

Germoplasma de parentes silvestres  
de espécies cultivadas conservado na Coleção  
de Base (Colbase) da Embrapa até 2022



**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária  
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia  
Ministério da Agricultura e Pecuária**

## **DOCUMENTOS 381**

# Germoplasma de parentes silvestres de espécies cultivadas conservado na Coleção de Base (Colbase) da Embrapa até 2022

Marcos Aparecido Gimenes  
Antonieta Nassif Salomão  
Alisson Ferreira Dantas  
Juliano Gomes Pádua  
Marcelo Brilhante de Medeiros  
Solange Carvalho Barrios Rovieri Jose

**Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia**

Parque Estação Biológica (PqEB)  
Av. W5 Norte (final)  
CEP: 70770-917 Brasília, DF  
Fone: (61) 3448-4700/(61) 3448-4739  
www.embrapa.br  
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

**Comitê Local de Publicações**

Presidente

*Marcelo Lopes da Silva*

Secretária-executiva

*Ana Flávia do Nascimento Dias*

Membros

*Andrielle Câmara Amaral Lopes**Bruno Machado Teles Walter**Débora Pires Paula**Edson Junqueira Leite**Marcos Aparecido Gimenes**Solange Carvalho Barrios Roveri José***Unidade responsável pela edição**

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Supervisão editorial

*Ana Flávia do Nascimento Dias*

Revisão de texto

*Antonieta Nassif Salomão**Jackcélia Costa de Silva*

Normalização bibliográfica

*Rosamares Rocha Galvão*

Projeto gráfico

*Carlos Eduardo Felice Barbeiro*

Capa e editoração eletrônica

*Júlio César da Silva Delfino*

Foto da capa

*Adilson Werneck***1ª edição**

Publicação digital - PDF (2023)

**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 Recursos Genéticos e Biotecnologia

Germoplasma de parentes silvestres de espécies cultivadas conservado na Coleção de Base (Colbase) da Embrapa até 2022 / Marcos Aparecido Gimenes... [et al.]. – Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2023.

PDF (30 p.) : il. color. – (Documentos / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 381).

1. Conservação. 2. Banco Genético. 3. Espécie silvestre. I. Gimenes, Marcos Aparecido. A. II. Título. III. Série.

634.909811 CDD21

## Autores

### **Marcos Aparecido Gimenes**

Biólogo, Doutor em Genética, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

### **Antonieta Nassif Salomão**

Engenheira Florestal, mestre em Manejo do Espaço Rural, pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

### **Alisson Ferreira Dantas**

Biólogo, doutor pela Universidade de Brasília, Brasília, DF.

### **Juliano Gomes Pádua**

Agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

### **Marcelo Brilhante de Medeiros**

Biólogo, doutor em Ecologia, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

### **Solange Carvalho Barrios Roveri Jose**

Agrônoma, doutora em Tecnologia de Sementes, pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.



## Apresentação

As espécies silvestres filogeneticamente mais relacionadas às plantas cultivadas, os parentes silvestres, são um valioso reservatório de variabilidade genética para uso em programas de melhoramento, uma vez que possuem genes ou alelos envolvidos na expressão de características de interesse agrônômico não encontrados em seus parentes cultivados. Tais características podem ser transferidas das silvestres para as cultivadas via cruzamentos, com diferentes níveis de dificuldade. A maioria dos parentes silvestres ainda é encontrada em populações naturais, no Brasil, no caso das espécies nativas, e em outros países, no caso das exóticas, e por isso estão sujeitas a ações antrópicas e variações ambientais (pragas, competidores, mudanças climáticas), que podem levar a perda irreversível de indivíduos e, conseqüentemente, de variabilidade genética. Em função de sua importância e do risco de perda de genótipos, os parentes silvestres de espécies cultivadas exóticas e nativas têm sido considerados prioridade em ações de coleta e conservação em bancos de germoplasma. Além de garantir sua conservação, a disponibilidade em bancos contribui para o uso do germoplasma, facilitando o acesso para caracterização e avaliação. No Banco Genético da Embrapa, localizado na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, são mantidos, em condições de armazenamento de médio e longo prazo, 118.776 acessos e destes 4.535 são de parentes silvestres de espécies cultivadas, o que corresponde a 3,8% do total da coleção. Os parentes silvestres em conservação são pertencentes a 15 gêneros [*Aegilops* L., *Arachis* L., *Avena* L., *Gossypium* L., *Glycine* L., *Helianthus* L., *Ipomoea* L., *Oryza* L., *Phaseolus* L., *Solanum* L., *Vicia* L., *Vigna* Savi, *Triticum* L., *Tripsacum* L. e *Zea* L.] e fazem parte dos pools gênicos de 13 espécies cultivadas (amendoim: *Arachis hypogaea* L.; algodão: *Gossypium hirsutum* L.; arroz: *Oryza sativa* L.; aveia: *Avena sativa* L.; batata doce: *Ipomoea batatas* (L.) Lam.; caupi: *Vigna unguiculata* (L.) Walp.; fava: *Vicia faba* L.; feijão: *Phaseolus vulgaris* L.; girassol: *Helianthus annuus* L.; milho: *Zea mays* L.; soja: *Glycine max* (L.) Merr.; tomate: *Solanum lycopersicum* L., e trigo: *Triticum aestivum* L.]. O objetivo deste documento foi realizar o inventário da coleção de parentes silvestres mantida no Banco Genético da Embrapa, para divulgar o trabalho de conservação que tem sido realizado com esse valioso germoplasma. Além disso, são compartilhadas informações de literatura relevantes e a experiência dos autores no tema. Esperamos que essa publicação seja de relevância para pesquisadores e estudantes que tenham interesse na conservação de parentes silvestres de espécies cultivadas, principalmente, em condições ex situ em longo prazo.

Maria Cléria Valadares Inglis  
Chefe-Geral  
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia



## Sumário

Introdução .....	9
Bases de dados sobre parentes silvestres de espécies cultivadas .....	10
Conservação dos acessos e informações associadas .....	11
Modo de armazenamento das sementes .....	11
Categorização das espécies e dados sobre caracterização e avaliação .....	12
As coleções que conservam parentes silvestres na Colbase .....	12
Parentes silvestres de <i>Gossypium hirsutum</i> (algodão) .....	15
Parentes silvestres de <i>Arachis hypogaea</i> (amendoim) .....	15
Parentes silvestres de <i>Oryza sativa</i> (arroz) .....	15
Parentes silvestres de <i>Avena sativa</i> (aveia) .....	16
Parentes silvestres de <i>Ipomoea batatas</i> (batata doce) .....	16
Parentes silvestres de <i>Vigna unguiculata</i> (caupi) .....	17
Parentes silvestres de <i>Vicia faba</i> (fava) .....	17
Parentes silvestres de <i>Phaseolus vulgaris</i> (feijão) .....	17
Parentes silvestres de <i>Helianthus annuus</i> (girassol) .....	18
Parentes silvestres de <i>Zea mays</i> (milho) .....	18
Parentes silvestres de <i>Glycine max</i> (soja) .....	19
Parentes silvestres de <i>Solanum lycopersicum</i> (tomate) .....	19
Parentes silvestres de <i>Triticum aestivum</i> (trigo) .....	20
Híbridos interespecíficos .....	20
Outros usos dos parentes silvestres .....	20
Desafios para conservação e uso de parentes silvestres .....	21
Referências Bibliográficas .....	21
Anexo – Espécies e números de acessos em conservação na Colbase e referências sobre status como pool gênico de espécie cultivada .....	25





## Introdução

A variabilidade genética disponível nos *pools* gênicos (do inglês, *gene pools* – GP) das espécies cultivadas é fundamental para que os programas de melhoramento genético de plantas desenvolvam novos genótipos que atendam as demandas atuais e futuras da agricultura.

Segundo Harlan; Wet (1971), os *pools* gênicos são classificados em primário (GP1), secundário (GP2) e terciário (GP3) de acordo com a facilidade de uso no melhoramento genético de uma espécie cultivada. O GP1 é constituído por estoques domesticados da cultura e os parentes silvestres que lhe deram origem ou influenciaram sua formação (Valois et al., 1996). Já os GP2 e GP3 são constituídos apenas por espécies silvestres relacionadas, que não aquelas envolvidas na origem da cultivada, sendo que no GP2 são encontrados os parentes silvestres que cruzam com a cultivada e produzem com alguma dificuldade prole com níveis de fertilidade relativamente baixos, e no GP3 as espécies que somente cruzam com a cultivada mediante tratamentos especiais, como a fusão de protoplastos (Valois et al., 1996).

Os estoques de espécies domesticadas, de forma geral, contêm variabilidade genética necessária para desenvolvimento por genótipos geneticamente superiores. Entretanto, algumas características importantes não são encontradas em tais estoques, por exemplo, no germoplasma de amendoim (*Arachis hypogaea* L.) não são encontrados altos níveis de resistência a algumas doenças fúngicas foliares, mas sim, em acessos de algum de seus parentes silvestres (Subrahmanyam et al., 2001). Germoplasma pode ser definido como o material genético que constitui a base física da hereditariedade, o genótipo, transmitido de uma geração a outra por meio de células germinais (Paiva et al., 2019).

Parente silvestre de uma planta cultivada é uma espécie selvagem com uma relação filogenética relativamente próxima a uma cultura (Khoury et al., 2022). Segundo esses autores, para a maioria das culturas, os parentes silvestres são normalmente considerados como aqueles incluídos nos táxons congêneros, embora algumas culturas tenham parentes selvagens de vários gêneros, como o trigo.

Na história agrícola mundial, há vários exemplos da importância do uso de genes de parentes silvestres para o melhoramento de espécies cultivadas. Um exemplo clássico foi a introgressão de genes da espécie silvestre *Solanum graminis* para a batata (*Solanum tuberosum* L.), que conferiu a essa espécie resistência ao patógeno *Phytophthora infestans*, responsável pela doença requeima ou mela da batata. Assim, solucionou-se o problema causado por essa doença na Europa e especificamente na Irlanda, que levou à morte e à migração de milhões de pessoas (Prescott-Allen; Prescott-Allen, 1986; Ristaino, 2002). Outro exemplo marcante foi a transferência de genes de resistência ao fungo *Puccinia graminis* Pers., causador da ferrugem do colmo em cereais, da espécie conhecida por trigo silvestre (*Aegilops tauschii* Coss.) para o trigo cultivado (*Triticum aestivum* L.). Esse evento foi considerado chave para a revolução verde ter acontecido (Kilian et al., 2010; Zhou et al., 2021).

Algumas espécies importantes para a segurança alimentar nacional, agricultura familiar e para o agronegócio brasileiro têm seus centros de origem em outros países ou regiões. Por exemplo, o arroz (*Oryza sativa* L.) e a soja [*Glycine max* L. (Merr.)] têm seus centros de origem na China (Huang et al., 2002; Qiu; Chang, 2010), o feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) na América Central e também na região andina (Kwak et al., 2009) e o trigo (*T. aestivum*) no sudoeste asiático (Huang et al., 2002). Por outro lado, há espécies cultivadas importantes, tanto para a agricultura familiar quanto para o agronegócio regional e nacional, que têm seus centros de origem no Brasil, como o abacaxi [*Ananas comosus* (L.) Merr.], o caju (*Anacardium occidentale* L.) e a mandioca (*Manihot esculenta* C.). Os centros de origem de espécies cultivadas têm como características principais a alta variabilidade interespecífica e a ocorrência natural de parentes silvestres, principalmente, dos *pools* gênicos primários e secundários. Dessa forma, o germoplasma de parentes silvestres conservados no banco Genético da Embrapa são de espécies exóticas e nativas obtidos, no geral, por intercâmbio e coleta.

Atualmente, a importância dos parentes silvestres é ainda maior devido às mudanças no clima e nos padrões de produção e consumo e ao crescimento populacional, pois é preciso produzir mais sob condições progressivamente mais desafiadoras (Dempewolf et al., 2017). Os recursos genéticos permitirão minimizar os efeitos de tais mudanças nas espécies cultivadas, por exemplo, aumentando a tolerância à seca, ao alagamento e às flutuações térmicas (Gorim; Vanderberg, 2017).

Apesar de sua importância, as populações de dezenas de espécies de parentes silvestres têm sido ameaçadas globalmente pelos distúrbios de origem antrópica nos habitats naturais e pelas mudanças climáticas (Vincent et al., 2019). Do ponto de vista da conservação *ex situ*, ainda há também baixa representatividade global nos bancos de germoplasma (Castañeda-Alvarez et al., 2016). Em função do exposto, esforços têm sido realizados para promover a conservação tanto *in situ* quanto *ex situ* de parentes silvestres (Valois et al. 1996; Medeiros et al., 2021).

No Brasil, a conservação de germoplasma *ex situ* é preconizada pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa) desde a década de 70, com a criação da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen), em Brasília - DF. Na década de 80, em consonância com as tendências mundiais em salvaguardar a diversidade biológica dos distintos ecossistemas, a empresa iniciou suas ações de conservação *ex situ* e *in situ/on farm*. Entre as formas de conservação *ex situ*, destaca-se a Coleção de Base (Colbase), localizada no Banco Genético da Embrapa, que conserva germoplasma semente de acessos dos diferentes *pools* gênicos (variedades e cultivares obsoletas, espécies silvestres afins, raças locais e indígenas e de espécies autóctones não domesticadas) de espécies cultivadas. As espécies em conservação no referido banco possuem diferentes utilidades, como produção de alimentos, forrageiras, ornamental, medicinal, têxtil e como fonte de variabilidade genética para programas de melhoramento, o que inclui os estoques domesticados e as espécies silvestres.

O objetivo desse documento foi realizar o inventário da coleção de parentes silvestres mantida na Colbase, para atualizar e divulgar o trabalho que tem sido realizado na conservação desse valioso germoplasma. Esperamos que essa publicação seja de relevância para pesquisadores e estudantes que tenham interesse na conservação de parentes silvestres de espécies cultivadas.

## Bases de dados sobre parentes silvestres

A formação da coleção de parentes silvestres na Colbase se deu por meio de expedições de coleta em distintas localidades do país e de importação de acessos de parentes silvestres de espécies exóticas, por curadores de Bancos Ativos de Germoplasma ou pela curadoria da Colbase.

A relação de espécies e o número de acessos disponíveis de cada uma delas estão listados no Anexo 1. Os dados sobre cada um dos acessos estão registrados e disponíveis para consulta pública no sistema Alelo, módulo vegetal<sup>1</sup>. Em nível nacional, essa é a maior base de dados sobre conservação de parentes silvestres.

Em nível internacional, informações sobre parentes silvestres podem ser obtidas em vários sites. Por exemplo, no site do projeto “The Crop Wild Relatives Project”<sup>2</sup>, que é um projeto global de longo prazo que apoia o uso de parentes silvestres de 29 plantas cultivadas (alfafa, amendoim bambara, arroz asiático e africano, aveia, banana/plátano, batata, batata doce, berinjela, capim pé-de-galinha-gigante, caupi, cenoura, centeio, cevada, chicharro, ervilha, ervilhaca, fava, feijão, girassol, grão de bico, guandu, lentilha, maçã, milheto, sorgo, trigo duro e mole) para gerar conhecimento e materiais

<sup>1</sup> <http://alelobag.cenargen.embrapa.br/AleloConsultas/Passaporte/bancoBusca.do>

<sup>2</sup> <https://www.croptrust.org/work/projects/crop-wild-relatives/>

de pré-melhoramento. Esse projeto disponibiliza um inventário contendo dados de ocorrência, mapas de prioridade de coletas, dados de pré-melhoramento e links para publicações no tema<sup>3</sup>. Outros sites com informações relevantes sobre germoplasma de parentes silvestres são o GRIN Global<sup>4</sup> e o Genesys, que reúne informações sobre cerca de 4 milhões de acessos de espécies de plantas, incluindo as cultivadas e seus parentes silvestres. Estima-se que o número de acessos disponíveis no Genesys corresponde a cerca da metade do número total estimado no mundo e esse portal permite que curadores e outros usuários de bancos de germoplasma pesquisem rapidamente e solicitem amostras de mais de 450 instituições<sup>5</sup>.

## Conservação dos acessos e informações associadas

### Modo de armazenamento das sementes

As sementes dos acessos<sup>6</sup> de cada uma das espécies de parentes silvestres, com conteúdo de água variando de 3 a 7% (com base no peso fresco), estão acondicionadas em sacos trifoliados (alumínio, polietileno e alumínio) com vedação hermética e identificados por código BRA<sup>7</sup>, espécie, gênero e localização (câmara, estante, prateleira e caixa) e conservadas em câmaras às temperaturas subzero a -18 °C, Colbase do Banco Genético da Embrapa (Figura 1), localizado na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília - DF.



Foto: Juliano Gomes Pádua

**Figura 1.** Interior de uma câmara de conservação de germoplasma da Coleção de Base da Embrapa, localizada na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Brasília, DF).

<sup>3</sup> <http://www.cwrdiversity.org>

<sup>4</sup> <https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/taxon/taxonomysearchcwr>

<sup>5</sup> <https://www.genesys-pgr.org/content/about/about>

<sup>6</sup> O termo acesso se refere a uma amostra de germoplasma representativa de um indivíduo ou de uma população, diferenciada e identificada de maneira única. Em caráter mais geral, qualquer registro individual constante de uma coleção (uma plântula, uma maniva, sementes de uma cultivar, e outros) (Valois et al., 1996).

<sup>7</sup> O código BRA é emitido via Sistema de documentação Alelo e é utilizado no Banco Genético e nos Bancos Ativos de Germoplasma da Embrapa para a identificação única das amostras, garantindo sua identidade e o manejo desses acessos no banco, principalmente monitoramento, regeneração ou multiplicação ao longo do tempo. O prefixo BRA antecede o número sequencial identificador (com 6 dígitos) do acesso de germoplasma, identificando seu país de coleta (<https://alelowiki.cenargen.embrapa.br/index.php/BRA>).

## Metodologia de categorização da espécies e levantamento de dados sobre caracterização e/ou avaliação

O *status* das espécies como parente silvestre de espécie cultivada foi determinado baseando-se em conhecimentos prévios disponíveis na literatura (Anexo 1). As informações sobre caracterização e uso de algumas espécies foram obtidas em bases de dados de artigos científicos (texto e Anexo 1).

## As coleções que conservam parentes silvestres na Colbase

O Banco Genético da Embrapa conserva um total de 118.776 acessos (1.082 espécies), sendo 4.535 acessos espécies silvestres, o que corresponde a 3,8% do total do acervo. Destes, 3.562 acessos pertencem a 148 espécies consideradas parentes silvestres de plantas cultivadas, 435 são de espécies indeterminadas de seis gêneros de espécies cultivadas e 538 são de sete híbridos interespecíficos (Tabela 1). As espécies silvestres pertencem aos gêneros *Aegilops*, *Arachis*, *Avena*, *Glycine*, *Gossypium*, *Helianthus*, *Ipomoea*, *Solanum*, *Oryza*, *Phaseolus*, *Triticum*, *Tripsacum*, *Vicia*, *Vigna* e *Zea* (Tabela 1).

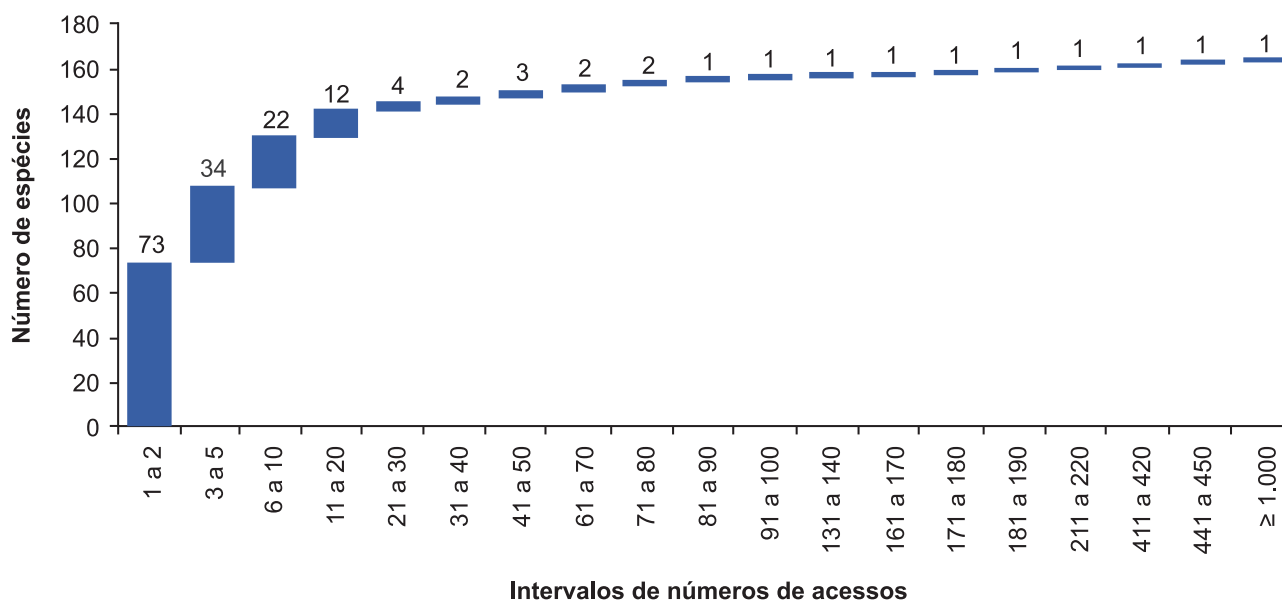
**Tabela 1.** Nomes comuns e científicos das espécies cultivadas, gêneros que compreendem seus parentes silvestres em conservação no Banco Genético da Embrapa, números de parentes silvestres e acessos, número de acessos sem espécies determinadas, número de híbridos interespecíficos e número total de acessos.

Nome comum da espécie cultivada	Nome científico	Gênero do parente silvestre	N° de espécies parentes silvestres – n° de acessos	N° de acessos sem espécies determinadas	N° de acessos de híbridos	Total
algodão	<i>Gossypium hirsutum</i>	<i>Gossypium</i> L.	29 – 956	75	8	1039
amendoim	<i>Arachis hypogaea</i>	<i>Arachis</i> L.	19 – 105	0	0	105
arroz	<i>Oryza sativa</i>	<i>Oryza</i> L.	10 – 70	0	3	73
aveia	<i>Avena sativa</i>	<i>Avena</i> L.	4 – 4	161	0	165
batata doce	<i>Ipomoea batata</i>	<i>Ipomoea</i> L.	7 – 36	0	0	36
caupi	<i>Vigna unguiculata</i>	<i>Vigna</i> Savi	8 – 74	17	0	91
fava	<i>Vicia faba</i>	<i>Vicia</i> L.	4 – 8	3	0	11
feijão	<i>Phaseolus vulgaris</i>	<i>Phaseolus</i> L.	18 – 1.734	1	70	1.805
girassol	<i>Helianthus annuus</i>	<i>Helianthus</i> L.	24 – 259	3	5	267
milho		<i>Zea</i> L.	3 – 3	0	0	3
		<i>Tripsacum</i> L.	1 – 10	0	0	10
soja	<i>Glycine max</i>	<i>Glycine</i> L.	4 – 56	0	0	56
tomate	<i>Solanum lycopersicum</i>	<i>Solanum</i> L.	2 – 43	175	0	218
trigo	<i>Triticum aestivum</i>	<i>Aegilops</i> L.	11 – 95	0	452	656
		<i>Triticum</i> L.	4 – 109			
Total			148 – 3.562	435	<b>538</b>	4.535

O número de acessos sem espécie determinada na Colbase foi de apenas 435 (*Avena* spp.: 161; *Helianthus* spp. = 3; *Gossypium* spp. = 75; *Solanum* spp. = 175; *Phaseolus* spp. = 1; *Vigna* spp. = 17). Foi assumido que os acessos que possuem apenas identificação do gênero são de parentes silvestres. Alguns desses acessos podem fazer parte de espécies que ainda estão sendo ou que não tinham sido descritas quando foram introduzidas na coleção.



Os números de parentes silvestres e acessos para cada uma das espécies cultivadas variou amplamente, conforme apresentado na Tabela 1 e Figura 2. O maior *pool* gênico, em termos de número de espécies e acessos, foi o do feijão com 18 espécies e 1.805 acessos e o menor foi o de fava com 11 acessos de quatro espécies. Setenta e nove por cento das espécies em conservação possuem de 1 a 10 acessos e destes 44% possuem de 1 a 2 (Figura 2). A baixa representatividade em termos de número de acessos de parentes silvestres identificada na Colbase também é observada em alguns bancos de germoplasma mundiais. Castañeda-Álvarez et al. (2016), ao analisarem a distribuição global de 1.076 espécies relacionados a 81 espécies cultivadas usando informações existentes em bancos de dados de biodiversidade, herbário e bancos de germoplasma, demonstraram que a diversidade de parentes silvestres está mal representada em bancos genéticos. Esses autores observaram que não existem acessos disponíveis para 313 táxons (29,1% do total avaliado no estudo) associados a 63 espécies cultivadas e que outros 257 (23,9%) estão representados por menos de 10 acessos. Os autores apontam que mais de 70% dos parentes silvestres são identificados como acessos de alta prioridade para futuras coletas para melhora de suas representações em bancos de germoplasma e que mais de 95% estão insuficientemente representados em relação a toda a gama de variação geográfica e ecológica em suas distribuições naturais.



**Figura 2.** Número de espécies em relação ao número de acessos de cada parente silvestre conservado na Coleção de Base da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa. Foram levados em consideração espécies, híbridos e acessos de espécies não determinadas dos gêneros em análise.

A manutenção de alta variabilidade genética sempre é foco da conservação de recursos genéticos e o número de acessos é um dos indicativos do nível de variabilidade conservado. Portanto, a representatividade da variabilidade genética conservada variou bastante entre os *pools* gênicos em conservação das diferentes espécies cultivadas, sendo baixa para algumas. Para germoplasma semente de parentes silvestres deve-se considerar que, em alguns casos, o material em conservação pode ser o único disponível no momento da coleta ou do intercâmbio e que é melhor ter pouca variabilidade conservada do que não ter nenhuma. Além disso, o germoplasma pode ser útil em outros estudos que podem ter impacto no melhoramento genético de seu parente cultivado e que não necessariamente precisam de variabilidade genética. Um ótimo exemplo disso é a espécie *Arachis ipaënsis* Krapov. & W. C. Greg., que possui apenas um acesso coletado (GK 10017), conservado no Banco Ativo de Espécies Silvestres de *Arachis* da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e estudos demonstram ser a doadora do genoma B do amendoim (Kochert et al., 1996; Fávero et al.,

2006). Esses estudos foram a base para o redirecionamento dos programas de pré-melhoramento de amendoim utilizando parentes silvestres, que usavam *Arachis batizocoi* Krapov. & W.C.Greg. (4 acessos em conservação no Banco Ativo de Espécies Silvestres de *Arachis*) nos cruzamentos acreditando ser essa a espécie doadora do genoma B de *A. hypogaea*. Atualmente *A. batizocoi* é classificada como sendo de genoma K (Robledo; Seijo, 2010).

No intuito de melhorar a representatividade de acessos de parentes silvestres nativos conservados ex situ, recentemente, foi desenvolvido um trabalho no Brasil coordenado pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, como parte de uma iniciativa global de coletar e conservar parentes silvestres de plantas cultivadas (Medeiros et al., 2021). Tal estudo apresentou o estado de conservação ex situ e in situ de parentes silvestres de arroz (*Oryza*), batata (*Solanum*), batata doce (*Ipomoea*) e milheto (*Eleusine*) e direcionou coletas de germoplasma por meio da metodologia de análises de lacunas descrita por Ramirez-Villegas et al. (2010). Esta metodologia avalia as deficiências de conservação nos bancos de germoplasma em três níveis diferentes: taxonômico, geográfico e ambiental. Com base na média geral taxonômica, geográfica e fatores de cobertura ambiental, o método produziu uma tabela com espécies de alta, média e baixa prioridade para coleta. A partir desses dados foram planejadas expedições de coleta de germoplasma para os diferentes biomas brasileiros. Foi observada uma classificação de média prioridade de conservação para todas as espécies, com exceção de *Ipomoea grandifolia* (Dammer) O'Donell, que foi de alta prioridade. Os 174 acessos coletados nesse projeto foram incorporados nos respectivos Bancos Ativos de Germoplasma (BAG) da Embrapa e são espécies com poucos ou nenhum acesso em conservação. Destes, cinco espécies nativas são do gênero *Ipomoea* [*I. grandifolia*; *I. ramosissima* (Poir.) Choisy; *I. tiliacea* (Willd.) Choisy; *I. cynanchifolia* Meisn.; *I. triloba* L.], duas de *Eleusine* [*E. indica* (L.) Gaertn; *E. tristachya* (Lam.) Lam.], quatro de *Oryza* [*O. glumaepatula* Steud, *O. alta* Swallen, *O. grandiglumis* (Döll) Prod., *O. latifolia* Desv.] e três de *Solanum* [*S. chacoense* Bitt.; *S. commersonii* ssp. *commersonii* Dunal; e *S. commersonii* ssp. *malmeanum* (Bitt.)]. Os métodos utilizados para quebra de dormência e conservação em baixa temperatura para as espécies de *Oryza*, *Eleusine* e *Ipomoea* foram promissores para a incorporação de acessos nos respectivos bancos de germoplasma (Medeiros et al., 2021). Os acessos coletados constam da Tabela 1, mas ainda não foram introduzidos no Banco Genético da Embrapa porque estão sendo multiplicados nos Bancos Ativos de Germoplasma.

As maiores coleções de parentes silvestres da Colbase são as de algodão, feijão e trigo e entre as menores estão as de soja e milho (Tabela do anexo 1). Esse fato indica que a importância econômica da cultura para o agronegócio pode não ser sempre refletida no número de parentes silvestres e acessos em conservação. Warburton et al. (2017) revisaram a utilidade de parentes silvestres no melhoramento de milho (*Zea mays* L.) e girassol (*Helianthus annuus* L.). Os autores apontam o girassol como um exemplo de sucesso de uso de parentes silvestres em melhoramento, tendo sido transferidas para o girassol muitas características importantes, como macho esterilidade citoplasmática, tolerância a herbicidas, resistência a estresses e melhoria nos perfis de ácidos graxos sem quedas no rendimento e qualidade do óleo. No caso do milho, os autores relataram que pouco progresso foi obtido na ampliação de seu *pool* gênico utilizando parentes silvestres, em função de depressão no rendimento e potencial de perda de qualidade. Um outro fator que pode ter levado à baixa utilização de parentes silvestres do milho é alta variabilidade genética já encontrada na espécie cultivada, o que diminui a necessidade de busca de características fora de seu *pool* gênico primário. Portanto, na avaliação do número de acessos em conservação de parentes silvestres deve ser levada em consideração a necessidade e facilidade de uso da variabilidade contida nos parentes silvestres em programas de melhoramento. Portanto, a diferença observada entre o número de acessos de espécies silvestres de *Helianthus* (267 acessos) e *Zea* (3 acessos) no Banco Genético podem ser reflexo da aplicabilidade dessas espécies silvestres no melhoramento de seus parentes cultivados.

## Parentes silvestres de *Gossypium hirsutum* (algodão)

O gênero *Gossypium* compreende cerca de 50 espécies distribuídas por todas as regiões tropicais e subtropicais do mundo e, inclui cinco espécies tetraplóides ( $2n=4x=52$ ) e cerca de 45 espécies diplóides ( $2n=2x=26$ ) (Gan et al. 2013). A maior parte da fibra têxtil do mundo é derivada de quatro espécies do gênero *Gossypium*, incluindo duas espécies tetraplóides, *G. hirsutum* L. e *G. barbadense* L., e dois diplóides asiático-africanos, *G. arboreum* L. e *G. herbaceum* L. (Mammadov et al., 2018). Nesse artigo, foram considerados apenas os parentes silvestres de *G. hirsutum*.

A coleção de parentes silvestres de *Gossypium* é formada por um total de 1.039 acessos, sendo 956 de 29 espécies [*G. anomalum* Wawra & Peyr., *G. arboreum* L., *G. areysianum* Deflers, *G. aridum* (Rose & Standl.) Skovst., *G. armourianum* Kearney, *G. australe* F. Muell., *G. bickii* Prokh, *G. darwinii* G. Watt., *G. davidsonii* Kellogg, *G. gossypoides* (Ulbr.) Standl., *G. harknessii* Brandegeee, *G. herbaceum* L., *G. hirsutum* L. var. *marie-galante* (G. Watt) J.B. Hutch., *G. incanum* (O. Schwartz) Hillc., *G. klotzschianum* Andersson, *G. lobatum* Gentry, *G. longicalyx* J.B. Hutch. & B.J.S. Lee, *G. mustelinum* Miers ex G. Watt, *G. nandewareense* Derera, *G. nelsonii* Fryxell, *G. raimondii* Ulbr., *G. robinsonii* F. Muell., *G. somalense* (Gürke) J.B. Hutch., Silow & S.G. Stephens, *G. stocksii* Mast., *G. sturtianum* (R.Br.) J.H. Willis, *G. thurberi* Tod., *G. tomentosum* Nutt. ex Seem., *G. trilobum* (DC.) Skovst., *G. triphyllum* (Harv.) Hochr.], oito acessos de um híbrido interespecífico e 75 de *Gossypium* spp (Anexo). Mammadov et al. (2018) relataram a avaliação de várias espécies silvestres de *Gossypium* para características de interesse, como tolerância a *Helicoverpa* spp. em acessos de *G. arboreum* e *G. somalense*, e tolerância a salinidade em *G. aridum*, *G. lobatum* e *G. longicalyx*.

## Parentes silvestres de *Arachis hypogaea* (amendoim)

Segundo Meyer; Purugganan (2013), a única espécie cultivada do gênero *Arachis* é *A. hypogaea*, o amendoim. O gênero *Arachis* é composto por 83 espécies, que são distribuídas em nove seções taxonômicas (Krapovickas; Gregory, 1994; Valls; Simpson, 2005, 2017; Valls et al., 2013; Santana; Valls, 2015; Seijo et al., 2021). No Banco Genético da Embrapa são conservados 105 acessos de 19 espécies do gênero *Arachis*. Além dos acessos mantidos no Banco Genético, o Banco Ativo de Espécies Silvestres de *Arachis*, também localizado na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, possui 2.329 acessos. O alto número de espécies e acessos do gênero *Arachis* se deve ao fato do Brasil ser a área de ocorrência da maioria das espécies e aos esforços para a coleta dessas espécies que têm sido coordenados pelo Dr. Francisco Montenegro Valls, curador do Banco Ativo de Espécies Silvestres de *Arachis*. A disponibilidade dos acessos de *Arachis* levou a uma gama ampla de estudos de caracterização e a utilização desse germoplasma em programas de pré-melhoramento (Sharma, 2017).

## Parentes silvestres de *Oryza sativa* (arroz)

O gênero *Oryza* possui um total de 26 espécies (Vaughan, 1989) e dessas são cultivadas *O. sativa* L. e *O. glaberrima* Steud. (Meyer; Purugganan, 2013).

A coleção de parentes silvestres de arroz é composta por um total de 73 acessos, sendo 70 de 10 espécies [*O. alta*, *O. barthii* A. Chev., *O. glaberrima*, *O. glumaepatula*, *O. latifolia*, *O. longistaminata* A. Chev. & Roehr., *O. nivara* S. D. Sharma & Shastry, *O. officinalis* Wall. ex G. Watt, *O. perennis* Moench. e *O. rufipogon* Griff.) e três de um híbrido entre *O. sativa* e *O. glumaepatula*.



O gênero *Oryza* pode ser agrupado em quatro “complexos” de espécies: (1) o *pool* gênico primário, o complexo *O. sativa*; (2) o complexo *O. officinalis*; (3) o complexo *O. ridleyi* Hook F.; e (4) o complexo *O. meyeriana* (Zoll. & Moritzi) Baill. (Solis et al., 2020). Segundo esses autores, o complexo *O. sativa* compreende oito espécies diplóides com genomas AA, sendo as duas cultivadas (*O. sativa* e *O. glaberrima*) e seis espécies de arroz selvagem (*O. nivara*, *O. rufipogon*, *O. breviligulata*, *O. longistaminata*, *O. meridionalis* N.Q.Ng e *O. glumaepatula*), que têm sido comumente utilizadas pelos melhoristas devido à sua facilidade de cruzamento e transferência de genes para cultivares de arroz cultivadas.

As espécies silvestres *O. latifolia*, *O. alta* e *O. coarctata* Roxb. apresentaram alta tolerância à salinidade, sendo *O. coarctata* a espécie mais tolerante sobrevivendo durante a fase de plântula sem nenhum efeito prejudicial e desenvolvendo até a fase reprodutiva (Prusty et al., 2018). No Banco Genético da Embrapa estão em conservação três acessos de *O. alta* e três de *O. latifolia*.

### Parentes silvestres de *Avena sativa* (aveia)

O gênero *Avena* é composto de 27 espécies (Loskutov et al., 2021), sendo *A. abyssinica* Hochst. e *A. sativa* L. as espécies cultivadas desse gênero (Meyer; Purugganan, 2013).

A coleção de *Avena* é formada por um acesso de *A. abyssinica*, um de *A. brevis* Roth, um de *A. byzantina* K. Koch, um de *A. fatua* L. e 161 de *Avena spp.* Loskutov et al. (2021) citam que estudos prévios demonstraram que o cruzamento entre *A. sativa* e *A. sterilis* L. pode ser utilizado para introduzir, nos genomas de variedades de elite, genes de resistência a oídio e a ferrugem da coroa e do caule, e que *A. fatua* já foi utilizada em programas de melhoramento para produção de linhagens resistente ao vírus-do-nanismo-amarelo-da-cevada. Além disso, esses autores ainda citam que o hexaplóide *A. byzantina* foi doador de resistência ao oídio e à ferrugem da coroa para *A. sativa*.

### Parentes silvestres de *Ipomoea batatas* (batata doce)

Segundo Castañeda-Álvarez et al. (2016), os parentes silvestres da batata doce são: *I. cordatotriloba* Dennst., *I. cynanchifolia*, *I. grandifolia*, *I. lacunosa* L., *I. leucantha* Jacq., *I. littoralis* L., *I. ramosíssima*, *I. splendor-sylvae*, *I. tabascanana* J.A.McDonald & D.F.Austin, *I. tenuíssima* Choisy, *I. tiliacea*, *I. trifida* (Kunth) G. Don., *I. triloba*. Segundo esses autores também são encontrados acessos silvestres de *I. batatas*.

Atualmente, no Banco Genético da Embrapa são conservados um acesso de cada uma das seguintes três espécies: *I. aquática*, *I. incarnata* (Vahl) Choisy e *I. subincana* Meisn. Entretanto, recentemente foram coletados dois acessos de *I. grandifolia*, seis de *I. ramosíssima*, 21 de *I. tiliacea* e 5 de *I. cynanchifolia*, quatro de *I. triloba* (Medeiros et al., 2021). Os acessos não foram incorporados no Colbase ainda porque estão em multiplicação no banco ativo de germoplasma de batata doce.

O Genesys, atualmente, possui informações de cerca de 8.000 acessos de batata-doce, sendo cerca de 54% dos acessos são variedades crioulas e 11% são parentes silvestres<sup>8</sup>.

<sup>8</sup> <https://www.cwrdiversity.org/crop/sweetpotato/>

## Parentes silvestres de *Vigna unguiculata* (caupi)

Segundo Meyer; Purugganan (2013), as espécies cultivadas do gênero *Vigna* são: *V. aconitifolia* (Jacq.) Maréchal, *V. angularis* (Willd.) Ohwi & H. Ohashi, *V. mungo* (L.) Heppers, *V. radiata* (L.) R. Wilczek, *V. reflexo-pilosa* Hayata, *V. stipulacea* (Lam.) Kuntze, *V. subterrânea* (L.) Verdc., *V. trinervia* (B. Heyne ex Wight & Arn.) Tateishi & Maxted, *V. umbellata* (Thunb.) Ohwi & H. Ohashi e *V. unguiculata* (L.) Walp. Na Colbase são conservados no total 91 acessos de *Vigna*, sendo um de *V. aconitifolia*, dois de *V. adenantha* (G. Mey.) Maréchal, Mascherpa & Stainier, 23 de *V. angularis*, um de *V. luteola* (Jacq.) Benth., um de *V. marina* (Burm.) Merr., 11 de *V. mungo*, dois de *V. subterrânea*. e 33 de *V. umbellata*. A Colbase possui 4.401 de *V. unguiculata*, que é a espécie do gênero cultivada no Brasil e que, devido ao amplo uso, tem vários nomes populares como feijão-frade, feijão-fradinho, feijão-miúdo, feijão-caupi ou feijão-de-corda.

Os parentes selvagens do feijão-caupi incluem *V. unguiculata* subsp. *dekindtiana*, *V. unguiculata* subsp. *stenophylla*, *V. unguiculata* subsp. *tenuis*, *V. nervosa* Markötter, *V. vexillata* (L.) Rich, *V. oblongifolia* A. Rich, *V. frutescens* A. Rich, *V. reticulata* Hook F., *V. luteola* (Jacq.) Benth., *V. pygmaea* R.E.Fr., *V. gazensis* BAK. e *V. nuda* N.E.Br. (Padulosi e Ng, 1990). Na Coleção de Base está disponível apenas um acesso *V. luteola*.

O uso de parentes silvestres do caupi no melhoramento é raro uma vez que melhoristas evitam utilizá-los no desenvolvimento de variedades porque esses possuem características indesejáveis (Boukar et al., 2020), como sementes de tamanho pequeno, cor e textura de tegumento pouco atraentes, tendência a serem suscetíveis a várias doenças virais, quebra de vagens, ervas daninhas e hábito de crescimento indeterminado (Rawal et al., 1976).

O Instituto Internacional de Agricultura Tropical<sup>9</sup> possui uma grande coleção de germoplasma de feijão-caupi, que é superior a 15.000 acessos de variedades cultivadas provenientes de mais de 100 países e mais de 1.500 acessos de espécies selvagens de *Vigna*.

## Parentes silvestres de *Vicia faba* (fava)

A fava (*Vicia faba* L.) é uma das principais leguminosas utilizada no consumo humano e animal devido ao elevado valor nutricional de suas sementes, que são ricas em proteínas e amido (Duc et al., 2010). Esses autores afirmam que dados botânicos e moleculares sugerem que o ancestral selvagem desta espécie ainda não foi descoberto ou se extinguiu. A ausência dessa informação limita o uso dos **pools gênicos secundários e terciários dessa espécie**

A coleção de espécies de *Vicia* é formada por 133 acessos da espécie cultivada *V. faba*, um de *V. angustifolia* L., um de *V. benghalensis* L., um de *V. epetolaris* Burkart, cinco de *V. sativa* L. e três de *Vicia* spp.

## Parentes silvestres de *Phaseolus vulgaris* (feijão)

O gênero *Phaseolus* compreende cerca de 70 espécies e destas *P. vulgaris*, *P. coccineus* L., *P. dumosus* Macf., *P. acutifolius* A. Gray e *P. lunatus* L. foram domesticadas (Bitocchi et al., 2012, 2017). Nesse artigo, foi avaliado o pool genético de *P. vulgaris*.

<sup>9</sup> <https://www.iita.org/>

A coleção de *Phaseolus* da Colbase compreende 1.734 acessos de 17 espécies [*P. acutifolius*, *P. angustissimus* A. Gray, *P. coccineus*, *P. filiformis* Benth., *P. hintonii* A. Delgado, *P. leptostachyus* Benth., *P. lunatus*, *P. maculatus* Scheele, *P. marechalii* A. Delgado, *P. microcarpus* Mart., *P. oligospermus* Piper, *P. parvulus* Greene, *P. pauciflorus* Sessé & Moc. ex G. Don, *P. pedicellatus* Benth., *P. pluriflorus* Maréchal, Mascherpa & Stainier, *P. polystachios* (L.) Britton, Sterns & Poggenb. e *P. ritensis* M.E. Jones]. A coleção é composta por um acesso de uma espécie não determinada e 70 acessos híbridos.

O melhoramento da produtividade do feijão-comum tem sido realizado utilizando-se a variabilidade genética existente em um *pool* gênico relativamente estreito, de cultivares e variedades melhoradas, enquanto o germoplasma selvagem e espécies intimamente relacionadas têm sido subutilizados, sendo utilizado apenas para características controladas por um único gene, como à resistência a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* e pragas como besouros do tipo bruquídeos (Porch et al., 2013). Apesar do sucesso no uso de parentes silvestres no aumento da produtividade do feijão, seu uso no melhoramento de outras características quantitativas tem sido limitado e isso se deve em parte à falta de conhecimento sobre os componentes fenotípicos e genotípicos da tolerância à estresse abiótico, à dificuldade de introgressão de cruzamentos amplos e a falta de plataformas eficazes de fenotipagem (Porch et al., 2013).

Uma grande parte (1.479 acessos) da coleção de *Phaseolus* é composta por acessos da *P. lunatus*, que é uma espécie cultivada em diferentes regiões do Brasil, principalmente no Nordeste (Moraes et al., 2017). Em algumas zonas agroecológicas, onde espera-se que as condições de estresse sejam excessivamente severas para a produção de feijão, o uso de espécies relacionadas, incluindo *P. lunatus* e *P. acutifolius* pode ser expandido por esses serem mais tolerantes à seca (Porch et al., 2013).

### **Parentes silvestres de *Helianthus annuus* (girassol)**

O gênero *Helianthus* é formado por 52 espécies, sendo *H. annuus* e *H. tuberosum* L. as cultivadas (Meyer; Purugganan, 2013).

A coleção de *Helianthus* na Colbase é formada por um total de 267 acessos das seguintes espécies: *H. agrestis* Pollard (3 acessos), *H. angustifolius* L. (4 acessos), *H. anomalus* S.F. Blake (2 acessos), *H. argophyllus* Torr. & A. Gray, *H. atrorubens* L. (4 acessos), *H. bolanderi* A. Gray (12 acessos), *H. ciliaris* DC. (1 acesso), *H. debilis* Nutt. (25 acessos), *H. decapetalus* L. (8 acessos), *H. deserticola* Heiser (3 acessos), *H. divaricatus* L. (1 acesso), *H. giganteus* L. (5 acessos), *H. grosseserratus* M. Martens (11 acessos), *H. maximiliani* Schrad. (16 acessos), *H. mollis* Lam. (7 acessos), *H. neglectus* Heiser (20 acessos), *H. niveus* (Benth.) Brandegees *subsp. canescens* (10 acessos), *H. nuttallii* Torr. & A. Gray. (12 acessos), *H. occidentalis* Riddell (5 acessos), *H. paradoxus* Heiser (2 acessos), *H. pauciflorus* Nutt. (10 acessos), *H. petiolaris* Nutt. (63 acessos), *H. praecox* Engelm. & A. Gray (29 acessos) e *H. tuberosum* (5 acessos). Também fazem parte da coleção dois híbridos interespecíficos e um acesso de espécie não determinada.

Como mencionado acima, várias características de interesse para o melhoramento do girassol foram transferidas de seus parentes silvestres (Warburton et al., 2017).

### **Parentes silvestres de *Zea mays* (milho)**

O gênero *Zea* é subdividido em duas seções, *Zea* e *Luxuriantes* (Warburton et al., 2017). A seção *Luxuriantes* inclui as espécies perenes *Z. diploperennis* Iltis, Doebley & Guzman e *Z. perennis*

(Hitchc.) Reeves & Mangelsd. e as anuais *Z. luxurians* (Durieu & Asch.) Bird, *Z. nicaraguensis* Iltis & Benz e *Z. vespertilio* Gómez-Laur. A seção *Zea* inclui apenas uma espécie e quatro subespécies: *Z. mays subsp. mexicana* (Schrad.) Iltis, *Z. mays subsp. Parviglumis* (Iltis & Doebley), *Z. mays subsp. huehuetenangensis* (Iltis & Doebley) Doebley e *Z. mays subsp. mays*, o milho cultivado (Warburton et al., 2017).

A coleção de parentes silvestre do milho é formada por um acesso de *Z. diploperennis*, um acesso de *Z. luxurians*, um de *Z. perennis* e 10 de *Tripsacum dactyloides* (L.) L.

Como mencionado acima, o reduzido número de acessos de parentes silvestres do milho pode estar relacionado aos fatos de depressão no rendimento e potencial de perda de qualidade e a alta variabilidade genética já encontrada no *pool* gênico primário de milho.

### Parentes silvestres de *Glycine max* (soja)

O gênero *Glycine* é composto por 28 espécies divididas nos subgêneros *Soja* e *Glycine*, sendo que o primeiro compreende a soja *G. max* e seu parente silvestre *G. soja* Siebold e Zuccer e o segundo subgênero 26 espécies silvestres perenes (Ratnaparkhe et al., 2011).

A coleção de parentes silvestres de soja é composta por 56 acessos de quatro espécies [*G. cyrtoloba* Tindale, *G. soja*, *G. tabacina* (Labill.) Benth. e *G. tomentella* Hayata]. As espécies silvestres de soja possuem várias características de interesse agrônomo, como resistência a ferrugem asiática encontrada em acessos de *G. canescens* F. J. Herm., *G. clandestina* J.C.Wendl., *G. tabacina*, *G. tomentella*, *G. argyrea* Tindale, *G. latifolia* (Benth.) Newell & T.Hymowitz e *G. microphylla* (Benth.) Tindale (Mammadov et al., 2018). *Glycine soja* é a espécie com maior número de acessos do gênero na Colbase (49 acessos). Devido à adaptabilidade, a *G. soja* tornou-se uma importante fonte de novos genes e alelos para o melhoramento de soja, necessários para atender às demandas decorrentes do crescimento da população mundial e mudanças ambientais (Lee et al., 2009; Mammadov et al., 2018). O Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA, do inglês *United States Department of Agriculture*) conserva acessos de espécies silvestres de soja, como *G. tabacina* (183 acessos), *G. soja* (1.173), *G. canescens* (147) e *G. tomentella* (334) (USDA, 2021). Cabe enfatizar que a coleção de *G. max* da Coleção de Base está composta por aproximadamente 10 mil acessos, sendo a grande maioria doada pelo USDA. Portanto, a variabilidade genética na coleção de espécies silvestres de soja pode ser aumentada via introdução de novos acessos de *Glycine*.

### Parentes silvestres de *Solanum lycopersicum* (tomate)

O gênero *Solanum* é composto de mais de 2.000 espécies (Kaunda; Zhang, 2019) e três espécies são amplamente cultivadas: a berinjela (*S. melongena* L.), a batata (*S. tuberosum* L.) e o tomate (*S. lycopersicum* L.).

A coleção mantida no Banco Genético da Embrapa é composta por 37 acessos de *S. commersonii* Dunal e seis acessos de *S. pimpinellifolium* (L.) Mill, que é relacionada ao tomate. Também fazem parte da coleção sementes de 175 acessos de *Solanum spp.* *S. commersonii* é um parente silvestre da batata.

O melhoramento de tomates é um exemplo de sucesso de transferências de características de interesse agrônomo de parentes silvestres para uma espécie cultivada. Hajjar e Hodgkin (2007) revisaram as informações disponíveis sobre a transferência de genes de parentes silvestres em cultivares de 16 espécies cultivadas e foi observado que o tomate teve 55 contribuições de alelos

de parentes silvestres na melhoria de características de interesse agrônomo (resistência a pragas e doenças, tolerância a estresse abiótico e qualidade).

### Parentes silvestres de *Triticum aestivum* (trigo)

As espécies cultivadas do gênero *Triticum* são *T. aestivum* e *T. dicoccum* Schrank ex Schübl. (Meyer; Purugganan, 2013). Segundo Harlan; Wet (1971), o *pool* gênico secundário do trigo inclui membros do gênero *Aegilops*, que podem hibridar com o trigo cultivado, apesar de seus cromossomos não parearem e recombinarem regularmente, a menos que o pareamento seja induzido artificialmente.

A coleção de trigo do Banco genético da Embrapa é formada por 661 acessos, sendo 11 do gênero *Aegilops*, quatro de *Triticum* e três híbridos interespecíficos.

A Embrapa Trigo e a curadoria do Banco Ativo de Trigo buscam constantemente, por meio de intercâmbio, incorporar novos genótipos à coleção, bem como mantê-los conservados adequadamente para sua inclusão em programas de melhoramento genético (Kiihl, 2019). Valkoun (2001) observou resistência à ferrugem amarela em cruzamentos de trigo durum com três espécies silvestres do gênero *Triticum* e resistência à ferrugem da folha em cruzamentos entre *T. baeoticum* Boiss e *Ae. Tausch. Triticum turgidum* L., o progenitor tetraplóide (genoma BBAA) do trigo durum e do hexaplóide (BBAADD) trigo para pão (*T. aestivum*), apresenta alta tolerância à seca e alguns dos genótipos de *T. dicoccoides* (Koern. ex Asch. & Graebn.) são totalmente férteis em ambientes áridos do deserto (Budak et al., 2013).

### Híbridos interespecíficos

Além de acessos de parentes silvestres, a coleção mantida na Colbase inclui também híbridos interespecíficos de *Helianthus*, *Gossypium*, *Oryza*, *Phaseolus* (*P. vulgaris* x *P. multigaris*) e *Triticum* (*T. aestivum* x *Ae. umbellulata* Zhuk.; *T. aestivum* x *Secale cereale* L.; *Triticum* hybr. x *Triticosecale*). Híbridos interespecíficos facilitam o uso dos genes dos parentes silvestres, uma vez que possuem parte do genoma da espécie cultivada.

Em alguns casos, o mesmo nível de ploidia, isto é, o mesmo número de conjuntos cromossômicos, não é observado entre a cultivada e seus parentes silvestres, o que dificulta a obtenção de híbridos férteis por meio do cruzamento com a espécie cultivada. Por exemplo, algumas cultivadas são poliplóides, como o amendoim (AABB) e o trigo (AABBDD) e algumas espécies de seus *pools* gênicos primários, secundários e terciários são diplóides, sendo necessário o uso de poliploides sintéticos para transferência de genes do silvestre para o cultivado.

### Outros usos dos parentes silvestres

Além do uso no melhoramento de espécies cultivadas, alguns parentes silvestres conservados também são cultivados para outros fins. Por exemplo, *Arachis pintoi* Krapov. & W.C.Greg. (um acesso na Colbase e 194 no BAG de Espécies Silvestre de *Arachis*), do *pool* gênico terciário do amendoim, é utilizado como forrageiras e possui cultivares comerciais disponíveis no mercado (Cook et al., 1990; Hernandez-Garay et al., 2004). Destacam-se outros usos de *A. pintoi*, como cobertura verde em cultivos perenes e plantio direto, plantio ornamental, retenção de encostas e fixação de nitrogênio. Outro exemplo são as espécies de *Vigna* que são igualmente consideradas domesticadas (Meyer; Purugganan, 2013). (ver material suplementar do referido artigo).



## Desafios para conservação e uso de parentes silvestres

Os parentes silvestres de espécies cultivadas são um importante estoque de alelos e genes envolvidos na expressão de características importantes para a agricultura. Em função disso, a conservação dessas espécies, com o máximo de variabilidade genética possível, contribuirá com a sustentabilidade da agricultura. O aumento da variabilidade genética em conservação passa pelo aumento do número de acessos de espécies que são parentes silvestres, o que pode ser alcançado por intercâmbio e coleta.

A falta de dados, tanto de fenotípicos quanto genotípicos, constitui a principal barreira para o uso de parentes silvestres. Outros desafios importantes para um maior uso de parentes silvestres incluem as barreiras biológicas para cruzamentos, falta de informações básicas de caracterização e percepções de inferioridade das espécies silvestres em relação a materiais de elite (Dempewolf et al. 2017).

A multiplicação, isto é, o aumento do número de sementes com a finalidade de conservação ou intercâmbio de parentes silvestres também é um desafio para aumentar o uso desse tipo de germoplasma em programas de melhoramento. Deve-se levar em consideração o tipo de sistema reprodutivo, o rendimento de sementes, que para espécies silvestres pode ser bastante baixo, e o fato de que alguns parentes silvestres têm o potencial de se tornarem ervas daninhas e, portanto, requerem medidas especiais de contenção durante a regeneração

Apesar de ser laborioso e de alto custo, o uso da variabilidade genética proveniente de parentes silvestres, deve se ressaltar que segundo Warburton et al. (2017) “o custo potencial do aumento da vulnerabilidade genética é menor do que o custo de redução dessa vulnerabilidade”. Portanto, o incentivo à coleta e ao intercâmbio de germoplasma de parentes silvestres, a sua caracterização e o de seu uso em programas de pré-melhoramento poderá favorecer sobremaneira os programas de melhoramento e sua inserção no mercado para usos diversos. Tudo isso tendo como premissa que a conservação está sendo realizada e os materiais estão disponíveis.

## Referências

- BITOCCHIA, E.; NANNIA, I.; BELLUCCIA, E.; ROSSIA, M.; GIARDINIA, A.; ZEULIB, P. S.; LOGOZZOB, G.; STOUGAARD, J.; MCCLEAND, P.; ATTENEE, G.; PAPA, R. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 109, n. 14, p. E788-E796, 2012.
- BITOCCHI, E.; RAU, D.; BELLUCCI, E.; RODRIGUEZ, M.; MURGIA, M. L.; GIOIA, T.; SANTO, D.; NANNI, L.; ATTENE, G.; PAPA, R. Beans (*Phaseolus* spp.) as a model for understanding crop evolution. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, n. 8, 2017. Article 722.
- BOUKAR, O.; ABBERTON, M.; OYATOMI, O.; TOGOLA, A.; TRIPATHI, L.; FATOKUN, C. Introgression breeding in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, n. 16, 2020. Article 567425.
- BUDAK, Hikmet; KANTAR, Melda; YUCEBILGILI KURTOGLU, Kuaybe. Drought tolerance in modern and wild wheat. **The Scientific World Journal**, v. 2013, 2013.
- CASTAÑEDA-ÁLVAREZ, N. P.; KHOURY, C. K.; ACHICANOY, H. A.; BERNAU, V.; DEMPEWOLF, H.; EASTWOOD, R. J.; GUARINO, L.; HARKER, R. H.; JARVIS, A.; MAXTED, N.; MÜLLER, J. V.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; SOSA, C. C.; STRUIK, P. C.; VINCENT, H.; TOLL, J. Global conservation priorities for crop wild relatives. **Nature Plants**, v. 2, 2016. Article number 16022.
- CHAPMAN, C. G. D. Collection strategies for the wild relatives of field crops. In: BROWN, A. H. D.; FRANKEL, O. H.; MARSHALL, D. R.; WILLIAMS, J. T. (Ed.). **The use of plant genetic resources**. Cambridge: Cambridge University, 1989.

- COOK, B. G.; WILLIAMS, R. J.; WILSON, G. P. M. Register of Australian herbage plant cultivars. B. Legumes. 21. *Arachis* (a) *Arachis pintoi* Krap. et Greg. nom. nud. (Pinto peanut) cv. Amarillo. **Australian Journal of Experimental Agriculture**, v. 30, p. 445-446, 1990.
- DEMPEWOLF, H.; BAUTE, G.; ANDERSON, J.; KILIAN, B.; SMITH, C.; GUARINO, L. Past and future use of wild relatives in crop breeding. **Crop Science**, v. 57, p. 1070-1082, 2017.
- DUC, G.; BAO, S.; BAUM, M.; REDDEN, B.; SAKIKI, M.; SUSO, M. J.; VISHNIAKOVA, M.; ZONG, X. Diversity maintenance and use of *Vicia faba* L. genetic resources. **Field Crops Research**, v. 115, n. 3, p. 270-278, 2010.
- FÁVERO, A. P.; SIMPSON, C. E.; VALLS, J. F. M.; VELLO, N. Study of the evolution of cultivated peanut through crossability studies among *Arachis ipaënsis*, *A. duranensis*, and *A. hypogaea*. **Crop Science**, v. 46, 1546-1522, 2006.
- GAN, Y.; LIU, F.; CHEN, D.; WU, Q.; QUIN, Q.; WANG, C.; LI, S.; ZHANG, X.; WANG, Y.; WANG, K. Chromosomal locations of 5S and 45S rDNA in *Gossypium* genus and its phylogenetic implications revealed by FISH. **PLoS One**, v. 8, n. 6, 2013. E68207.
- GORIM, L. Y.; VANDENBERG, A. Evaluation of wild lentil species as genetic resources to improve drought tolerance in cultivated lentil. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 1129-1129, 2017.
- HAJJAR, R.; HODGKIN, T. The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. **Euphytica**, v. 156, n. 1-2, p. 1-13, 2007.
- HARLAN, J. R.; WET, J. M. J. de. Toward a rational classification of cultivated plants. **Taxon**, v. 20, n. 4, p. 509-517, 1971.
- HERNANDEZ-GARAY, A.; SOLLENBERGER, L. E.; STAPLES, C. R.; PEDRERIA, C. G. S. 'Florigraze' and 'Arbrook' rhizome peanut as pasture for growing Holstein heifers. **Crop Science**, v. 44, n. 4, p. 1355-1360, 2004.
- HUANG, S.; SIRIKHACHORNKIT, A.; SU, X.; FARIS, J.; GILL, B.; HASELKORN, R.; GORNICKI, P. Genes encoding plastid acetyl-CoA carboxylase and 3-phosphoglycerate kinase of the *Triticum/Aegilops* complex and the evolutionary history of polyploid wheat. **Proceedings of the National Academy of Science**, v. 99, n. 12, p. 8133-8138, 2002.
- KAUNDA, J. S.; ZHANG, Y.-J. The genus solanum: an ethnopharmacological, phytochemical and biological properties review. **Natural Products and Bioprospecting**, v. 9, n. 2, p. 77-137, 2019.
- KHOURY, C. K.; BRUSH, S.; COSTICH, D. E.; CURRY, H. A.; HAAN, S. de; ENGELS, J. M. M.; GUARINO, L.; HOBAN, S.; MERCER, K. L.; MILLER, A. J.; NABHAN, G. P.; PERALES, H. R.; RICHARDS, C.; RIGGINS, C.; THORMANN, I. Crop genetic erosion: understanding and responding to loss of crop diversity. **New Phytologist**, v. 233, n. 1, p. 84-118, 2022.
- KIHL, 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, 13., 2019, Passo Fundo. **Ata e Resumos...** Passo Fundo: Ed. do Autor, p. 457-461, 2019.
- KILIAN, B.; MARTIN, W.; SALAMINI, F. Genetic diversity, evolution and domestication of wheat and barley in the fertile crescent. In: GLAUBRECHT, M. (Ed.). **Evolution in action**. Berlin: Springer, p. 137-166, 2010.
- KOCHERT, G.; STALKER, H.; GIMENES, M.; GALGARO, L.; LOPES, C.; MOORE, K. RFLP and cytogenetic evidence on the origin and evolution of allotetraploid domesticated peanut *Arachis hypogaea* (Leguminosae). **American Journal of Botany**, v. 83, n. 10, p. 1282-1291, 1996.
- KRAPOVICKAS, A.; GREGORY, W. C. Taxonomy of the genus *Arachis* (Leguminosae). **Bonplandia**, v. 8, n. 1/4, p. 1-186, 1994.
- KWAK, M.; KAMI, J. A.; GEPTS, P. The putative mesoamerican domestication center of *Phaseolus vulgaris* is located in the Lerma-Santiago Basin of Mexico. **Crop Science**, v. 49, n. 2, p. 554-563, 2009.
- LEE, J.-D.; SHANNON, J. G.; VUONG, T. D.; NGUYEN, H. T. Inheritance of salt tolerance in wild soybean (*Glycine soja* Sieb. and Zucc.) Accession PI483463. **Journal of Heredity**, v. 100, n. 6, p. 798-801, 2009.
- LI, H.; DONG, Z.; MA, C.; XIA, Q.; TIAN, X.; SEHGAL, S.; KOO, D.-H.; FRIEBE, B.; MA, P.; LIU, W. A spontaneous wheat-Aegilops longissima translocation carrying Pm66 confers resistance to powdery mildew. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 133, n. 4, p. 1149-1159, 2020.
- LOSKUTOV, I. G.; GNUTIKOV, A. A.; BLINOVA, E. V.; RODIONOV, A. V. The origin and resource potential of wild and cultivated species of the genus of oats (*Avena* L.). **Russian Journal of Genetics**, v. 57, n. 6, p. 642-661, 2021.
- MAMMADOV, J.; BUYRARAPU, R.; GUTTIKONDA, S. K.; PARLIAMENT, K.; ABDURAKHMONOV, I. Y.; KUMPATLA, S. P. Wild relatives of maize, rice, cotton, and soybean: treasure troves for tolerance to biotic and abiotic stresses. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 886, 2018.

- MEDEIROS, M. B.; VALLS, J. F. M.; ABREU, A. G.; HEIDEN, G.; RIBEIRO-SILVA, S.; JOSÉ, S. C. B. R.; SANTOS, I. R. I.; PASSOS, A. M. A.; BURLE, M. L. Status of the ex situ and in situ conservation of brazilian crop wild relatives of rice, potato, sweet Potato, and finger Millet: Filling the Gaps of Germplasm Collections. **Agronomy**, v. 11, n. 4, p. 638, 2021.
- MEYER, R. S.; PURUGGANAN, M. D. Evolution of crop species: genetics of domestication and diversification. **Nature reviews genetics**, v. 14, n. 12, p. 840-852, 2013.
- MORAES, C. S. de; DIAS, T. A. B.; COSTA, S. de P. P.; VIEIRA, R. da C.; NORONHA, S. E. de; BURLE, M. L. **Catálogo de fava (*Phaseolus lunatus* L.) conservada na Embrapa**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2017. 46 p. (Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Documentos, 351).
- PADULOSI, S.; NG, N. Q. Wild *Vigna* species in Africa: their collection and potential utilization. **Cowpea genetic resources**, p. 58-77, 1990.
- 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, 2019. 300 p. (Coleção 500 perguntas, 500 respostas)
- PORCH, T. G.; BEAVER, J. S.; DEBOUCK, D. G.; JACKSON, S. A.; KELLY, J. D.; DEMPEWOLF, H. Use of wild relatives and closely related species to adapt common bean to climate change. **Agronomy**, v. 3, n. 2, p. 433-461, 2013.
- PRESCOTT-ALLEN, C.; PRESCOTT-ALLEN, R. **The first resource: wild species in the North American economy**. New Haven: Yale University Press, 1986.
- PRUSTY, M. R.; KIM, S.-R.; VINARAO, R.; ENTILA, F.; EGDANE, J.; DIAZ, M. G. Q.; JENA, K. K. Newly identified wild rice accessions conferring high salt tolerance might use a tissue tolerance mechanism in leaf. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 417, 2018.
- QIU, L. J.; CHANG, R. Z. The origin and history of soybean. In: SINGH, G. (Org.). **The soybean: botany, production and uses**. Oxfordshire: CAB International, p. 1-23, 2010.
- RAMIREZ-VILLEGAS, J.; KHOURY, C. K.; JARVIS, A.; DEBOUCK, D. G.; GUARINO, L. A gap analysis methodology for collecting crop gene pools: a case study with *Phaseolus* beans. **PLoS One**, v. 5, n. 10, E13497, 2010.
- RATNAPARKHE, M. B.; SINGH, R. J.; DOYLE, J. J. Glycine. In: **Wild crop relatives: Genomic and breeding resources**. Springer, Berlin, Heidelberg, p. 83-116, 2011.
- RAWAL, K. M.; RACHIE, K. O.; FRANCKOWIAK, J. D. Reduction in seed size in crosses between wild and cultivated cowpeas. **Journal of Heredity**, v. 67, n. 4, p. 253-254, 1976.
- RISTAINO, J. B. Tracking historic migrations of the Irish potato famine pathogen, *Phytophthora infestans*. **Microbes and Infection**, v. 4, n. 13, p. 1369-1377, 2002.
- ROBLEDO, G.; SEIJO, J. G. Species relationships among the wild B genome of *Arachis* species (section *Arachis*) based on FISH mapping of rDNA loci and heterochromatin detection: a new proposal for genome arrangement. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 121, n. 6, p. 1033-1046, 2010.
- SANCHEZ, P. L.; WING, R. A.; BRAR, D. S. The wild relative of rice: genomes and genomics. In: ZHANG, Q.; WING, R. A. (Ed.). **Genetics and genomics of rice**. New York: Springer, p. 9-25, 2013.
- SANTANA, S. H.; VALLS, J. F. *Arachis veigae* (Fabaceae), the most dispersed wild species of the genus, and yet taxonomically overlooked. **Bonplandia**, v. 24, n. 2, p. 139-150, 2015.
- SEIJO, G. J.; ATAHUACHI, M.; SIMPSON, C. E.; KRAPOVICKAS, A. *Arachis infata*. **Bonplandia**, v. 30, n. 2, p. 169-174, 2021.
- SEILER, G. J.; QI, L. L.; MAREK, L. F. Utilization of sunflower crop wild relatives for cultivated sunflower improvement. **Crop Science**, v. 57, n. 3, p. 1083-1101, 2017.
- SHARMA, S. Prebreeding using wild species for genetic enhancement of grain legumes at ICRISAT. **Crop Science**, v. 57, n. 3, p.1132-1144, 2017.
- SOLIS, C. A.; YONG, M. T.; VINARAO, R.; JENA, K.; HOLFORD, P.; SHABALA, L.; ZHOU, M.; SHABALA, S.; CHEN, Z.-H. Back to the wild: on a quest for donors toward salinity tolerant rice. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, p. 323, 2020.
- SUBRAHMANYAM, P.; NAIDU, R. A.; REDDY, L. J.; LAVA KUMA, R. P. Resistance to groundnut rosette disease in wild *Arachis* species. **Annals of Applied Biology**, v. 139, n. 1, p. 45-50, 2001.



- USDA UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **GRIN-Global**. Disponível em: <<https://npgsweb.ars-grin.gov/gringlobal/search>>. Acesso em: 22 mar. 2021.
- VALKOUN, J. Wheat pre-breeding using wild progenitors. **Euphytica**, v. 119, n. 1/2, p. 17-23, 2001.
- VALLS, J. F. M.; COSTA, L. C. da; CUSTODIO, A. R. A novel trifoliolate species of *Arachis* (Fabaceae) and further comments on the taxonomic section *Trirectoides*. **Bonplandia**, v. 22, n. 1, p. 91-97, 2013.
- VALLS, J. F. M.; SIMPSON, C. E. New species of *Arachis* from Brazil, Paraguay, and Bolivia. **Bonplandia**, v. 14, n. 1/2, p. 35-64, 2005.
- VALLS, J. F. M.; SIMPSON, C. E. A new species of *Arachis* (Fabaceae) from Mato Grosso, Brazil, related to *Arachis matiensis*. **Bonplandia**, v. 26, n. 2, p. 143-149, 2017.
- VALOIS, A. C. C.; SALOMÃO, A. N. S.; ALLEM, A. C. (Org.). **Glossário de recursos genéticos**. Brasília-DF: Embrapa-SPI (EMBRAPA-CENARGEN. Documentos, 22), 1996.
- VAUGHAN, D. A. **The genus *Oryza* L.:** current status of taxonomy. Manila: IRRI, 1989.
- VINCENT, H.; AMRI, A.; CASTAÑEDA-ÁLVAREZ, N. P.; DEMPEWOLF, H.; DULOO, E.; GUARINO, L.; HOLE, D.; MBA, C.; TOLEDO, A.; MAXTED, N. Modeling crop wild relative species identifies areas globally for in situ conservation. **Communications Biology**, v. 2, n. 1, p. 136, 2019.
- WARBURTON, M. L.; RAUF, S.; MAREK, L.; HUSSAIN, M.; OGUNOLA, O.; JESUS SANCHEZ GONZALEZ, J. The use of crop wild relatives in maize and sunflower breeding. **Crop Science**, v. 57, n. 3, p. 1227-1240, 2017.
- ZHOU, Y.; BAI, S.; LI, H.; SUN, G.; ZHANG, D.; MA, F.; ZHAO, X.; NIE, F.; LI, J.; CHEN, L.; LV, L.; ZHU, L.; FAN, R.; GE, Y.; SHAHEEN, A.; GUO, G.; ZHANG, Z.; MA, J.; LIANG, H.; QIU, X.; HU, J.; SUN, T.; HOU, J.; XU, H.; XUE, S.; JIANG, W.; HUANG, J.; LI, S.; ZOU, C.; SONG, C-P. Introgressing the *Aegilops tauschii* genome into wheat as a basis for cereal improvement. **Nature Plants**, v. 7, n. 6, p. 774-786, 2021.

## Anexo – Espécies e números de acessos em conservação na Colbase e referências sobre status como pool gênico de espécie cultivada

<b>Espécies</b>	<b>Número de acessos em conservação no Banco Genético</b>	<b>Referência sobre status da espécie como parente silvestre</b>
<i>Aegilops bicornis</i> (Forssk.) Jaub. & Spach	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Aegilops columnaris</i> Zhuk. (van Slageren, 1994)	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Aegilops crassa</i> Boiss. (van Slageren, 1994)	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Aegilops cylindrica</i> Host (van Slageren, 1994)	4	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Aegilops juvenalis</i> (van Slageren, 1994)	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Aegilops longissima</i> Schweinf. & Muschl. (van Slageren, 1994)	1	Li et al. (2020)
<i>Aegilops neglecta</i> Bertol.	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Aegilops squarrosa</i> L. <i>Atual A. tauschii</i> (van Slageren, 1994)	76	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Aegilops triuncialis</i> (van Slageren 1994)	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Aegilops umbellulata</i> Zhuk. (van Slageren 1994)	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Aegilops ventricosa</i> Tausch	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Arachis appressipila</i> Krapov. & W.C.Greg.	8	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis batizocoi</i> Krapov. & W.C.Greg.	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016), Smartt 1984 apud Chapman (1989)
<i>Arachis dardani</i> Krapov. & W.C.Greg.	7	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis gregoryi</i> C.E. Simpson, Krapov. & Valls	7	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis helodes</i> Mart. ex Krapov. & Rigoni	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016), Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis hoehnei</i> Krapov. & W.C.Greg.	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016), Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis kempff-mercadoi</i> Krapov, WC Greg & CE Simpson	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016), Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis kuhlmannii</i> Krapov. & W.C.Greg.	12	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis magna</i> Krapov., W.C. Greg. & C.E. Simpson	6	Castañeda-Álvarez et al. (2016), Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis microsperma</i> Krapov., W.C. Greg. & Valls	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis monticola</i> Krapov. & Rigoni	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016), Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis pintoii</i> Krapov. & W.C.Greg.	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis porphyrocalyx</i> Valls & C.E.Simpson	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis simpsonii</i> Krapov. & W.C.Greg.	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)

<b>Espécies</b>	<b>Número de acessos em conservação no Banco Genético</b>	<b>Referência sobre status da espécie como parente silvestre</b>
<i>Arachis stenosperma</i> Krapov. & W.C.Greg.	46	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis valida</i> Krapov. & W.C.Greg.	2	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis vallsii</i> Krapov. & W.C. Greg.	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis veigae</i> S.H. Santana & Valls	3	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Arachis williamsii</i> Krapov. & W.C.Greg.	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Avena abyssinica</i> Hochst.	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016), Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Avena brevis</i> Roth	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Avena byzantina</i> K. Koch	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Avena fatua</i> L.	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016), Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Avena sp.</i>	161	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Avena strigosa</i> Schreb.	3	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Glycine cyrtoloba</i> Tindale	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Glycine soja</i> Siebold & Zucc.	49	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Glycine tabacina</i> (Labill.) Benth.	2	Mammadov et al. (2018)
<i>Glycine tomentella</i> Hayata	4	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium anomalum</i> Wawra & Peyr.	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium arboreum</i> L.	219	cultivado
<i>Gossypium areysianum</i> Deflers	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium aridum</i> (Rose & Standl.) Skovst.	7	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium armourianum</i> Kearney	6	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium austral</i> F. Muell.	13	Mammadov et al. (2018)
<i>Gossypium bickii</i> Prokh.	6	Mammadov et al. (2018)
<i>Gossypium darwinii</i> G. Watt	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium davidsonii</i> Kellogg	8	Mammadov et al., (2018)
<i>Gossypium gossypoides</i> (Ulbr.) Standl.	7	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium harknessii</i> Brandegee	4	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium herbaceum</i> L. - <i>diploide e cultivada</i>	20	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium hirsutum</i> L. var. <i>marie-galante</i> (G. Watt) J.B. Hutch.	415	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium hibrido</i>	8	Hibrido inter-especifico
<i>Gossypium incanum</i> (O. Schwartz) Hillc.	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium klotzschianum</i> Andersson	1	Mammadov et al., (2018)
<i>Gossypium lobatum</i> Gentry	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)

<b>Espécies</b>	<b>Número de acessos em conservação no Banco Genético</b>	<b>Referência sobre status da espécie como parente silvestre</b>
<i>Gossypium longicalyx</i> J.B. Hutch. & B.J.S. Lee	3	Mammadov et al. (2018)
<i>Gossypium mustelinum</i> Miers ex G. Watt	189	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium nandewareense</i> Derera	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium nelsonii</i> Fryxell	6	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium raimondii</i> Ulbr.	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium robinsonii</i> F. Muell.	2	Mammadov et al. (2018)
<i>Gossypium somalense</i> (Gürke) J.B. Hutch., Silow & S.G. Stephens	3	Mammadov et al. (2018)
<i>Gossypium</i> sp.	75	Espécies não determinadas
<i>Gossypium stocksii</i> Mast.	3	Mammadov et al. (2018)
<i>Gossypium sturtianum</i> J.H. Willis	9	Mammadov et al. (2018)
<i>Gossypium thurberi</i> Tod.	7	Mammadov et al. (2018)
<i>Gossypium tomentosum</i> Nutt. ex Seem.	2	Mammadov et al. (2018)
<i>Gossypium trilobum</i> Skovst.	11	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Gossypium triphyllum</i> Hochr.	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus agrestis</i> Pollard	3	Warburton et al. (2017)
<i>Helianthus angustifolius</i> L.	4	Seiler et al. (2017)
<i>Helianthus anomalus</i> S.F. Blake	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus argophyllus</i> Torr. & A. Gray	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus atrorubens</i> L.	4	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus bolanderi</i> A. Gray	12	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus ciliaris</i> DC.	1	Warburton et al. (2017)
<i>Helianthus debilis</i> Nutt.	25	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus decapetalus</i> L.	8	Warburton et al. (2017)
<i>Helianthus deserticola</i> Heiser	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus divaricatus</i> L.	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus giganteus</i> L.	5	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus grosseserratus</i> M. Martens	11	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus hybridus</i>	3	Híbrido inter-específico
<i>Helianthus maximiliani</i> Schrad.	16	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus mollis</i> Lam.	7	Thompson et al ((1981), Georgieva-Todorova (1984) apud Chapman (1989)
<i>Helianthus neglectus</i> Heiser	20	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus niveus</i> (Benth.) Brandegees <i>subsp. canescens</i>	10	Castañeda-Álvarez et al. (2016)

<b>Espécies</b>	<b>Número de acessos em conservação no Banco Genético</b>	<b>Referência sobre status da espécie como parente silvestre</b>
<i>Helianthus nuttallii</i> Torr.	12	Warburton et al. (2017)
<i>Helianthus occidentalis</i> Riddell	5	Seiler et al. (2017)
<i>Helianthus paradoxus</i> Heiser	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus pauciflorus</i> Nutt.	10	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus petiolaris</i> Nutt.	63	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus praecox</i> Engelm. & A. Gray	29	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus</i> sp.	3	Espécies não determinadas
<i>Helianthus tuberosus</i> L.	5	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Helianthus x laetiflorus</i> Pers.	2	Híbrido inter-específico
<i>Ipomoea aquatica</i> Forssk.	1	Espécie silvestre
<i>Ipomoea incarnata</i> (Vahl) Choisy	1	Espécie silvestre
<i>Ipomoea subincana</i> Meisn.	1	Espécie silvestre
<i>Ipomoea grandifolia</i> (Dammer) O'Donnell	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Ipomoea ramosissima</i> (Poir.) Choisy	6	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Ipomoea tiliacea</i> (Willd.) Choisy	21	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Ipomoea triloba</i> L.	4	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Solanum commersonii</i> Dunal	37	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Solanum peruvianum</i> (L.) Mill.	6	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Solanum</i> sp.	175	Espécies não determinadas
<i>Oryza alta</i> Swallen	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Oryza barthii</i> A. Chev.	5	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Oryza glaberrima</i> Steudel	44	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Oryza glumaepatula</i> Steudel	6	Sanchez et al. (2013)
<i>Oryza latifolia</i> Desv.	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Oryza longistaminata</i> A. Chev. & Roehr.	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Oryza nivara</i> S. D. Sharma & Shastri	2	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Oryza officinalis</i> Wall. ex G. Watt	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Oryza perennis</i> Moench.	2	Mammadov et al. (2018)
<i>Oryza rufipogon</i> Griff.	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Oryza sativa x glumaepatula</i> Steud.	3	Híbrido inter-específico
<i>Phaseolus acutifolius</i> A. Gray	82	Porch et al. (2013)
<i>Phaseolus angustissimus</i> A. Gray	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus coccineus</i> L.	134	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Phaseolus filiformis</i> Benth.	11	Smartt (1984) apud Chapman (1989)

<b>Espécies</b>	<b>Número de acessos em conservação no Banco Genético</b>	<b>Referência sobre status da espécie como parente silvestre</b>
<i>Phaseolus hintonii</i> Delgado	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus leptostachyus</i> Benth.	6	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus lunatus</i> L.*	1479	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus maculatus</i> Scheele	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus marechalii</i> Delgado	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus microcarpus</i> Mart.	5	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus oligospermus</i> Piper	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus parvulus</i> Greene	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus pauciflorus</i> Sessé & Moc. ex G. Don	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus pedicellatus</i> Benth.	4	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus pluriflorus</i> Maréchal, Mascherpa & Stainier	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus polystachios</i> (L.) Britton, Sterns & Poggenb.	3	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus ritensis</i> M.E. Jones	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Phaseolus</i> sp.	1	Espécie não determinada
<i>Phaseolus x multigaris</i>	70	Híbrido inter-específico
<i>Phaseolus xanthotrichus</i> Piper var. <i>xanthotrichus</i>	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Triticum aestivum</i> x <i>Aegilops umbellulata</i>	1	Híbrido inter-específico
<i>Triticum aestivum</i> x <i>Secale cereale</i>	3	Híbrido inter-específico
<i>Triticum hybr.</i> x <i>Triticosecale</i> Wittmack	448	Híbrido inter-específico
<i>Triticum karamyshevii</i> Nevski	1	Smartt (1984) apud Chapman (1989)
<i>Triticum monococcum</i> L.	6	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Triticum timopheevii</i> (Zhuk.) Zhuk.	3	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Triticum turgidum</i> L.	99	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Vicia angustifolia</i> L.	1	Espécies silvestre
<i>Vicia benghalensis</i> L.	1	Espécie silvestre
<i>Vicia epetiolaris</i> Burkart	1	Espécie silvestre
<i>Vicia sativa</i> L.	5	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Vicia</i> sp.	3	Espécies indeterminadas
<i>Vigna aconitifolia</i> (Jacq.) Maréchal	1	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Vigna adenantha</i> (G. Mey.) Maréchal, Mascherpa & Stainier	2	Não encontrada literatura
<i>Vigna angularis</i> (Willd.) Ohwi & H. Ohashi	23	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Vigna luteola</i> (Jacq.) Benth.	1	Padulosi e Ng. (1990)

<b>Espécies</b>	<b>Número de acessos em conservação no Banco Genético</b>	<b>Referência sobre status da espécie como parente silvestre</b>
<i>Vigna marina</i> (Burm.) Merr.	1	Não encontrada literatura
<i>Vigna mungo</i> (L.) Hepper	11	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Vigna sp.</i>	17	Espécie não determinada
<i>Vigna subterranea</i> (L.) Verdc.	2	Não encontrada literatura
<i>Vigna umbellata</i> (Thunb.) Ohwi & H. Ohashi	33	Castañeda-Álvarez et al. (2016)
<i>Zea diploperennis</i> Iltis, Doebley & R. Guzmán	1	Mammadov et al. (2018)
<i>Zea luxurians</i> (Durieu & Asch.) R.M. Bird	1	Mammadov et al. (2018)
<i>Zea perennis</i> (Hitchc.) Reeves & Mangelsd.	1	Mammadov et al. (2018)
<i>Tripsacum dactyloides</i> (L.) L.	10	Mammadov et al. (2018)

\* *Phaseolus lunatus* é cultivada, mas faz parte de um dos pools gênicos do feijão (*Phaseolus vulgaris*).





**Embrapa**

---

***Recursos Genéticos e  
Biotecnologia***

MINISTÉRIO DA  
AGRICULTURA E  
PECUÁRIA

