

ACERVO DE RECURSOS GENÉTICOS DE *Zea mays* NO BRASIL

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

No Brasil a responsabilidade pela conservação a longo prazo de germoplasma vegetal, animal e de microrganismos é da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen). O objetivo deste trabalho é disponibilizar as informações relacionadas aos recursos genéticos de milho existentes no Brasil. Serão descritas a atual situação do acervo da Coleção de Base (COLBASE) e do Banco Ativo de Germoplasma (BAG) de milho mantidos, respectivamente pelo Cenargen e Embrapa Milho e Sorgo. Desde 1975 o germoplasma de milho é mantido na COLBASE, na forma de sementes ortodoxas, com umidade entre 3 a 7% em câmaras frias com temperatura de -20°C. O monitoramento da viabilidade das sementes tem sido realizado periodicamente a cada 10 anos, mostrando que as sementes conservadas a longo prazo, têm mantido sua viabilidade em torno de 95%. No BAG existem hoje 3.767 acessos de *Zea mays* L. e 7 acessos dos parentes próximos do milho (*Z. diploperennis*, *Z. mexicana* e *Tripsacum dactyloides*). Anualmente são regenerados, pelo BAG, 250 e caracterizados 200 acessos e, em 2004, este foi responsável pelo intercâmbio de 560 acessos para instituições externas.

**Palavras-chave:** Recursos Genéticos, Conservação, Germoplasma-semente

## REPRESENTATIVIDADE DA COLEÇÃO NÚCLEO DE MILHO, SUBGRUPO DENTADO, EM RELAÇÃO À COLEÇÃO BASE

Netto, D.A.M.; Souza, I. R. P.; Oliveira, A.C.de; Andrade, R.V.; Teixeira, F.F.  
 Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, Brasil dea@cnpms.embrapa.br

Este trabalho teve por objetivo avaliar a representatividade da coleção núcleo de milho, subgrupo endosperma dentado da Embrapa Milho e Sorgo, através do emprego de marcadores moleculares AFLP. O DNA foi extraído de um conjunto de 100 folhas/plântulas e utilizaram-se seis combinações de primers em 45 acessos para cada coleção, núcleo e base. Para cada loco, codificou-se 0 para ausência e 1 para presença do alelo (banda). Empregou-se o coeficiente de Jaccard para o estudo das similaridades genéticas e o método UPGMA para agrupamento dos acessos. A diversidade gênica para cada loco foi calculada pelo índice de Shannon e a diversidade total ( $H_T$ ), calculada pelo índice de diversidade de Nei, sendo esta particionada em componente de diversidade dentro de populações ( $H_S$ ) e componente de diversidade entre populações ( $D_{ST}$ ). A proporção da diversidade genética devido à diferença entre populações foi calculada pelo índice  $G_{ST}$ . As frequências alélicas foram estimadas admitindo-se o equilíbrio de Hardy-Weinberg. Considerando os 90 acessos foram geradas 209 bandas, com média de 34,8 bandas polimórficas por combinação de primers. Os dendrogramas resultantes das similaridades genéticas foram semelhantes entre as coleções por não apresentarem a formação de grupos homogêneos. O número efetivo médio de alelos foi 1,5994 e a heterozigosidade ( $h$ ), (índice de diversidade genética de Nei) usada para avaliar o conteúdo polimórfico de cada loco foi 0,349. Por este último valor, considera-se que a heterozigosidade encontrada foi alta, uma vez que este índice tem uma amplitude de variação de 0 a 0,5. O índice de Shannon foi de 0,5224, significando 31% de diversidade genotípica nas coleções. A proporção da diversidade entre coleções em relação à diversidade total ( $G_{ST}$ ) foi de 0,2052 ou 20,52%. De acordo com esses resultados conclui-se que 79,48% da variabilidade genética ocorre dentro das coleções de milho. A identidade genética de Nei foi alta (0,8061) mostrando frequências alélicas semelhantes entre coleções. Por estes resultados conclui-se que a coleção núcleo de milho subgrupo dentado é um subconjunto representativo da variabilidade genética da coleção base, mantida pelo banco de germoplasma da Embrapa Milho e Sorgo.

Suporte Financeiro: Fapemig EDT 2289/03; Prodatab 040-02/99

**Palavras-chave:** germoplasma, acessos, AFLP, diversidade genética.

## SEED CRYOCONSERVATION OF PASSION FRUIT, PAPAYA AND GUAVA GERMPLASM

Obisesan, I. O.<sup>1,3</sup>; Veiga, R. F.A.<sup>2,3</sup>; Barbosa, W.<sup>2,3</sup>; Meletti, I. M. M.<sup>2</sup>; Lago, A. A.<sup>2</sup>; Medina, P. F.<sup>2</sup> and Razera, L. F.<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Department of Plant Science, Obafemi Awolowo University, Ile-Ife, Nigeria iobises@yahoo.co.uk; <sup>2</sup> Instituto Agronômico (IAC), CP 28, 13001-970 Campinas, SP, Brazil; <sup>3</sup> Research Grant, CNPq

A 3 factorial experiment was used to evaluate the effects which three dehydrating environments and two periods of time spent in liquid nitrogen (LN) had on % seed germination of tropical fruits. Seeds from *Passiflora edulis* Sims. (yellow and purple); *Passiflora nitida* Sims. (wild); *Psidium guajava* L. (white and red); *Carica papaya* L. (comum and formosa) germplasm were placed in: a) incubator set at 27°C, 30-40% R.H. for 7 days; b) desiccator with silica gel at 27°C, 19-25% R.H. for 2 days and laboratory room for 2 days. Results showed that: 1. The lower the moisture contents of seeds at the time of their insertion into LN, the better the % germination after cryoconservation. 2. The highest germination percentages of 76.61 and 75.79 were obtained in *P. guajava* (white) and *Passiflora edulis* (purple) respectively, while the least % germination of 3.70 was recorded for *P. nitida*. 3. The low % germination observed in *P. nitida* was largely due to seed dormancy. 4. A higher incidence of fungus infected seeds was observed among ungerminated seeds from the ambient environment with higher seed moisture content. 5. Time spent in LN has no effect on viability/% germination of cryoconserved seeds. 6. Cryotreatment does not break seed dormancy, therefore it should be broken in seeds where it occurs after the treatment but before embarking on germination test.

ACCIONES DE DOMESTICACIÓN DE *Quassia amara* L. UN RECURSO FITOGENÉTICO SUBUTILIZADO, EN EL CARIBE DE COSTA RICA

Ocampo S, Rafael A.  
 Jardín Agroecológico Bougainvillea S.A.; Limón, Costa Rica

*Quassia amara* L. Familia Simaroubaceae constituye un recurso fitogenético subutilizado presentes en los bosques tropicales en América. Es un arbusto nativo, cuyo aprovechamiento comercial en el Mundo proviene desde el siglo XIX, de usos múltiples: medicinal, insecticida, ornamental y saborizante.. Hasta el presente, su aprovechamiento para la industria proviene de poblaciones silvestres de los bosques de América, a través del extractivismo. El CATIE, inició en el 1989 un Proyecto de Desarrollo y Conservación en América Central, en donde se dieron investigaciones, para valorizar diversos recursos silvestres, dentro de la categoría de Producto No Maderable del Bosque (PNMB), uno de ellos fue *Q. amara*. Entre las diversas investigaciones realizadas, (López 1999) se analizó la variabilidad genética de la *Q. amara* presente en Costa Rica, se desprende que existe poca variabilidad genética en las poblaciones silvestres. En el año 2001 Bougainvillea S.A inició un Proyecto modelo para la industrialización del leño de la *Q. amara*, enfatizando dos objetivos: primero, el manejo sustentable de poblaciones silvestres por medio del Plan de Manejo y segundo, acciones de domesticación para establecer en cultivo. Para ello se ha cosechado semilla sexual de poblaciones silvestres, por un período de 5 años. Contando con una población de 65.000 arbustos, el factor de mayor incidencia en el crecimiento, es la intensidad lumínica, su cultivo se realiza en forma biológica y la primera cosecha se realiza al quinto año de su crecimiento, de acuerdo con parámetros de diámetro del tallo y contenido químico de cuassinoides en el leño, como indicadores de calidad de la madera.

**Palabras claves:** *Quassia amara*, recurso fitogenético, insecticida, domesticación