

## A interação da biotecnologia com os recursos genéticos vegetais



***Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Trigo  
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento***

**DOCUMENTOS 196**

**A interação da biotecnologia com os  
recursos genéticos vegetais**

Sandra Patussi Brammer  
Luana Antunes Paz  
Cassia Canzi Ceccon  
Tammy Aparecida Manabe Kiihl

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

**Embrapa Trigo**  
Rodovia BR 285, km 294  
Caixa Postal 3081  
Telefone: (54) 3316-5800  
Fax: (54) 3316-5802  
99050-970 Passo Fundo, RS  
www.embrapa.br  
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações  
da Embrapa Trigo

Presidente  
*Mercedes Concórdia Carrão-Panizzi*

Vice-Presidente  
*Ana Lídia Variani Bonato*

Secretária  
*Marialba Osorski dos Santos*

Membros  
*Elene Yamazaki Lau, Fabiano Daniel De Bona,  
João Leodato Nunes Maciel, Luiz Eichelberger,  
Maria Imaculada Pontes Moreira Lima, Martha  
Zavariz de Miranda, Sirio Wiethölter*

Normalização bibliográfica  
*Rochelle Martins Alvorcem (CRB 10/1810)*

Tratamento das ilustrações e editoração  
eletrônica  
*Márcia Barrocas Moreira Pimentel*

Projeto gráfico da coleção  
*Carlos Eduardo Felice Barbeiro*

Foto da capa  
*Joseani Mesquita Antunes*

**1ª edição**  
Publicação digital – PDF (2021)

**Todos os direitos reservados.**

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,  
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)**  
Embrapa Trigo

---

A interação da biotecnologia com os recursos genéticos vegetais. / por Sandra Patussi Brammer... [et al.]. – Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2021.  
34 p. : il. color. - (Embrapa Trigo. Documentos Online, 196).

ISSN 1518-6512

1. Melhoramento genético. 2. Recursos genéticos vegetais. 3. Biotecnologia. 4. Biodiversidade. 5. Preservação. I. Brammer, Sandra Patussi. II. Embrapa Trigo. III. Série.

CDD 631.523

## Autores

### **Sandra Patussi Brammer**

Bióloga, doutora em Ciências/Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

### **Luana Antunes Paz**

Engenheira-agrônoma, estudante de pós-graduação em Proteção de Plantas, bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial/CNPq e estagiária da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

### **Cassia Canzi Ceccon**

Bióloga, doutora em Agronomia/Produção Vegetal, bolsista Desenvolvimento Tecnológico Industrial DTI/CNPq e estagiária da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

### **Tammy Aparecida Manabe Kiihl**

Engenheira-agrônoma, doutora em Agronomia, pesquisadora da Embrapa Trigo, Passo Fundo, RS.

## Apresentação

Os recursos genéticos são a base biológica da agricultura, envolvem a variabilidade genética entre e dentro das espécies e constituem a matéria-prima indispensável ao melhoramento genético. São de extrema importância, pois possuem agregado valor econômico, necessitando cada vez mais de conservação em bancos de germoplasma, visando à preservação da biodiversidade vegetal.

A presente publicação traz uma abordagem multidisciplinar e revisão atualizada sobre a interação entre algumas áreas da biotecnologia vegetal a sua aplicabilidade na caracterização de recursos genéticos, imprescindíveis nas pesquisas científicas.

Jorge Lemainski  
Chefe-Geral da Embrapa Trigo

## Sumário

Introdução.....	9
Recursos genéticos vegetais e a preservação da biodiversidade .....	9
Conservação dos recursos genéticos .....	10
Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs).....	13
A biotecnologia na interação com os recursos genéticos vegetais .....	19
Considerações Finais .....	26
Referências .....	27

## Introdução

O Brasil é conhecido como um dos países mais ricos em biodiversidade, mas a maioria dos alimentos que estão na mesa dos brasileiros são provenientes de espécies exóticas, ou seja, de recursos genéticos originários de outros países, embora as espécies nativas representem grande potencial na prospecção de genes e incorporação em programas de melhoramento genético. Dentro da premissa que a população vem crescendo exponencialmente e que a demanda de alimentos representa grande preocupação mundial, principalmente para que não haja escassez de alimentos, a biotecnologia propicia alternativas para o aumento da produção, além de potencializar a conservação, caracterização, avaliação e utilização dos recursos genéticos de modo eficiente e otimizado.

Nesse contexto, o objetivo dessa revisão foi destacar a importância dos recursos genéticos vegetais e a sua interação com a biotecnologia quanto aos aspectos da caracterização e manutenção em bancos ativos de germoplasma.

## Recursos genéticos vegetais e a preservação da biodiversidade

Os recursos genéticos vegetais são definidos como a fração dos materiais genéticos que fazem parte da biodiversidade com grande valor para a humanidade, para uso atual ou potencial. São de grande importância, pois constituem a base biológica da segurança alimentar mundial e, direta ou indiretamente, apoiam a vida e os meios de subsistência de cada ser humano (Salomão et al., 2019). No caso de germoplasma, este constitui o patrimônio genético de uma espécie e representa fonte de variabilidade genética para programas de pré-melhoramento e melhoramento de plantas. Desse modo, a conservação eficiente e sustentável dos recursos genéticos depende das atividades de manejo do germoplasma (Costa et al, 2012; Kiihl, 2019).

O conceito de biodiversidade mais empregado refere-se à riqueza de variedade de espécies de flora, fauna, microrganismos, da variabilidade entre organismos vivos e complexidades ecológicas, nos quais elas ocorrem. Em extensa revisão sobre o assunto, Franco (2013) destaca que os termos *diversidade*

*biológica* ou *biodiversidade* surgiram para dar conta de questões relacionadas com os temas fundamentais da ecologia e da biologia evolutiva, relacionados com a diversidade de espécies e com os ambientes que lhe servem de suporte, ao mesmo tempo que são suportados por ela e que são, simultaneamente, o palco e o resultado do processo evolutivo. Para Barbieri (2003), a variabilidade reunida no passado não foi convenientemente conservada e em consequência, muitos genes não estão disponíveis para pesquisas atuais. Esta realidade começou a mudar quando alguns países, incluindo o Brasil, perceberam que esta variabilidade deveria ser resguardada para o futuro, pelo fato de que mais de 10% das espécies no mundo são encontradas no Brasil (Lewinsohn & Prado, 2003). A considerável redução da variabilidade genética de plantas, é uma preocupação relevante porque reflete em sério risco para o avanço dos programas de melhoramento genético, os quais terão implicações na sustentabilidade da agropecuária (Mariane et al., 2009).

De acordo com Salomão et al. (2019), os componentes da biodiversidade podem ser tratados usualmente nos seguintes níveis: a) diversidade genética, referente à variação genética dentro de uma espécie (ou táxon); b) diversidade de espécies, variedade ou riqueza de espécies em uma área; c) diversidade de comunidades, variedade de comunidades em uma área; d) diversidade de paisagem, variedade de comunidades ou ecossistemas em uma paisagem; e) diversidade regional, referente à variedade de espécies, comunidades, ecossistemas ou paisagens dentro de uma região específica.

## Conservação dos recursos genéticos

A preocupação com a conservação da diversidade dos recursos genéticos iniciou-se em 1920, quando o pesquisador russo Nicolai Vavilov, foi responsável pelas primeiras expedições para estudar e analisar a distribuição e diversidade das plantas cultivadas. Vavilov também criou o primeiro grande banco de germoplasma de plantas, hoje conhecido como Instituto Vavilov (<http://vir.nw.ru>), localizado em São Petersburgo, Rússia. No mundo, estão conservados em bancos de germoplasma mais de 6 milhões de acessos de espécies vegetais, visando à preservação das diferentes espécies (Zohary et al., 1994; Scheeren et al., 2011; Costa et al., 2012). Cabe ressaltar que,



conforme Valois et al. (1996), o termo acesso se refere à “amostra de germoplasma representativa de um indivíduo ou de vários indivíduos da população. Em caráter mais geral, qualquer registro individual constante de uma coleção de germoplasma”.

Existem diferentes maneiras de conservação, destacando-se *in situ* e *ex situ*, sendo a primeira a conservação das espécies em seu local e origem ao contrário de *ex situ* que é fora do local de origem (Valois, 1998). Em revisão sobre o assunto, Urío (2013) aborda que a conservação *in situ* se refere à ação de conservar espécies em suas comunidades naturais, como parques nacionais, reservas biológicas, reservas genéticas, estações ecológicas, etc. A coleção *ex situ* utiliza diferentes estruturas para manter a variabilidade genética: coleções de base, ativa e *in vitro*, coleções de trabalho e de campo *in vivo*, criopreservação e genômica (Lopes & Mello, 2005).

Dependendo do tipo dos materiais genéticos, a conservação se dá pelo armazenamento de sementes, as quais deverão manter seu potencial, capacidade de vigor e poder germinativo. De acordo com Kiihl (2019) a conservação eficiente e sustentável dos recursos genéticos depende das atividades de manejo do germoplasma. O manejo engloba todas as atividades desenvolvidas rotineiramente nos bancos ativos de germoplasma (BAGs), desde o enriquecimento do banco de germoplasma através de intercâmbio de acessos até a multiplicação, caracterização morfológica, agrônômica, genotípica e o armazenamento de dados em um sistema robusto e confiável. Essas atividades são fundamentais para garantir que o germoplasma seja conservado eficientemente e para que sementes dos acessos possam ser disponibilizadas para uso. Além do papel de preservar e conservar também tem por objetivo identificar e prover a variabilidade genética (Bonow, 2007).

O armazenamento dos acessos em bancos de germoplasma requer cuidados especiais como: a manutenção da plenitude das características genéticas do germoplasma e a longevidade das sementes pelo prazo possível (Costa et al., 2012). Após 10 a 20 anos, as condições de armazenamento aconselhadas em bancos de germoplasma para que possibilitem a manutenção da viabilidade das sementes é acima de 65%, sendo que abaixo desse índice não são considerados bancos ativos (IBPGR, 1992). Requer um cauteloso monitoramento das condições de temperatura e umidade no interior das câ-

meras, assim como da viabilidade das sementes armazenadas a longo prazo (Costa et al., 2012).

Segundo o IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute)(IBPGR, 1992) o teste de germinação recomendado para avaliação da qualidade inicial das sementes deve ser repetido periodicamente e conduzido no mínimo com 200 sementes. O intervalo entre os testes depende de cada espécie e das condições armazenadas. A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (situada em Brasília-DF) é responsável pela manutenção da Coleção de Base de Germoplasma-semente (Colbase) e conduz a conservação do material genético a longo prazo, permitindo a sobrevivência por décadas de sementes ortodoxas de espécies de interesse presente e futuro. Como atividade fim, essa unidade da Embrapa, realiza para o controle da viabilidade das sementes testes de germinação com intervalo de 10 anos, para conservação a longo prazo. Quando os resultados dos testes demonstrarem que houve redução da viabilidade de algum acesso ou que a quantidade de um acesso é menor que o mínimo de 1.500 sementes, é feito a regeneração ou a multiplicação através de uma amostra do germoplasma (Embrapa, 2007).

Além do exposto, a preservação das fontes básicas para alimentação e para a agricultura em programas de melhoramento genético e processos biotecnológicos, é garantia para um futuro sem escassez de alimentos (Embrapa, 2007; Costa et al., 2012). Nesse contexto, destaca-se que a coleção de base é uma coleção abrangente de acessos conservados a longo prazo, é vista como uma estratégia de segurança, devendo incluir em seu acervo a coleção ativa duplicada. Nessa coleção, as sementes não são distribuídas diretamente aos usuários, mas sim para regenerar coleções ativas (José, 2010). Considerando a questão da classificação das sementes, em ortodoxas e recalcitrantes, segundo Roberts (1973), essas pertencem a dois grupos em relação à tolerância à secagem e a temperaturas baixa: sementes ortodoxas toleram a secagem a baixos níveis de umidade e temperaturas baixas no armazenamento. Essas sementes podem ser secas até cerca de 5% de umidade, acondicionadas em embalagem hermética e submetidas a temperatura de -18 C, o que permite a conservação da viabilidade por longo prazo. Já as sementes recalcitrantes não sobrevivem a secagem a baixos níveis de umidade e não podem ser armazenadas por longo prazo (Carvalho et al., 2008).

Mundialmente, as principais coleções conservadas a longo prazo são: o arroz, (representando 34%), o milho (25%) e a soja (24%) e em relação ao total de acessos, tais espécies demonstram a maior proporção armazenadas a longos prazos. Especificamente na Colbase, estão sendo conservados 107 mil acessos de diversas espécies, entre elas: cereais, leguminosas, oleaginosas, hortícolas, florestais, medicinais, fibrosas, nativas e exóticas. Entretanto, quase a totalidade dos acessos armazenados é de espécie exótica, onde as principais espécies armazenadas são: cevada (*Hordeum vulgare*), feijão (*Phaseolus vulgaris*), arroz (*Oryza sativa*), soja (*Glycine max*), trigo (*Triticum aestivum*), sorgo (*Sorghum bicolor*), caupi (*Vigna unguiculata*) e milho (*Zea mays*) (Costa et al., 2012).

## Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs)

Para preservação dos recursos genéticos, a fim de conservar evitando a perda de genes ou de combinações gênicas, foi construído bancos de germoplasma com temperaturas e ambientes ideais para armazenamento de médio a longo prazo, sendo monitorados periodicamente (Fukuda, 1996). Os bancos de germoplasma tem um papel fundamental para preservação da variabilidade genética que são indispensáveis para o homem, tanto para gerações atuais como futuras. De acordo com Paiva et al. (2019a), o banco de germoplasma é denominado 'ativo' quando contém indivíduos fisiologicamente funcionais e ativos, mantidos viáveis e geralmente em período de conservação de cerca de 10 a 15 anos. No Brasil, a nomenclatura 'ativo' é muito utilizada e possui a sigla BAG. Em inglês, utiliza-se somente gene bank ou germplasm bank. Especificamente os BAGs apresentam as seguintes atividades de rotina: introdução, intercâmbio, monitoração, regeneração/multiplicação, caracterização e avaliação dos acessos e documentação.

Adicionalmente, os BAGs são unidades essenciais para preservar e conservar o máximo possível de variabilidade genética, para fins de pesquisa em diferentes áreas, destacando-se a biotecnologia e o melhoramento genético (Carvalho, 2008), sendo esse último altamente dependente da variabilidade contida nos bancos de germoplasma (Lopes & Mello, 2005). Uma alternativa para contornar a distância entre a conservação dos re-

cursos genéticos nos bancos de germoplasma e sua aplicabilidade é a implantação de atividades de pré-melhoramento, que visa identificar características de interesse úteis aos programas de melhoramento genético (Bonow, 2011).

Segundo Costa et al., (2012), no Brasil, estima-se que existam mais de 400 BAGs-plantas distribuídos em diversas instituições de pesquisa, mantidas pelos governos federal, estadual, municipal e por empresas privadas. Grande parte destes bancos ativos de germoplasma (Tabela 1) e coleções (Tabela 2) se encontram nas unidades da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa). De acordo com Azevedo et al. (2019), a Embrapa possui, sob sua responsabilidade, mais de 140 BAGs de cereais, leguminosas, fibras, oleaginosas, hortaliças, forrageiras, frutíferas, medicinais, corantes, estimulantes, inseticidas, ornamentais, florestais, palmeiras, raízes e tubérculos. Os autores destacam que a empresa mantém conservadas mais de 700 espécies de plantas de mais de 300 gêneros, sendo que as principais espécies conservadas são as de importância direta para a alimentação, agricultura, e outros usos como medicinal, forrageiro, ornamental e industrial. Além das espécies citadas nas tabelas, destacam-se o Herbário CNPO mantido na Embrapa Pecuária Sul, o Banco de DNA e a Coleção de Base de Germoplasma-Semente (Colbase), ambos mantidos na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Pádua et al., 2020).

Especificamente na Embrapa Trigo, o Banco Ativo de Germoplasma (BAG) tem por objetivo promover a conservação e o enriquecimento do germoplasma de trigo, triticale, cevada, centeio e aveia e disponibilizar para a pesquisa a ampla diversidade genética destes cereais e suas espécies afins, devidamente caracterizada e organizada, visando atender as necessidades de uma agricultura sustentável e de uma maior competitividade de mercado. Atualmente, no BAG - Embrapa Trigo, são conservados 14.091 acessos de trigo e espécies afins, 2.290 acessos de cevada, 286 acessos de triticale, 477 acessos de aveia e 115 acessos de centeio, que se encontram registrados na plataforma Alelo (<http://alelobag.cenargen.embrapa.br/AleloConsultas/Home/index.do>).

**Tabela 1.** Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs), suas respectivas espécies vegetais e as unidades de conservação.

Banco Ativo de Germoplasma	Unidade de Conservação
Abacaxi	Embrapa Mandioca e Fruticultura
Abóboras e morangas	Embrapa Hortaliças
Acerola	Embrapa Mandioca e Fruticultura
Algodão	Embrapa Algodão
<i>Amburana cearensis</i>	Embrapa Semiárido
Amendoim forrageiro	Embrapa Acre
Espécies silvestres de <i>Arachis</i>	Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
Arroz	Embrapa Arroz e Feijão
Azevém	Embrapa Clima Temperado
Babaçu	Embrapa Meio-Norte
Bacurizeiro ( <i>Platonia insignis</i> )	Embrapa Amazônia Oriental
Banana	Embrapa Mandioca e Fruticultura
Batata	Embrapa Clima Temperado
Batata-doce	Embrapa Clima Temperado / Embrapa Hortaliças
Brachiaria	Embrapa Gado de Corte
Bromélia	Embrapa Mandioca e Fruticultura
Cajueiro	Embrapa Agroindústria Tropical
Canola	Embrapa Trigo
<i>Capsicum</i>	Embrapa Clima Temperado; Embrapa Hortaliças
Cebola	Embrapa Clima Temperado
<i>Cenchrus</i>	Embrapa Semiárido
Cenoura	Embrapa Clima Temperado
Cevada	Embrapa Trigo
Citros	Embrapa Mandioca e Fruticultura
Coco	Embrapa Tabuleiros Costeiros
Cucurbita do semiárido	Embrapa Semiárido
Cucurbitáceas	Embrapa Clima Temperado
Cupuaçu	Embrapa Amazônia Ocidental
Curauá	Embrapa Amazônia Oriental

Continua...

**Tabela 1.** Continuação.

<b>Banco Ativo de Germoplasma</b>	<b>Unidade de Conservação</b>
Espinheira-santa	Embrapa Clima Temperado
Forrageiras de importância para o sul do Brasil	Embrapa Pecuária Sul
Fruteiras nativas do sul do Brasil	Embrapa Clima Temperado
Gergelim	Embrapa Algodão
Guaranazeiro	Embrapa Amazônia Ocidental
Hortaliças não convencionais	Embrapa Hortaliças
Inhame e de inhame-cará	Embrapa Hortaliças
Ipecacuanha	Embrapa Amazônia Oriental
Jaborandi	Embrapa Amazônia Oriental
Leguminosas forrageiras de clima temperado	Embrapa Clima Temperado
Maçã ( <i>Malus spp.</i> )	Epagri e Embrapa Uva e Vinho
Macaúba	Embrapa Cerrados
Mandioca do semiárido do nordeste do Brasil	Embrapa semiárido
Mandioquinha-salsa	Embrapa Hortaliças
Mangaba	Embrapa Tabuleiros Costeiros
Mangueira	Embrapa Semiárido
Maracujá	Embrapa Semiárido
Melancia	Embrapa Semiárido / Embrapa Hortaliças
Melão	Embrapa Semiárido
Milheto	Embrapa Milho e Sorgo
Milho	Embrapa Milho e Sorgo
Morangueiro	Embrapa Clima Temperado
Plantas ornamentais do bioma pampa	Embrapa Clima Temperado
Plantas ornamentais tropicais	Embrapa Agroindústria Tropicá
Outros cereais de inverno	Embrapa Trigo
<i>Panicum maximum</i>	Embrapa Gado de Corte
<i>Paspalum</i>	Embrapa Pecuária Sudeste
<i>Passiflora</i>	Embrapa Mandioca e Fruticultura
Pereira ( <i>Pyrus spp.</i> )	Epagri / Embrapa Uva e Vinho

Continua...

**Tabela 1.** Continuação.

Banco Ativo de Germoplasma	Unidade de Conservação
<i>Pinus spp.</i>	Embrapa Florestas
<i>Piper hispidinervum</i> e <i>Piper aduncum</i>	Embrapa Acre
<i>Prunoideas</i>	Embrapa Clima Temperado
<i>Psidium</i>	Embrapa Semiárido
Seringueira	Embrapa Cerrados
Sorgo	Embrapa Milho e Sorgo
<i>Spondias</i>	Embrapa Mandioca e Fruticultura
<i>Stylosanthes spp.</i>	Embrapa Gado de Corte
Timbó	Embrapa Amazônia Oriental
Tomate	Embrapa Hortaliças
Trigo	Embrapa Trigo
Umbu	Embrapa Semiárido
Uva	Embrapa Semiárido; Embrapa Uva e Vinho

Fonte: Bancos e coleções de germoplasma da Embrapa: conservação e uso. In: Pádua et al. (2020).

**Tabela 2.** Coleções de Germoplasma, suas respectivas espécies vegetais e as unidades de conservação.

Coleções de Germoplasma	Unidade de Conservação
Berinjela	Embrapa Hortaliças
Camucamuzeiro	Embrapa Amazônia Oriental
Cártamo	Embrapa Algodão
Castanha-do-brasil	Embrapa Amazônia Oriental
Cebola	Embrapa Hortaliças
<i>Cynodon</i>	Embrapa Gado de Leite
Faveleira	Embrapa Algodão
<i>Hevea spp.</i>	Embrapa Amazônia Oriental
Plantas medicinais e aromáticas da região Centro-Oeste	Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
Melão	Embrapa Hortaliças
Demurucizeiro ( <i>Byrsonima crassifolia</i> )	Embrapa Amazônia Oriental
<i>Solanum silvestres</i>	Embrapa Hortaliças

Fonte: Bancos e coleções de germoplasma da Embrapa: conservação e uso. In: Pádua et al. (2020).

Com objetivo de identificar e prover a variabilidade genética dentro de um banco de germoplasma tem-se a caracterização, sendo considerada o principal processo que envolve a exploração de todas as características de um acesso (Ferreira, 2006; Borner et al., 2006). Destaca-se por ser crucial no manejo de coleções de germoplasma *ex situ* e que tem por fundamento retirar dados para identificar, descrever e diferenciar acessos de uma mesma espécie (Burle et al., 2010; Costa et al., 2012). As características como alta produtividade, resistência a estresses bióticos e abióticos, entre outras, são normalmente encontradas nos acessos e são de grande interesse para os programas de melhoramento genético vegetal, principalmente por gerarem informações úteis para uso imediato de maneira rápida e eficaz e por estarem ligadas às características agronômicas que se almeja (Cruz et al., 2004; Pereira & Pereira, 2006).

Existem diversos tipos de caracterização, mas a primeira realizada no germoplasma, depois que ele é introduzido às coleções, é a morfológica. Baseia-se no fenótipo, de vários caracteres morfológicos diferenciados com facilidade a olho nu. Destacam-se os descritores morfológicos que são caracteres de alta herdabilidade, geralmente controlados por poucos genes e que manifestam igualmente independente do ambiente inserido (Burle et al., 2010). Exemplo de pesquisa nessa área é verificado em Neves et al. (2019) que, ao avaliarem acessos de *Psychotria ipecacuanha*, relatam que possuem ampla variação morfológica para a parte aérea da planta e que com dez caracteres, já podem ser considerados descritores para essa espécie. Esses autores enfatizam que estas informações servirão de base para o manejo do banco de germoplasma, na seleção de indivíduos de interesse dos programas de melhoramento e para fornecer informações fundamentais que facilitarão a identificação de espécimes em ecossistemas nativos ou plantados. Do mesmo modo, Silva (2019) realizou a caracterização morfoagronômica preliminar de uma população natural de *Physalis angulata* L., visando à seleção de genótipos superiores. Aborda que a população de *Physalis* apresenta variabilidade em relação aos caracteres avaliados, o que pode auxiliar na escolha de genótipos potenciais para o programa de melhoramento genético e na domesticação da espécie, embora estudos complementares devam ser realizados, uma vez que se trata de avaliação preliminar.



## A biotecnologia na interação com os recursos genéticos vegetais

Técnicas da biotecnologia são usadas em diferentes áreas abrangendo saúde animal e humana, como em diferentes áreas do agronegócio. São inúmeras as empresas de biotecnologia com seguimento no agronegócio que desenvolvem trabalhos com grandes culturas, plantas ornamentais, medicinais e florestais, além de produtos agrônômicos, como bioinseticidas, biofertilizantes, inoculantes, entre outros. A biotecnologia engloba um conjunto de tecnologias que possibilita a alteração ou a utilização de organismos (plantas, animais e microorganismos) para aquisição de novos produtos (Canhoto, 2010).

A interação entre a biodiversidade e a biotecnologia é compreendida como um grupo de conhecimentos biotécnico-científicos que concorda com a utilização de organismos, com finalidades agrícolas, médicas, ambientais ou agroindustriais, sendo capaz de ser distinta nos níveis convencional e avançada (Valois, 1998). Em especial, esses avanços tendem a promover mudanças de paradigmas no acesso, caracterização, conservação e uso dos recursos genéticos vegetais, viabilizando estudos detalhados de funções biológicas importantes, para os quais organismos devidamente caracterizados são essenciais (Lopes & Mello, 2005). O objetivo principal dos dados de caracterização é agregar valor aos recursos genéticos conservados *in situ* e *ex situ*, de forma que se aumente sua utilização. As informações geradas podem ser aplicadas na identificação de novos materiais para enriquecer bancos de germoplasma e programas de melhoramento genético; na definição de germoplasma para intercâmbio ou repatriamento; na identificação de material duplicado; na estimativa da diversidade genética das coleções e na identificação de genes de interesse econômico (Paiva et al., 2019b).

Segundo Faleiro & Andrade (2011), as empresas de biotecnologia com seguimento no agronegócio compreendem a parte do melhoramento genético, transgênicos, plantas e flores ornamentais e medicinais, produtos agrônômicos como bioinseticidas, biofertilizantes, inoculantes e florestais, uso de micorrizas para aumentar a produtividade de plantas, mas principalmente almejando a obtenção de organismos vegetais com características superiores aos já existentes no mercado (Mezzalira & Kuhn, 2021).

Marcadores cito-moleculares são amplamente empregados na caracterização de importantes germoplasma. Conforme mencionado em Paiva et al. (2019b), a citogenética molecular é uma das técnicas mais informativas e que gerou mais impacto nos últimos anos. É utilizada para localizar distintas sequências de ácidos nucleicos sobre os cromossomos. São excelentes ferramentas, pois permitem análises tanto da estrutura morfológica dos cromossomos como da identificação de genes e sequências específicas de DNA, de translocações e deleções. Caracterizações citogenéticas, como viabilidade e variabilidade polínica, presença de micronúcleos ou determinações do número cromossômico e nível de ploidia são amplamente empregadas, uma vez que na maioria das vezes são de custo baixo e não requerem infraestrutura muito elaborada (Brambati et al., 2016; Brammer et al., 2019; Munaretto et al., 2020). Adicionalmente, técnicas de Hibridização Fluorescente In Situ (FISH) e Hibridização Genômica In Situ (GISH) são usadas com frequência para muitas espécies de plantas, tanto para caracterização como para identificação e introgressões de genes potencialmente úteis ao melhoramento de plantas (Brasileiro-Vidal et al., 2003; Kato et al., 2005; Kwiatek et al., 2013; Said et al., 2018; He et al., 2021). Exemplos de trabalhos que integram diferentes áreas da biotecnologia são verificados em Kwiatek et al. (2012) que determinaram a constituição cromossômica de anfiploides *Aegilops-Secale*, a fertilidade (via viabilidade polínica) e a presença de genes de resistência à ferrugem-da-folha e manchas oculares (por ensaios moleculares e de endopeptidase). Para a *Aegilops markgrafii*, espécie afim ao trigo hexaploide, *T. aestivum*, estudos de citogenética molecular e sequenciamento de nova geração foram empregados para explorar a organização do genoma. A FISH com um conjunto de cDNAs de trigo permitiu a macroestrutura e a homeologia do genoma de *Ae. markgrafii* (Danilova et al., 2017). Segundo Dvorak et al. (2018) as caracterizações citogenéticas em associações com estudos moleculares permitem maior precisão na identificação de translocações, inversões e rearranjos cromossomos em trigo e espécies relacionadas.

Paralelamente e com os avanços da genética molecular, têm sido estudadas diversas tecnologias para melhorar a eficiência dos programas de melhoramento genético e uso dos recursos genéticos (Faleiro, 2007). As etapas iniciais e essenciais para o êxito dos programas de melhoramento genético é a escolha de genitores e planejamento dos cruzamentos. A avaliação citogenética, principalmente na seleção assistida em programas de melhoramento

genético é uma metodologia útil para a escolha dos parentais e demais cruzamentos, visando avaliar e inferir de modo rápido e eficiente à estabilidade genética (Toniazzi et al., 2018). Nessa premissa, ao ser disponibilizado um germoplasma, é imprescindível haver a caracterização quanto à estabilidade genética, que pode ser estimada pela presença de micronúcleos e viabilidade polínica (Oliveira & Pierre, 2018). Além do mencionado, com os dados sobre a diversidade genética de possíveis genitores, identificados através de marcadores moleculares, torna-se mais eficiente a escolha de genitores e o planejamento dos cruzamentos, tendo em vista elevar o máximo a heterose, as combinações gênicas esperadas e a análise das características intra e interespecíficas (Borém, 1997; Inglis et al., 2021).

Com utilização de marcadores moleculares é possível obter diversas outras vantagens devido à enorme quantidade de informações obtidas com o seu uso. Considerando o uso de germoplasma, as informações são de grande proveito à conservação e caracterização, pois além de gerar dados sobre a diversidade genética também faz análise de pureza genética dos acessos em bancos de germoplasma (Tanksley & Jones, 1981; Treuren & Hintum, 2001; Pádua, 2018). Além do exposto, através dos marcadores moleculares é possível mensurar taxas de polinização cruzada (Ferreira et al., 2000), aferir contaminações genéticas em amostras de um determinado acesso (Steiner et al., 1997; Borner et al., 2000; Inglis et al.; 2021) e acompanhar a estabilidade genética de acessos por um longo período em distintas condições de armazenamento (Reedy et al., 1995; Wu et al., 1998; Parzies et al., 2000).

O uso potencial de marcadores moleculares para a caracterização de cultivares, bem como para a determinação da similaridade/distância genética, permite com maior precisão a análise entre os indivíduos/genótipos, uma vez que não sofrem a influência do ambiente. De acordo com Milach (1999) os melhoristas utilizam descritores morfológicos para o registro e lançamento de novas variedades, embora haja limitações quanto aos tipos de descritores, o que têm gerado a necessidade de busca de outras alternativas. Destacam-se os descritores de DNA, baseados no genótipo do indivíduo, especialmente pelo seu potencial de distinção de genótipos morfológicamente similares e geneticamente aparentados. Além disso, menciona que o termo *fingerprinting* ou impressão digital tem sido utilizado para descrever o padrão molecular de um genótipo e que o polimorfismo detectado para uma espécie varia muito

com o tipo de marcador utilizado, fator esse que deve ser observado quando utilizadas as ferramentas moleculares. Com a recente disponibilidade de tecnologias de DNA, que revelam elevado nível de polimorfismo, repetibilidade e consistência nos resultados, é provável que os marcadores moleculares passem a ser incluídos no registro e/ou proteção de germoplasma (Scariot et al., 2019). Essa estratégia biotecnológica empregada em bancos de germoplasma, melhoramento genético e caracterização de cultivares possibilita a identificação correta de um acesso, genótipo ou cultivar (Faleiro, 2007; Toppa & Jadoski, 2013). Permite, ainda, a verificação dos erros de identificação pelos métodos tradicionais, representando excelente ferramenta para sanar este problema (Caetano-Anolles et al., 1997; Smith, 1998).

Complementando, a caracterização molecular é essencial nos programas de melhoramento vegetal e para a proteção de cultivares, uma vez que a quantificação da variabilidade genética, via marcadores moleculares, reduz os problemas de identificação de grupos taxonômicos, bem como fornece marcadores diagnósticos para correta designação de cultivares (Paiva et al., 2019b). Estudo de *fingerprinting* realizado por Siddra (2011) visando à identificação de oito cultivares de trigo, geneticamente relacionadas, comparou o marcador ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) com o SSR (Simple Sequence Repeats) ou microssatélites. Os resultados obtidos para os primers ISSR revelaram um total de 43 bandas distintas, onde 29 (67,44%) eram polimórficas, em que o número de bandas polimórficas variou de 3 a 8 com uma média de 4,8 por primer. Do total, um primer ISSR foi capaz de identificar todos os oito cultivares de trigo. Considerando os SSR, dois marcadores produziram um total de 29 alelos com uma média de 14,5 por locos para as amostras analisada. Todos os alelos foram polimórficos e os números e tamanhos dos alelos foram usados para discriminação de cultivares, sendo identificado um método potencial e valioso para impressão digital em comparação com ISSR por seu alto rendimento e alta precisão.

Nesse contexto, em cevada (*Hordeum vulgare* L.), Toniazzo et al. (2017) destacam que a utilização de marcadores moleculares, tornam-se potencialmente úteis também na identificação da diversidade genética entre genótipos e representam excelente ferramenta aos programas de melhoramento que visam o mercado cervejeiro. Nesse estudo foi determinada a distância genética entre 12 genótipos de três locais do Rio Grande do Sul e quatro locais

do Paraná, pertencentes ao programa de melhoramento genético de cevada da Embrapa Trigo, com o intuito de orientar futuros cruzamentos voltados à qualidade de malte. A análise molecular foi realizada por meio de 16 marcadores microssatélite, sendo que ao relacionarem os dados genotípicos com os fenotípicos, os genótipos que se destacaram em qualidade de malte apareceram nos mesmos grupos quanto à diversidade genética. Entretanto, ao verificar o parentesco entre os genótipos e a diversidade genética dos materiais avaliados somente pelos microssatélites, houve a formação de mais grupos (com maior especificidade dos dados) quando comparados com os resultados apenas de micromalteação.

No caso do azevém (*Lolium perene* L.), Liu et al. (2018) elucidaram a extensão da diversidade genética, empregando 1384 marcadores DArT, 182 SNPs e 48 SSR em 297 acessos. De modo geral, todos os tipos de marcadores revelaram elevado polimorfismo, sendo 1,99, 2,00 e 8,19 alelos obtidos por loco para os marcadores DArTs, SNPs e SSRs, respectivamente. A distância de Jaccard para marcadores DArT variou de 0,00 a 0,73 e a distância de Roger Modificado (MRD) para os SNPs variou de 0,03 a 0,52 e para SSR de 0,26 a 0,76.

Em sorgo, (*Sorghum bicolor* L.), Stagnati et al. (2021) caracterizaram uma coleção de 117 sorgo de grão branco usando 10 marcadores microssatélites (SSR), além de observações agronômicas preliminares para características principais. A análise de SSRs revelou de 10 a 33 alelos por loco, sendo que a heterozigiosidade observada foi menor do que o esperado de acordo com o sistema de reprodução da espécie. A análise filogenética revelou seis grupos principais, onde um dos grupos foi constituído por genótipos com a mesma origem geográfica (Egito), enquanto outros grupos são misturas de diferentes países. A análise das coordenadas principais revelou boa correspondência entre perfis genéticos e grupos evidenciados por desempenhos agronômicos semelhantes.

De La Rosa et al. (2021) avaliaram a diversidade genética da coleção nuclear de ervilhaca da coleção espanhola, conservada no Centro Espanhol de Recursos Genéticos Vegetais (CRF) por meio de marcadores microssatélites, visando à genotipagem de mais de 545 acessos de ervilhaca comuns de todo o mundo. Verificaram que todos os marcadores testados foram polimórficos para os acessos analisados e, pelo menos, 86 locos diferentes

foram identificados com 2–11 alelos por loco, com uma média de 6,1 alelos por loco. As análises do banco de dados SSR gerado confirmaram que a maioria desses marcadores são transferíveis entre espécies estreitamente relacionadas do gênero *Vicia*. Adicionalmente, a análise da variância molecular revelou que os parentes selvagens têm uma diversidade genética maior e que as cultivares têm diversidade semelhante às variedades tradicionais, indicando que a variabilidade genética não foi perdida devido ao melhoramento genético dessa leguminosa.

Os marcadores moleculares também auxiliam em trabalhos de classificação botânica e filogenia, especialmente os marcadores baseados em análises de sequência. A respeito à classificação botânica auxiliam tendo em conta o poder de diferenciação inter e intraespecífico e a não interferência ambiental nos dados obtidos, a respeito à filogenia, passou-se a aplicar informações moleculares para aquisição de árvores filogenéticas, nascendo a denominada filogenia molecular. Embora os marcadores moleculares apresentem uma boa potencialidade para auxiliar nestes trabalhos, não substituem o trabalho crucial e de grande importância dos botânicos e taxonomistas (Faleiro, 2007; Pádua, 2018).

Diante disso, pode-se constatar que os marcadores moleculares são de grande importância para o programa de conservação e melhoramento genético, além da utilização para a composição e validação de coleções nucleares em diferentes espécies (Gepts, 1995; Tohme et al., 1996; Hokanson et al., 1998; Skroch et al., 1998; Ghislain et al., 1999; Grenier et al., 2000; Faleiro et al., 2003; Li et al., 2004; Hammami et al., 2014; De La Rosa, et al., 2021). A coleção nuclear agrupa a maior variabilidade genética de uma espécie pelo menor tamanho possível de amostras e apresenta mais de 70% da variabilidade genética em relação a coleção original (Bespalkok, et al., 2007; Faleiro, 2007). A coleção nuclear facilita a caracterização do germoplasma devido seu tamanho e estrutura, este é um dos objetivos da mesma, facilitar e viabilizar a caracterização e avaliação dos acessos, incentiva o usuário a empregar os recursos genéticos com maior efetividade (Upadhyaya & Ortiz, 2001). Conforme abordados por Laurentin (2009), a diversidade genética dentro dos grupos pode ser quantificada para todo o grupo (os parâmetros a serem escolhidos dependerão do tipo de marcador) ou quantificada e visualizada para as relações entre os indivíduos. Os parâmetros de quantificação serão esco-

lhidos dependendo do tipo de marcador, modo de reprodução e parentesco dos indivíduos.

Entretanto, nos últimos 20 anos, houve intensa modificação na caracterização dos recursos genéticos, passando de caracteres morfológicos para estudos de genômica e sequenciamento. Cabe ressaltar que as informações geradas pelo sequenciamento têm sido utilizadas para a análise e emprego de polimorfismos genéticos intrínsecos, em estudos filogenéticos, mapeamento genético e análise de genômica comparativa em plantas superiores. Assim, os grandes avanços da genômica abrem significativas possibilidades para potencialização do uso da imensa variabilidade genética existente nos bancos de germoplasma e nos acervos de trabalho dos melhoristas. O sequenciamento dos genomas tem revolucionado a interpretação da organização genômica e evolução das plantas e também permitindo explorar a relação entre a diversidade fenotípica e genética (Barabaschi et al., 2016). Marcadores de sequência têm auxiliado também em trabalhos de sistemática para classificação e caracterização da diversidade, em que as análises filogenéticas tem sido um elemento essencial para a biologia moderna (Segatto et al., 2017). As autoras destacam que o campo da sistemática, que foi tradicionalmente baseado em informações de morfologia, anatomia, comportamento, fisiologia e geografia, experimentou uma revolução com a introdução de sequenciamento.

Alguns exemplos recentes são destacados por Yan et al. (2020), que usando genotipagem por sequenciamento, avaliaram a diversidade genética e a estrutura populacional de uma amostra mundial de 805 linhagens de aveia, incluindo 186 aveias sem cascas, revelando diferenciação genética entre as raças locais sem casca e outras linhagens de aveia, incluindo as modernas cultivares sem casca. Foi observado que os loci genéticos relacionados ao hábito de crescimento e à resistência ao estresse podem estar sob intensa seleção, ao invés das regiões genômicas sem casca. Além disso, a análise de associação de todo o genoma detectou quatro marcadores altamente associados à ausência de casca, representando potencial uso em melhoramento assistido por marcadores moleculares.

Considerando o emprego de tecnologias de DNA em coleções de maracujás, mantidos no Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Cerrados, Inglis et al. (2021), ao sequenciarem regiões ITS (Internal Transcribed Spacers) de ribossômicos nucleares e regiões de cloroplasto, confirmaram a identida-

de das espécies e estimaram as distâncias genéticas entre 48 acessos de *Passiflora*. Complementarmente, compararam com as sequências de referência de estudos filogenéticos recentes de espécies de *Passiflora* contidas no GenBank, servindo para confirmar a identificação das espécies. Como resultados, destacam que a resolução filogenética com base nos dados ITS foi superior à de qualquer marcador de cloroplasto e, como aplicabilidade imediata, mencionam que 20 espécies foram usadas para cruzamentos dentro e entre subgêneros distintos de *Passiflora*.

No caso de microrganismos, Almeida et al. (2019) utilizaram dados de sequências de DNA para confirmar a identidade taxonômica dos isolados depositados na Coleção Microbiológica de Interesse Biotecnológico (CMIB) da UTFPR/Ponta Grossa para bactérias, fungos filamentosos e leveduras. Isso porque de um total de 149 acessos que a CMIB contabilizava até Julho de 2018, cerca de 50% não apresentavam uma identificação precisa da espécie, e apenas 12 linhagens tinham sua identidade conhecida por se tratarem de linhagens tipo de coleções oficiais. Destacam que muitos dos microrganismos depositados haviam sido identificados, apenas através da caracterização fenotípica baseada nas características da morfologia das colônias e ainda no caso dos fungos observação de estruturas reprodutivas. Portanto, estudos como esses são fundamentais quando se deseja ter informação o mais precisa possível e com o sequenciamento do DNA identificaram 90% dos microrganismos depositados a nível de espécie, enquanto que outros 10% foram identificados a nível de gênero, principalmente por se tratarem de novos acessos nunca antes caracterizados por sequências de DNA.

## Considerações Finais

A interação entre os recursos genéticos e a biotecnologia representa forte associação, tanto para aspectos de conservação como para uso imediato com valor econômico e social para a humanidade. Entretanto, sendo a diversidade ampla, é também esgotável e com isso a biotecnologia permite o desenvolvimento de processos e produtos tecnológicos, gerando estratégias mais eficientes de conservação, caracterização e uso adequado dos recursos genéticos. Inúmeras são as potencialidades que a biotecnologia proporciona na adequada caracterização de espécies de interesse econômico, sendo



cada vez mais preconizada pelo crescente avanço tecnológico, permitido a precisão dos resultados e em curto período de tempo.

## Referências

- ALMEIDA, L. de; SANTOS, M. C. dos; NASCIMENTO, M. M. F.; MEDINA-MACEDO, L.; BITTENCOURT, J. V. M. Uso de dados genômicos como indicadores de identidade e qualidade na gestão de coleções microbiológicas. In: SILVA NETO, B. R. da (Org). **Inventário de recursos genéticos**. Ponta Grossa: Atena Editora, 2019. Cap. 22, p. 226-232. Disponível em: <https://www.atenaeditora.com.br/post-ebook/2493>. Acesso em: 24 maio 2021.
- AZEVEDO, V. C. R.; PÁDUA, J. G.; SILVA, D. B. da; MAZZOCATO, A. C.; AGUIAR, A. V. de; SOUSA, V. A de; FREITAS, F de O.; PEÑALOZA, A. D. P. de S.; TEIXEIRA, F. F.; SALOMÃO, A. N. Recursos Genéticos Vegetais. In: PAIVA, S. R.; ALBUQUERQUE, M. do S. M.; SALOMAO, A. N.; JOSE, S. C. B. R.; MOREIRA, J. R. de A. (Ed.). **Recursos genéticos: o produtor pergunta, a Embrapa responde**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2019. p. 241-267. (Coleção 500 perguntas, 500 respostas). Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/203949/1/Recursos-geneticos.pdf>. Acesso em: 24 maio 2021.
- BARABASCHI, D.; TONDELLI, A.; DESIDERIO, F.; VOLANTE, A.; VACCINO, P.; VALÈ, G.; CATTIVELLI, L. Next generation breeding. **Plant Science**, v. 242, p. 3–13, Jan. 2016. DOI 10.1016/j.plantsci.2015.07.010.
- BARBIERI, R. L. Conservação e uso de recursos genéticos vegetais. In: FREITAS, L. B.; BERED, F. (Org.). **Genética e evolução vegetal**. Porto Alegre, RS: UFRGS, 2003. p. 403-413.
- BESPALHOK, F. J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. A. **Uso e conservação do germoplasma**. Docplayer, 2007. Cap. 3. p. 21-28. Disponível em: <http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%203.pdf>. Acesso em 28 jul. 2021.
- BONOW, S. **Coleções nucleares em bancos de germoplasma: conceito e utilização atual em trigo**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2007. 7 p. (Embrapa Trigo. Documentos Online, 80). Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPT-2010/40698/1/p-do80.pdf>. Acesso em: 28 jul. 2021.
- BONOW, S. **Pré-melhoramento: elo entre recursos genéticos e programas de melhoramento de plantas. Infobios – Informações Tecnológicas, 9 de set. 2011**. Artigo em Hypertexto. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/59046/1/Sandro-melhoramento-Sandro-Infob.pdf>. Acesso em: 17 mar. 2021.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 1997. 574 p.
- BORNER, A.; FREYTAG, U.; SPERLING, U. Analysis of wheat resistance data originating from screenings of Gatersleben genebank accessions during 1933 and 1992. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 53, p. 453-465, 2006. DOI 10.1007/s10722-004-1158-8.
- BORNER, A.; CHEBOTAR, S.; KORZUN, V. Molecular characterization of the genetic integrity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm after long-term maintenance. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 100, p. 494-497, 2000. DOI 10.1007/s001220050064.

- BRAMBATI, A.; BRAMMER, S. P.; WIETHOLTER, P.; NASCIMENTO JUNIOR, A. do. Estabilidade genética em triticales estimada pela viabilidade polínica. **Arquivos do Instituto Biológico**, v. 83, e0802014, p. 1-7, 2016. DOI 10.1590/1808-1657000802014.
- BRAMMER, S. P.; FRIZON, P.; URIO, E. A. Caracterização citogenética em genótipos de trigo: presença de micronúcleos e viabilidade polínica. In: SILVA NETO, B. R. da (Org). **Inventário de recursos genéticos**. Ponta Grossa: Atena Editora, 2019. Cap. 1, p. 1-13. DOI 10.22533/at.ed.8631918071.
- BRASILEIRO-VIDAL, A. C.; CUADRADO, A.; BRAMMER, S. P.; ZANATTA, A. C. A.; PRESTES, A. M.; MORAES-FERNANDES, M. I. B.; GUERRA, M. Chromosome characterization in *Thinopyrum ponticum* (Triticeae, Poaceae) using in situ hybridization with different DNA sequences. **Genetics and Molecular Biology**, v. 26, n. 4, p. 505-510, Dec. 2003. DOI 0.1590/S1415-47572003000400014.
- BURLE, M. L.; OLIVEIRA, M. do S. P. de. **Manual de curadores de germoplasma – Vegetal**: caracterização morfológica. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. 16 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Documentos, 312; Embrapa Amazônia Oriental, 378). Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/149780/1/DOC-312-e-378.pdf>. Acesso em: 28 jul. 2021.
- CAETANO-ANOLLES, G.; CALLAHAN, L. M.; GRESSHOFF, P. M. The origin of bermudagrass (*Cynodon*) off-types inferred by DNA amplification fingerprinting. **Crop Science**, v. 37, p. 81-87, jan. 1997. DOI <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700010013x>.
- CANHOTO, J. M. **Biotecnologia Vegetal**: da Clonagem de Plantas à Transformação Genética. Imprensa da Universidade de Coimbra, Out. 2010. p. 27. DOI 10.14195/978-989-26-0404-6.
- CARVALHO, J. M. F. C.; ARAÚJO, S. de S.; SILVA, M. A. da. **Preservação e Intercâmbio de Germoplasma**, Campina Grande: Embrapa Algodão, p. 24 (Embrapa Algodão. Documentos, 196) 2008. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CNPA-2009-09/22237/1/DOC196.pdf>. Acesso em: 28 jul. 2021.
- COSTA, A. M.; SPEHAR, C. R.; SERENO, J. R. B. (Ed.). **Conservação de recursos genéticos no Brasil**. Brasília, DF:Embrapa, 2012. 628 p. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/110820/1/costa-01.pdf>. Acesso em: 28 jul. 2021.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed., v. 1. Editora UFV, 2004. 480 p.
- DANILOVA, T. V.; AKHUNOVA, A. R.; AKHUNOV, E. D.; FRIEBE, B.; GILL, B. S. Major structural genomic alterations can be associated with hybrid speciation in *Aegilops markgrafii* (Triticeae). **The Plant Journal: for cell and molecular biology**, v. 92, n. 2, p. 317–330, Oct. 2017. DOI 10.1111/tpj.13657.
- DE LA ROSA, L.; LÓPEZ-ROMÁN, M. I.; GONZÁLEZ, J. M.; ZAMBRANA, E.; MARCOS-PRADO, T.; RAMÍREZ-PARRA, E. Common Vetch, valuable germplasm for resilient agriculture: genetic characterization and Spanish core collection development. *Frontiers in Plant Science*, v. 12, 2021. DOI [sim10.3389/fpls.2021.617873](https://doi.org/10.3389/fpls.2021.617873).
- DVORAK, J.; WANG, L.; ZHU, T.; JORGENSEN, C. M.; LUO, M.-C.; DEAL, K. R.; GU, Y. Q.; GILL, B. S.; DISTELFELD, A.; DEVOS, K. M.; QI, P.; MCGUIRE, P. E. Reassessment of the evolution of wheat chromosomes 4A, 5A, and 7B. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 131, p. 2451–2462, 2018. DOI 10.1007/s00122-018-3165-8.

EMBRAPA. **Conservação a longo prazo do banco de Germoplasma-Sementes**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2007. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/109239/1/fold07-18-conservacaoBancoGemoplasma.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.

FALEIRO, F. G. **Marcadores genético-moleculares aplicados a programas de conservação e uso de recursos genéticos**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2007. 102 p. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/215826/1/faleiro-01.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.

FALEIRO, F. G.; ANDRADE, S. R. M. de. **Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/75345/1/LivroFaleiro01.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.

FALEIRO, F. G.; KARIA, C. T.; ANDRADE, R. P.; BARROS, A. M.; SILVA, D. de O. e C. **Diversidade genética de uma coleção de trabalho de *Stylosanthes guianensis* com base em marcadores RAPD**. In: REUNIÃO ANUAL DA SOCIEDADE BRASILEIRA DE ZOOTECNIA, 40., 2003, Santa Maria. Anais... Brasília: Sociedade Brasileira de Zootecnia, 2003. 1 CD-ROM. Disponível em: [http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPAC-2009/24950/1/p2004\\_04.pdf](http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPAC-2009/24950/1/p2004_04.pdf). Acesso em: 29 jul. 2021.

FERREIRA, M. E. Molecular analysis of gene bank for sustainable conservation and increased use of crop genetic resources. In: RUANE, J.; SONNINO, A. **The role of biotechnology in exploring and protecting agricultural genetic resources**. Roma: FAO, 2006. p. 121-127.

FERREIRA, J. J.; ALVAREZ, E.; FUEYO, M. A.; ROCA, A.; GIRALDEZ, R. Determination of the outcrossing rate of *Phaseolus vulgaris* L. using seed protein markers. **Euphytica**, v. 113, p. 257-261, 2000. DOI 10.1023/A:1003907130234.

FRANCO, J. L. de A. O conceito de biodiversidade e a história da biologia da conservação: da preservação da wilderness à conservação da biodiversidade. **História**, v. 32, n. 2, p. 21-48, Dez. 2013. DOI 10.1590/S0101-90742013000200003.

FUKUDA, W. M. G.; COSTA, I. R. S.; VILARINHOS, A. D.; OLIVEIRA, R. de P. **Banco de germoplasma de mandioca: manejo, conservação e caracterização**. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 1996. 103p. (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Documentos, 68). Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/81438/1/Banco-Germoplasma-Wania-Fukuda-Docmentos-68-1996.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.

GEPTS, P. Genetic markers and core collections. In: HODGKIN, T.; BROWN, A. H. D.; HINTUM, T. J. L. van; MORALES, E. A. V. (Eds.). **Core collections of plant genetic resources**. Rome: IPGRI, 1995. p. 127-146.

GHISLAIN, M.; ZHANG, D.; FAJARDO, D.; HUAMAN, Z.; HIJMANS, R. J. Marker-assisted sampling of the cultivated Andean potato *Solanum phureja* collection using RAPD markers. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 46, p. 547-555, 1999. DOI 10.1023/A:1008724007888.

GRENIER, C.; DEU, M.; KRESOVICH, S.; BRAMEL-COX, P. J.; HAMON, P. Assessment of genetic diversity in three subsets constituted from the ICRISAT sorghum collection using random vs non-random sampling procedures B. Using molecular markers. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 101, p. 197-202, 2000. DOI 10.1007/s001220051469.

- HAMMAMI, R.; JOUVE, N.; SOLER, C.; FRIEIRO, E.; GONZÁLEZ, J. M. Genetic diversity of SSR and ISSR markers in wild populations of *Brachypodium distachyon* and its close relatives *B. stacei* and *B. hybridum* (Poaceae). **Plant Systematics and Evolution**, v. 300, n. 9, p. 2029–2040, 2014. DOI 10.1007/s00606-014-1021-0.
- HOKANSON, S. C.; SZEWC-McFADDEN, A. K.; LAMBOY, W. F.; McFERSON, J. R. Microsatellite (SSR) markers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a *Malus x domestica* borkh. core subset collection. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 97, p. 671–683, 1998. DOI 10.1007/s001220050943.
- HE, J.; LIN, S.; YU, Z.; SONG, A.; GUAN, Z.; FANG, W.; CHEN, S.; ZHANG, F.; JIANG, J.; CHEN, F.; WANG, H. Identification of 5S and 45S rDNA sites in *Chrysanthemum* species by using oligonucleotide fluorescence in situ hybridization (Oligo-FISH). *Molecular Biology Reports*, v. 48, n. 1, p. 21–31, Jan. 2021. DOI 10.1007/s11033-020-06102-1.
- INGLIS, P. W.; BELLON, G.; JUNQUEIRA, N. T. V.; FALEIRO, F. G.; FERREIRA, M. E. Phylogenetic inference applied to germplasm bank characterization and interspecific breeding in passionfruit. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, n. 1, e362221112, 2021. DOI 10.1590/1984-70332021v21n1a12.
- IBPGR. International Board for Plant Genetic Resources. **Annual Report 1992**. Rome: IBPGR, 1992. p. 92.
- JOSÉ, S. C. B. R. **Manual de Curadores de Germoplasma - Vegetal**: Conservação ex situ (Colbasa sementes). Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2010. 12 p (Documentos / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 317). Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/149787/1/doc317.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.
- KATO, A.; VEJA, J. M.; HAN, F.; LAMB, J. C.; BIRCHLER, J. A. Advances in plant chromosome identification and cytogenetic techniques. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 8, n. 2, p. 148–154, 2005. DOI 10.1016/j.pbi.2005.01.014.
- KIIHL, T. A. M. **Banco Ativo de Germoplasma de Trigo da Embrapa**: multiplicação e intercâmbio de acessos. In: REUNIÃO DA COMISSÃO BRASILEIRA DE PESQUISA DE TRIGO E TRITICALE 2019, 2019, Passo Fundo. Atas e Resumos.... Passo Fundo: Ed. do Autor, 2019. v. 1. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/213793/1/Atas-e-resumos-13-RCBTT-Reunia771o-de-Trigo-e-Triticale-2019-p457.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.
- KWIATEK, M.; WIŚNIEWSKA, H.; APOLINARSKA, B. Cytogenetic analysis of *Aegilops* chromosomes, potentially usable in triticale (*X Triticosecale* Witt.) breeding. **Journal of Applied Genetics**, v. 54, p. 147–155, 2013. DOI 10.1007/s13353-013-0133-5.
- KWIATEK, M.; BŁASZCZYK, L.; WIŚNIEWSKA, H.; APOLINARSKA, B. *Aegilops-Secale* amphiploids: chromosome categorisation, pollen viability and identification of fungal disease resistance genes. **Journal of Applied Genetics**, v. 53, n. 1, p. 37–40, Feb. 2012. DOI 10.1007/s13353-011-0071-z.
- LAURENTIN, H. Data analysis for molecular characterization of plant genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 56, p. 277–292, Jan. 2009. DOI 10.1007/s10722-008-9397-8.
- LEWINSOHN, T. M.; PRADO, P. I. Biodiversity of Brazil: a synthesis of the current state of knowledge. In: Brazil. Ministry of the Environment. **Evaluation of the state of knowledge on biological diversity in Brasil**. Brasil: MMA, 2003, p. 11–20.

- LI, C. T.; SHI, C. H.; WU, J. G.; XU, H. M.; ZHANG, H. Z.; REN, Y. L. Methods of developing core collections based on the predicted genotypic value of rice (*Oryza sativa* L.). **Theoretical and Applied Genetics**, v. 108, n. 6, p. 1172-1176, Apr. 2004. DOI 10.1007/s00122-003-1536-1.
- LIU, S.; FEUERSTEIN, U.; LUESINK, W.; SCHULZE, S.; ASP, T.; STUDER, B.; BECKER, H. C.; DEHMER, K. J. DaRT, SNP, and SSR analyses of genetic diversity in *Lolium perenne* L. using bulk sampling. **BMC Genetics**, v. 19, n. 10, Jan. 2018. DOI 10.1186/s12863-017-0589-0.
- LOPES, M. A.; MELLO, S. C. M. de. **Estratégias para melhoria, manutenção e dinamização do uso dos bancos de germoplasma relevantes para a agricultura brasileira**. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2005.
- MARIANTE, A. da S.; SAMPAIO, M. J. A.; INGLIS, M. C. V. (Ed.). **The state of Brazil's plant genetic resources: second national report: conservation and sustainable utilization for food and agriculture**. Brasília, DF: Embrapa Technological Information, 2009. 236 p.
- MEZZALIRA, F. K.; KUHN, B. C. Aplicação da biotecnologia vegetal para padronização de plantas ornamentais. *Colloquium Agrariae*, v. 17, n. 1, p. 10-17, 2021.
- MILACH, S. C. K. Marcadores moleculares nos recursos genéticos e no melhoramento de plantas. In: QUEIROZ, M. A. de; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. (online). Petrolina, PE: Embrapa Semi-Árido; Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 1999. Disponível em <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/96001/1/recursos-geneticos-e-melhoramento-de-plantas-para-o-nordeste-brasileiro.pdf>. Acesso em: 5 abril 2021.
- MUNARETTO, D.; BRAMMER, S. P.; LÂNGARO, N. C.; MINELLA, E.; LIMA, M. I. P. M. **Viabilidade polínica e inferência da estabilidade genética em genótipos de cevada**. Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2020. 17 p. (Embrapa Trigo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento Online, 95). Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/222525/1/BolPesqDes-95-online-2021.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.
- NEVES, R. L. P.; LAMEIRA, O. A.; MEDEIROS, A. P. R.; PIRES, H. C. G.; OLIVEIRA, M. G. de; GERMANO, C. M.; LEÃO, F. M. Caracterização e avaliação morfológica da parte aérea de acessos de *Psychotria ipecacuanha* (Ipeca). In: SILVA NETO, B. R. da (Org). Inventário de recursos genéticos. Ponta Grossa, PR: Atena, 2019. Cap. 2, p. 13-24. DOI 10.22533/at.ed.8631918072.
- OLIVEIRA, L. B. P.; PIERRE, P. M. O. Índice meiótico e palinologia de cerejeira-do-mato (*Eugenia involucrata* DC-Myrtaceae). **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 17, p. 481-490, 2018.
- PÁDUA, J. G. Recursos genéticos aplicados ao melhoramento genético de plantas. In: AMABILE, R. F.; VILELA, M. S.; PEIXOTO, J. R. (Ed.). **Melhoramento de plantas: variabilidade genética, ferramentas e mercado**. Brasília, DF: Sociedade Brasileira de Melhoramento de Plantas. 2018, p. 25-32.
- PÁDUA, J. G.; ALBUQUERQUE, M. do S.; MELO, S. C. M. de. **Bancos e coleções de germoplasma da Embrapa: conservação e uso**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2020. 167 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Documentos Online 371). Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/216382/1/doc-371-Final-.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.

PAIVA, S. R.; ALBUQUERQUE, M. do S. M.; SALOMÃO, A. N.; JOSÉ, S. C. B. R.; MOREIRA, J. R. de A. (Ed.). **Recursos genéticos**: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2019a. p. 109-129. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/211973/1/500-PERGUNTAS-Recursos-Geneticos-ed-01-2019.pdf>. Acesso em: 2 9 jul. 2021.

PAIVA, S. R.; TEIXEIRA, F. F.; RABELO, RAMOS, S. R. R.; MACHADO, C. de F.; MAZZOCATO, A. C.; LAMEIRA, O. A.; LEITE, D. L.; CASTRO, A. C. R. de; MELLO, S. C. M. de; SILVA, J. B. T. da; AZEVEDO, V. C. R. A. Caracterização de Recursos Genéticos. In: PAIVA, S. R.; ALBUQUERQUE, M. do S. M.; SALOMÃO, A. N.; JOSÉ, S. C. B. R.; MOREIRA, J. R. de A. (Ed.). **Recursos genéticos**: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2019b. p. 109-129. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/203946/1/Caracterizacao-recursos.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.

PARZIES, H. K.; SPOOR, W.; ENNOS, R. A. Genetic diversity of barley landrace accessions (*Hordeum vulgare* ssp. *vulgare*) conserved for different lengths of time in ex situ gene banks. **Heredity**, v. 84, p. 476-486, 2000.

PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. Marcadores moleculares no pré-melhoramento de plantas. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (Ed.). **Marcadores Moleculares**. Viçosa, MG: UFV; Brasília, DF: Embrapa Café, 2006. p. 85-106.

REEDY, M. E.; KNAPP, A. D.; LAMKEY, K. R. Isozyme allelic frequency changes following maize (*Zea mays* L.) germplasm regeneration. **Maydica**, v. 40, n. 3, p. 269-273, 1995.

SAID, M.; HRBOVÁ, E.; DANILOVA, T. V.; KARAFÁTOVÁ, M.; ČÍŽKOVÁ, J.; FRIEBE, B.; DOLEŽEL, J.; GILL, B. S.; VRÁNA, J. The *Agropyron cristatum* karyotype, chromosome structure and crossgenome homoeology as revealed by fluorescence in situ hybridization with tandem repeats and wheat singlegene probes. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 131, n. 10, p. 2213–2227, 2018. DOI 10.1007/s00122-018-3148-9.

SALOMÃO, A. N.; SANTOS, I. R. I.; JOSE, S. C. B. R.; WALTER, T. J. B. M.; ALBUQUERQUE, M. dos S. M.; GIMENES, M. A.; TEIXEIRA, F. F.; CASTRO, C. S. P de; MAZZOCATO, A. C.; GOEDERT, C. O. Princípios e Conceitos sobre Recursos Genéticos. I In: PAIVA, S. R.; ALBUQUERQUE, M. do S. M.; SALOMÃO, A. N.; JOSÉ, S. C. B. R.; MOREIRA, J. R. de A. (Ed.). **Recursos genéticos**: o produtor pergunta, a Embrapa responde. Brasília, DF: Embrapa, 2019, p. 19-38. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1113668>. Acesso em: 29 jul. 2021.

SCARIOT, G.; BRAMMER, S. P.; SCHEEREN, P. L.; CASTRO, R. L. de; SCHEFFER-BASSO, S. M. Caracterização morfológica, citogenética e molecular de trigo como subsídio ao melhoramento genético, registro e proteção de cultivares. In: CAMPOS, M. de A.; MAIA, R. T. (Org). **Genética e melhoramento de plantas e animais**. Ponta Grossa, PR: Atena, 2019. Cap. 2, p. 12-22. Disponível em: <https://www.finersistemas.com/atenaeditora/index.php/admin/api/artigoPDF/24984>. Acesso em: 10 mar. 2021.

SCHEEREN, P. L.; CAIERÃO, E.; SILVA, M. S.; BONOW, S. Melhoramento de trigo no Brasil. In: PIRES, J. L. F.; VARGAS, L.; CUNHA, G. R. da (Ed.). **Trigo no Brasil**: bases para a produção competitiva e sustentável. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2011. Cap. 17, p. 427-452. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/932422>. Aceso em: 29 jul. 2021.

SEGATTO, A. L. A.; GOETZE, M.; TURCHETTO, C. Marcadores moleculares baseados na análise de seqüências: utilização em filogenia e filogeografia. In: TURCHETTO-ZOLET, A. C.; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. (Org.). **Marcadores Moleculares na Era genômica: Metodologias e Aplicações**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2017. Cap. 5, p. 77-93.

SKROCH, P. W.; NIENHUIS, J.; BEEBE, S.; TOHME, J.; PEDRAZA, F. Comparison of Mexican common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) core and reserve germplasm collections. **Crop Science**, v. 38, n. 2, p. 488-496, March 1998. DOI 10.2135/cropsci1998.0011183X003800020036x.

SIDDRA, I. Microsatellite markers: an important fingerprinting tool for characterization of crop plants. **African Journal of Biotechnology**, v. 10, n. 4, p. 7723-7726, 2011. DOI 10.5897/AJBx10.021.

SILVA, H. K da. Caracterização preliminar de uma população natural de *Physalis angulata* L. em Teresina-PI visando a seleção de genótipos superiores. In: SILVA NETO, B. R. da (Org). **Inventário de recursos genéticos**. Ponta Grossa: Atena, 2019. Cap. 5, p. 47-52.

STAGNATI, L.; BUSCONI, M.; SOFFRITTI, G.; MARTINO, M.; LANUBILE, A.; MAROCCO, A. Molecular and phenotypic characterization of a collection of white grain sorghum [*Sorghum bicolor* (L.) Moench] for temperate climates. **Genetic Resource and Crop Evolution**, 25 March 2021. DOI 10.1007/s10722-021-01166-9.

STEINER, A. M.; RUCKENBAUER, P.; GOECKE, E. Maintenance in genebanks, a case study: contaminations observed in the Nurnberg oats of 1831. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 44, n. 5, p. 533-538, 1997.

SMITH, S. Cultivar identification and varietal protection. In: CAETANO ANNOLÉS, G.; GRESSHOFF, P. M. (Ed.). **DNA markers: protocols, applications and overviews**. New York: Wiley VCH, 1998. p. 383-400.

TANKSLEY, S. D.; JONES, R. A. Application of alcohol dehydrogenase allozymes in testing the genetic purity of F1 hybrids of tomato. **HortScience**, v. 16, n. 2, p. 179-181, 1981.

TOHME, J.; GONZALEZ, D. O.; BEEBE, S.; DUQUE, M. C. AFLP analysis of gene pools of a wild bean core collection. **Crop Science**, v. 36, n. 5, p. 1375-1384, 1996. DOI 10.2135/cropsci1996.0011183X003600050048x.

TONIAZZO, C.; BRAMMER, S. P.; MINELLA, E.; CAVERZAN, A.; WIETHÖLTER, P.; CASASSOLA, A.; GRANDO, M. F. Malting quality and genetic diversity in Brazilian elite barley germplasm. **International Journal of Current Research**, v. 9, n. 6, p. 52352-52357, 2017. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/165546/1/ID44155-2017v9n6IntJCurrRes.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.

TONIAZZO, C.; BRAMMER, S. P.; CARGNIN, A.; WIETHÖLTER, P. **Ocorrência de micronúcleos e inferência da instabilidade genética em acessos de trigos sintéticos**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, Abr. 2018. (Embrapa Trigo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento online, 88). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/177641/1/ID44329-2017BPDO88.pdf>. Acesso em: 17 mar. 2021.

TOPPA, E. V. B.; JADOSKI, C. J. O uso dos marcadores moleculares no melhoramento genético de plantas. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 12, n. 1, p.1-5, 2013. DOI 10.18188/1983-1471/sap.v12n1p1-5.

TREUREN, R. van; HINTUM, T. J. L. van. Identification of intra-accession genetic diversity in selfing crops using AFLP markers: implications for collection management. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 48, p. 287-295, 2001. DOI 10.1023/A:1011272130027.

UPADHYAYA, H. D.; ORTIZ, R. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement **Theoretical and Applied Genetics**, v. 102, p. 1292-1298, 2001. DOI 10.1007/s00122-001-0556-y.

URIO, E. A. **Caracterização citogenética clássica e molecular de trigosbrasileiros**. 2013. 123 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade dePasso Fundo, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Passo Fundo.

VALOIS, A. C. C. *Biodiversidade, biotecnologia e propriedade intelectual*. **Cadernos de Ciencia & Tecnologia**, v.15, n. especial, p. 21-25, 1998. DOI 10.35977/0104-1096.cct1998.v15.8914.

VALOIS, A. C. C.; SALOMÃO, A. N.; ALIEM, A. C. (ORG.) **Glossário de recursos genéticos vegetais**. Brasília, DF: Embrapa-SPI, 1996. 62p. (Embrapa-Cenargen. Documentos, 22). Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/172245/1/Glossario-de-recursos-geneticos-vegetais.pdf>. Acesso em: 29 jul. 2021.

WU, X. M.; WU, N. F.; QIAN, X. Z.; LI, R. G.; HUANG, F. H.; ZHU, L. Phenotypic and genotypic changes in rapeseed after 18 years of storage and regeneration. **Seed Science Research**, v. 8, p. 55-64, 1998.

YAN, H.; ZHOU, P.; PENG, Y.; BEKELE, W. A.; REN, C.; TINKER, N. A.; PENG, Y. Genetic diversity and genome-wide association analysis in Chinese hulless oat germplasm. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 133, p. 3365–3380, Sept. 2020. DOI 10.1007/s00122-020-03674-1.

ZOHARY, D.; HOPF, M. **Domestication of plants in the old world: thr origin and spread of cultivated plants in West Asia, Europe, and the Nile Valley**. 2nd ed. New York: Oxford: Clarendon Press, 1994. 279p.



**Embrapa**

---

**Trigo**

MINISTÉRIO DA  
AGRICULTURA, PECUÁRIA  
E ABASTECIMENTO



PÁTRIA AMADA  
**BRASIL**  
GOVERNO FEDERAL