)

Sousa, A.I.M.¹, Gonzaga, V.², Cares, J.E.³, Tenente, R.C.V.², Prates, M.⁴

O Laboratório de Nematologia da Estação de Quarentena vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia tem realizado análises nematológicas em quase todo material de germoplasma vegetal introduzido, bem como nas amostras fiscais de produtos comerciais apreendidos nos pontos de entrada do país. Durante o período de janeiro de 2006 a agosto de 2007, foram analisados 13.624 (2006) e 14.294 (2007) acessos, procedentes de diversos países. Alguns desses materiais apresentaram-se infectados por nematóides exóticos ao país e a interceptação foi de significativa importância para o agronegócio brasileiro. As técnicas usadas na extração dos nematóides foram: Funil de Baermann; Bandeja, Peneiramento, Trituração, Flutuação de cistos por Fenwick, centrifugação e exame direto, dependendo da espécie de planta e do nematóide alvo. Os nematóides detectados são: *Anguina* sp., *Aphelenchoides abyssinicus*, *Aphelenchoides asterocaudatus*; *Aphelenchoides besseyi*, *Aphelenchoides bicaudatus*, *Aphelenchoides blastophthorus*, *Aphelenchoides pusillus*; *Aphelenchoides* sp., *Aphelenchoides spicomucronatus*, *Aphelenchoides spinosus*, *Aphelenchoides subtenuis*, *Aphelenchoides tumuliscaudatus*, *Cephalobus* sp., *Ditylenchus acutus*, *Ditylenchus africanus*; *Ditylenchus emus*; *Ditylenchus equalis*; *Ditylenchus khani*, *Ditylenchus myceliophagus*, *Ditylenchus* sp., *Ditylenchus terricolus*, *Ditylenchus thornei*; *Dorylaimus* sp., *Helicotylenchus bambesae*; *Helicotylenchus* sp., *Malenchus* sp., *Monhystera* sp., *Paraphelenchus* sp.; *Plectus* sp., *Pratylenchus brachyurus*; *Pratylenchus penetrans*; *Prodorylaimus* sp., *Rotylenchus* sp., *Scutellonema brachyurum*; *Tylencholaimus* sp., *Tylenchus* sp. Alguns acessos geneticamente importantes passaram pelo tratamento térmico de erradicação dos nematóides. Através destes procedimentos, o Laboratório de Nematologia colaborou de modo significativo para reduzir os riscos de introdução de novas espécies de nematóides no Brasil, totalizando a interceptação de 18 espécies de nematóides exóticas ao Brasil.

¹Secretariado Executivo, graduanda, CECAP

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁴Assistente de Operações, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

160 - POLIMORFISMO DE *Meloidogyne incognita* E *M. hispanica* ATRAVÉS DA ANÁLISE DE MARCADORES ISSR (Genetic variability of *Meloidogyne incognita* and *M. hispanica* through ISSR analysis)

Silveira, N.O.R.¹, Silva, J.G.P.², Santos, M.F.A.², Almeida, M.R.A.³, Carneiro, R.M.D.G.⁴, Tigano, M.S.⁴

Meloidogyne incognita é uma das espécies de maior ocorrência em diferentes culturas no Brasil. A variabilidade dessa espécie pode ser observada a partir de raças fisiológicas e padrões enzimáticos. Dois perfis enzimáticos (esterases, Est I1 e I2 e malatodesidrogenase, Mdh N1) foram detectados no Brasil. Recentemente *M. hispanica* foi relatada parasitando abóbora e cana de açúcar na região Nordeste do Brasil. O objetivo deste trabalho foi estudar a variabilidade genética de oito isolados de *M. incognita* (I1N1 e I2N1), de três isolados de *M. hispanica* (H3N1) e de seis *Meloidogyne* spp. com perfis enzimáticos S2N1 e S2N3. Um isolado de *M. javanica* foi incluído, como 'outgroup'. O DNA genômico foi extraído para cada um dos 18 isolados, e utilizado na análise de ISSR "Inter-Single Sequence Repeat", com avaliação de um total de 16 primers, sendo que apenas 9 apresentaram bandas polimórficas para as espécies descritas. Foram selecionadas 114 bandas para a análise no programa PAUP. Os resultados demonstraram uma grande proximidade entre todas as populações de *M. incognita*, inclusive as provenientes do cafeeiro. Os quatro isolados de *Meloidogyne* sp. (S2N1) também foram muito próximos de *M. incognita*. Os dois outros isolados de *Meloidogyne* sp (S2N3) foram mais próximos de *M. hispanica*. Estudos morfológicos mais detalhados estão em andamento para esclarecer as relações detectadas através da análise molecular.

¹Bióloga, graduada, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Biologia, graduanda, Universidade Católica de Brasília-UCB

³Química, graduada, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia/Bolsista

⁴Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

161 - REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAFEIEIRO A POPULAÇÕES DE *Meloidogyne exigua*: DETECÇÃO DE VIRULÊNCIA NATURAL AO GENE Mex-1 (Coffee plant genotypes reaction to *Meloidogyne exigua* populations: natural virulence detection to the gene Mex-1)

Muniz, M.F.S.¹, Campos, V.P.², Moita, A.W.³, Gonçalves, W.⁴, Carneiro, R.M.D.G.⁵

Dentre as espécies de *Meloidogyne* que afetam o cafeeiro destaca-se *Meloidogyne exigua* pela ampla disseminação no Brasil. Genótipos de cafeeiro foram avaliados em relação à resistência a quatro populações de *M. exigua* provenientes de diferentes regiões. O experimento foi conduzido em casa de vegetação, em delineamento em blocos ao acaso, em esquema fatorial com oito repetições e plantas com seis meses de idade, inoculadas com 10.000 ovos/planta. As populações apresentaram as seguintes procedências, perfis de esterase e hospedeiros: 1. Lavras-MG (E1, cafeeiro), 2. Lavras-MG (E2, cafeeiro e tomateiro), 3. Bom Jesus de Itabapoana-RJ (E1, cafeeiro) e 4. Campinas-SP (E2, cafeeiro). A avaliação foi realizada oito meses após a inoculação, com base nos índices de galhas e massas de ovos, número de ovos/g de raiz e no fator de reprodução (FR). As cultivares IAC Obatã, IAC 4361 e Tupi Amarelo foram suscetíveis às quatro populações de *M. exigua*, comparadas ao padrão de suscetibilidade IAC 144; 'Tupi Vermelho' comportou-se como resistente à população 1 e suscetível às demais. Os genótipos IAPAR 59 e H419-5-4-5-2-Paraíso foram resistentes a três populações (1,2,4). Entretanto, observou-se alta reprodução da população de Bom Jesus de Itabapoana, RJ (FR>100) nesses genótipos portadores do gene de resistência Mex-1. Esse trabalho coloca em evidência a diversidade fisiológica de *M. exigua* e a capacidade de superar a resistência genética na ausência de condições seletivas.

Apoio: FAPEAL.

¹Eng. Agr., doutoranda, Universidade Federal de Lavras-UFLA

²Eng. Agr., Ph.D., Universidade Federal de Lavras-UFLA

³Matemático, Embrapa Hortaliças

⁴Eng. Agr., Ph.D., Instituto Agronômico de Campinas-IAC

⁵Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

162 - SELEÇÃO DE VARIEDADES DE BANANEIRA RESISTENTES AO NEMATÓIDE *Meloidogyne ethiopica*, SOB CONDIÇÕES DE CASA DE VEGETAÇÃO (Screening of resistant banana varieties to the nematode *Meloidogyne ethiopica*, under greenhouse conditions)

Sousa, A.I.M.¹, Santos, A.C.N.², Tenente, R.C.V.³, Carneiro, R.M.D.G.³, Silva Neto, S.P.⁴, Prates, M.⁵

Meloidogyne ethiopica é uma espécie introduzida no Brasil a partir de mudas de quivi, provenientes do Chile, e que vem causando sérios prejuízos à viticultura naquele país. No Brasil, esse nematóide foi recentemente detectado em quivi, soja, tomate, yacon e fumo no Rio Grande do Sul, São Paulo, Distrito Federal e Santa Catarina. A bananicultura possui grande importância econômica e social, sendo o Brasil o terceiro produtor mundial, com seis milhões de toneladas, numa área cultivada de 560 mil hectares. A bananeira é afetada por diversos problemas fitossanitários, entre eles, os nematóides do gênero *Meloidogyne*. O principal objetivo deste trabalho foi verificar o comportamento de oito cultivares de bananeira quanto ao parasitismo de *M. ethiopica*. O ensaio foi realizado em casa de vegetação, em delineamento de blocos ao acaso, com oito repetições. O inoculo usado foi de 10.000 ovos por planta. Seis meses após a inoculação, foram avaliados: a altura das plantas, o peso das raízes e o fator de reprodução ($FR = \text{população final} / \text{população inicial}$). Os ovos e J2 foram extraídos das raízes utilizando o método de Hussey & Barker (1973) e quantificados em lâminas de Peters. Tomateiros cv. Santa Clara foram utilizados para aferição do inóculo. As variedades Prata Zulu e Nanicão foram consideradas suscetíveis, enquanto que a 'Grande Naine' apresentou baixa resistência. As variedades Caipiras e Pacovan foram moderadamente resistentes e 'FHIA 18', 'Prata Anã' e 'Maçã', resistentes. Esses resultados indicam a possibilidade de utilização de três cultivares de bananeira em áreas altamente infestadas com *M. ethiopica*.

¹Secretariado Executivo, graduanda, CECAP

²Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Campo BioTecnologia Vegetal, Paracatu, MG

⁵Assistente de Operações, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

163 - SUBSÍDIOS À ELABORAÇÃO DE UMA ANÁLISE DE RISCO DE PRAGAS PARA O ÁCARO VERMELHO DAS PALMEIRAS, *Raoiella indica* HIRST (PROSTIGMATA: TENUIPALPIDAE) NO BRASIL [Subsidies to the elaboration of a pests risk analysis to the red palm mite, *Raoiella indica* Hirst (Prostigmata: Tenuipalpidae) in Brazil]

Reis, M.T.¹, Mendonça, R.S.², Navia, D.³

O ácaro vermelho das palmeiras, *Raoiella indica* (Hirst), tradicionalmente uma praga de coqueiros e diversas palmeiras cultivadas e, recentemente, de bananeiras e de espécies ornamentais tropicais, vem se disseminando e causando sérios danos no Caribe. Até o momento a presença desse ácaro não é relatada no Brasil, mas está se aproximando rapidamente das fronteiras nacionais. O relato mais recente de *R. indica* (2007) é do Estado de Sucre na Venezuela, o que alerta para a eminência de sua introdução no Brasil. Esse trabalho tem como objetivo, avaliar o risco de introdução, estabelecimento e importância econômica de *R. indica* no Brasil e apontar medidas de mitigação desse risco; determinar as áreas no Brasil em que *R. indica* apresenta alto potencial de estabelecimento e dar subsídio à elaboração de um plano de contingência para *R. indica* no Brasil. Para avaliar a adequação das condições climáticas para o desenvolvimento de *R. indica* no país utilizou-se o programa CLIMEX. Os resultados preliminares evidenciaram que pode haver um alto potencial de introdução, disseminação, estabelecimento e importância econômica de *R. indica*. A introdução de *R. indica* no Brasil parece inevitável, devido suas características como grande facilidade de dispersão através do vento e por estar localizada no Norte e Centro da Venezuela, próxima as fronteiras do Brasil. As análises preliminares indicam que as condições macroclimáticas no Brasil são adequadas para o desenvolvimento de *R. indica*, com índices ecoclimáticos variando de alto para algumas regiões como o Nordeste e Norte por apresentar clima úmido e quente, e de médio a baixo para o sudeste e sul. Caso introduzido no país, *R. indica* encontrará hospedeiros principalmente na região Nordeste, já que os maiores produtores do coco (*Cocos nucifera*) no Brasil são: Bahia, Alagoas, Sergipe, Ceará, Pernambuco, Maranhão e Piauí. Os principais hospedeiros de *R. indica* são de importância para o agronegócio brasileiro. A perda na produção devido aos danos diretos e indiretos pelo ácaro podem ser elevadas. Portanto, por meio dos resultados observa-se a necessidade de intensificar e reforçar as barreiras quarentenárias que visam evitar ou retardar a introdução deste ácaro praga no Brasil e é necessário a elaboração de um plano de contingência para *R. Indica* no Brasil.

¹Biologia, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Eng. Agr., doutoranda, Universidade de Brasília-UnB

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

164 - SUPORTE A IDENTIFICAÇÃO DE ESPÉCIES DE *Ditylenchus* POR MEIO DE SISTEMA ESPECIALISTA, BASEADO NA CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO (*Ditylenchus* species identification supported by an expert system, based on computer science)

Santos, T.O.¹, Rissoli, V.R.V.², Tenente, R.C.V.³, Cares, J.E.⁴, Gonzaga, V.³, Hiragi, G.O.⁵

A identificação de nematóides em nível de gênero ou espécie consiste em uma tarefa lenta e trabalhosa, principalmente, quando realizada sem o suporte técnico especializado, podendo gerar resultados inconsistentes e duvidosos. Dentre as diversas maneiras de suprir esta ausência do especialista e proceder com a identificação desses organismos, com certo grau de confiabilidade, faz-se necessário o uso de ferramentas cada vez mais eficientes, dentre as quais se encontra a informática. Com o intuito de viabilizar este processo, sem o auxílio contínuo de um profissional, está sendo desenvolvido um sistema capaz de gerir as informações necessárias para oferecer suporte à identificação consistente de espécies do gênero *Ditylenchus*. Foi desenvolvido um protótipo em linguagem de programação Java, por meio do NetBeans 5.5, uma poderosa ferramenta de desenvolvimento em linguagem de programação, capaz de identificar as cinco principais espécies de *Ditylenchus*: *D. africanus*, *D. myceliophagus*, *D. angustus*, *D. destructor* e *D. dipsaci*. A partir de informações como: morfologia e morfometria, distribuição geográfica e plantas hospedeiras, obtidas de publicações científicas, banco de dados internacionais e sites de busca, chegou-se a uma chave dicotômica que viabilizou o processo de identificação por este sistema, classificado em informática como Sistema Especialista. Visando facilitar a utilização e identificação pelo usuário. O sistema possui acesso ao Banco de Imagens da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, com imagens específicas das características a serem analisadas, das espécies, pelo observador. Desta forma, este trabalho poderá fornecer mais suporte técnico à área de defesa sanitária vegetal do país, trazendo ferramentas que dão um suporte seguro na identificação de espécies, o primeiro e mais importante passo para adoção de medidas de controle de praga.

¹Ciência da Computação, graduando, Universidade Católica de Brasília-UCB

²Ciência da Computação, Ph.D., Universidade Católica de Brasília-UCB

³Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Eng. Agr., Ph.D., Universidade de Brasília-UnB

⁵Ciência da Computação, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

165 - VALOR ESPERADO DE GERAÇÕES DE *Anastrepha ludens* EM ALGUMAS LOCALIDADES DO BRASIL COM BASE NA TEMPERATURA DIÁRIA (Expected value of generations of *Anastrepha ludens* in some sites of Brazil according to daily temperature)

Cruz, K.R.R.¹, Santos, A.C.A.¹, Melo, L.A.M.P.², Oliveira, M.R.V.³

O agronegócio tem participação importante na economia brasileira. Em 2005 atingiu 27,9% do produto Interno bruto (PIB). Diversas ações são importantes para o crescimento do mercado de produtos agrícolas brasileiros e, dentre essas, o monitoramento de pragas exóticas com a finalidade de evitar seu estabelecimento é uma atividade relevante, que contribui positivamente para a minimização de riscos de queda da produtividade agrícola do País. A mosca-das-frutas *Anastrepha ludens* é, atualmente, uma praga exótica de grande importância econômica, que apresenta uma grande variedade de plantas hospedeiras potenciais. Dentre os fatores abióticos que determinam a favorabilidade de ocorrência e estabelecimento de organismos destaca-se a temperatura. Diversos insetos, entre eles *Anastrepha ludens*, não conseguem manter a temperatura corporal constante e, assim, a temperatura ambiente é um fator relevante em seu desenvolvimento nas fases de ovo, larva, pupa e adulto. Para se estimar o número de dias necessários ao desenvolvimento da fase de ovo até a fase adulta pode-se lançar mão do cálculo do valor de graus-dia acumulados que em última instância, mede o “tempo fisiológico” de crescimento do organismo com base na temperatura ambiente. Com base nos valores das temperaturas máxima e mínima diária, de determinada localidade de avaliação calcula-se o valor dos graus-dia para o organismo de interesse e, assim, obtém-se uma estimativa do período em dias para surgimento da praga em fase adulta, ou seja, o período de surgimento de uma geração da praga. O objetivo deste trabalho foi estimar o valor esperado de gerações de *Anastrepha ludens* em diversas localidades do Brasil, com base no valor calculado de graus-dia. As localidades escolhidas foram 170 “pontos” do território brasileiro onde se situam estações meteorológicas e agrometeorológicas do INPE, que disponibiliza via Internet os dados das temperaturas máxima e mínimas diárias. Com base na literatura, verificou-se que *A. ludens* requer em torno de 607 graus-dia acumulados para desenvolvimento de uma geração. Supos-se a oviposição e contagem dos graus-dia acumulados a partir do dia 01/01/2006 e estimou-se então o valor esperado de gerações em cada uma das 170 localidades para o ano de 2006. Das 170 localidades, 128 apresentaram valor esperado entre 7 e 11 gerações/ano sendo portanto considerado um valor que indica alta favorabilidade para o estabelecimento da praga. Ao mapear-se as 128 localidades, observou-se que o padrão global de distribuição espacial das mesmas apresenta tendência de clusterização, ou seja, áreas com alta favorabilidade tendem a ser espacialmente adjacentes entre si.

¹Biologia, graduanda, Faculdades Integradas da Terra de Brasília-FTB

²Ciência da Computação, M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

166 - VÍRUS DETECTADOS EM GERMOPLASMA VEGETAL INTRODUZIDO NO BRASIL E ANALISADO PELO LABORATÓRIO DE QUARENTENA DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA – UNIDADE DE VIROLOGIA (Viruses detected in vegetal germplasm introduced into Brazil and analysed by the quarantine laboratory of Embrapa Genetic Resources and Biotechnology – Virology Unit)

Anjos, V.S.¹, Batista, M.F.², Marinho, V.L.A.³

Os vírus constituem um grupo importante de pragas de plantas, sendo causadores de doenças extremamente danosas para a agricultura. Esses vírus podem estar associados às sementes e aos materiais de propagação vegetativa, introduzidos no país, sendo um risco potencial a agricultura brasileira. A dificuldade de detecção, identificação e posterior erradicação destes organismos, torna o princípio da prevenção da doença, através da exclusão da praga, extremamente importante. Para tal, o Laboratório de Quarentena, da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Unidade de Virologia, analisa todo o germoplasma introduzido no país, garantindo a integridade fitossanitária do mesmo. Durante o período compreendido entre janeiro de 2004 à julho de 2007, foram analisados pela Unidade de Virologia, 59.317 acessos de germoplasma vegetal, procedentes de 30 países. As metodologias de diagnóstico utilizadas são aquelas reconhecidas internacionalmente e se baseiam em testes biológicos, sorológicos e moleculares. Neste período foram detectados e interceptados os seguintes vírus: *Soybean mosaic virus* (vírus do mosaico comum da soja), em sementes de soja importadas da Argentina e o *Banana streak virus*, em mudas de bananeira importadas da Costa Rica. Embora os vírus detectados já estejam presentes no Brasil, não é descartada a possibilidade da presença de novas estirpes que podem ser mais agressivas do que as já existentes. Como não existe tratamento específico para combater viroses, a detecção das mesmas no material introduzido, antes de ir para o campo, é fundamental para a prevenção e o controle dessas pragas.

¹Agronomia, graduando, União Pioneira de Integração Social-UPIS

²Eng. Agr., Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

OUTROS

167 - EVOLUÇÃO DAS ATIVIDADES DE APOIO NO SISTEMA DE QUALIDADE NA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA (Evolution of the activities of support in the quality system in Embrapa Genetic Resources and Biotechnology)

Galiza, V.S.¹, Castro, C.S.P.², Coutinho, M.V.³, Frazão, H.S.⁴, Martins, N.F.⁵, Santana, E.F.⁶, Amaral, Z.P.S.⁷

O Núcleo de Gestão de Qualidade (NGQ) e o Comitê da Qualidade (CQ) da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia são as Unidades responsáveis pela implantação, acompanhamento, avaliação e melhoria contínua do Sistema da Qualidade. O NGQ tem o compromisso de fazer cumprir a política e os objetivos da qualidade, considerando as orientações normativas da NBR ISO/IEC 17025 e das Boas Práticas de Laboratório. Visando a acreditação, 13 laboratórios da unidade fazem parte do escopo do SQ. Em consonância com o CQ e o NGQ, as atividades são planejadas para garantir a excelência dos resultados técnicos e a competitividade na geração de tecnologias bem como na prestação de serviços, de forma contínua. O Sistema da Qualidade está sendo implantado na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia de acordo com 12 metas definidas no Plano de Ação da Gerência da Qualidade, o qual contempla atividades de treinamento e sensibilização; diagnóstico; organização do SQ; elaboração dos documentos do SQ; mapeamento de processos; manutenção e calibração de equipamentos e instrumentos; controles de qualidade dos resultados; adequação das instalações físicas dos laboratórios; implantação dos programas de gestão ambiental, 5S e auditoria interna; acreditação; ampliação do escopo do SQ. Para que as atividades do Plano de Ação sejam cumpridas dentro dos prazos estabelecidos, reuniões de acompanhamento são realizadas pelo NGQ com o CQ, as Chefias e todos os membros da equipe. Dentre as atividades executadas pelo NGQ e CQ cabe ao estagiário apoiar na: organização, digitação, formatação, distribuição e controle dos documentos do SQ; organização e elaboração de documentos para reuniões do NGQ, cursos, seminários e eventos da qualidade; manutenção e organização dos murais e arquivos impressos e digitais do SQ; divulgação da qualidade; realização de serviços de secretaria para a Gerência da Qualidade. As atividades executadas pelo estagiário contribuíram efetivamente para a evolução da implantação do SQ, a qual pode ser constatada pelos seguintes resultados alcançados em 2007: elaboração de 7 POP; verificação e aprovação de 65 POP; realização de 22 reuniões, um workshop e 10 Cursos; manutenção e calibração de equipamentos; realização de diagnósticos; implantação e acompanhamento dos programas 5S, gestão ambiental e auditoria interna.

¹Pedagogia, graduanda, Faculdade Brasília Tecnologia, Ciências e Educação-UniBrasília

²Química, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

³Eng. Agr., M.Sc., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁴Administradora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁵Bióloga, Ph.D., Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁶Geógrafa, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

⁷Estudante Nível Médio, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

ÍNDICE DE AUTORES

(A numeração corresponde ao número do resumo)

Abreu, M.S.	036, 037
Agostini-Costa, T.S.	100, 101, 115
Aguiar, R.W.S.	049, 069, 072
Albuquerque, M.S.M.	136
Alegria, M.R.M.	125
Allam, T.D.	048, 083
Almeida, G.F.	074
Almeida, J.D.	002, 036, 037, 038
Almeida, J.P.S.	086
Almeida, L.M.	061
Almeida, M.R.A.	160
Alvarenga, D.O.	081
Alvarenga, M.O.	025
Alves, D.M.T.	018
Alves, E.E.A.	097, 099
Alves, G.S.C.	016
Amaral, Z.P.S.	167
Andrade, A.C.	013, 016, 025, 032, 037, 038
Andrade, L.R.M.	002
Andrade, M.T.	097, 099
Andrade, R.V.	008, 017
Anjos, V.S.	143, 166
Aquino, M.F.S.	063
Aragão, F.J.L.	005, 024, 030, 033
Araújo, A.C.G.	001, 147
Araújo, A.R.	063, 114
Araújo, K.A.C.	084, 093
Araújo, M.A.F.	009
Arevalo, J.	073
Ashiuchi, C.S.	145
Azevedo, F.I.	076
Azevedo, V.C.R.	132
Baldoni, A.B.	005
Barbosa, A.E.A.D.	010, 034
Barbosa, E. A.	013

Barretto, G. B.	136
Barros, E.V.S.A.	034
Barros, L.M.G.	002, 029, 036, 037, 038
Bastos, M.R.	042, 043
Batista, M.F.	143, 166
Beluco, W.	109
Bernardes, T.A.	058, 066, 087, 088
Bertani, G.R.	137
Bertioli, D.J.	001, 018, 021, 028, 103
Bittar, P.	023
Bittencourt, D.	032
Bizzo, H.	102
Bloch Jr., C.	013
Boiteux, L.	020
Bonato, C.	142, 146
Borges, M.	053, 059, 063, 070, 071, 077
Branco, M.C.	085
Brasileiro, A.C.M.	008, 017, 021
Buso, G.S.C.	108, 122
Bustamante, P.G.	105, 131
Cabral, G.B.	003, 012, 015
Cabral, J.R.S.	098
Cação, S.M.B.	016
Caetano, A.R.	114
Caetano, L.D.	070
Caixeta, E.S.	041
Calvoso-Miranda, L.	157
Camillo, J.	129, 134
Campos, V.P.	161
Cardoso, C.F.	086
Cardoso, L.D.	134
Cares, J.E.	144, 148, 159, 164
Carneiro, A.A.	033
Carneiro, M.	002, 029, 036, 037, 038
Carneiro, N.P.	033
Carneiro, R.	010
Carneiro, R.M.D.G.	035, 073, 089, 090, 091, 160, 161, 162
Carneiro, V. T.C.	003, 004, 007, 012, 015

Carpes, G.M.	117
Carrijo, L.H.D.	042, 044
Carvalho, C.H.S.	128
Carvalho, J.O.	040
Carvalho, L.J.C.B.	033
Carvalho, S.E.S.	047
Carvalho Filho, M.R.	079
Castro, C.S.P.	006, 019, 167
Castro, M.E.B.	061, 074, 076, 082, 092
Castro, R.C.S.	021
Castro, S.T.R.	136
Cavalcante, C.	053
Cavalcante, K.R.	088
Cavéchia, L.A.	086, 105, 131
Chagas, G.R.	150, 151, 152
Ciampi, A.Y.	119, 125, 126, 132
Cipriano, T.M.	024, 030, 033
Cirotto, P.A.	089, 091
Corrêa, R.F.T.	049, 069
Correia, J.R.	105, 131
Correia, L.Q.	104, 110
Cotta, M.G.	002, 036, 037, 038
Coutinho, M.V.	167
Couto, C.S.	124
Craveiro, K.I.C.	022
Cruz, K.R.R.	153, 154, 155, 156, 158, 165
Cunha, L.R.	019
Cunha, N.B.	024, 030
Cunha Junior, A.R.	135
Custódio, A.R.	097, 099, 120, 121, 123
Damasceno, J.P.S.	142, 146
Dantas, A.P.A.	004
Dantas, J.A.	029
Da Silva Neto, S.P.	162
Da Silva, F.R.	008, 017, 032
De Freitas, S.M.	023
De Paula, A.W.M.	023
Dias, S.C.	066

Dias, T.	130, 133, 138
Díaz, L.H.	073
Diener, H.S.	142, 146
Diniz, B.T.	122
Diniz, I.R.	085
Diniz, L.E.C.	016
Dode, M.A.N.	040, 041
Dorea, J.G.	019
Dos Santos, T.O.	144
Driessen, K.	043
Dumas, V.F.	049, 051, 069
Dusi, D.M.A.	004, 007, 015
Dutra Jr, W.M.	137
Egito, A.A.	136
Eira, M.T.S.	036, 037, 038, 128
Facó, O.	136
Falcão, L.L.	009
Falcão, R.	002
Faleiro, F.G.	100, 115
Faria, D.A.	104, 106, 107, 110, 111
Faria, J.C.	020
Faria, M.R.	048, 067
Fávero, A.P.	097, 099, 103
Fernandez, R.S.	069
Ferreira, D.L.A.	025
Ferreira, F.R.	098, 101, 113
Ferreira, M.A.	108, 122
Ferreira, M.A.J.F.	122
Ferreira, V.A.	066, 088
Fonseca, M.E.N.	020
Fontes, C.G.	140
Fontes, E.M.G.	058, 066, 067, 085, 086, 087, 088
Fragoso, R.R.	010, 017
Franco, M.M.	040, 041, 045
Frazão, H.S.	048, 167
Freire, L.P.	025
Galiza, V.S.	167
Gander, E.S.	009, 014, 026, 027

Gavião, C.F.C.	125
Geest, J.J.V.D.	002
Gimenes, M.	018
Goedert, C.O.	127,139
Gomes, A.C.M.M.	002, 004, 072
Gomes, W.S.	114
Gomes Carneiro, R.	090, 091
Gomes Júnior, J.E.	022, 034
Gonçalves, W.	161
Gonzaga, M.V.	141
Gonzaga, V.	144, 147, 159, 164
Gouvêa, E.G.	103
Grattapaglia, D.	095, 104, 106, 107, 110, 111, 116
Grossi-de-Sá, M.F.	008, 010, 011, 017, 022, 023, 034
Guimarães, L.A.	004, 007
Guimarães, L.M.	010
Guimarães, P.M.	001, 017, 018, 021, 028, 103
Guimarães, S.E.F.	137
Hiragi, G.O.	144, 164
Inglis, P.W.	126
Inoue-Nagata, A.K.	020
Jeske, H.	020
Jimenez, A.V.	034
Koehler, A.D.	015
Krahô, A.	130, 133, 138
Lacerda, A.L.M.	003, 012
Lacorte, C.	029, 031
Laender, C.R.	045
Laumann, R.A.	053, 059, 063, 070, 071, 077
Leal-Bertioli, S.C.M.	001, 018, 021, 028, 103
Ledur, M.C.	137
Leite, A.	030
Leite, T.L.	122
Leme, L.O.	039
Lewis, R.V.	032
Lim, A.	045
Lima, E.A.	090
Lima, G.M.S.	049, 069, 072

Lima, G.S.	112
Lima, I.L.P.	131
Lima, J.N.	023
Lima, L.H.C.	047, 064, 081
Lima, L.M.	010
Lobo, R.N.	136
Locatelli, G.	017, 021
Lopes, A.P.S.	070, 077
Lopes, R.M.	100, 101
Ludke, L.F.	014, 026, 027
Lustosa, F.L.F.	103
Ma, J.K.C.	031
Macedo, M.A.	057, 078, 079, 080, 093
Machado, G.M.	040
Madeira, L.M.	031, 032
Magalhães, V.	133
Magarelli, G.	157, 158
Maia, A.E.	092
Mamani, E.M.	095, 116
Marcellino, L.H.	009, 014, 026, 027
Mariante, A.S.	109, 136, 137
Marinho, V.L.A.	143, 166
Marouelli, L.P.	108
Marques, A.S.A.	142, 146
Marques, G.A.	054, 057, 062, 079, 080, 093
Marques, J.P.E.	014
Marraccini, P.	025
Martins, A.C.	042, 043, 044
Martins, A.E.	097, 099
Martins, C.F.	114
Martins, E.S.	047, 051, 063, 068, 069, 072
Martins, I.	057, 062, 073, 078, 079, 080, 093
Martins, N.F.	010, 166
Mattos, J.K.	090
McManus, C.	114
Medeiros, A.M.	060
Medeiros, M.A.	085
Mehta, A.	008, 017

Melatti, V.M.	051, 068
Mello, S.C.M.	054, 057, 062, 078, 079, 080, 081, 084, 093
Melo, E.O.	045
Melo, L.A.M.P.	145, 149, 165
Melo, L.F.	042
Melo, T.	002
Mendes, M.A.S.	145, 150, 151, 152
Mendes, R.A.	134
Mendonça, R.S.	163
Menêzes, J.E.	054, 062
Menezes, N.P.	119
Michalczechen-Lacerda, V.A.	045
Michereff Filho, M.	048, 067, 083
Milane, P.V.N.G.	060
Minervino, J.	130, 133, 138
Moita, A.W.	161
Mollo, M.R.	044
Monnerat, R.G.	046, 049, 050, 051, 052, 055, 056, 063, 068, 069, 072, 075
Monteiro, A.F.N.	060, 065
Monteiro, J.S.	124
Moraes, M.C.B.	053, 059, 063, 070, 071, 077
Moretzsohn, M.C.	018, 103
Moriones, E.	020
Moura, M.T.	039
Mulinari, F.	023
Mundim, R.C.	129
Muniz, D.H.F.	055, 056
Muniz, M.F.S.	161
Murata, L.S.	137
Nakasu, E.Y.T.	034, 066
Navas-Castillo, J.	020
Návia, D.	144, 157, 163
Neves, L.G.	107
Nielen, E.	028
Oliveira, A.C.	131
Oliveira, A.S.	150, 151, 152
Oliveira, C.M.	083, 086
Oliveira, L.	003

Oliveira, M.A.P.	128
Oliveira, M.R.V.	083,149,153, 154, 155, 156, 158,165
Oliveira, P.E.F.	031, 032
Oliveira, R.S.	023
Oliveira, S.O.D.	048, 083
Oliveira-Filho, E.C.	055, 056
Oliveira Junior, G.P.O.	026, 147
Oliveira Neto, O.B.	010, 023
Padilha, L.S.	124
Pádua, J.G.	113
Paes, N.S.	010
Pais, V.O.	135
Paiva, S.R.	109, 114,136,137
Panizzi, A.R.	071
Pappas, M.	111
Pappas Júnior, G.J.	095, 107, 116
Paprotka, T.	020
Pasquali, G.	107
Paula, D.P.	066, 087
Paula, K.D.S.	102
Pavin, M.E.	009, 027
Paz, A.	059, 071
Paz Lima, M.L.	150, 151, 152
Peixoto, J.R.	057
Peñaloza, A.P.S.	094, 112, 118, 139
Pereira, B.A.S.	085
Pereira, J.B.	140
Pereira, J.M.N.	027
Pereira, L.F.P.	016
Pereira, R.W.	018, 109, 110, 137
Pereira Neto, L.G.	124, 135
Pessino, S.	004
Pinedo, F.J.R.	061
Piovezan, U.	137
Pires, C.S.S.	058, 066, 067, 085, 086, 087, 088
Pozzobon, M.T.	112, 139
Praça, L.B.	050, 051,052, 063, 068
Prates, M.	141, 159, 162

Queiroz, P.R.	046, 047, 063, 075, 081
Quintanilha, A.P.	089
Ramiro, C.A.	046, 075
Ramos, A.F.	043, 044
Ramos, A.R.	009, 026, 027
Ramos, F.	050
Ramos, F.R.	052, 055, 056
Ramos, G.L.	024, 030
Ramos, H.B.	022
Ramos, V.R.	097, 099
Rech, E.L.	024, 030, 031, 032
Regitano, L.	111
Reis, A.M.	034
Reis, M.T.	157, 163
Resende, F.O.	089
Resende, R.	020
Rezende, S.H.M.S.	082
Ribeiro, B.M.	049, 069, 072
Ribeiro, D.G.	096
Ribeiro, M.R.	112
Ribeiro, P.A.	058, 066, 085
Ribeiro, R.J.C.	149
Ribeiro, S.G.	020
Ribeiro, Z.M.A.	076, 092
Rissoli, V.R.V.	144, 164
Rocha, T.L.	011
Rodriguez, A.P.M.	015
Rumpf, R.	039, 040, 042, 043, 044
Sálame, J.P.A.	066, 088
Salgado-Labouriau, M.L.	085
Salomão, A.N.	129
Sansaloni, C.P.	095
Santana, C.G.	008
Santana, E.F.	167
Santos, A.C.A.	153, 154, 155, 156, 158, 165
Santos, A.C.N.	162
Santos, A.C.V.	126
Santos, C.M.R.	021

Santos, D.B.M.	036, 037, 038
Santos, H.A.	057
Santos, J.T.S.	144
Santos, L.P.	111
Santos, M.F.A.	035, 160
Santos, R.P.	062, 079, 080
Santos, S.	094, 096, 112, 118, 139
Santos, T.O.	164
Saraiva, M.A.P.	008, 016, 017
Sartori, R.	040, 042, 043, 044
Schimidt, F.G.V.	048, 067, 083, 088
Schneider, A.	045
Sena, J.S.	116
Sereno, J.R.B.	137
Sevilha, A.C.	100, 115
Sexton, A.	031
Silva, A.P.	021
Silva, C.M.	098, 113
Silva, D.B.	091, 100, 102
Silva, F.A.C.	071
Silva, G.S.	094, 096, 118
Silva, H.A.N.S.	148
Silva, J.B.T.	054, 062, 084
Silva, J.G.	006
Silva, J.G.P.	160
Silva, L.P.	006, 013
Silva, M.C.M.	022
Silva, N.V.	016
Silva, P.A.P.	128
Silva, P.H.A.	141
Silva, R.C.	127, 139
Silva, S.F.	149, 153, 154, 155, 156
Silva, T.	011
Silva, V.A.M.	145, 150, 151, 152
Silva Neta, B.R.	153, 154, 155, 156, 158
Silveira, E.D.	007
Silveira, F.A.	086
Silveira, N.O.R.	160

Simões, L.G.	145
Siqueira, C.B.	051, 076
Soares, C.M.	025
Soares, C.M.S.	050, 052
Sousa, A.I.	141
Sousa, A.I.M.	147, 159, 162
Sousa, M.G.	091
Sousa, R.V.	039
Souto, B.M.	031, 032
Souza, C.A.	109, 137
Souza, D.S.L.	010
Souza, F.V.D.	098
Souza, J.F.	073
Souza, J.R.	006, 019
Souza, L.C.	076
Souza, M.L.	074, 076, 082, 092
Souza, R.C.	054, 084
Souza, R.E.T.	048
Souza Júnior, J.D.A.	022
Sujii, E.R.	048, 050, 052, 058, 060, 065, 066, 067, 068, 085, 086, 087, 088
Sujii, P.S.	125, 132
Tanno Silva, P.I.	001
Tebaldi, N.D.	142, 146
Teixeira, J.B.	034, 088, 098
Teixeira, M.M.	058, 087, 088
Teixeira, R.P.	029
Tenente, R.C.V.	141, 144, 147, 148, 159, 162, 164
Tigano, M.S.	073, 160
Togawa, R.C.	010
Togni, P.H.B.	060, 065
Urban, A.F.	145, 150, 151, 152
Vale, G.D.	140
Valeriano, A.C.M.	045
Valicente, F.H.	076
Valls, J.F.M.	094, 096, 097, 099, 117, 118, 120, 121, 123
Vargas-Jr., F.M.	114
Vasconcelos, E.A.R.	011
Verza, N.C.	031, 032

Viana, A.A.B.	010, 023
Viana, C.S.A.	067
Vianna, G.R.	024, 030, 031
Vidigal, B.S.	028
Vieira, H.G.	053
Vieira, L.G.E.	016
Vieira, M.C.	106
Vieira, N.G.	025
Vieira, R.C.	140
Vieira, R.F.	100, 102, 115, 129, 134
Vinecky, F.	013
Wagner, F.O.	050, 052
Walter, B.M.T.	140
Wetzel, M.M.V.S.	135
Wondracek, D.C.	101, 115

ÍNDICE DE ORIENTADORES

(A numeração corresponde ao número do resumo)

Abi Soares dos Anjos Marques	142, 146
Adriana Pinheiro Martinelli Rodriguez	015
Alan Carvalho Andrade	013, 016, 025
Alessandra Pereira Fávero	097, 099
Ana Cláudia Guerra de Araújo	001
Ana Cristina Miranda Brasileiro	017, 021
Ana Yamagushi Ciampi	119, 125, 126, 132
Andréa del Pilar de Souza Peñaloza	094, 112
Angela Mehta	008
Araílde Fontes Urben	150, 151, 152
Arthur da Silva Mariante	109
Bruno Machado Teles Walter	140
Carmen Sílvia Soares Pires	066, 086
Clara Oliveira Goedert	127, 139
Clarissa Silva Pires de Castro	006, 019, 167
Dário Grattapaglia	095, 104, 106, 107, 110, 116
David John Bertoli	028
Denise Návia Magalhães Ferreira	157, 163
Edison Ryoiti Sujii	058, 060, 065, 087, 088
Eliana Maria Gouveia Fontes	085
Elíbio Leopoldo Rech Filho	024, 030, 031, 032
Eugen Gander	009
Francisco Guilherme Vergolino Schimidt	067
Francisco José Lima Aragão	005, 033
Francisco Ricardo Ferreira	098, 113
Glaucia Barbosa Cabral	003
Glaucia Salles Cortopassi Buso	108, 122
João Batista Tavares da Silva	084
José Eustáquio Menezes	054
José Francisco Montenegro Valls	096, 117, 118, 120, 121, 123
Juliana Dantas de Almeida	029, 037
Leila Maria Gomes Barros	002, 036
Leonel Gonçalves Pereira Neto	124, 135
Lucília Helena Marcellino	014, 026, 027

Márcio de Carvalho Moretzsohn	103
Margot Alves Nunes Dode	040, 041
Maria Carolina Blassioli Moraes	053, 059, 071
Maria de Fátima Batista	143
Maria Elita Batista de Castro	061, 074, 076, 092
Maria Fátima Grossi-de-Sá	010, 011, 022, 023, 034
Maria Regina Vilarinho de Oliveira	149, 153, 154, 155, 156, 158, 165
Marlinda Lobo de Souza	082
Marta Aguiar Sabo Mendes	145
Maurício Machaim Franco	045
Mauro Carneiro	038
Miguel Michereff Filho	048, 083
Mirian Therezinha Souza Eira	128
Myrian Silvana Tigano	073, 160
Patrícia Goulart Bustamante	105, 131
Raul Alberto Laumann	063, 070, 077
Regina Maria D. G. Carneiro	035, 089, 090, 091, 161
Renata Cesar Vilardi Tenente	141, 144, 148, 162, 164
Roberto Fontes Vieira	102, 129, 134
Roberto Sartori Filho	042, 043, 044
Rodolfo Rumpf	039
Rose Gomes Monnerat	046, 047, 049, 050, 051, 052, 055, 056, 064, 068, 069, 072, 075
Samuel Rezende Paiva	114, 136, 137
Simone da Graça Ribeiro	020
Soraya Cristina de M. Leal-Bertioli	018
Sueli Corrêa Marques de Mello	057, 062, 078, 079, 080, 081, 093
Tânia da Silveira Agostini-Costa	100, 101, 115
Terezinha Aparecida Borges Dias	130, 133, 138
Vera Lúcia Almeida Marinho	166
Vera Tavares Campos Carneiro	004, 007, 012
Vilmar Gonzaga	147, 159

Diagramação:

CRIARTE DESIGN GRÁFICO

SIBS Quadra 03 - Conjunto A - Lotes 15/17 - Núcleo Bandeirante - DF

Fones: (61) 3552-2162 / 9292-5216

E-mail: criartedf@brturbo.com.br

Impressão e Acabamento:



SIBS Quadra 03 - Conjunto A - Lotes 57 - Núcleo Bandeirante - DF

Fones: (61) 3386-5199 / Fax: (61) 3386-4200

E-mail: qualidade@qualidadedf.com.br

Embrapa

*Recursos Genéticos e
Biotecnologia*

Apoio:



Ministério da
Agricultura, Pecuária
e Abastecimento

