

XXVI Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Anais 2022



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

DOCUMENTOS 383

**XXVI Encontro de Talento Estudantil da Embrapa
Recursos Genéticos e Biotecnologia
Anais 2022**

Priscila Grynberg
Adilson Amaral Werneck

Comissão Organizadora

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na: Comitê Local de Publicações da Unidade Responsável

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Parque Estação Biológica
PqEB, Av. W5 Norte (final)
70970-717, Brasília, DF
Fone: +55 (61) 3448-4700
Fax: +55 (61) 3340-3624
www.embrapa.br
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

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*

Supervisão editorial
Editores Técnicos

Revisão de texto
Editores Técnicos

Normalização bibliográfica
Ana Flávia do N. Dias

Tratamento das ilustrações
Adilson Werneck

Projeto gráfico da coleção
Carlos Eduardo Felice Barbeiro

Editoração eletrônica
Adilson Werneck

Foto da capa
Adilson Werneck

1ª edição
1ª impressão (ano): tiragem

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

E 53 Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (26 : 2022 : Brasília, DF).

Anais do 26º Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia Brasília, DF, 6-8 de dezembro, 2022. / Organizadores: Priscila Grynberg e Adilson Amaral Werneck. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2023.

146 p. (Documentos / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 383).

1. Recursos genéticos. 2. Biotecnologia. 3. Controle Biológico. I. Grynberg, P. II. Werneck, A. A. III. t. IV. Título: XXVI Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. V. Série.

Comissão Organizadora

Priscila Grynberg
Adilson Amaral Werneck

Editores técnicos

Elisangela Gomes Fidelis

Agrônoma, doutora em Entomologia, pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Luciano Paulino da Silva

Biólogo, doutor em Biologia Animal, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Marcos Aparecido Gimenes

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

Patrícia Ianella

Bióloga, doutora em Genética, pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Priscila Grynberg

Bióloga, doutora em Bioinformática, pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Raúl Alberto Laumann

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

Apresentação

A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia realizou nos dias 06 a 08 de dezembro de 2022 o XXVI Encontro do Talento Estudantil, como parte das comemorações de aniversário da Unidade.

Este evento intensifica a interação entre pesquisadores, professores e estudantes das instituições de pesquisa e ensino no Distrito Federal. O Encontro busca incentivar, aprimorar e valorizar a produção científica dos estudantes de graduação e de pós-graduação, que atuam na pesquisa de caracterização, conservação e biotecnologia de recursos genéticos animais, microbianos e vegetais. Também viabiliza a divulgação dos resultados de pesquisa por eles desenvolvidos sob a orientação das equipes das quais eles participam. Assim, a Embrapa tem contribuído com a formação acadêmica e científica brasileira, oferecendo aos estudantes chance de aprender e praticar o método científico e outros conhecimentos complementares, bem como de interação com pesquisadores com vasta experiência.

Neste XXVI Encontro, foram inscritos 123 trabalhos, divididos nas seguintes áreas temáticas: Biotecnologia, Controle Biológico, Quarentena, Recursos Genéticos Animais e Recursos Genéticos Vegetais, que foram expostos sob a forma de pôsteres. Cada pôster foi apresentado e avaliado por uma Comissão Julgadora, constituída de pesquisadores de unidades da Embrapa e professores da Universidade de Brasília. Os resumos dos trabalhos apresentados são publicados em anais do evento e disponibilizados no site da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Os melhores trabalhos, selecionados como destaques pela comissão julgadora foram homenageados, com uma premiação simbólica a título de reconhecimento e incentivo aos estudantes.

O Encontro de 2022 também contou com 12 apresentações de trabalho oral, no formato “Minha Pesquisa na Embrapa em 180 segundos”. A sessão foi um sucesso, com apresentações em formatos muito interessantes e criativos que possibilitaram explicar para a plateia presente os trabalhos que estão sendo desenvolvidos em apenas 3 minutos. Uma comissão julgadora formada por colegas da unidade de diferentes áreas de atuação (pesquisa, comunicação e administração) selecionaram os melhores trabalhos para serem premiados.

O concurso de fotografia encantou a todos com 18 fotos inscritas, todas relacionadas com as pesquisas em desenvolvimento. Como conseguimos êxito nesse gênero a Comissão Organizadora decidiu incluir em definitivo essa categoria para os próximos encontros do Talento Estudantil.

Parabenizamos os participantes e agradecemos aos que contribuíram para a realização do XXVI Encontro do Talento Estudantil - empregados da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia pela orientação, apoio e incentivo aos estudantes, à Comissão Julgadora, à Embrapa Sede e Unidades.

Boa leitura a todos!

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

Sumário

Biotecnologia

Otimização racional de hidrogéis biopoliméricos pela utilização de planejamento composto central	21
Análises comparativas entre reações de síntese de nanopartículas metálicas por rotas verde e química	22
Extratos aquosos e etanólicos de plantas medicinais com atividade contra bactéria gram positiva	23
Edição gênica da família mir2118 via CRISPR/Cas9 para indução de resistência a fitopatógenos em soja	24
Avaliação da expressão transiente em tabaco de genes candidatos à resistência a <i>Pseudomonas syringae</i>	25
Desenvolvimento e otimização de processo para cultivo de microverdes de beterraba (<i>Beta vulgaris</i> L.)	26
Prospecção de microrganismos solubilizadores de fósforo (MSPs) advindos da terra preta indígena (TPI)	27
Explorando a via de sinalização mediada pela proteína germin de soja visando o controle de nematoide de galhas	28
Expressão de genes de suscetibilidade de tomateiro durante a interação com <i>Xanthomonas euvesicatoria</i> pv. <i>perforans</i>	29
Desenvolvimento e otimização de método livre de DNA para edição genética de soja (<i>Glycine max</i>) via CRISPR/Cas9 por meio de ribonucleoproteínas (RNPs)	30
Seleção de recursos genéticos vegetais para produção de lipossomas	31
Desenvolvimento e otimização de nanossistemas híbridos para transporte e entrega de resveratrol através de membrana com porosidade similar à da barreira hemato-encefálica	32
Prospecção de componentes naturais para a produção de tintas contendo biomateriais miceliares para impressão 3D	33
Seleção de recursos genéticos vegetais para síntese verde de nanoemulsões	34
Validação de ativo para o controle biotecnológico da broca do café (<i>Hypothenemus hampei</i>), via RNAi e nanotecnologia	35
Nanopartículas de prata obtidas por síntese verde exibem atividade antibacteriana in vitro e aumentam a resistência de <i>Brassica oleracea</i> à podridão negra	36
A superexpressão do gene AdGOLS3 aumenta a tolerância à infecção pelo fungo <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> em plantas transgênicas de tabaco	37
Padrão de expressão de genes efetores candidatos em <i>Meloidogyne incognita</i> via hibridização in situ	38
Aplicação da tecnologia CRISPR/Cas9 em arroz (<i>Oryza sativa</i> L.) para edição simultânea de genes de susceptibilidade visando resistência ao fungo <i>Pyricularia oryzae</i>	39
Síntese verde e avaliação da atividade antibacteriana in vitro de nanopartículas de prata produzidas utilizando recursos genéticos vegetais de bancos ativos de germoplasma	40
Uso de inteligência artificial para classificação de plantas quanto ao mecanismo de resistência à presença de alumínio no solo	41
Superexpressão do gene de soja glutationa S-transferase (GMGTs) em <i>Nicotiana tabacum</i> L. indica aumentos na tolerância contra <i>Meloidogyne incognita</i>	42
Engenharia genética de precisão em soja para tolerância à seca via CRISPR/Cas9 e seus efeitos sobre a expressão	

de genes do circuito DCD-NRP	43
Abordagens ômicas integradas durante interação soja - <i>Meloidogyne incognita</i> sugerem mecanismos de tolerância da proteína relacionada à patogênese classe 10 (GmPR10)	44
Coleção biológica de viroses do mamoeiro	45
Sistema TXTL para a produção imediata de espidroínas de aranhas brasileiras	46
A produção de uma espidroína híbrida por meio de protocolo de autoindução	47
Seleção de recursos genéticos vegetais para a produção de nanopartículas lipídicas sólidas	48
Análise proteômica visando à identificação de alvos para o controle de <i>Hemileia vastatrix</i> em plantas de <i>Coffea arabica</i>	49
Piramidação de estratégias biotecnológicas para o controle de nematoides das galhas na cultura da soja	50
Efeito de antioxidantes na maturação in vitro de ovócitos bovinos	51
Avaliação da resistência de plantas transgênicas de algodão, desenvolvidas pela tecnologia do RNA interferente, aos nematoides das galhas	52
Perfil de expressão de genes envolvidos na suscetibilidade nas interações <i>Brassica oleracea</i> var. <i>capitata</i> (repolho) - <i>Xanthomonas campestris</i> pv. <i>campestris</i> e <i>Phaseolus vulgaris</i> (feijão comum) - <i>Xanthomonas phaseoli</i> pv. <i>phaseoli</i>	53
Bioinsumo a base de extratos foliares de plantas da família Poaceae com potencial no controle de <i>Meloidogyne incognita</i>	54
Uso de biopesticidas nanoformulados para o controle do bicho mineiro do cafeeiro	55
Efeito da pré-maturação com moduladores de Adenosina Monofosfato cíclica (AMPC) na competência de ovócitos bovinos	56
Silenciamento dos genes minc16803 e minc03328 de <i>Meloidogyne incognita</i> afeta o parasitismo do nematoide e reduz a susceptibilidade de <i>Arabidopsis thaliana</i>	57
Avaliação de bioestimulante em diferentes concentrações na implantação de cafezal	58
Estudo da incidência de bicho-mineiro do cafeeiro <i>Leucoptera coffeella</i> (BMC) no campo experimental da Embrapa Cerrados	59
Transformação genética de <i>Nicotiana tabacum</i> visando a validação de promotores responsivos a infecção por nematoides das galhas (<i>Meloidogyne incognita</i>)	60
Avaliação da atividade antifúngica do peptídeo OsmpepA expresso em tomateiro Micro-Tom	61
Fatores que afetam os resultados da transferência intrafolicular de ovócitos imaturos (TIFOI): a injeção é importante?	62
Edição gênica de <i>Arabidopsis thaliana</i> via CRISPR/Cas9	63
Efeito da agulha utilizada na TIFOI na recuperação e qualidade dos ovócitos	64
Efeitos da temperatura de descongelamento e armazenamento na viabilidade espermática de touros nelores e holandeses	65
Expressão do peptídeo antimicrobiano DS01 em <i>Komagataella phaffii</i>	66

Análise de inferência filogenética baseado em ortologia de genomas do gênero <i>Lysinibacillus</i>	68
Análise e reconstrução das vias metabólicas de genomas da família Bacillaceae	69
Análise de inferência filogenética baseado em ortologia de genomas do grupo da espécie <i>Bacillus pumilus</i>	70
Identificação de ncRNAs para construção de primers espécie-específicos do gênero <i>Bacillus</i>	71
Influência dos voláteis emitidos por frutos e inflorescências de mangueiras no comportamento da broca-da-manga <i>Sternochetus mangiferae</i> (Coleoptera: Curculionidae)	72
Estirpes de <i>Bacillus</i> spp. com potencial para controle de <i>Fusarium oxysporum</i> e atividade promotora de crescimento vegetal	73
Identificação do feromônio sexual do percevejo praga do arroz <i>Glypheapomis spinosa</i> Campos & Grazia (Hemiptera: Pentatomidae)	74
Avaliação da atratividade da mosca-dos-estábulo (<i>Stomoxys calcitrans</i>) a voláteis liberados por subprodutos da cana-de-açúcar	75
Diversidade de genes Cry presentes nas estirpes de <i>B. thuringiensis</i> para aplicações futuras em insetos-praga	76
Prospecção de genes marcadores de <i>Bacillus</i> spp a partir de genômica comparativa e validação por PCR em tempo real	77
Aspectos da bioacústica de <i>Sternochetus mangiferae</i> (Coleoptera: Curculionidae)	78
Potencial entomocida e fungicida de <i>Bacillus amyloliquefaciens</i>	79
Potencial entomocida de <i>Bacillus pumilus</i> para controle de bicudo-do-algodoeiro (<i>Anthonomus grandis</i>)	80
Avaliação de estímulos físicos que induzem o comportamento de tanatose do bicudo-do-algodoeiro (<i>Anthonomus grandis</i>)	81
Influência dos compostos químicos voláteis produzidos por <i>Crotalaria spectabilis</i> Roth. nas interações entre o milho (<i>Zea mays</i> L.) e sua principal praga, a lagarta-do-cartucho (<i>Spodoptera frugiperda</i> J. E. Smith)	82
Prospecção, caracterização e avaliação de extratos vegetais efetivos contra ovos e J2 de <i>Meloidogyne incognita</i> , em condições de casa de vegetação e campo experimental	83
Avaliação da resposta comportamental de <i>Cosmopolites sordidus</i> (Coleoptera: Curculionidae) a semioquímicos visando aprimorar as formulações da pastilha biológica para a técnica atraí-infecta	84
Avaliação do carvão vegetal do endocarpo da macaúba como adsorvente em meio líquido de compostos orgânicos voláteis	85
Análise de infecção mista de <i>Chrysodeixis includens</i> NPV e cipovírus em amostras de ácidos nucleicos de isolados da coleção de vírus de invertebrados	86
Confirmação da identificação de isolados da coleção de vírus de invertebrados através de técnicas moleculares	87

Fitoherbicidas no controle de ervas daninhas.	88
Níveis de controle de <i>S. frugiperda</i> por bactérias da família bacillaceae presentes na coleção da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia	89
<i>Bacillus thuringiensis</i> e <i>Bacillus amyloliquefaciens</i> causa efeito em imaturos de abelhas sem ferrão <i>Scaptotrigona</i> aff. <i>depilis</i> e <i>Melipona quadrifasciata</i> ?	90
Redução na severidade da podridão abacaxi em cana-de-açúcar por <i>Trichoderma</i> spp.	91
Inibição micelial de fungos fitopatogênicos habitantes do solo por cepas comerciais de <i>Trichoderma</i> spp.	92
<i>Trichoderma</i> spp. na inibição micelial de <i>Macrophomina phaseolina</i> , <i>Sclerotinia sclerotiorum</i> , <i>Rhizoctonia solani</i> e <i>Sclerotium rolfsii</i>	93
Compatibilidade de fungo entomopatogênico e ácaro predador para o controle biológico do ácaro-rajado	94
Paisagem e serviços ecossistêmicos: áreas agrícolas favorecem o parasitismo de afídeos por vespas parasitoides	95
Ocorrência do <i>Cucurbit aphid-borne yellows virus</i> e <i>Cowpea aphid-borne mosaic virus</i> em maracujazeiros no Rio de Janeiro, Brasil	96
Ocorrência de <i>Meloidogyne incognita</i> em áreas cultivadas com algodoeiro resistente 'IMA5801b2RF'.	97
Ocorrência restrita de <i>Meloidogyne izalcoensis</i> em cafeeiros no triângulo mineiro, Brasil	98
Reação de genótipos de café a <i>Meloidogyne izalcoensis</i>	99
Ocorrência de uma nova raça de <i>Meloidogyne enterolobii</i> parasitando o algodoeiro no oeste da Bahia	100
Estirpes de <i>Bacillus</i> com o melhor e o pior sucesso no controle de coleópteros, através dos dados coletados de bioensaios seletivos do laboratório de bactérias entomopatogênicas	101
Avaliação de dieta artificial para alimentação de <i>Dichelops melacanthus</i> em laboratório	102
Avaliação da toxicidade de bactérias do gênero <i>Bacillus</i> contra <i>Euschistus heros</i> com suas diferentes fases da vida	103
Comportamento reprodutivo de <i>Sternochetus mangiferae</i> (Coleoptera: Curculionidae)	104

Quarentena

Sobrevivência de <i>Fusarium</i> spp. armazenados pelo método de sílica gel	106
Análise fitossanitária de germoplasma vegetal, visando a detecção e a identificação de bactérias fitopatogênicas	107
Construção de um banco de primers para identificação de pragas na estação quarentenária de germoplasma vegetal	108

Recursos Genéticos Animais

Análise de estrutura genética de populações de pirarucu (<i>Arapaima gigas</i>) usando painel de SNPs de baixa densidade	110
Muito além das árvores tortas: a importância dos habitats savânicos do bioma cerrado para a manutenção da diversidade de abelhas silvestres	111
Mitos entomológicos: ensino sobre insetos com macrofotografias para desconstruir seu estigma negativo	112
Caracterização genética de bovinos da raça crioula lageana	113
Validação de painel de SNPs de baixa densidade para análise de paternidade e determinação de parentesco de populações comerciais de camarão cinza (<i>Litopenaeus vannamei</i>)	114
Coleção entomológica de abelhas da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia: situação do acervo de abelhas em 2022	115
Características bioquímicas do líquido folicular para prever a competência de ovócitos bovinos ...	116
Testagem de marcadores sexo-específicos para tilápia-do-nilo (<i>Oreochromis niloticus</i>) em germoplasma brasileiro	117
O papel das plantas espontâneas na manutenção da comunidade de abelhas silvestres em agroecossistemas	118
Influência da redução da luz UV e aumento da temperatura sobre a aclimação e atividade de forrageamento de abelhas sem ferrão	119
Influência da baixa incidência de luz ultravioleta no comportamento de escolha de três espécies de abelhas nativas sem ferrão	120
Avaliação da visitação de <i>Melipona quadrifasciata</i> Lepeletier (Hymenoptera: Apidae) em flores de diferentes variedades de tomateiro em cultivo orgânico em estufas	121

Recursos Genéticos Vegetais

Síntese verde de nanopartículas de prata utilizando folhas de frutas cítricas	123
Compatibilidade vegetativa entre isolados de <i>Lentinula edodes</i> (Berk.) Pegler da coleção de cogumelos da Embrapa	124
Fungos associados às espécies de baunilha (<i>Vanilla</i> spp.)	125
Síntese de nanofibras biopoliméricas a partir de recursos genéticos vegetais	126
Síntese verde de carbon dots a partir de recursos genéticos vegetais	127
Identificação e avaliação in silico da expressão em tecidos de possíveis mRNAs de vida longa de feijão através de análises de genômica comparativa	128
Síntese verde de nanopartículas de prata utilizando folhas de sete variedades de plantas do gênero <i>Prunus</i>	129
Síntese de nanopartículas monometálicas e bimetálicas a partir de acessos do gênero <i>Curcubita</i> para a	

experimentação in vitro quanto às possíveis atividades biológicas por meio de testes em modelos bacterianos	130
Validação “in planta” do efeito do gene da expansina (AdEXLA1) no aumento da resistência ao nematoide das galhas	131
Genes da superfamília das expansinas de espécies silvestres de <i>Arachis</i> potencialmente envolvidos na tolerância ao déficit hídrico	132
Caracterização da atividade antioxidante e dos fitoquímicos (saponinas e antraquinonas) de extratos vegetais de amostras dos bancos ativos de germoplasma da Embrapa	133
NLR de <i>Arachis stenosperma</i> confere resistência a <i>Fusarium oxysporum</i>	134
Extração, formação e caracterização de nanocristais de celulose provenientes de recursos genéticos vegetais	135
Análises histológicas da interação entre raízes de <i>Arabidopsis thaliana</i> superexpressando o gene ASG29 durante a infecção por <i>Meloidogyne incognita</i>	136
Avaliação da atividade antioxidante e medida de fitoquímicos (flavonoides e taninos) de extratos vegetais de amostras dos bancos ativos de germoplasma da Embrapa	137
Síntese verde de nanopartículas metálicas utilizando cascas dos frutos de <i>Anacardium occidentale</i> L. advindas do banco ativo de germoplasma (BAG) caju	138
Análise do efeito do silenciamento gênico via RNAi em <i>Nicotiana tabacum</i> visando o aumento de resistência a nematoide das galhas (RKN)	139
Análises microscópicas do efeito da superexpressão do gene ASG29 em folhas de <i>Arabidopsis thaliana</i> infectadas por <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	140
Coproducto de <i>Arachis</i> spp oriundo de comunidades indígenas do xingu no controle de <i>Meloidogyne incognita</i>	141
Hidrossol gerado pela indústria de óleos essenciais como base de tecnologia verde para o controle do fitonematoide <i>Meloidogyne incognita</i>	142
Ocorrência de mancha-de-alga (<i>Cephaleuros virescens</i> kunze) em abacateiro no Distrito Federal	143
Utilização de recursos genéticos vegetais para a produção de nanopartículas de celulose	144
Levantamento da flora vascular da estação ecológica Serra Geral do Tocantins	145
Avaliação da integridade do RNA entre introduções de acessos de <i>Phaseolus vulgaris</i> L. conservados na Colbase	146

Autores

Abi Soares dos Anjos Marques
Adriane Wendland
Adriano Delly Veiga
Alessandra Maia Freire
Alexandre Augusto de Moraes
Alexandre Rodrigues Caetano
Alice Gonçalves Vieira
Alice Pereira de Freitas
Aline Araujo Campelo
Alisson Ferreira Dantas
Amanda Alves de Oliveira
Amanda Cristina de Araújo
Amanda Gabriella Silva Venâncio
Amanda Silva Botelho
Ana Beatriz Zacaroni
Ana Carolina Guerrelhas
Ana Carolina Mendes Bezerra
Ana Carolina Orlandi
Ana Caroline Chaves Vall Nicolás
Ana Clara Rodrigues de Abreu
Ana Claudia Guerra de Araujo
Ana Cristina M. Brasileiro
Ana Karina Teixeira
Ana Luiza Bezerra Cardoso
Ana Maria Meneghim
Ana Mota
Ananda de Oliveira Duarte
Anderson de Oliveira Feitosa
André Felipe Câmara Amaral
André Southernman Teixeira Irsigler
Andrei Antonioni Guedes Fidelis
Andressa da Cunha Quintanda Martins
Andreza Henrique Vidal
Andreza Viveiros Barbosa
Angela Mehta dos Reis
Anna Beatriz Cordeiro dos Santos
Anna Caroline da Silva Nogueira
Antonietta Nassif Salomão
Antonio Gabriel Torres Cardoso
Arailde Fontes Urban
Ashot Khimian
Bárbara Eckstein
Bárbara França Negri
Beatriz Campos Araújo
Beatriz Guedes Carneiro dos Santos
Bianca Damiani Marques Silva
Bianca Schindler
Brenno Martinz Barroso Gondim
Bruna Medeiros Pereira
Bruna Mendonça Lima
Bruna Mion
Bruna Moreira Hoefling
Bruna Sartório de Castro
Bruna Teixeira Da Costa Barreto
Bruno De Oliveira Pereira
Bruno Paes de Melo
Caio Felipe de Barros Souza
Camila Cruz Freitas
Camila Ivo Conceição Vilarinho F. Junqueira
Carime Vitória da Silva Rodrigues
Carlos André O. Ricart
Carlos Bloch Júnior
Carmen Pires
Carolina Vianna Morgante
Caroline Bezerra
Caroline Rodrigues Torres
Caroline Torres
Cínthia Caetano Bonatto
Claudiana Pivot
Clenilson Martins Rodrigues
Clídia Eduarda Moreira Pinto
Cristiano Lacorte
Cristiano Menezes
Daiane Gonzaga Ribeiro
Daiza Orth
Daniel Antunes Daldegan
Daniel David Noriega
Daniel Mendes Pereira Ardisson de Araujo
Daniela Matias de Carvalho Bittencourt
Daniela Rossato Stefanelo
Daniele Heloisa Pinheiro
Danielle Bárbara Pereira de Castro
Dasciana de Sousa Rodrigues
Davi de Lacerda Ramos
Dayane Raquel De Moura
Deziany da Silva Ferreira
Diana Fernandez
Dilson da Cunha Costa
Eduardo Andrade Franco Severo
Eduardo Fernandes Formighieri
Elaine Silva Barbosa
Eliana Maria Gouveia Fontes
Elibio Leopoldo Rech Filho
Elisangela Gomes Fidelis
Eliza Bellard do Nascimento
Emanuel Felipe Medeiros Abreu
Erika Valéria Saliba Albuquerque Freire
Etienne G. J. Danchin
Eudes de Arruda Carvalho
Fabiano J. Perina
Fabiano Touzdzian P. Kohlrausch Távora
Fabio de Oliveira Freitas
Fabrício Barbosa Monteiro Arraes
Fernanda De Abreu Silva

Fernanda Luísa Alves
Fernando Araripe Gonçalves Torres
Flávia Cabral Netto Resende
Flávio Galvão Farias
Francisco José Lima Aragão
Gabriel Marins Ramos Rodrigues Fonsêca
Gabriela Mendes da Rocha Vaz
Gabriela Teodoro Rocha
Gabriele Louise Trindade Araújo
Gabriella Magarelli
Giancarlo Catafesta
Giovanni R. Vianna
Gleiciane Pinheiro Sousa
Grácia Maria Soares Rosinha
Gustavo Hiroshi Sera
Gustavo Martins Tostes
Gustavo Ramos Oliveira
Gustavo Ruffo
Hallya Beatriz Sousa Amaral
Isabela Filgueira Campos
Isabela Tristan Lourenço Tessutti
Isadora Alexopoulos Quevedo
Ivo Pivato
Ivonaldo Reis santos
Janice de Almeida Engler
Jean Louis Belot
Jenifer Ramos
Jessica Carrijo de Souza
João Guilherme Vasconcelos
João Luís Rocha
Joao Paulo Guimaraes Soares
João Pedro Oliveira de Souza Ribeiro
João pedro Pinheiro Campos
João Pedro Rodrigues Pêgo
João Victor Costa Machado
João Victor de Oliveira Marques
Jônatas Barros dos Santos
Jonathan Dias de Lima
José Alexandre Freitas Barrigossi
José de Oliveira Cruz
José de Ribamar Nazareno dos Anjos
Jose Ednilson Miranda
José Felipe Warmling Sprícigo
Jose Leonardo Santos Jiménez
Joseilde Oliveira Silva Werneck
Julia Augusto Vieira
Júlia Maria Silva Martins
Juliana Dantas de Almeida
Juliana Gastaldello Rando
Juliana Miranda França
Juliano Gomes Pádua
Juliano Vilarde Gavoçi Tenente Prendi
Julio Carlyle Macedo Rodrigues
Juscimar da Silva

Juvenil Enrique Cares
Káifer José Soares Silva
Karen Chrockatt de Sá Dantas
Karoline da Costa Vieira
Karoline de Britto Rocildes Abreu
Kenny Bonfim de Arruda Carvalho
Laís Oliveira Dos Reis
Lara Gabriela Pereira Aguiar
Lays Antunes Teixeira
Leila Maria Gomes Barros
Leonardo de Amorim Vidal
Leonardo Lima Pepino Macedo
Leonardo Luís de Barros Rodrigues
Letícia Costa Geraldo
Letícia Helena Guedes Oliveira
Letícia Oliveira Dias
Letícia Prates Martins
Ligiane Leme
Lincon Rafael da Silva
Loeni Lüdke Falcão
Lorena Sousa de Loiola Costa
Luan S. Souza
Luana Aparecida Gilio
Luana Katheryne de Souza Dantas
Luanna Pinheiro de Albuquerque Freitas Bezerra
Lucas Bastos dos Santos
Lucas Borges Macedo
Lucas Braganca De Carvalho
Lucas Costa de Faria
Lucas de Araújo Andrade
Lucas Felipe Grizza Rossi
Lucas José de Sousa
Lucas Macêdo Santos Basílio
Lucas Martins Saldanha
Luciano de Bem Bianchetti
Luciano Paulino da Silva
Lucilia Helena Marcellino
Lucio de Assis Araujo Neto
Luísa Morato Ribeiro
Luiz Eduardo Bassay blum
Maite Vaslin de Freitas Silva
Manuela Robledo Gómez
Manuella Paiva Batista Martins
Marcelly Ribeiro Serdeira Garcia
Marcelo Fragomeni Simon
Marcelo Perrone Ricalde
Marcelo Valle de Sousa
Marcilene Fernandes Almeida dos Santos
Marcio Martinello Sanches
Marcos Fernando Basso
Margot Alves Nunes Dode
Maria Aparecida Nunes Duarte
Maria Carolina Blassioli Moraes
Maria Cristina Silva

Maria Elvira de Rezende
Maria Eugênia Lisei de Sá
Maria Fátima Grossi de Sá
Maria Paula Nascimento Martins
Maria Rita Avanzi
Mariana de Souza Castro
Mariana Gouveia de Queiroz
Mariana Natal Berbert
Mariana Rocha Maximiano
Marilia de Castro Rodrigues Pappas
Marina De Almeida Magalhães Pereira
Marina Regina Frizzas
Mario Alfredo De Passos Saraiva
Marlinda Lobo de Souza
Matheus Nascimento de Aguiar
Maurício Figueira
Mauricio Franco
Mauro Vicentini Correia
Mercedes Maria da Cunha Bustamante
Michel Eduardo Beleza Yamagishi
Michely Aquino
Miguel Borges
Miguel Michereff Filho
Milena da Mota batista
Mirian Fernandes Furtado Michereff
Natalia Faustino Cury
Nathália Nascimento de Aguiar
Náttany Souza Costa
Nayara Ribeiro Kussano
Nayara Sabrina de Freitas Alves
Nayelle Meyre Lisboa Silva
Noeliton Teixeira de Araújo Júnior
Norton Porto Benito
Osmundo Brilhante Oliveira-Neto
Otávio Augusto Costa de Faria
Paolo Lucas Rodrigues Silva
Patrícia Ianella
Patrícia Messemberg Guimarães
Patrícia Verardi Abdelnur
Patrick Oliveira Kramer
Paulo de Moraes Ferreira
Paulo Roberto Martins Queiroz
Pedro Augusto Lacerda-Barbosa
Pedro H. B. Togni
Pedro Henrique Brum Togni
Pedro Souza Berbert
Philippe Spezia Silva
Pollyana da Nobrega Mendes
Priscila Grynberg
Rafael Galbieri
Rafaela Mendes Assunção
Rafaela Olivera de Arruda
Raiana Rocha de Souza
Raíre dos Santos Cavalcante

Raúl Alberto Laumann
Raul Castro Carriello Rosa
Rayane Alexandre De Abreu
Rebeka Vieira Câmara
Regina Maria Dechechi Gomes Carneiro
Rejane Valeriano da Silva
Renan Miguel dos Anjos
Renan U. B. Ferreira
Renata Santos de Mendonça
Robert Neil Gerard Miller
Roberto Coiti Togawa
Roberto Fontes Vieira
Rogério Lopes
Rosa De Belem Das Neves Alves
Rose Gomes Monnerat
Rossano Gambetta
Rutiane Moreira de Jesus Costa
Sabrina Araújo dos Santos
Sabrina Martins de Souza
Samuel Barreto Batista Lima
Sarah Araujo Dias Borges
Sayuri Cristina Santos Takada da Silva
Sergio Eustáquio de Noronha
Sheila Freitas de Almeida
Simone Palma Favaro
Simone Ribeiro
Solange Barrios Roveri José
Sonia Frantz Canilha
Sonia Salgado
Sueli Corrêa Marques de Mello
Suenia Cibeli Ramos de Almeida
Tatiane de Melo Pereira
Tayara Colins Tayara
Thadeu Medeiros de Barros
Thais Nicolini Oliveira
Thales Lima Rocha
Thalita Fonseca de Araujo
Thifany Purcena
Tiago de Araujo Maia
Valdeir Junio Vaz Moreira
Valquíria Alice Michalczechen Lacerda
Vanessa De Araujo Clifford
Vera Lúcia Perussi Polez
Vivian dos Santos Lucena Leandro
Wagner Fontes
William Sihler
Yuri Medeiros Maia



Biotechnologia

OTIMIZAÇÃO RACIONAL DE HIDROGÉIS BIOPOLIMÉRICOS PELA UTILIZAÇÃO DE PLANEJAMENTO COMPOSTO CENTRAL

Lucio De Assis Araujo Neto
Luciano Paulino Da Silva

Hidrogéis são utilizados em diversos setores e perspectivas, ampliando oportunidades para inovação. Nesse sentido, a variação das concentrações de biopolímeros utilizados para produção de hidrogéis relaciona-se diretamente com as propriedades finais e aplicações pretendidas. O objetivo do estudo foi confeccionar por fiação molhada fibras de hidrogéis à base de alginato, gelatina e ágar, reticuladas em cloreto de cálcio, a partir de um delineamento experimental. A seleção das condições para formulação dos hidrogéis iniciou a partir de dados da literatura e posteriormente as concentrações dos biopolímeros foram delineados com auxílio do software Chemoface. Com o Planejamento Composto Central (PCC) foram construídos hidrogéis com concentrações variadas. A testagem das propriedades mecânicas de fibras formadas por uma extrusão manual ocorreu em uma extensora eletromecânica. A identificação da variação de massa dos hidrogéis foi realizada com ensaios de intumescimento e degradação. Os hidrogéis que continham maiores concentrações de alginato de sódio, gelatina e cloreto de cálcio, a partir do primeiro delineamento experimental, apresentaram maior resistência à tração mecânica. O mesmo perfil foi observado em um segundo delineamento experimental em que as formulações com maiores concentrações de alginato de sódio, e medianas para ágar e cloreto de cálcio apresentaram resistência mecânica superior. Conjuntamente, exibiram maior taxa de variação de massa. A abordagem de delineamento experimental baseada em PCC foi eficiente para guiar os experimentos e a partir dos ensaios selecionados foi possível definir as concentrações de biopolímeros adequadas para obtenção de fibras com propriedades mecânicas superiores a serem aplicadas em bioengenharia.

ANÁLISES COMPARATIVAS ENTRE REAÇÕES DE SÍNTESE DE NANOPARTÍCULAS METÁLICAS POR ROTAS VERDE E QUÍMICA

Thalita Fonseca De Araujo
Luciano Paulino Da Silva

Dentre as formas de produzir nanopartículas metálicas (NPMs), existem as abordagens de síntese química, que utilizam reagentes que podem ser tóxicos; e de síntese verde, que utilizam recursos biológicos como agentes redutores e estabilizantes. Este estudo objetivou sintetizar nanopartículas de prata (AgNPs) por rotas química e verde, e comparar os resultados obtidos com base em suas possíveis atividades antimicrobianas contra bactérias. Para as AgNPs verdes (AgNP-V), foi incubado em meio reacional aquoso chá mate com nitrato de prata (AgNO₃) a 1 mM final, que foi deixado por 2 h em banho-maria a 75°C. Para as AgNPs químicas (AgNP-Q), foi misturado AgNO₃ a 1 mM final com citrato sódico e borohidreto de sódio. Ademais, foram realizados testes de concentração inibitória mínima (CIM) contra as bactérias *Escherichia coli* e *Staphylococcus aureus*, as quais foram cultivadas em meio Luria-Bertani (LB) líquido. Para avaliação da CIM, as NPMs foram aplicadas nas bactérias nas concentrações decrescentes de 256 a 8 µM. Foi observado que as AgNP-V apresentaram diâmetro hidrodinâmico (DH) de 49,65 nm, índice de polidispersividade (PDI) de 0,399 e potencial Zeta (PZ) de -21,7 mV; enquanto a AgNP-Q mostrou DH de 27,80 nm, PDI de 0,562 e PZ de -32,9 mV. Com relação à atividade antimicrobiana dessas NPMs, AgNP-V inibiu crescimento de *E. coli* a 128 µM e de *S. aureus* a 256 µM. Já AgNP-Q não apresentou atividade antimicrobiana em nenhuma das concentrações testadas. Portanto, conclui-se que as nanopartículas produzidas por rota verde além de sustentáveis ainda apresentaram atividade antimicrobiana expressiva, por mais que de modo geral acarretassem NPMs de maiores dimensões.

EXTRATOS AQUOSOS E ETANÓLICOS DE PLANTAS MEDICINAIS COM ATIVIDADE CONTRA BACTÉRIA GRAM POSITIVA

Tatiane De Melo Pereira
Cíntia Caetano Bonatto
Luciano Paulino Da Silva

Plantas medicinais são utilizadas amplamente para o tratamento de doenças na medicina tradicional, seus extratos aquosos podem ser utilizados como anti-inflamatórios tópicos. Esse estudo objetivou avaliar a possível ação antibacteriana de extratos aquosos e etanólicos de plantas e realizar triagem fitoquímica para futura aplicação tópica. Para isso foram produzidos extratos aquosos e etanólicos de 11 plantas medicinais na concentração de 0,05 g/mL. Para os testes de atividade antibacteriana, os extratos foram concentrados até 2,5 g/mL, sendo que o extrato etanólico foi rotoevaporado, e ambos liofilizados e ressuspensos em água destilada. Bactérias *Escherichia coli* (Gram negativa) e *Staphylococcus aureus* (Gram positiva) foram incubadas na densidade óptica OD₆₀₀=0,05 juntamente com os extratos na concentração de 0,25 g/mL em meio Luria Bertani (LB) líquido e mantidos a 37°C por 48 h. Para comprovar o possível crescimento de bactérias, 10 µL de cada suspensão de bactérias e extrato após ensaios foram colocados em meio LB sólido e deixados por 24 h nas mesmas condições. A triagem fitoquímica dos extratos foi realizada para os seguintes metabólitos secundários: Flavonoides; Taninos; Antraquinonas; e Saponinas. Verificou-se que os extratos tiveram atividade bactericida apenas contra a bactéria Gram positiva sendo um extrato aquoso e seis extratos etanólicos. Os extratos da planta “A” foram os únicos que apresentaram atividade em ambos os casos, etanólico ou aquoso, sendo que para os demais apenas o extrato etanólico foi ativo, e na triagem fitoquímica verificou-se a presença de saponinas; os extratos “B”, “C” e “D” também apresentaram saponinas; o extrato “E” apresentou saponinas e taninos; e o extrato “F” apresentou flavonoides e antraquinonas na sua composição. A maioria dos extratos que apresentaram atividade antibacteriana continham saponinas em sua composição. Os resultados indicam que o conhecimento tradicional pode servir como direcionador para identificação de novos bactericidas tópicos. Novos estudos sobre a toxicidade e outras atividades das espécies empregadas ainda serão realizados, assim como a nanoestruturação para aumentar a eficácia no controle de microrganismos patogênicos.

EDIÇÃO GÊNICA DA FAMÍLIA MIR2118 VIA CRISPR/CAS9 PARA INDUÇÃO DE RESISTÊNCIA A FITOPATÓGENOS EM SOJA

Jessica Carrijo De Souza
Priscila Grynberg
Kenny Bonfim De Arruda Carvalho
Francisco José Lima Aragão
André Southernman Teixeira Irsigler
Julio Carlyle Macedo Rodrigues
Giovanni R Vianna

A soja é uma cultura de grande importância para o Brasil, porém, é susceptível às doenças que impactam a produtividade. Plantas possuem mecanismos de defesa que podem ser aniquilados para melhorar o desempenho contra esses patógenos. Dentre eles, as proteínas da família NBS-LRR, que interagem com moléculas efectoras do patógeno e disparam uma cascata de resposta imune (ETI-Effector-Triggered Immunity). Contudo, para impedir a expressão desordenada dos genes NBS-LRR quando não há ataque de patógenos, as plantas possuem um mecanismo de silenciamento pós-transcricional baseado em microRNAs, expressos a partir de genes endógenos. Genes MIR formam uma estrutura secundária de “hairpin”, produzindo miRNA maduro de 21-22nt, que reprimem genes da família NBS-LRR. As famílias miR482/2118 desempenham um papel importante na regulação desses genes. Resultados mostraram que a redução da expressão de miR482/2118 em tomate resultou em aumento de resistência a fitopatógenos. Assim, esse trabalho objetiva a edição genômica dos genes MIR2118 em soja para produzir plantas mais resistentes. Duas cópias do MIR2118, nos cromossomos 10 e 20, foram identificados na cultivar BRS7980, utilizando as sequências depositadas no miRBase para busca. O alvo foi escolhido utilizando o programa CRISPR-P 2.0. O vetor para transformação de soja via biobalística foi sintetizado contendo um guia para ambas as cópias do MIR2118, o gene de seleção AHAS e o gene SpCas9. Nas plantas PCR-positivas para SpCas9, a região ao redor do alvo nos cromossomos 10 e 20 foram amplificadas por PCR e sequenciadas. Das 21 plantas selecionadas, 12 apresentaram uma probabilidade de edição entre 10-90% (Synthego). Em quatro delas foi possível detectar edições de 3 a 15 bases por alinhamento (MUSCLE). As deleções estão presentes nas duas cópias do miR2118 na região do MIR maduro. As plantas editadas, com expressão do MIR2118 reduzida, serão avaliadas quanto à tolerância aos fungos *Sclerotinia sclerotiorum* e *Phakopsora pachyrhizi*. Estes resultados são os primeiros passos para obtenção de uma cultivar de soja resistente às doenças por edição genômica.

AVALIAÇÃO DA EXPRESSÃO TRANSIENTE EM TABACO DE GENES CANDIDATOS À RESISTÊNCIA A *Pseudomonas syringae*

Júlia Maria Silva Martins

Pedro Souza Berbert

Andressa Da Cunha Quintanda Martins

Renan Miguel Dos Anjos

Patrícia Messemerberg Guimarães

Ana Cristina Miranda Brasileiro

Para evitar grandes perdas agrícolas por ataque de patógenos e aumentar a produtividade das culturas de interesse agrônômico, diversas estratégias de melhoramento genético foram desenvolvidas visando a resistência a pragas e doenças, sendo a transgenia uma das mais importantes na atualidade. O ataque de agentes fitopatogênicos desencadeia uma série de respostas moleculares nas plantas que levam ao mau funcionamento de células e tecidos vegetais, mas também à ativação de mecanismos de defesa, incluindo reações de hipersensibilidade (HR), que atuam diretamente sobre o patógeno, ocasionando sua morte. Neste sentido, o presente trabalho teve como objetivo a análise da expressão transiente de dois genes candidatos oriundos de espécies silvestres de *Arachis* spp., AdEXLB8, AsNBSG29, em folhas destacadas de tabaco (*Nicotiana tabacum*), a fim de estudar seu envolvimento, de forma isolada ou piramidada, em reações de HR à inoculação com *Pseudomonas syringae* pv. *tabaci*, agente causal do fogo selvagem, que afeta o tabaco e outras culturas economicamente importantes como soja e feijão. O experimento foi conduzido com 5 tratamentos diferentes, onde as folhas foram inoculadas com *P. Syringae*, *P. syringae* + AsNBSG29, *P. syringae* + AdEXLB8, *P. syringae* + AsNBSG29:AdEXLB8 e *P. syringae* + Empty (vetor vazio). Uma semana após a inoculação, observou-se que a superexpressão dos transgenes avaliados foram capazes de reduzir ou inibir a HR causada por *P. syringae*, sendo os melhores resultados observados nas plantas transgênicas. Ademais, foi observado que a inoculação do transgene de forma transiente em uma planta transgênica superexpressando este mesmo gene não aumenta a resposta de resistência. A expressão transiente em folhas destacadas de tabaco portanto se mostra uma alternativa vantajosa na pré-seleção e validação in planta de genes de resistência, devido à rapidez e praticidade do processo.

DESENVOLVIMENTO E OTIMIZAÇÃO DE PROCESSO PARA CULTIVO DE MICROVERDES DE BETERRABA (*Beta vulgaris* L.)

Camila Cruz Freitas
Luciano Paulino Da Silva

Microverdes são mudas comestíveis, que podem ser colhidas quando duas folhas verdadeiras emergem após a expansão das folhas ou cotilédones. Nesse sentido, objetiva-se produzir microverdes de beterraba (*Beta vulgaris* L.) nanobiofortificados com selênio (Se). A primeira etapa do desenvolvimento envolveu o estabelecimento das condições de cultivo dos microverdes em ambiente de incubadora do tipo BOD. Para tal, o fotoperíodo escolhido foi de 12/12 h, e foi pré-definido horário de fase clara e fase escura. Foram escolhidas luzes LED no espectro vermelho (70%) e azul (30%), temperatura 25°C, umidade a 80%. Serão produzidas e caracterizadas nanopartículas de selênio por rota de síntese verde, assim como haverá a produção de complexos orgânico-inorgânicos de selênio utilizando os biopolímeros quitosana (SeChi), gelatina (SeGel) e alginato (SeAlg). Na primeira etapa do projeto para produção de microverdes de beterraba foram utilizadas 2 bandejas específicas para este tipo de cultivo, sementes idôneas e substrato constituído por mistura em proporções iguais de turfa e vermiculita que foram umedecidas com água, sendo que foi suprimida a solução nutritiva nessa fase do cultivo. Para a sanitização das sementes optou-se pelo tratamento físico de todas as sementes (~ 234 sementes) com luz UV por 5 min. As sementes foram divididas em partes iguais 117 sementes tratamento na UV e 117 sementes tratamento UV + pré-tratamento em solução de peróxido de hidrogênio a 3% por 5 minutos. Como resultado, os comprimentos de onda de luz adotados para o cultivo, temperatura, umidade e pré tratamentos das sementes se mostraram, neste primeiro ensaio, satisfatórios, pois os microverdes apresentaram hipocótilos e cotilédones, porém poucos desenvolvidos. Vinte dias após semeadura os microverdes mostraram diminuição de massa fresca, sugestivo de falta de nutrientes e adensamento, conforme esperado pela ausência de solução nutritiva nesta etapa. Faz-se necessário produzir formulações das soluções nutritivas para melhor desenvolvimento dos microverdes, além de otimização dos ensaios primários. Como perspectivas, será realizada nanobiofortificação dos microverdes com selênio.

Apoio: CAPES, Embrapa e CNPq.

PROSPECÇÃO DE MICRORGANISMOS SOLUBILIZADORES DE FÓSFORO (MSPs) ADVINDOS DA TERRA PRETA INDÍGENA (TPI)

Luísa Morato Ribeiro
Arailde Fontes Urben
Fabio De Oliveira Freitas
Luciano Paulino Da Silva

O fósforo é um elemento abundante no solo e está presente principalmente em rochas e na matéria orgânica, porém na maioria das vezes é indisponível para as plantas devido à sua baixa mobilidade. Microrganismos solubilizadores de fósforo (MSPs) podem, a partir de mecanismos bioquímicos, como a liberação de ácidos orgânicos, solubilizar o fosfato tornando-o disponível para as plantas. Tais microrganismos são encontrados em solos férteis, como a terra preta indígena (TPI), visto que tal característica pode estar associada à diversidade microbiana. Assim, a partir de amostras coletadas do solo de TPI do Xingu (Número SISGEN –AEB9717), em coordenadas e níveis do solo variados, foi realizada a extração, cultivo e isolamento dos microrganismos para a testagem de solubilização de fosfato. Após a obtenção de culturas puras foram identificados morfologicamente *Penicillium* sp. (colônias marrons), *Penicillium* sp. (colônias amareladas à pardacentas), *Trichoderma harzianum* (colônias de coloração verde-oliváceo) e *Aspergillus niger* (colônias de coloração preta). Esses fungos foram testados para a solubilização de fosfato a partir de cultivo em meio diferencial de Batata-Dextrose-Àgar (BDA) com fosfato de cálcio ou fosfato de alumínio em variadas concentrações e os indicadores de pH vermelho fenol e bromocresol, respectivamente. As placas foram incubadas em temperatura (22-26°C) e luz ambiente. Após 5 dias, *T. harzianum* e *A. niger* responderam para os testes de solubilização de fosfato devido à mudança de coloração do meio de cultura, já que *A. niger* teve crescimento pronunciado e formação de halo de solubilização mais proeminente para o fosfato de alumínio. Além disso, foi possível determinar que a margem de crescimento e solubilização do fosfato de alumínio pelo *A. niger* fica entre 1,5% a 0,1%, sendo que quanto menor a concentração testada, maior o crescimento do fungo. Ambos *Penicillium* sp. não responderam quanto à solubilização dos fosfatos. Com isso, foram identificados dois MSPs das amostras de TPI e estas espécies podem estar associadas à fertilidade desse solo, indicando potencial uso em bioinsumos agrícolas.

EXPLORANDO A VIA DE SINALIZAÇÃO MEDIADA PELA PROTEÍNA GERMIN DE SOJA VISANDO O CONTROLE DE NEMATOIDE DE GALHAS

Valdeir Junio Vaz Moreira
Daniele Heloisa Pinheiro
Isabela Tristan Lourenço Tessutti
Janice De Almeida Engler
Maria Fátima Grossi De Sá

Nematoides formadores de galhas representam um dos maiores patógenos nocivos a agricultura mundial. A aquisição de genes efetores nos genomas de nematoides do gênero *Meloidogyne* é atualmente constituída como uma importante estratégia evolutiva explorada por essas espécies para o seu estabelecimento em inúmeras plantas terrestres. Por outro lado, a hospedeiro na natureza que são altamente resistentes a esses patógenos, entre elas o genótipo de soja PI595099. Para entender quais fatores de resistência estão associado a este fenótipo, análises de transcriptomas e proteômicas foram recentemente realizadas em nosso grupo de pesquisa. Entre os genes diferencialmente expressos, Germin mostrou ser altamente expresso no genótipo PI595099. Sua descrição na resistência contra patógenos biotróficos é bastante conhecida levando-nos a fazermos a sua clonagem e validação em plantas modelo contra *Meloidogyne incognita*. A superexpressão de germin em soja diminuiu a infecção de *M. incognita* em mais de 65% do número de galhas. Dados de microscopia confocal revelaram a tradução deste gene no retículo endoplasmático de células vegetais seguido do seu tráfico para o apoplasto de acordo com experimentos realizados em *Nicotiana benthamiana*. Ensaio histológicos revelaram o atraso do desenvolvimento de *M. incognita* em linhagens transgênicas *N. tabacum* superexpressando este gene que pode ser mais uma vez comprovada pela diminuição significativa do diâmetro das galhas e dos sítios de alimentação induzido por este patógeno. Interessantemente, nós verificamos que o promotor Germin do genótipo resistente contém mutações pontuais que foram capazes de mudar a composição de cis-elementos e, conseqüentemente, justificar a alta expressão deste gene em PI595099. Mais estudos serão desenvolvido para compreender quais fatores a jusante da via de sinalização mediado por Germin estão envolvidas na defesa contra este patógeno. Paralelamente, serão gerados novos cassetes para serem transformados em cultivares comerciais de soja e algodão para avaliação do seu potencial no campo. Nossos dados forneceram as primeiras evidências de proteína apoplástica Germin na resistência contra *M. incognita* e seu uso na proteção de cultivos.

EXPRESSÃO DE GENES DE SUSCETIBILIDADE DE TOMATEIRO DURANTE A INTERAÇÃO COM *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *perforans*

Lucas José De Sousa
Mariana Rocha Maximiano
Ana Carolina Mendes Bezerra
Osmundo Brilhante De Oliveira Neto
Luiz Eduardo Bassay Blum
Angela Mehta

A mancha bacteriana é causada por três espécies do gênero *Xanthomonas* e tem sido uma doença bastante problemática na cultura do tomateiro, pois não há disponibilidade de cultivares resistentes. Atualmente a forma mais eficaz para o controle dos danos causados pela bactéria é por meio da aplicação de anti bióticos e produtos à base de cobre, entretanto as aplicações frequentes desses produtos não só levantam preocupações ambientais, como também dão origem a cepas resistentes. A resistência alcançada por meio do silenciamento ou nocaute de genes de suscetibilidade (Genes S) pode ser empregada para o controle de doenças e tem sido muito visada devido ao surgimento de novas ferramentas para edição genômica. Nesse sentido, a identificação dos genes que conferem a suscetibilidade em cada patossistema é bastante importante para selecionar bons candidatos para a obtenção de cultivares resistentes. Baseado nestes aspectos, foram selecionados dezesseis genes de tomateiro envolvidos na suscetibilidade a diferentes patógenos e avaliamos a expressão gênica por meio de RT-qPCR ao inocular a bactéria *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *perforans* em tomateiro. Os resultados deste trabalho demonstraram que vários genes de suscetibilidade foram regulados positivamente ao comparar plantas inoculadas e não inoculadas. Alguns dos genes com expressão aumentada são da família SWEET, que estão envolvidos no transporte de açúcares para o apoplasto e contribuem para o fitness da bactéria. O gene DND1, bem como o fator de transcrição TFIIA, apresentaram um aumento na sua expressão. Alguns trabalhos demonstram que o DND1 está envolvido na supressão das vias de sinalização de defesa das plantas, enquanto o TFIIA é um fator de transcrição visado por efetores bacterianos para induzir a expressão de genes S. Este trabalho permitirá a seleção de um gene S candidato a nocaute gênico para avaliar a resistência à mancha bacteriana do tomateiro.

DESENVOLVIMENTO E OTIMIZAÇÃO DE MÉTODO LIVRE DE DNA PARA EDIÇÃO GENÉTICA DE SOJA (*Glycine max*) VIA CRISPR/CAS9 POR MEIO DE RIBONUCLEOPROTEÍNAS (RNPs)

Gustavo Ruffo
Fabrício Barbosa Monteiro Arraes
Carolina Vianna Morgante
Maria Fátima Grossi De Sá

Nas últimas décadas, a engenharia genética, em especial a edição de genomas, vem sendo aplicada no âmbito do agronegócio para acelerar o processo de aperfeiçoamento genético de cultivares de interesse econômico. O sistema de edição de genomas CRISPR/Cas9, derivado de um mecanismo imune adaptativo de ocorrência natural em bactérias, se mostrou revolucionário em relação às técnicas anteriores, pela sua maior praticidade, versatilidade e menor custo. Dentre as principais cultivares de interesse agrônomo para o Brasil, a soja (*Glycine max*), além de ter contribuído com cerca de 30% da contribuição do agronegócio para o PIB nacional em 2021, se destaca por ser a principal fonte de proteína para consumo animal, além de ser empregada em diversos outros produtos como óleo de cozinha e biocombustíveis. Os métodos mais recorrentes para edição de genoma em soja envolvem principalmente a transformação genética com vetores entregues por bactérias do gênero *Agrobacterium* e biobalística. Em países como Brasil e Estados Unidos, bioprodutos, cuja formulação final não possui DNA exógeno, não são objeto de embargos relacionados a organismos transgênicos, implicando em uma redução no custo de produção e tempo inserção no mercado. Por isso, a edição de soja “DNA-free” é tão almejada. Sendo assim, o presente estudo visa desenvolver um protocolo baseado em entrega, por meio de biobalística, de ribonucleoproteínas para edição genética livre de DNA em soja. Foram desenhados sgRNAs específicos para o gene da fitoeno desaturase (PDS) de modo a serem compatíveis tanto com o PAM da Cas9 oriunda de *Streptococcus pyogenes* (SpCas9) quanto o de *Staphylococcus aureus* (SaCas9). A metodologia aqui proposta compara a eficiência de edição entre essas duas nucleases ortólogas, cujo processo de expressão heteróloga em *Escherichia coli* BL21 foi aqui otimizado para ambas. Ainda em desenvolvimento, o projeto segue com validação in vitro da atividade das ribonucleoproteínas e o nocaute do gene da PDS em genótipos de soja Williams 82 e BR537, para validação por meio de visualização de fenótipo albino.

SELEÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS PARA PRODUÇÃO DE LIPOSSOMAS

Manuella Paiva Batista Martins
Fernanda De Abreu Silva
Alice Gonçalves Vieira
Cíntia Caetano Bonatto
Tatiane De Melo Pereira
Luciano Paulino Da Silva

Lipossomas são, em suma, vesículas esféricas formadas por uma membrana constituída por uma bicamada lipídica e anfipática, que contêm em seu interior um extrato aquoso. Nesse sentido, lipossomas são utilizados principalmente para encapsular fármacos e variados tipos de substâncias, e são valorizados por sua capacidade de biodistribuição in vivo. O objetivo deste estudo é investigar o potencial de diferentes recursos genéticos oriundos de Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) e Coleção da Embrapa para a produção de lipossomas. Primeiramente foram definidas as condições para extração de fosfolipídeos e formação de lipossomas com variados tipos de materiais biológicos, estabelecendo-se assim uma metodologia mais adequada. Em seguida, foram produzidos lipossomas a partir de moléculas lipídicas provenientes de materiais de acessos dos BAGs. Para fins de caracterização, os nanomateriais obtidos foram analisados quanto ao potencial Zeta (PZ), diâmetro hidrodinâmico (DH) e índice de polidispersividade (Pdl), buscando entender e classificar sua capacidade e qualidade de formação. Até o momento foram utilizados para as sínteses os fosfolipídeos extraídos de castanhas de acessos do BAG Caju (*Anacardium occidentale* L.). As moléculas lipídicas, obtidas a partir da extração foram utilizadas para formação de um filme lipídico em rotaevaporador, seguido de sua ressuspensão em água ultrapura por agitação em vórtex por 10 min. Já foram sintetizados lipossomas com três dos acessos recebidos: BGC 050, 100 e 282, que apresentaram DH médio de 860,9110,8 nm, 273,627,3 nm e 352,638,8 nm, respectivamente; Pdl médio de 0,658, 0,404 e 0,433; e, seguindo a mesma ordem, PZ médio -27,80,8 mV, -41,01,5 mV e -67,21,9 mV, sendo o último o resultado indicativo de excelente estabilidade coloidal. Espera-se que com a conclusão das reações de síntese, utilizando todos os acessos disponíveis, se obtenha uma base de dados rica e consistente, que disponha do potencial para aplicações industriais, agropecuárias e biomédicas dos RG vegetais avaliados.

DESENVOLVIMENTO E OTIMIZAÇÃO DE NANOSSISTEMAS HÍBRIDOS PARA TRANSPORTE E ENTREGA DE RESVERATROL ATRAVÉS DE MEMBRANA COM POROSIDADE SIMILAR À DA BARREIRA HEMATO-ENCEFÁLICA

Bruna Mendonça Lima
Cíntia Caetano Bonatto
Luciano Paulino Silva

O sistema nervoso central (SNC) é protegido por uma estrutura dinâmica semipermeável, denominada barreira hematoencefálica (BHE), que blinda esta área de alterações ocasionadas por agentes nocivos. Existem várias substâncias que podem ocasionar efeitos benéficos ao SNC, dentre elas pode-se citar o resveratrol (RES), composto polifenólico encontrado em plantas que promove benefícios comprovados em doenças neurodegenerativas e neoplasias. Com o advento da nanotecnologia foi possível avaliar abordagens terapêuticas com o RES que antes não eram viáveis. Esse estudo visou o desenvolvimento de lipossomas associados à poloxâmero para transporte e entrega de RES através membrana com porosidade comparável à BHE. Foram produzidos nanossistemas híbridos à base de lipossomas com micelas de Pluronic F127 para encapsulamento de RES. Após a produção de micelas de Pluronic F127 contendo RES, estes foram misturados a filmes de fosfolípídeos e microextrusados. Em seguida, os diâmetros hidrodinâmicos e índices de polidispersividade (Pdl) foram avaliados por espalhamento de luz dinâmico (DLS), assim como a eficiência de encapsulamento (EE) do RES por espectrofotometria. Finalmente, nanossistemas híbridos foram submetidos à passagem única por compressão manual por membrana com porosidade de 50 nm. Como resultados foram obtidas EE de lipossomas com RES de 68,76%, 85,82% e 88,09% em cada um dos três ensaios realizados. Os diâmetros hidrodinâmicos e Pdl obtidos sugerem maior organização dos nanossistemas contendo RES em relação aos vazios. Depois, foi avaliada a passagem única dos nanossistemas contendo RES por uma membrana de 50 nm, compatível com a média da porosidade da BHE que varia tipicamente de 20 a 200 nm. O nanossistema híbrido atravessou a membrana com base nas análises que demonstraram a manutenção do tamanho medido por DLS. Conclui-se que nanossistemas híbridos à base de lipossomas microextrusados contendo micelas de Pluronic com resveratrol conferem maior organização estrutural e são aptos em se deformar possibilitando atravessar por porosidades menores que seu tamanho. Contudo, são necessários estudos futuros, inclusive com modelo animal, para avaliar a aplicabilidade no tratamento de doenças

PROSPECÇÃO DE COMPONENTES NATURAIS PARA A PRODUÇÃO DE TINTAS CONTENDO BIOMATERIAIS MICELIARES PARA IMPRESSÃO 3D

Brenno Marti nz Barroso Gondim
Gabriela Mendes Da Rocha Vaz
Arailde Fontes Urban
Luciano Paulino Da Silva
Vera Lúcia Perussi Polez

A impressão 3D é uma técnica de manufatura baseada na fabricação de materiais camada a camada formando um objeto final. Essa tecnologia está sendo aplicada em diversos setores como alimentício, agroindustrial, entre outros. A impressão 3D pode produzir produtos de alta qualidade pelo uso de matérias-primas como metais, polímeros, compósitos, biomateriais, entre outros. Os biomateriais provenientes de micélio de cogumelos apresentam vantagens como: baixo custo de produção, características físico-químicas moduláveis, leves, não-inflamáveis, boas propriedades de isolamento e biodegradáveis. O presente estudo visa prospectar componentes que melhorem a printabilidade de biomateriais à base de micélios de cogumelo. O micélio (M1) de uma espécie de cogumelos (C1) foi obtido no Banco de Cogumelos Comestíveis e Medicinais da Embrapa. O micélio foi cultivado em meio batata-dextrose-ágar a 25°C durante 7 a 10 dias. Posteriormente, os micélios foram utilizados para o cultivo em diferentes formulações (resíduos lignocelulósicos e fibras vegetais) a 25°C durante 7 a 20 dias, para a obtenção dos biomateriais (M1-B). As amostras foram secas (60°C durante 4-8 h). Os biomateriais obtidos foram triturados (pó fino) e utilizados para a confecção das tintas. Curvas analíticas contendo diferentes agentes hidrocoloides e afins estão sendo construídas para a obtenção de formulações contendo os biomateriais. As análises estão sendo realizadas referentes à aderência e consistência das tintas. As formulações mais promissoras até o momento foram utilizadas em testes de impressão 3D sendo necessárias otimizações dos parâmetros de impressão bem como os modelos a serem utilizados. Inicialmente, para a padronização dos parâmetros, a impressão está sendo realizada por formas retas e empilhamento em camadas, utilizando-se uma impressora 3D de microextrusão. Nos resultados preliminares uma formulação foi selecionada e apresentou consistência, aderência e viscosidade promissoras que precisam ser aprimoradas. A prospecção de componentes naturais que melhorem a printabilidade de tintas à base de biomateriais miceliares constitui uma estratégia importante para gerar impressos que poderão ser utilizados em aplicações agrícolas ou biotecnológicas.

SELEÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS PARA SÍNTESE VERDE DE NANOEMULSÕES

Alice Gonçalves Vieira
Manuella Paiva Batista Martins
Fernanda De Abreu Silva
Cíntia Caetano Bonatto
Tatiane De Melo Pereira
Luciano Paulino Da Silva

Emulsões óleo em água (O/A) são dispersões de gotículas de óleo em meio aquoso pela ação de surfactantes. Emulsões que apresentam gotículas na ordem de 10^{-9} metros são definidas como nanoemulsões e têm usos diversos, como nas indústrias farmacêutica, alimentícia e agropecuária. A plataforma NanoRecVeg propõe estabelecer uma extensa triagem de recursos genéticos vegetais (RV) com potencial para síntese de nanomateriais, dentre esses, nanoemulsões O/A. Os RV avaliados são fornecidos pelos curadores dos Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) e Coleções da Embrapa. Para determinar o protocolo, foi realizado um desenho experimental com auxílio do software Chemoface®, com base em revisão bibliográfica. As nanoemulsões produzidas foram caracterizadas utilizando ZetaSizer. Os principais parâmetros avaliados foram diâmetro hidrodinâmico (DH), potencial Zeta (PZ) e índice de polidispersividade (Pdl). Na primeira etapa, as condições de formação de nanoemulsões foram definidas com o uso de diversos materiais biológicos. Em seguida, foram recebidas amostras do BAG Caju. Para a síntese das nanoemulsões, foram utilizados óleos das amêndoas do fruto de caju (*Anacardium occidentale* L.). Após o cozimento do fruto e a extração com solvente, os óleos foram incorporados à solução aquosa do surfactante verde escolhido, lecitina de soja. Até então, foram sintetizadas nanoemulsões de três acessos do BAG Caju: BGC 50, BGC 100 e BGC 282. Elas apresentaram DH médio variado de $869,7 \pm 53,9$ nm, $390,0 \pm 8,5$ nm e $332,1 \pm 40,8$ nm, respectivamente. Já em relação ao PZ, as estruturas mostraram boa estabilidade coloidal, com valores de $-39,1 \pm 1,5$ mV, $-34,3 \pm 0,8$ mV e $-40,0 \pm 2,8$ mV, respectivamente. Já o Pdl indicou variação na homogeneidade de moderada a alta, com os respectivos valores de $0,742 \pm 0,036$, $0,416 \pm 0,009$ e $0,385 \pm 0,030$. Com a conclusão do estudo, espera-se que sejam sintetizadas e analisadas centenas de nanoemulsões O/A para compor uma ampla base de dados que fornecerá subsídios para o desenvolvimento de novos produtos para usos industriais e agropecuários.

VALIDAÇÃO DE ATIVO PARA O CONTROLE BIOTECNOLÓGICO DA BROCA DO CAFÉ (*Hypothenemus hampei*), VIA RNAi E NANOTECNOLOGIA

Lays Antunes Teixeira
Ana Carolina Orlandi
Daniel Antunes Daldegan
Manuela Robledo Gómez
Daniel David Noriega
Leonardo Lima Pepino Macedo
Ana Maria Meneghim
Maria Fátima Grossi De Sá
Maria Cristina Silva

Entre as 30 espécies de insetos prejudiciais à cafeicultura, a broca-do-café (*Hypothenemus hampei* (Ferrari)) é a responsável por perdas econômicas mundiais que chegam a U.S. \$500 milhões/ano. O controle químico do inseto é ineficiente devido todo o seu ciclo de vida ocorrer no interior dos grãos e pela disponibilidade permanente de grãos no cafeeiro, o que facilita a persistência do inseto, de uma geração à seguinte. A estratégia para a obtenção de um controle biotecnológico envolve a metodologia de RNA interferente (RNAi) para inibir genes essenciais e específicos da praga. Soluções inovadoras têm adicionado à aplicação tópica (pulverização de grãos e/ou folhas) compostos contendo dsRNAs (RNA de dupla fita), denominada de SIGS (Spray-Induced Gene Silencing). Além disto, a pesquisa tem aplicado a nanotecnologia para proteger e melhorar a eficiência de entrega dos dsRNAs, até o interior da célula do inseto. Neste estudo, foram desenvolvidas formulações para o encapsulamento de dsRNAs específicos, como prova de conceito da eficácia da aplicação tópica, no manejo da broca do café (CBB). A partir do transcrito do CBB identificaram-se genes essenciais para serem silenciados. O alinhamento das sequências indicou as regiões de nucleotídeos não conservados em insetos hospedeiros, utilizadas na PCR com oligonucleotídeos específicos, resultando em fragmentos de ~300 bp. Este produto foi aplicado na síntese *in vitro* dos dsRNAs, utilizando o kit para transcrição reversa (T7 MegaScript – Invitrogen). A quitosana foi escolhida como carreador nas partículas de dsRNAs. O complexo e a liberação controlada dos fragmentos de dsRNAs foi confirmada após eletroforese e o seu efeito, avaliado nos bioensaios. A entrega das partículas aos insetos ocorreu via alimentação (dieta artificial) e/ou via contato. Embora os resultados não tenham mostrado mortalidade expressiva do CBB, observou-se uma redução significativa da expressão do gene alvo nas análises por qPCR. Este resultado indica que após ajustes nas doses, o ativo poderá ser utilizado como um controle efetivo para o CBB.

NANOPARTÍCULAS DE PRATA OBTIDAS POR SÍNTESE VERDE EXIBEM ATIVIDADE ANTIBACTERIANA IN VITRO E AUMENTAM A RESISTÊNCIA DE *Brassica oleracea* À PODRIDÃO NEGRA

Ivonaldo Reis Santos
Fabiano Touzjdjian Pinheiro Kohlrausch Távora
Eduardo Andrade Franco Severo
Osmundo Brilhante Oliveira-Neto
Angela Mehta
Luciano Paulino Da Silva

A maioria das rotas de síntese de nanopartículas metálicas (NPMs) utilizam metodologias tradicionais com o uso de reagentes potencialmente tóxicos que podem causar impactos negativos, tanto ao meio ambiente quanto à saúde humana. Uma alternativa mais segura para a produção de NPMs é a utilização de extratos de plantas baseado nos conceitos da Química Verde, onde são utilizados reagentes menos nocivos e de fontes renováveis. Esta abordagem apresenta vantagens como biocompatibilidade, estabilidade, sustentabilidade, rapidez e custo efetivo. No presente estudo objetivou-se a síntese verde de nanopartículas de prata (AgNPs) utilizando extratos aquosos de folhas de repolho, *Arabidopsis*, neem e noni, além de extratos aquosos de partes do fruto de noni (casca ou polpa/semente), como agentes redutores e estabilizantes. As reações de síntese de AgNPs foram realizadas em 6 diferentes concentrações de extratos (10, 15, 20, 25, 30 e 60 mg/mL) em soluções aquosas de nitrato de prata (AgNO₃), a 1 mM. No total, foram produzidas 42 amostras de AgNPs, das quais 14 foram selecionadas, de acordo com seu diâmetro hidrodinâmico (DH), índice de polidispersidade (Pdl) e potencial Zeta (PZ) e então testadas in vitro para avaliar sua atividade antibacteriana contra Xcc. As AgNPs sintetizadas com extrato aquoso da casca do fruto de noni (EACFN) na concentração de 60 mg/mL, apresentaram o menor DH e maior efeito antibacteriano em uma concentração final de 64 µM. Além disso, plantas de genótipos suscetíveis de *Brassica oleracea* foram tratadas com EACFN-AgNPs, e a modulação positiva de genes relacionados à defesa foi obtida por qRT-PCR. Por fim, plantas tratadas com EACFN-AgNPs a 64 µM quando desafiadas com Xcc apresentaram um fenótipo mais tolerante, destacando que a aplicação de AgNPs parece desencadear uma resposta efetiva de defesa da planta. O presente estudo revela o potencial de AgNPs em direcionar a atividade antibacteriana e melhorar a defesa de plantas e, finalmente, propõe uma abordagem alternativa promissora para combater a podridão negra, potencialmente extensível a outros patossistemas.

A SUPEREXPRESSION DO GENE AdGOLS3 AUMENTA A TOLERÂNCIA À INFECÇÃO PELO FUNGO *Sclerotinia sclerotiorum* EM PLANTAS TRANSGÊNICAS DE TABACO

Deziany Da Silva Ferreira
Renan Miguel Dos Anjos
Pedro Souza Berbert
Patrícia Messeberg Guimarães
Robert Neil Gerard Miller
Ana Cristina Miranda Brasileiro

A família de oligossacarídeos de rafinose (RFOs) tem sido amplamente descrita por desempenhar numerosas funções nas plantas, incluindo proteção contra estresses bióticos e abióticos. A biossíntese desses oligossacarídeos envolve a ação da enzima Galactinol Sintase (Gols), a qual têm sido associada, entre outros, ao aumento da resistência sistêmica induzida pelo ácido jasmônico (JA) a fitopatógenos necrotróficos. Estudos realizados pela equipe identificaram 28 genes codificadores de enzimas-chave envolvidas no metabolismo de RFOs em *Arachis duranensis*, onde cinco são Gols. O objetivo do presente estudo foi avaliar os efeitos da superexpressão de um destes genes (AdGOLS3) em plantas de tabaco (*Nicotiana tabacum*) durante sua interação com o fitopatógeno necrotrófico *Sclerotinia sclerotiorum*. Para o ensaio, o isolado de *S. sclerotiorum* (CMES 1795) foi cultivado em meio ágar batata dextrose (BDA) a 25°C por 72 horas. O bioensaio de folha destacada foi realizado usando dois tampões de ágar micelial (5 mm de diâmetro) cortados da borda da colônia em crescimento e aplicados à superfície adaxial da folha totalmente expandida destacada de quatro linhagens de tabaco superexpressando AdGOLS3 (linhagens OEs) e do controle não-transgênico (WT). Duas folhas destacadas por planta (10 plantas por genótipo) foram inoculadas e mantidas em placas contendo papel de filtro úmido a 22°C por 48 horas no escuro. O progresso da lesão fúngica nas folhas foi fotografado a cada 12 horas após a inoculação (HAI) durante dois dias (0HAI a 48HAI) e as imagens, utilizadas para contagem do número de pixels no software Photoshop (versão CC; sistemas Adobe). A média da área da lesão de cada folha foi calculada e testada estatisticamente pelo teste t. As análises demonstraram que a 48 HAI, a área lesionada nas folhas transgênicas das quatro linhagens OE foi significativamente ($p < 0.05$) reduzida entre 32% e 49% em relação às folhas WT. Estes resultados indicam que a superexpressão de AdGOLS3 aumenta a tolerância ao fungo causador do mofo branco *S. sclerotiorum*.

PADRÃO DE EXPRESSÃO DE GENES EFETORES CANDIDATOS EM *Meloidogyne incognita* VIA HIBRIDIZAÇÃO IN SITU

Nathália Nascimento De Aguiar
Eliza Bellard do Nascimento
Patrícia Messemberg Guimarães
Ana Cláudia Guerra De Araújo

O controle do nematoide das galhas (Root-Knot Nematodes - RKN) *Meloidogyne* spp. em áreas agrícolas é feito pelo uso de cultivares mais resistentes, juntamente com estratégias de manejo e uso de nematicidas. Entretanto, ao longo do tempo, os nematoides podem desenvolver mecanismos que superam a defesa existente nos cultivares, o que gera a necessidade constante de expansão do número de cultivares mais resistentes ao RKN visando uma agricultura mais sustentável. Assim, a obtenção de cultivares superexpressando genes de defesa nas plantas hospedeiras e/ou genes que promovam o silenciamento de genes essenciais ao parasita são estratégias utilizadas, mas, de forma limitada. O sequenciamento completo do genoma de *M. incognita* permitiu a identificação de várias sequências de DNA candidatas a genes efetores da espécie, ainda por serem validados. Neste projeto, cinco sequências de DNA candidatas foram utilizadas como moldes para obtenção de sondas de RNA e utilizadas em experimentos de hibridização in situ para determinar a distribuição espacial e temporal dos seus transcritos. Todas as sequências foram detectadas em pelo menos um estágio de desenvolvimento do nematoide e a expressão de dois desses genes foram localizadas nas glândulas esofágicas dorsal e ventral, estruturas secretoras essenciais ao desenvolvimento do J2 infectivo, por contribuírem para o estabelecimento do sítio de alimentação nas raízes das plantas hospedeiras. A detecção desses transcritos nessas glândulas é uma validação dessas sequências como genes efetores de *M. incognita*.

APLICAÇÃO DA TECNOLOGIA CRISPR/Cas9 EM ARROZ (*Oryza sativa* L.) PARA EDIÇÃO SIMULTÂNEA DE GENES DE SUSCEPTIBILIDADE VISANDO RESISTÊNCIA AO FUNGO *Pyricularia oryzae*

Ana Carolina Mendes Bezerra
Fabiano Touzjdjian Pinheiro Kohlrausch Távora
Natalia Faustino Cury
Lucas José De Sousa
Osmundo Brilhante De Oliveira Neto
Angela Mehta

O arroz (*Oryza sativa* L.) está entre as culturas alimentares mais importantes em todo o mundo. No entanto, um dos estresses bióticos que mais afetam a produção dessa cultura é a infecção por *Pyricularia oryzae* (anamorfo *Magnaporthe oryzae*), responsável pela doença brusone do arroz. As principais estratégias de controle da brusone envolvem o uso extensivo de fungicidas, potencialmente prejudiciais ao meio ambiente e o emprego de variedades resistentes (abrigando genes-R), que geram resistência não duradoura no campo. Nesse contexto, a tecnologia CRISPR/Cas9 provou ser uma ferramenta eficaz e sustentável na proteção de plantas, não apenas revelando genes de suscetibilidade a patógenos, mas possibilitando sua perda de função (e.g., via nocaute gênico). Em estudos ômicos anteriores do nosso grupo, os genes de arroz OsSERPIN1 e OsERF104, os quais codificam uma proteína inibidora de protease e um fator responsivo a etileno, respectivamente, foram induzidos em interação compatível com *M. oryzae*, e seus papéis na suscetibilidade validados, de forma independente, via silenciamento e/ou edição gênica, utilizando linhas semi-isogênicas ou planta modelo de arroz. O presente estudo teve como objetivo a geração de resistência à brusone em uma cultivar de arroz (BRS Curinga) através do nocaute simultâneo dos genes OsSERPIN1 e OsERF104 via abordagem multiplex da tecnologia CRISPR/Cas9. Foram construídos dois vetores CRISPR, cada um abrigando dois RNAs-guia com sequências homólogas aos pares de genes-alvos OsSERPIN1 – OsERF104 e OsERF922 – OsERF104, respectivamente. A transformação genética foi conduzida utilizando-se calos embriogênicos derivados de sementes maduras de arroz (cv. BRS Curinga) em co-cultivo com *Agrobacterium tumefaciens* (estirpe EHA105) previamente transformada com os vetores plasmidiais CRISPR. Transformantes primários (geração T0) para cada par de genes alvo foram caracterizadas quanto à presença do T-DNA via PCR. A caracterização molecular das edições nos loci-alvos via sequenciamento Sanger está sendo conduzida em eventos independentes da geração T1. As próximas etapas envolvem a seleção de indivíduos homozigotos para mutações de perda de função e caracterização fenotípica para avaliação da resistência.

SÍNTESE VERDE E AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE ANTIBACTERIANA IN VITRO DE NANOPARTÍCULAS DE PRATA PRODUZIDAS UTILIZANDO RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS DE BANCOS ATIVOS DE GERMOPLASMA

Bruna Teixeira Da Costa Barreto
Cíntia Caetano Bonatto
Luciano Paulino Da Silva

A utilização de nanopartículas de prata (AgNPs) como agentes antibacterianos obteve grande destaque no cenário atual de resistência bacteriana a antibióticos devido às suas características de tamanho, forma, estabilidade e química de superfície. Para serem produzidas, AgNPs podem passar por rotas de síntese física, química ou verde, sendo a última mais promissora por ser eco-amigável e de menor custo. Desta forma, o presente estudo objetiva produzir AgNPs por síntese verde a partir de extratos aquosos de plântulas de arroz (*Oryza*), feijão-caupi (*Vigna*), cucurbitáceas (*Cucurbita*) e cebola (*Allium*) disponíveis nos bancos ativos de germoplasma (BAGs) vegetal da Embrapa. Para as reações de síntese das AgNPs, extratos aquosos obtidos em concentrações finais de 10 mg/mL e 1 mg/mL foram incubados com solução de nitrato de prata (AgNO₃) e incubados em banho-maria, formando suspensões de tons castanho-escuro (mais concentradas) e castanho-claro (menos concentradas). Durante as sínteses, as reações foram monitoradas por espectroscopia de absorção na região do visível a 405, 450 e 630 nm. A caracterização das AgNPs produzidas foi realizada empregando-se espalhamento de luz dinâmico (DLS) para determinar o diâmetro hidrodinâmico e índice de polidispersividade (Pdl) das amostras, além da medição do potencial Zeta (PZ). Como resultado, no geral, foi possível observar que as amostras apresentaram AgNPs com alta polidispersividade e houve a formação de nanoestruturas relativamente grandes. Na maioria das amostras, os valores de PZ foram em torno de -30 mV, indicando estabilidade coloidal de moderada a boa. O potencial antibacteriano das AgNPs foi avaliado em testes de concentração inibitória mínima (CIM) utilizando as bactérias *Escherichia coli* (Gram negativa) e *Staphylococcus aureus* (Gram positiva). As AgNPs sintetizadas e seus controles metálicos (AgNO₃) foram testados nas concentrações de 256, 128, 64, 32, 16 e 8 µM, equivalentes a AgNO₃, sendo observada inibição do crescimento de ambas as bactérias nas duas maiores concentrações testadas. Portanto, pode-se afirmar que houve formação de AgNPs por síntese verde utilizando acessos com notável atividade antibacteriana.

USO DE INTELIGÊNCIA ARTIFICIAL PARA CLASSIFICAÇÃO DE PLANTAS QUANTO AO MECANISMO DE RESISTÊNCIA À PRESENÇA DE ALUMÍNIO NO SOLO

Alessandra Maia Freire
Leila Maria Gomes Barros
Renan U. B. Ferreira
Luciano Paulino Da Silva

A disponibilidade de alumínio solúvel em solos ácidos é um dos principais fatores inibidores do crescimento de plantas de determinadas espécies em solos agricultáveis, sendo um dos principais limitadores da produtividade agrícola. Por outro lado, na flora do Cerrado brasileiro são encontradas diversas espécies de plantas resistentes à presença desse metal no solo. Os mecanismos de resistência dessas plantas as dividem em duas classificações: excludentes, que são capazes de impedir a entrada do alumínio em suas partes aéreas; e acumuladoras, que incorporam o metal dentro de si. Nesse estudo foram realizadas análises e comparações de arquiteturas de aprendizado profundo de máquina para classificação de imagens microscópicas de folhas de plantas quanto à habilidade de acumular alumínio. O banco de imagens utilizado tem mais de mil imagens de folhas de plantas do Cerrado resistentes à presença de alumínio no solo, obtidas utilizando câmera microscópica acoplada a Smartphone, as quais foram catalogadas previamente dentro de suas respectivas famílias e espécies e também quanto ao seu mecanismo de resistência (excludentes ou acumuladoras). Para a implementação da classificação foram utilizados três diferentes modelos de arquiteturas Resnet-RS, testados com e sem o uso de parâmetros pré-treinados. Os resultados obtidos mostraram que, para a máquina, é possível classificar as imagens microscópicas de plantas em agrupamentos de acordo com suas características de resistência ao alumínio, como acumuladoras e excludentes com acurácias acima de 97% além da classificação das folhas por família, mesmo no caso de imagens de amostras visualmente semelhantes, porém de classificações distintas, com acurácias acima de 94%. Essa abordagem poderá ser validada futuramente em outros modelos biológicos com vistas a inúmeras aplicações agrícolas e florestais, como identificação de doenças, patógenos e mesmo para aprimorar aspectos nutricionais de culturas com importância agrônoma.

SUPEREXPRESSÃO DO GENE DE SOJA GLUTATIONA S-TRANSFERASE (GmGST) EM *Nicotiana tabacum* L. INDICA AUMENTOS NA TOLERÂNCIA CONTRA *Meloidogyne incognita*

Lorena Sousa De Loiola Costa
Nayara Sabrina De Freitas Alves
Clídia Eduarda Moreira Pinto
Fabrício Barbosa Monteiro Arraes
Maria Eugenia Lisei de Sá
Carolina Vianna Morgante
Maria Fátima Grossi De Sá

O nematoide das galhas, *Meloidogyne incognita*, é um dos fitopatógenos mais importantes para a economia, impactando tanto o rendimento quanto a qualidade dos produtos de muitas culturas agrônômicas de interesse mundial. Estudos prévios de transcriptômica e proteômica de genótipos de soja contrastantes (BRS133 – suscetível, e PI595099 – altamente tolerante) infestados com *M. incognita* identificaram genes candidatos à tolerância deste patógeno. Especificamente, destacamos a proteína glutationa S-transferase (GmGST) por pertencer a uma superfamília de enzimas metabolizadoras envolvidas na desintoxicação contra agentes nocivos do meio ambiente e espécies reativas de oxigênio (ROS). Diante disso, a molécula GmGST foi superexpressa ectopicamente em tabaco (*Nicotiana tabacum* L. cultivar Petit Havana) e em hairy roots induzidos em folhas de soja por *Agrobacterium rhizogenes* para avaliação dos efeitos na reprodução de *M. incognita*. Plantas de tabaco não transformadas (NTs) e os eventos transgênicos, Ev1.1, Ev2.2, e Ev7.2, foram inoculados com 1.000 juvenis de segundo estágio (J2) de *M. incognita* raça 3. Similarmente, os bioensaios em hairy roots de soja foram infestados com 1.000 J2 de *M. incognita* raça 1. Plantas de tabaco transgênicas apresentaram reduções significativas no número de galhas por grama de raiz, chegando a 56.0%, quando comparadas com as NTs. O número de ovos por grama de raiz indicou decréscimos de até 49.0%, enquanto o fator de reprodução (FR) apresentou queda de até 42.0% nas plantas transgênicas. Adicionalmente, a superexpressão do gene em hairy roots de soja demonstrou redução de aproximadamente 40.0%. Todos estes dados apontam o gene GmGST como alvo promissor para a ativação transcricional via dead-Cas9 (dCas9) em soja, visando o aumento da tolerância contra o fitopatógeno *M. incognita*.

ENGENHARIA GENÉTICA DE PRECISÃO EM SOJA PARA TOLERÂNCIA À SECA VIA CRISPR/Cas9 E SEUS EFEITOS SOBRE A EXPRESSÃO DE GENES DO CIRCUITO DCD-NRP

Luanna Pinheiro De Albuquerque Freitas Bezerra

Bruno Paes de Melo

Fabício Barbosa Monteiro Arraes

Carolina Vianna Morgante

Isabela Tristan Lourenço Tessutti

Clídia Eduarda Moreira Pinto

Elizabeth Pacheco Batista Fontes

Maria Fátima Grossi de Sá

Devido às mudanças climáticas iminentes, entender os mecanismos de resposta das plantas aos estresses abióticos e estudar o papel de genes envolvidos com fenótipos de tolerância tornou-se ainda mais necessário. Sob esse aspecto, a seca ganha destaque como uma das condições mais limitantes à produção. Nesse contexto, o retículo endoplasmático, organela responsável pela síntese e processamento de proteínas, é um dos principais alvos de estresses fisiológicos severos em plantas. Dessa forma, descrevemos aqui duas estratégias de engenharia genética de precisão com o objetivo de suprimir senescência/morte celular induzida pelo circuito DCD-NRP, visando o aumento de tolerância à seca. Na primeira estratégia, descrevemos um sistema universal de testes de sgRNA para superexpressão de GmBiP via dCas9-VP64. O sistema compreende um vetor que engloba quatro módulos de expressão: CaMV35S::eGFP; pGmBiP::uidA; pGmU6::sgRNAs; e CaMV35S::dCas9-VP64. Três sgRNAs (sgRNA01, sgRNA04 e sgRNA07) para diferentes regiões de pGmBiP foram prospectados. A modulação transcricional positiva de uidA foi observada em plantas que expressam o sgRNA04, indicando que a posição do sgRNA afeta a eficiência transcricional. Também demonstramos em soja, de forma transiente e estável, a eficiência do sgRNA04 em modular a expressão de GmBiP, proporcionando repressão de genes do circuito DCD-NRP. Na segunda estratégia, utilizamos CRISPR/Cas9 para o nocaute de GmNAC030. Para isso, iniciamos a validação em hairy roots de soja, com o objetivo de analisar a eficiência do sgRNA. O vetor utilizado consiste de três módulos de expressão: CaMV35S::eGFP; CaMV35S::pcoCas9; pAtU6::sgRNA. A edição de GmNAC030 foi observada em dois eventos de hairy roots, confirmados por sequenciamento e pelo uso do software ICE. Com o sucesso da edição em hairy roots, iniciou-se a etapa de transformação estável de eixos embrionários de soja via agrolística, com o objetivo de obter plantas GmNAC030 editadas e não transgênicas. Portanto, o estudo possui estratégias inovadoras e uma solução biotecnológica para o desenvolvimento de cultivares superiores, e sua aplicabilidade não se restringe à soja, adaptando-se a qualquer planta de interesse agrônomo.

ABORDAGENS ÔMICAS INTEGRADAS DURANTE INTERAÇÃO SOJA - *Meloidogyne incognita* SUGEREM MECANISMOS DE TOLERÂNCIA DA PROTEÍNA RELACIONADA À PATOGÊNESE CLASSE 10 (GmPR10)

Nayara Sabrina De Freitas Alves
Fabrício Barbosa Monteiro Arraes
Clídia Eduarda Moreira Pinto
Daniel David Noriega
Daniele Heloisa Pinheiro
Valdeir Junio Vaz Moreira
Bruno Paes De Melo
Maria Eugênia Lisei de Sá
Carolina Vianna Morgante
Isabela Tristan Lourenço Tessutti
Priscila Grynberg
Janice De Almeida Engler
Maria Fátima Grossi De Sá

O nematoide das galhas, *Meloidogyne incognita*, é um patógeno que causa perdas severas na produção mundial de soja (*Glycine max*). Porém, os prejuízos econômicos têm sido contornados principalmente pelo uso de cultivares resistentes. O objetivo deste estudo, portanto, foi avaliar os mecanismos de resistência da soja a *M. incognita* por análises comparativas de proteômica e transcriptômica de raízes dos genótipos suscetível (BRS133) e altamente tolerante (PI 595099) aos 4, 12 e 30 dias após inoculação (DAI). As análises *in silico* indicaram as potenciais moléculas de defesa envolvidas nos mecanismos de resposta à infecção do patógeno, incluindo mTOR, PI3K-Akt, relaxina e termogênese. Identificamos famílias de proteínas e vias metabólicas reguladas exclusivamente no genótipo tolerante, com destaque para a via dos fenilpropanoides. Associados a esta, identificamos 29 genes diferencialmente expressos que codificam 11 diferentes enzimas. Considerando a expressão diferencial dos perfis transcriptômicos, proteômicos e de RT-qPCR, selecionamos e superexpressamos o gene GmPR10 em *Nicotiana tabacum* L. e em hairy roots induzidos por *Agrobacterium rhizogenes* em folhas de soja para avaliar seu potencial contra *M. incognita* aos 60 e 30 DAI, respectivamente. Os dados de três eventos transgênicos de tabaco apontaram decréscimos significativos no número de galhas (51,6–57,8%) e número de ovos (41,9–43,5%) por grama de raiz, o que explica a redução no fator de reprodução (40,4–48,7%) nas plantas transgênicas em comparação às NTs. Similarmente, os hairy roots de soja apresentaram reduções de até 40.0% no número de galhas. As análises morfológicas das galhas mostraram que os controles apresentaram células gigantes preenchidas com citoplasma denso e núcleos largos, enquanto as plantas e hairy roots transgênicos apresentaram células gigantes com pouco conteúdo citoplasmático e paredes celulares finas. Os resultados sugerem que a superexpressão de GmPR10 pode aumentar a tolerância da soja a *M. incognita*, tornando-o um alvo promissor para o desenvolvimento de cultivares tolerantes via tecnologias de melhoramento de precisão, como os sistemas CRISPR de ativação transcricional (CRISPRa).

Elaine Silva Barbosa
Emanuel Felipe Medeiros Abreu

O mamoeiro (*Carica papaya*) é uma cultura de grande relevância no Brasil, rendendo milhões ao país, que é o segundo maior produtor mundial. Além disso, é cultivado em quase todo o território nacional, sobretudo nos estados da Bahia, do Espírito Santo e do Ceará, responsáveis por 91,17 % da produção nacional. Essa cultura é afetada por dois vírus que causam grandes perdas econômicas aos agricultores; sendo eles o *papaya meleiras* vírus - PMeV e o *papaya ringspot* virus - PRSV. Respectivamente, causam a meleira e mancha anelar do mamoeiro. Considerando os desafios apresentados, o objetivo do trabalho foi estabelecer uma coleção de isolados virais do PMeV e PRSV em casa de vegetação visando o desenvolvimento de kits diagnósticos para detecção das viroses. Os experimentos foram compostos por dois blocos inteiramente casualizados de mudas contendo 15 plantas cada; sendo cinco plantas controle e dez plantas inoculadas. Cada bloco foi inoculado com apenas um respectivo vírus. A inoculação do PMeV foi realizada com o auxílio de uma seringa contendo solução salina de tampão PBS e 1mg/mL de vírus purificado. A infecção pelo PRSV se deu por inoculação mecânica na proporção de 1 g de tecido foliar para 1 mL de tampão PBS 1X adicionado 10 uL de 2- mercaptoetanol e carborundum. As inoculações foram repetidas 15 dias após a primeira inoculação com seus devidos controles inoculados apenas com tampão PBS 1X e carborundum. Por outro lado, este estudo tem estabelecido protocolo de detecção pelo método molecular de RT-PCR com a perspectiva de confirmar a presença dos isolados virais nas plantas inoculadas. As plantas positivas serão selecionadas para os testes de funcionalidade e sensibilidade dos kits diagnósticos desenvolvidos em laboratório.

SISTEMA TXTL PARA A PRODUÇÃO IMEDIATA DE ESPIDROÍNAS DE ARANHAS BRASILEIRAS

Valquíria Alice Michalczechen Lacerda

João Pedro Oliveira De Souza Ribeiro

Grácia Maria Soares Rosinha

Elibio Rech

Daniela Matias de Carvalho Bittencourt

As sedas de aranha são fibras fortes, leves, termorresistentes, termoelásticas e podem ser utilizadas na produção de biomateriais inovadores com características específicas para a sociedade. Elas são compostas por proteínas modulares, com grande quantidade de aminoácidos glicina, alanina e prolina, sendo este um fator limitante no sistema de produção in vivo. Por sua vez, o sistema TXTL é uma ferramenta in vitro que transcreve e traduz o material genético num curto período, permitindo a validação da bioengenharia de estruturas de proteínas. O estudo propôs verificar o sistema TXTL para a produção de espidroínas sintéticas da aranha do cerrado *Parawixia bistriata* (PI 0701826-6). Os ensaios utilizaram 30 nM de DNA plasmidial contendo diferentes sequências de MaSp1 e MaSp2. As reações ocorreram em 12,5 µL, a 27 °C por 48 h. Uma alíquota do extrato proteico total foi analisada qualitativamente por SDS-PAGE, e as espidroínas foram detectadas por Western blot. Em seguida, elas foram purificadas por cromatografia, dialisadas, quantificadas, liofilizadas e analisadas morfológicamente por microscopia de varredura. O TXTL utiliza uma T7 RNA polimerase de *E. coli* e possibilitou a produção de todas as proteínas, MaSp2 8× (29 kDa), MaSp2 16× (54 kDa), MaSp2 32× (105 kDa), e das proteínas híbridas MaSp1+2 4× (40kDa) e MaSp1+2 8× (77 kDa). Além disso, a análise morfológica permitiu observar formas globulares para as espidroínas com menor tamanho, e formas fibrilares para as com maior tamanho (77 kDa e 105 kDa). Essa é a primeira vez que estas espidroínas são obtidas em sistema totalmente in vitro, não sendo possível adquiri-lo diretamente da natureza. Em relação à proteína híbrida (MaSp1MaSp2), ensaios anteriores fracassaram para a sua produção em *E. coli* BL21(DE03). Portanto, a metodologia utilizada permite análises rápidas, utilizando pouco espaço, insumos e purificação, antecedendo resultados para a produção em larga escala. Além disso, o mesmo módulo proteico pode revelar estruturas diferentes dependendo do número de repetições, o que aumenta a aplicação em biomateriais nas áreas industriais.

A PRODUÇÃO DE UMA ESPÍDROÍNA HÍBRIDA POR MEIO DE PROTOCOLO DE AUTOINDUÇÃO

João Pedro Oliveira De Souza Ribeiro
Valquíria Alice Michalczechen Lacerda
Grácia Maria Soares Rosinha
Elíbio Rech
Daniela Matias de Carvalho Bittencourt

A MaSp 1+2 4× é uma proteína sintética híbrida proveniente da genética da aranha do cerrado *Parawixia bistrata* (PI 0701826-6). A sequência genética primária possui dois módulos da MaSp1 e um módulo da MaSp2, contendo quatro repetições em tandem. Apesar de ser possível a produção de proteínas em bactérias utilizando o operon lac e o IPTG, essa espidroína não foi obtida utilizando esta metodologia. Existem estudos que sugerem a utilização de protocolos de indução de lactose no meio de cultura. O objetivo do trabalho foi avaliar qualitativa e quantitativamente a produção da MaSp 1+2 4× da aranha *P. bistrata* em *Escherichia coli* com protocolo de autoindução. O plasmídeo pET28a contendo a sequência da espidroína foi inserido na bactéria BL21(DE3), crescendo em meio MDAG com antibiótico canamicina 50 µg/mL a 37°C. No dia seguinte, 1 mL foi transferido para 500 mL de meio ZYM-5052 contidos em Erlenmeyers de 2 L (n=3), e permanecendo sob agitação 230 rpm por 72 horas a 18°C. Passado esse período, a cultura foi quantificada por espectrofotometria (OD600), ela foi precipitada para obtenção e quantificação da massa, e mediu-se o pH ao final. Após a quantificação da massa úmida, a proteína foi extraída por sonicação, analisada por SDS-PAGE e Western blot, purificada por cromatografia de afinidade com resina de níquel e dialisada. Após o cultivo, a OD600 teve uma média de 12.07 ± 1.02; obteve-se 10,47 ± 0,06 g de massa precipitada, o pH estava em 6,49. Após a confirmação da produção da espidroína por Western blot, obteve-se 0,27 mg de proteína para cada g de massa obtida. A metodologia alternativa utilizando a combinação de glicose, lactose e glicerol permitiu a obtenção da espidroína, com um custo menor, uma vez que o IPTG é de alto custo, tóxico e não biodegradável. Portanto, o protocolo de autoindução permite a produção de espidroínas como alternativa à indução por IPTG, com potencial aplicação na produção em larga escala.

SELEÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS PARA A PRODUÇÃO DE NANOPARTÍCULAS LIPÍDICAS SÓLIDAS

Fernanda De Abreu Silva
Alice Gonçalves Vieira
Manuella Paiva Batista Martins
Cíntia Caetano Bonatto
Tatiane De Melo Pereira
Luciano Paulino Da Silva

Nanopartículas lipídicas sólidas (NLSs) são nanoestruturas lipídicas caracterizadas por núcleo lipídico sólido e podem ser utilizadas para uma gama de aplicações por serem adequadas para veiculação tanto de compostos hidrofóbicos quanto hidrofílicos. Entre diversas possibilidades de aplicações, uma das mais comuns é a de carrear ativos para uso terapêutico ou cosmético, já que as NLSs podem ser constituídas de ingredientes biocompatíveis. Assim, a plataforma NanoRecVeg visa analisar diversos recursos genéticos (RG) vegetais provenientes de Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) e de Coleções da Embrapa a fim de produzir estruturas como as NLSs e de, futuramente, comparar o potencial de centenas de acessos dos BAGs. Para a produção das NLSs, foram definidas metodologias e delineados experimentos com auxílio do software Chemorface e com base em revisão bibliográfica. Para análise das NLSs produzidas foi utilizado o ZetaSizer Nano a fim de avaliar o diâmetro hidrodinâmico (DH), potencial Zeta (PZ) e índice de polidispersividade (Pdl) das nanoestruturas. Definida a metodologia a ser empregada, os primeiros acessos de plantas avaliados foram advindos do BAG Caju (BGC) e foi separada a polpa da castanha de cada acesso para a produção das NLSs. Por enquanto, foram sintetizadas NLSs com o óleo da castanha do caju dos acessos BGC 050, BGC 100 e BGC 282 e para a produção dessas foram utilizadas gordura vegetal e lecitina de soja como surfactante. Quanto aos parâmetros analisados no ZetaSizer Nano, NLSs produzidas com todos os acessos tiveram PZ indicativos de boa estabilidade coloidal variando entre -36 e -46 mV. Adicionalmente, os DH médios e Pdl variaram consideravelmente sendo 257 nm e 0,400 para o BGC100; 1157 nm e 0,800 para o BGC 050; e 650 nm e 0,600 para o BGC 282, respectivamente. Frente à discussão e aos resultados obtidos, reforça-se a importância em avaliar uma diversidade de RG a fim de se obter base de dados consolidada e, conseqüentemente, possibilitar vislumbrar uma gama de aplicações industriais e agropecuárias.

ANÁLISE PROTEÔMICA VISANDO À IDENTIFICAÇÃO DE ALVOS PARA O CONTROLE DE *Hemileia vastatrix* EM PLANTAS DE *Coffea arabica*

Milena Da Mota Batista
Ivonaldo Reis Santos
Pollyana Da Nobrega Mendes
Jonathan Dias de Lima
Daiane Gonzaga Ribeiro
Marcelo Valle De Sousa
Wagner Fontes
Carlos André O. Ricart
Mariana de Souza Castro
Diana Fernandez
Angela Mehta

A ferrugem do cafeeiro causada pelo fungo *Hemileia vastatrix* é uma das doenças mais importantes economicamente, e tem sido uma grande ameaça à produção do café no Brasil, pois a maioria das cultivares existentes no país apresentam-se suscetíveis. Atualmente o controle dessa doença tem sido feito com a aplicação de fungicidas à base de cobre, o que pode gerar novas raças mais resistentes, além de apresentar riscos para o meio ambiente e saúde humana. Desta forma, a busca por agentes mais específicos e que tenham ação direta no fungo tem sido amplamente estudada. Uma ferramenta que tem sido bastante utilizada que pode auxiliar no controle da ferrugem do cafeeiro é a proteômica, que possibilita a identificação de proteínas envolvidas em resposta de defesa. Neste contexto, o objetivo do presente estudo foi a identificação de proteínas do cafeeiro diferencialmente abundantes em resposta à infecção por *H. vastatrix*. Para este estudo, 9 plantas de *Coffea arabica* L. variedade Catuaí com 6 meses de idade foram cultivadas em casa de vegetação e infectadas com *H. vastatrix* e 9 plantas não infectadas (condição controle). Após 10 dias de infecção, as folhas foram coletadas em triplicatas biológicas e submetidas a extração de proteínas totais para análise proteômica. No total, foram identificadas 288 proteínas diferencialmente abundantes entre as condições analisadas, incluindo 150 aumentadas e 138 diminuídas. Interessantemente, identificamos diversas proteínas envolvidas com fotossíntese, que foram diminuídas nas plantas inoculadas quando comparadas com a condição controle. Esses resultados indicam que o aparato fotossintético foi severamente afetado devido a infecção com *H. vastatrix*. Além disso, os dados proteômicos obtidos no presente estudo revelaram diversas proteínas diferencialmente abundantes potencialmente relacionadas à suscetibilidade da planta, o que poderá nortear posteriores estudos relacionados aos mecanismos moleculares envolvidos na suscetibilidade do café.

Apoio: FUNAPE, UnB e Embrapa Cenargen

PIRAMIDAÇÃO DE ESTRATÉGIAS BIOTECNOLÓGICAS PARA O CONTROLE DE NEMATÓIDES DAS GALHAS NA CULTURA DA SOJA

Náttany Souza Costa
Raíre Dos Santos Cavalcante
Nayara Sabrina De Freitas Alves
Lorena Sousa de Loiola Costa
Maria Eugênia Lisei-De-Sá
Carolina Vianna Morgante
Maria Fátima Grossi De Sá

Os nematoides do gênero *Meloidogyne* são endoparasitas que atacam raízes de culturas de interesse econômico. Causam espessamento das raízes, denominado de galhas, que afetam a translocação de água e nutrientes pela planta. Nas lavouras de soja, são observadas manchas em reboleiras, com plantas menores e amareladas, levando a perdas de até 10% da produção. O controle de *Meloidogyne* spp. é desafiador, realizado pelo uso de nematicidas, pouco eficientes e tóxicos ao meio ambiente, manejo cultural e uso de cultivares moderadamente resistentes que, em soja, são descendentes de uma única fonte genética. Desta forma, o uso de abordagens biotecnológicas para a incorporação de novas fontes de resistência mostra-se promissor. Neste trabalho, foram utilizadas simultaneamente duas estratégias biotecnológicas para o controle de *Meloidogyne* spp. em soja: (1) a superexpressão do gene AdEXLB8, que codifica a proteína expansina-like B de *Arachis stenosperma*, envolvida no afrouxamento da parede celular, cuja superexpressão em plantas modelo está relacionada ao aumento da resistência aos nematoides das galhas; (2) o uso da tecnologia de RNA interferente para o silenciamento de genes essenciais à sobrevivência do nematoide ou à infecção da planta, como os que codificam cisteína protease, isocitrato liase, fator de splicing e o efector 16D10. Plantas de soja foram transformadas pelo método via *Agrobacterium tumefaciens*. As plantas transgênicas foram caracterizadas pela amplificação dos transgenes via PCR. Quatro eventos independentes de transformação foram selecionados para avanço de geração e para o desafio a *Meloidogyne incognita* de plantas transgênicas na geração T2. O bioensaio foi realizado em delineamento inteiramente casualizado com oito repetições, em casa de vegetação. Plantas com 15 dias de idade foram inoculadas com 520 juvenis J2 e avaliadas após 60 dias. Plantas transgênicas apresentaram redução variando de 27-60% no número de ovos e de 23-50% no fator de reprodução do nematoide. A estratégia mostrou-se eficiente como uma fonte complementar de resistência a *M. incognita*.

EFEITO DE ANTIOXIDANTES NA MATURAÇÃO IN VITRO DE OVÓCITOS BOVINOS

Hallya Beatriz Sousa Amaral

Ligiane Leme

Andrei Antonioni Guedes Fidelis

Margot Alves Nunes Dode

Considerando que a qualidade do ovócito é o fator chave para o sucesso da produção in vitro de embriões (PIVE), as condições durante a maturação in vitro (MIV) determinam o sucesso da técnica. Uma das alternativas para melhorar essa etapa é o uso de antioxidantes, que regulam a produção de espécies reativas de oxigênio. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito da suplementação da Insulina Transferrina e Selênio (ITS) e Cisteamina (CIS) na maturação nuclear e citoplasmática de ovócitos bovinos. Complexos cumulus-ovócitos (COCs) foram maturados na presença (+) ou não (-) de CIS e ITS, sendo distribuídos em quatro tratamentos: T1: -ITS-CIS (controle); T2: -ITS+CIS; T3: +ITS+CIS; T4: +ITS-CIS. Foi avaliada a expansão dos COCs, pela medição da área dos COCs e, a maturação nuclear, pela coloração com lacmoide. Posteriormente, os COCs foram submetidos à fecundação e cultivo in vitro. Os embriões foram avaliados em D2 para clivagem e D7 para formação de blastocistos. Blastocistos de D7 foram corados e o número total de células e % de trofoblastos e massa celular interna (MCI) foram determinados. A produção de embriões e a expansão dos COC foram avaliados por ANOVA, a maturação nuclear por Qui-quadrado e contagem de células por Kruskal-Wallis. Tanto a expansão dos COCs como a maturação nuclear [T1= 89,4% (68/86), T2= 83,5% (71/85); T3= 76,05% (54/71); T4= 67,9% (55/81)] não foram afetadas ($p>0,05$) pela presença de qualquer antioxidante. Da mesma forma a taxa de clivagem [T1=72±5% (84/116); T2=74±6% (97/131); T3=72±7% (88/122); T4=72±8% (84/117)], de blastocisto (T1= 35±7% (41/116); T2= 43±7% (56/131); T3= 30±14% (37/122); T4= 35±14% (41/117)], o número total de células (T1= 179±18; T2= 185±12; T3=181±11; T4= 186±11) e a porcentagem de MCI e células do trofoblasto do blastocisto foram semelhantes ($p>0,05$) entre todos os tratamentos. Conclui-se que os antioxidantes utilizados não melhoraram as condições de maturação e, conseqüentemente, os resultados da PIVE.

AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA DE PLANTAS TRANSGÊNICAS DE ALGODÃO, DESENVOLVIDAS PELA TECNOLOGIA DO RNA INTERFERENTE, AOS NEMATOIDES DAS GALHAS

Maria Paula Nascimento Martins
Maria Eugênia Lisei de Sa
Carolina Vianna Morgante
Maria Fátima Grossi De Sá

Meloidogyne incognita, denominado nematoide das galhas, é um endoparasita que causa grandes perdas na produção de culturas de interesse econômico, como a do algodão. Estes nematoides penetram nas raízes e estabelecem sítios de nutrição, denominados de células gigantes. Como principais sintomas, estão o espessamento de partes das raízes, denominado galha, redução do volume radícula, amarelecimento das folhas e redução do crescimento das plantas. Práticas de manejo integradas são necessárias para o controle deste fitonematoide, porém sua erradicação completa é praticamente impossível, pois permanecem por longos períodos nos solos. Uma estratégia promissora é o uso de cultivares resistentes, no entanto, para o algodoeiro, as fontes genéticas de resistência a *Meloidogyne* spp. são restritas. Uma alternativa é o uso de abordagens biotecnológicas para a ampliação das fontes de resistência e introduzi-las em programas de melhoramento genético da cultura. O objetivo deste trabalho foi o de avaliar a resistência de plantas transgênicas de algodão desenvolvidas pela tecnologia do RNA interferente (RNAi) para o silenciamento de genes do parasita, afetando negativamente seu desenvolvimento ou dificultando sua penetração nas raízes. Em experimentos em ambiente simulado de casa de vegetação, plantas transgênicas de algodão com 15 dias foram inoculadas com 1.000 juvenis J2 de *M. incognita* raça 3, multiplicados previamente em plantas de tomateiro. Todas as plantas tiveram sua transgenia confirmada pela amplificação, via PCR, do transgene e pela detecção da proteína transgênica em ensaios de imunoabsorção enzimática. Aos 90 dias após a inoculação, as plantas foram avaliadas por meio de uma escala visual de notas, levando em consideração a proporção de raízes com sintomas (galhas) e contagem do número de ovos. Apesar de ter sido observada uma redução moderada de raízes com sintomas, o fator de reprodução do nematoide nas plantas transgênicas sofreu redução de até 40%. Os resultados indicam que a tecnologia do RNAi é promissora no desenvolvimento de cultivares de algodão resistentes aos nematoides das galhas.

PERFIL DE EXPRESSÃO DE GENES ENVOLVIDOS NA SUSCETIBILIDADE NAS INTERAÇÕES *Brassica oleracea* var. *capitata* (REPOLHO) - *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* E *Phaseolus vulgaris* (FEIJÃO COMUM) - *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli*

Eduardo Andrade Franco Severo
Ivonaldo Reis Santos
Mariana Rocha Maximiano
Dayane Raquel De Moura
Osmundo Brilhante De Oliveira Neto
Adriane Wendland
Angela Mehta

Xanthomonas é um importante gênero de bactérias fitopatogênicas que afetam um amplo número de culturas de importância econômica. Entre as espécies de *Xanthomonas* que causam grandes prejuízos na agricultura, pode-se destacar a *Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc) e a *Xanthomonas phaseoli* pv. *phaseoli* (Xpp). Xcc é responsável pela podridão negra, doença de maior impacto econômico em crucíferas, enquanto a Xpp causa cretamento bacteriano comum na cultura do feijão e ocorre em quase todas as regiões produtoras de feijão do Brasil. Em ambas as doenças, as formas de controle mais comuns são o uso de sementes saudáveis, controle biológico, rotatividade de cultura e, principalmente, o uso de plantas resistentes, considerada como método de controle mais eficiente. Entretanto, as fontes de resistência disponíveis são bastante limitadas. Nesse contexto, este trabalho teve por objetivo a análise da expressão de genes possivelmente envolvidos na suscetibilidade nas interações Brassica - Xcc e Feijão - Xpp. Para este estudo, 19 genes potencialmente envolvidos na suscetibilidade foram selecionados a partir de uma extensiva busca na literatura. A partir disso, plantas de *Brassica oleracea* var. *capitata* cv. Veloce, suscetível à Xcc, e plantas de *Phaseolus vulgaris* cv. Olathe, suscetível à Xpp, foram cultivadas em casa de vegetação e inoculadas com Xcc ou Xpp ou com solução salina (condição controle). Posteriormente as folhas foram coletadas 24 horas após a inoculação e submetidas a extração de RNA total para a análise da expressão gênica relativa por qRT-PCR. A partir desse estudo, espera-se obter uma melhor compreensão acerca dos genes envolvidos na suscetibilidade nas interações envolvendo *Xanthomonas*.

BIOINSUMO A BASE DE EXTRATOS FOLIARES DE PLANTAS DA FAMÍLIA POACEAE COM POTENCIAL NO CONTROLE DE *Meloidogyne incognita*

Rebeka Vieira Câmara
Rejane Valeriano Da Silva
Paulo De Moraes Ferreira
Lucas Martins Saldanha
Thales Lima Rocha
Isabela Filgueira Campos
Laís Oliveira Dos Reis

O nematoide de galhas *Meloidogyne incognita* gera prejuízos milionários e prejudicam a produtividade agrícola, ameaçando a segurança alimentar de diversos países. Uma das principais formas de controle desses fitoparasitas inclui o uso de nematicidas a base de químicos sintéticos, os quais têm alto custo, são extremamente prejudiciais ao meio ambiente, à saúde humana e aos organismos benéficos do solo. A busca por alternativas mais sustentáveis cresce cada vez mais e o uso de biopesticidas com base em compostos fitoquímicos representa uma opção para substituir os agrotóxicos no futuro. Neste contexto, espécies de plantas da família Poaceae, encontradas nos biomas brasileiros, apresentam um amplo arsenal de metabólitos secundários biocidas. Assim, o objetivo deste trabalho foi obter e avaliar extratos crus aquosos (ECAs) de espécies de plantas da família Poaceae efetivos no controle de juvenis de segundo estágio (J2) de *M. incognita*. Para tanto, foram utilizadas folhas de plantas pertencentes aos gêneros *Paspalum* e *Brachiaria* procedentes do banco de Germoplasma da Embrapa. Os resultados dos bioensaios de viabilidade utilizando ECAs de *Paspalum* (8 espécies e um acesso) e de *Brachiaria* (6 acessos) paralisaram acima de 95% dos J2 de *M. incognita* para a concentração de (1000µg/mL-1), após 48 horas de exposição. No bioensaio de recuperação, que visa certificar a atividade (nematicida e/ou nematostática) foi observado uma atividade nematicida para os ECAs de folhas, com destaque para o acesso BBP17 de *Brachiaria* com mais de 85% dos juvenis mortos para cada uma das partes vegetais avaliadas. Ainda, em casa de vegetação foi comparada a suscetibilidade de plantas de soja (*Glycine max*) com a gramínea do gênero *Brachiaria* (BBP 17) sob ação invasora de nematoides. Os resultados indicaram valores dez vezes maiores de ovos para plantas de soja (aproximadamente 28.000 de ovos) em relação às plantas BBP 17 (cerca de 3.400 ovos). Esta diferença expressiva poderia indicar resistência da variedade BBP 17 ao nematoide das galhas.

USO DE BIOPESTICIDAS NANOFORMULADOS PARA O CONTROLE DO BICHO MINEIRO DO CAFEIRO

Vivian Dos Santos Lucena Leandro

Caroline Torres

Camila Ivo Conceição Vilarinho

Fernandes Junqueira

Juliana Dantas De Almeida

Erika Valéria Saliba Albuquerque Freire

O café é produzido por ~25 milhões de produtores no mundo e o Brasil é o maior produtor e exportador do grão. Esse consumo exponencial exige o desenvolvimento de tecnologias para assegurar a qualidade dos grãos, usando menos agrotóxicos. Por isso, uma alternativa é selecionar insumos sustentáveis capazes de contribuir para o manejo de pragas. O bicho-mineiro do cafeeiro (BMC) (*Leucoptera coffeella*) é um minador das folhas de *Coffea* sp. que provoca desfolha, comprometendo a capacidade fotossintética. Altas temperaturas e baixa umidade favorecem a taxa reprodutiva do BMC, tornando áreas produtoras localizadas no Cerrado Brasileiro, um cenário ideal para o desenvolvimento do lepidóptero, gerando perdas estimadas de até 87% da produtividade. Na tentativa de selecionar controle eficaz, atóxico ao meio ambiente e saúde humana, selecionamos biopesticidas de origem vegetal para o controle do inseto. Foram testados extratos de pergaminho (endocarpo do café) e *Lippia* sp. (erva-cidreira), ácido transaconítico, óleo de *Azadirachta indica* (neem), e óleo essencial de *Cymbopogon citratus* (capim-limão). Cafeeiros de 6 a 12 meses após a germinação foram tratados individualmente com: água, Cartap, biopesticida puro e biopesticida nanoformulado. Cada tratamento com 4 plantas e duas repetições individuais. Após aplicações e secagem natural das folhas, as plantas foram colocadas em gaiolas antiafídicas contendo pupas do BMC provenientes da criação mantida na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Após a emergência dos adultos, ocorre a reprodução, oviposição e formação de minas. Para acompanhar a eficiência do biopesticida, o número de ovos e minas são contados a cada 7 dias. Foi observado que pergaminho e erva-cidreira não apresentaram efeitos de controle ao bicho mineiro. Enquanto ácido transaconítico, neem e capim-limão reduziram número de ovos e minas, quando comparadas aos tratamentos com água. A partir desses dados, serão feitos novos experimentos com mais repetições e maior número de plantas em campo serão expostas aos biopesticidas promissores. Com isso, espera-se desenvolver nanobiopesticidas capazes de contribuir para o manejo do BMC.

EFEITO DA PRÉ-MATURAÇÃO COM MODULADORES DE ADENOSINA MONOFOSFATO CÍCLICA (AMPc) NA COMPETÊNCIA DE OVÓCITOS BOVINOS

Danielle Bárbara Pereira De Castro

Margot Alves Nunes Dode

Andrei Antonioni Guedes Fidelis

Ovócitos utilizados para a produção in vitro de embriões (PIVE) são imaturos e, quando removidos dos folículos, retomam automaticamente a meiose, o que leva a uma maturação nuclear precoce. Isso afeta a qualidade do ovócito e a sua capacidade de gerar embrião, reduzindo a eficiência da PIVE. O objetivo desse estudo foi avaliar o efeito do uso dos moduladores de AMPc, IBMX e NPPC, como inibidores de maturação nuclear de ovócitos bovinos na pré-maturação in vitro, visando aumentar a produção de embriões. Complexos cumulus-ovócito (CCO's) obtidos de ovários de abatedouro foram distribuídos em 3 tratamentos nos quais permaneceram por 6 e 22 horas: MIV (controle); pré-maturação com IBMX (IBMX) e pré-maturação com NPPC (NPPC). A retenção da maturação foi determinada às 6 e 22 horas (h) pelo estágio da meiose por coloração com lacmoide. Posteriormente, os grupos foram submetidos à fecundação e ao cultivo in vitro. O desenvolvimento embrionário foi avaliado pela taxa de clivagem em D2, de blastocisto em D6 e D7 e de eclosão em D8. Os dados foram analisados pelo Qui-quadrado. À 0 h, todos os ovócitos encontraram-se em estágio de vesícula germinativa (VG), e às 6 h o maior índice de retenção ($P < 0,05$) foi observada no grupo NPPC que apresentou 96,9% dos ovócitos em VG. Já às 22 h os grupos submetidos à retenção por IBMX e por NPPC apresentaram taxa de maturação nuclear menor ($P < 0,05$) do que o grupos controle, sendo de 67,2%, 65,6% e 83,8%, respectivamente. Para avaliação da produção de embriões, somente a pré-maturação por 6 horas foi utilizada. Não foi observada diferença ($P > 0,05$) entre os grupos para nenhum dos parâmetros embrionários. Concluiu-se que o uso de NPPC por 6 h durante a pré-maturação é capaz de inibir a retomada da meiose, mas o uso desse modulador na pré-maturação não afeta a produção in vitro de embriões bovinos.

SILENCIAMENTO DOS GENES Minc16803 E Minc03328 DE *Meloidogyne incognita* AFETA O PARASITISMO DO NEMATOIDE E REDUZA SUSCEPTIBILIDADE DE *Arabidopsis thaliana*

Valdeir Junio Vaz Moreira
Daniele Heloísa Pinheiro
Isabela Tristan Lourenço Tessutti
Marcos Fernando Basso Maria
Eugênia Lisei-De-Sá
Carolina Vianna Morgante
Maria Cristina Silva
Etienne G. J. Danchin
Patrícia Messemberg Guimarães
Priscila Grynberg
Ana Cristina Miranda Brasileiro
Leonardo Lima Pepino Macedo
Janice De Almeida Engler
Maria Fátima Grossi De Sá

Meloidogyne incognita é um dos mais importantes nematoides parasitas de plantas, causando graves perdas em diferentes culturas em todo o mundo. As plantas desenvolveram mecanismos de defesa complexos para responder aos ataques dos nematoides. Por outro lado, os nematoides desenvolveram mecanismos de infecção que envolvem a secreção de proteínas efetoras nas plantas hospedeiras para suprimir as respostas imunes e facilitar o parasitismo. Portanto, genes efetores são alvos atrativos para o desenvolvimento de plantas transgênicas resistentes à *M. incognita*. Neste estudo, caracterizamos funcionalmente os genes efetores Minc16803 e Minc03328 para avaliar suas funções biológicas durante a interação planta-nematoide. Primeiramente, verificamos que estes genes são expressos em todas as fases de vida do nematoide e codificam proteínas com um peptídeo sinal na região N-terminal para secreção e com ausência de domínio transmembranar. Além disso, nossos dados demonstraram que as linhagens transgênicas de *Arabidopsis thaliana* superexpressando Minc16803-dsRNA ou Minc03328-dsRNA reduziram eficientemente os transcritos alvos dos nematoides. As linhagens transgênicas foram significativamente menos suscetíveis a *M. incognita* em comparação com as plantas controles visto que o número de galhas por planta foi reduzido em até 85%, enquanto o número de massas de ovos por planta diminuiu em até 93,3%. Foi observado que as galhas e sítios de alimentação nas raízes das linhagens transgênicas foram menores do que aqueles presentes nas plantas controles. Análises histológicas das galhas provenientes das raízes transgênicas expressando Minc16803-dsRNA revelaram células gigantes sem citoplasma, células vizinhas desordenadas e nematoides malformados. Além disto, numerosos ppJ2s foram frequentemente observados ao lado de fêmeas adultas dentro dos tecidos radiculares. Semelhantemente, células gigantes sem conteúdo citoplasmático e nematoides com a cutícula aparentemente desintegrada foram observados nas galhas presentes nas linhagens Minc03328-dsRNA. Estes resultados sugerem que Minc16803 e Minc03328 são alvos promissores para o desenvolvimento de culturas transgênicas resistentes à *M. incognita* através da tecnologia de RNA de interferência.

AVALIAÇÃO DE BIOESTIMULANTE EM DIFERENTES CONCENTRAÇÕES NA IMPLANTAÇÃO DE CAFEZAL

Leonardo De Amorim Vidal
Juscimar Da Silva
Carime Vitória Da Silva Rodrigues
Juliana Dantas De Almeida
Erika Valéria Saliba Albuquerque Freire

Bioestimulantes são moléculas que auxiliam no desenvolvimento fisiológico e nutricional das plantas. A utilização de nanotecnologias nesse tipo de insumo tem sido cada mais adotada visando aumentar a sustentabilidade dos produtos por meio de soluções de inovação “verdes”. A cafeicultura possui um mercado consumidor cada vez mais exigente dessas soluções. A Embrapa é co-detentora de uma patente do uso como bioestimulante vegetal de uma nanopartícula a base de carbono orgânico e nitrogênio, chamada Arbolina[®], capaz de atuar como um potente promotor fisiológico de plantas quando aplicada de forma isolada. Para testar o possível efeito bioestimulante sobre o cafeeiro, foi realizado um experimento para determinar a melhor concentração dessa molécula em um cafezal em implantação. Diferentes concentrações de Arbolina[®] foram testadas na implementação de uma lavoura de café na área de campo experimental da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Em seus seis primeiros meses, as mudas plantadas receberam aplicações foliares mensais de 5 diferentes concentrações de Arbolina[®], além do controle negativo (aplicação com água) e do controle positivo (aplicação com Stimulate[®], regulador de crescimento mais adotado na cultura), em blocos casualizados, com três plantas por parcela. Foram avaliados mensalmente os seguintes parâmetros: diâmetro de caule, comprimento dos ramos ortotrópico e plagiotrópico médio, além desses foram comparadas as taxas fotossintéticas, condutância estomática, respiração, transpiração, eficiência no uso da água, concentração interna de CO₂, dos diferentes tratamentos. Foi observado um aumento no desenvolvimento de até 19% de ramos plagiotrópicos, 85% em ramos ortotrópicos e 40% no diâmetro de caule, nas plantas que receberam a Arbolina[®]. Com base nesses dados, será possível estabelecer uma concentração para testes em áreas já produtivas para avanço na recomendação da Arblina como bioestimulante para cafeeiros.

ESTUDO DA INCIDÊNCIA DE BICHO-MINEIRO DO CAFEIEIRO *Leucoptera coffeella* (BMC) NO CAMPO EXPERIMENTAL DA EMBRAPA CERRADOS

Caroline Rodrigues Torres
Adriano Delly Veiga
Vivian Dos Santos Lucena Leandro
Juliana Dantas De Almeida
Erika Valéria Saliba Albuquerque Freire
Anna Beatriz Cordeiro Dos Santos

O Brasil é o maior produtor de café do mundo, tendo uma produção estimada de 55,7 milhões de sacas para 2022. Entre os desafios a serem vencidos pela cadeia produtiva do café está a mariposa *Leucoptera coffeella* comumente conhecida como bicho-mineiro do cafeeiro (BMC). O BMC é um inseto holometábolo, cujo ciclo de vida contempla os estádios de ovo, larva, pupa e adulto. A responsável pelos danos à produção do café é a larva que se alimenta do mesófilo da planta, causando necrose e desfolha. Em algumas lavouras, a infestação com BMC chega a causar perdas de 70% da produção. Em grande parte das plantações infestadas com BMC o manejo ainda é feito principalmente com defensivos agrícolas convencionais, que podem contaminar o solo, afetar espécies não-alvo e selecionar populações resistentes. Atendendo à demanda cada vez maior por produtos livres de agrotóxicos, nosso grupo tem se dedicado a busca por alternativas verdes para o controle do BMC. Essa estratégia requer a realização de bioensaios com insetos adultos para validar bioinseticidas candidatos. Porém, informações mais detalhadas sobre a incidência de BMC no campo são necessárias. Esse trabalho visa o estudo da incidência de BMC no campo com o objetivo de aperfeiçoar um método de criação do inseto e implementar testes a campo. Durante os meses de julho, agosto e setembro foram observadas semanalmente a quantidade de ovos, minas (lesões causadas pela larva do BMC) e crisálidas. Os dados obtidos mostram que em julho e setembro há maior incidência de larvas, enquanto que a quantidade de pupas viáveis permaneceu estável durante todo o período avaliado. Já a quantidade de ovos apresentou uma leve alta em setembro. Esses dados vão contribuir para determinar a época mais adequada para a realização de experimentos e coletas a campo na área de Cerrado do DF.

TRANSFORMAÇÃO GENÉTICA DE *Nicotiana tabacum* VISANDO A VALIDAÇÃO DE PROMOTORES RESPONSIVOS A INFECÇÃO POR NEMATOIDES DAS GALHAS (*Meloidogyne incognita*)

Camila Ivo Conceição Vilarinho Fernandes Junqueira

Emanuel Felipe Medeiros De Abreu

Caroline Rodrigues Torres

Erika Valéria Saliba Albuquerque Freire

Michel Eduardo Beleza Yamagishi

Juliana Dantas De Almeida

Nematoides das galhas (*Meloidogyne incognita*) são fitoparasitas que acarretam perdas significativas nas principais culturas ao redor do mundo. Atualmente, os defensivos químicos nematicidas são as principais alternativas de controle dessa praga. Contudo, possuem ação sistêmica e conseqüentemente efeito residual, tornando-os prejudiciais ao meio ambiente e a saúde humana. A identificação, caracterização e validação de genes e promotores envolvidos nos mecanismos de defesa a esse fitoparasita são de grande relevância no desenvolvimento de estratégias para a obtenção de cultivares resistentes por meio de transgenia ou edição gênica. Os promotores são sequências regulatórias de DNA de aproximadamente 2 Kb que atuam na expressão gênica. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi isolar, caracterizar e validar em tabaco (*Nicotiana tabacum*) a região promotora de dois genes superexpressos sob infestação de nematoides. As sequências regulatórias foram selecionadas utilizando o programa Phytozome, sintetizadas e clonadas no vetor pCambia 2301 contendo o gene repórter GUS (β -glucuronidase) e gene de resistência a canamicina (NPT II). A construção foi inserida em *Agrobacterium tumefaciens*, cepa GV 3101, e utilizada na transformação genética de tabaco. Discos foliares de *N. tabacum* com aproximadamente 9 mm de diâmetro foram utilizados como explantes para a transformação. A regeneração dos brotos GM (geneticamente modificados) foi realizada com Canamicina na concentração de 100 mg/L em Meio MS semi sólido (Murashige&Skoog), suplementado com 3% de sacarose e 1 mg/L de BAP (benzilaminopurina). Os brotos regenerados foram transferidos para meio de enraizamento contendo Meio MS suplementado com 3% de sacarose e 0,8% de ágar sem agente seletivo. Até o presente momento, a taxa de brotos regenerados em meio seletivo e de enraizamento foi de 24 e 52 %, respectivamente. Como perspectiva, serão realizados testes de PCR para avaliação da taxa de transformação e expressão do gene repórter em plantas GM desafiadas com *M. incognita*, raça 3.

AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE ANTIFÚNGICA DO PEPTÍDEO OsmpepA EXPRESSO EM TOMATEIRO MICRO-TOM

Lucas Bastos Dos Santos
Loeni Lüdke Falcão
Joseilde Oliveira Silva Werneck
Lucilia Helena Marcellino

OsmpepA é um peptídeo derivado da proteína osmotina de cacau e possui ação antimicrobiana in vitro contra *Moniliophthora perniciosa*, *Fusarium solani* F. sp. *glycines* e *Colletotrichum gossypii*, sendo capaz de inibir a germinação de esporos e o crescimento do micélio destes fungos. Plantas transgênicas de tomateiro Micro-Tom (MT-PepA-chi) expressando este peptídeo foram previamente obtidas para avaliação de sua atividade in planta. O objetivo deste trabalho foi estabelecer um bioensaio para tomateiro MT vs *F. oxysporum* F. sp. *lycopersici*, raça 3, e avaliar a atividade antifúngica de OsmpepA in planta. Para tal, MT-PepA-chi foi utilizado para bioensaios com o referido fungo. Os bioensaios foram realizados utilizando esporos produzidos em arroz e inoculados nas plantas. Inicialmente, mudas de cerca de 20 dias foram retiradas do substrato, as raízes lavadas em água e cerca de 2 cm das pontas cortadas. Em seguida, as raízes foram mergulhadas por 3 min em suspensão de esporos (10^8 /mL) e, então, as mudas foram plantadas em mistura de substrato e terra (1:2) e adicionados 5 mL de suspensão de esporos. Após cerca de 60 dias, as plantas foram avaliadas com relação aos sintomas, usando como controle as plantas não inoculadas (NI). A avaliação dos sintomas foi realizada pela observação de lesão na região vascular após corte longitudinal do caule, próximo à raiz. Além disso, foi realizada a medição de altura das plantas, a contagem e pesagem dos frutos. Pela lesão no caule, observou-se que o fungo foi capaz de infectar as plantas, porém não houve alteração significativa na produção de frutos ou na altura da planta, podendo indicar eventual proteção gerada pela atividade antimicrobiana de OsmpepA. Entretanto, outros ensaios são necessários para confirmar esse dado. Outros bioensaios serão realizados com MT não transformado, assim como com outras linhagens transgênicas, para validação dos resultados.

FATORES QUE AFETAM OS RESULTADOS DA TRANSFERÊNCIA INTRAFOLICULAR DE OVÓCITOS IMATUROS (TIFOI): A INJEÇÃO É IMPORTANTE?

Otávio Augusto Costa De Faria
Nayara Ribeiro Kussano
Lucas Costa De Faria
Danielle Bárbara Pereira De Castro
Letícia Prates Martins
José Felipe Warmling Sprícigo
Margot Alves Nunes Dode

Embora a transferência intrafolicular de ovócitos imaturos (TIFOI) represente uma alternativa interessante para a produção de embriões in vivo, sua eficiência ainda é muito baixa. Este estudo teve como objetivo avaliar se a injeção, o número de ovócitos injetados e a qualidade da injeção afetam o tamanho do folículo e a recuperação dos ovócitos após a injeção. Trinta novilhas Nelore foram sincronizadas conforme descrito por Faria et al., 2021 (Reprod Fertil Dev. 2021 Mar; 33(5):372-380) e 30 h após a retirada do dispositivo de progesterona (D9.5) o folículo dominante de todos os animais foi medido por ultrassonografia. Os animais foram então distribuídos em 4 grupos: 1. controle (sem injeção - NI); 2. TIFOI-0: injeção de 60 µL de PBS; 3. TIFOI-25: injeção de 60 µL de PBS +25 CCOs e 4. TIFOI-50: injeção de 60 µL de PBS +50 CCOs. A qualidade da injeção foi classificada como: grau 1 - posicionamento da agulha no centro do folículo, com a visualização das estruturas sendo depositadas em um ritmo constante, sem a percepção de regressão do folículo após a retirada da agulha; grau 2 - injeção na periferia do folículo, com a visualização das estruturas sendo depositadas aceleradamente, causando em efeito de “vórtex”, ou muito lentamente, quase imperceptível após a injeção, e/ou mais de uma injeção no mesmo folículo, e ao retirar a agulha, percepção de regressão do folículo logo após o procedimento. Após 22 horas da TIFOI, os folículos injetados foram mensurados e os CCOs recuperados por OPU. A injeção causou redução ($P<0,05$) no diâmetro e volume do folículo, independentemente, do número de CCOs injetados. Porém, nenhuma diferença ($P>0,05$) foi observada entre TIFOI-25 e TIFOI-50, contudo, quando a qualidade da injeção foi considerada, uma diferença ($P<0,05$) na taxa de recuperação foi observada entre o grau 1 e 2. Os resultados sugerem que a própria injeção afeta o folículo, estando provavelmente envolvida na baixa eficiência da técnica.

Pedro Souza Berbert
Andressa Da Cunha Quintanda Martins
Matheus Nascimento De Aguiar
Renan Miguel Dos Anjos
Ana Cristina Miranda Brasileiro
Patrícia Messemerberg Guimarães

A engenharia genética de plantas obteve significativos avanços nas últimas décadas. Por meio do desenvolvimento da tecnologia de edição de genomas foi criada uma nova ferramenta para manipulação precisa de genes. Com o advento do sistema CRISPR/Cas9 e a utilização do sistema modelo *Arabidopsis thaliana* surgiu uma excelente plataforma para a validação de vetores na edição de genomas de plantas. As expansinas são importantes proteínas envolvidas no relaxamento da parede celular, relacionadas tanto no crescimento celular como no desenvolvimento de frutos. As expansinas estão divididas em quatro famílias sendo que em *A. thaliana* a subfamília expansina-like B (EXLB) tem somente um representante AtEXLB1. O presente trabalho teve como objetivo a construção de um vetor de CRISPR/Cas9 para o silenciamento do gene AtEXLB1. A sequência genômica da expansina foi obtida do banco de genes de *A. thaliana* (TAIR). Para a localização do alvo e identificação do RNA guia (sgRNA) foi utilizado o programa Chop-Chop (Versão3). O vetor de nocaute foi construído sob a estrutura do vetor binário pPZP-BAR. O sgRNA de AtEXLB1 foi clonado sob o controle do promotor e terminador U6. O vetor contém outros dois cassetes, do eGFP e do BAR que confere resistência ao herbicida glufosinato (GA). Para a transformação de *A. thaliana* utilizando o método de Floral Dip foi utilizada a cepa de *Agrobacterium tumefaciens* (GV3101). Para selecionar os eventos transgênicos T0 foi utilizado o marcador de seleção. As plantas resistentes às aplicações do GA foram confirmadas por meio de PCR e analisadas quanto à edição no sequenciamento. De um total de 17 eventos positivos após a detecção da Cas9, sete foram identificados como editados com base no perfil de sequenciamento. Plantas com edições confirmadas produziram sementes T1, que foram germinadas e estão sendo analisadas. A tecnologia de edição de genoma transformou a pesquisa por sua capacidade de modificar com precisão genomas. Análises demonstraram que nas linhagens transgênicas obtidas foi encontrada boa frequência de edição.

EFEITO DA AGULHA UTILIZADA NA TIFOI NA RECUPERAÇÃO E QUALIDADE DOS OVÓCITOS

Ana Caroline Chaves Vall Nicolás

Otávio Augusto Costa De Faria

Ivo Pivato

Margot Alves Nunes Dode

A Transferência Intrafolicular de Ovócitos Imaturos (TIFOI) surgiu como uma alternativa para produção de embriões bovinos. Apesar de ser uma técnica muito promissora, os resultados obtidos até o momento não são satisfatórios para seu uso em escala comercial. Portanto, é importante avaliar todas as etapas para identificar quais as que mais impactam negativamente na recuperação dos embriões. Este estudo objetivou avaliar quais as condições de injeção mais adequadas para aumentar a recuperação de ovócitos, mantendo a sua qualidade após a TIFOI. Para isso, foram testadas quatro diferentes agulhas (27G Dentista, 27G WTA, 27G Controle e 30G), utilizando 25 complexos-cumulus-ovócitos (CCOs) em gota de 20 μ L de meio PBS. Os ovários foram coletados de abatedouros locais e os folículos com diâmetro $>$ do que 9 mm foram utilizados para os testes. No momento da injeção, foi avaliado a resistência na penetração do folículo (1, 2 ou 3), o refluxo a partir do orifício provocado pela injeção (1, 2 ou 3) e se ficaram ovócitos retidos no sistema. Após a injeção, os folículos foram aspirados e os CCOs avaliados quanto a taxa de recuperação e a taxa de desnudamento. Com relação aos parâmetros de resistência e refluxo, não houve diferença entre as agulhas avaliadas ($p>0,05$). A taxa de recuperação foi maior com as agulhas 27G Dentista (92%) e 27G Controle (82%), do que com a agulha 30G (64%). Já a agulha 27G WTA (76%) teve recuperação semelhante ($P>0,05$) às demais agulhas testadas. Quanto desnudamentos dos ovócitos, as agulhas 27G WTA e 27G Controle tiveram as menores taxas (36,5%^b e 39,2%^b), enquanto a agulha 30G (85,8%^a) apresentou a maior taxa ($P<0,05$). Entretanto a porcentagem de ovócitos desnudados pelo uso da agulha 27G Dentista (82,9%) não diferiu de nenhuma das outras agulhas ($P>0,05$). Conclui-se que a agulha 27 G controle é a mais indicada para ser utilizada na TIFOI.

EFEITOS DA TEMPERATURA DE DESCONGELAMENTO E ARMAZENAMENTO NA VIABILIDADE ESPERMÁTICA DE TOUROS NELORES E HOLANDESES

Lucas Costa De Faria
Bruno De Oliveira Pereira
Ivo Pivato
Bruna Mion
José Felipe Warmling Sprícigo
Margot Alves Nunes Dode

Apesar da inseminação artificial ser bem estabelecida e utilizada rotineiramente, etapas críticas como o descongelamento ainda precisam ser melhoradas. Este estudo investigou o efeito da temperatura de descongelamento na viabilidade de sêmen bovino. Sêmen de touros nelore (n=5) e holandês (n=5). Foi descongelado a 37°C ou a 4°C e mantidas na mesma temperatura por até 8 horas. As amostras foram avaliadas as 0, 2, 4, 6, e 8h quanto a motilidade total (MT) e motilidade progressiva (MP) pelo CASA e integridade de membrana (IM) e de acrossomo (IA) por citometria de fluxo. Os dados foram analisados por ANOVA em fatorial 2X2 (raça, temperatura de descongelamento e interações). A MT foi afetada pela raça e tempo ($P<0.05$), diminuindo ao longo do tempo ($P<0.05$) para o sêmen de nelore (0h= 78,4% vs 8h= 50,6%) e holandês (0h= 63,4% vs 8h= 30,2%), quando descongelados a 37°C. Contudo, o tempo não afetou MT ($P>0.05$) quando o sêmen de nelore (0h= 62,2% vs 8h= 65,5%) e de holandês (0h= 43,8% vs 8h= 39,6%) foram descongelado à 4°C. Quanto a MP, com exceção do grupo holandês, o sêmen descongelado a 37°C sofreu diminuição progressiva ao longo do tempo ($P<0.05$), sendo que às 8h foi semelhante nos três grupos (Nelore 4°C=24,8%; Nelore 37°C= 26,6%; Holandês 4°C= 26,6%). A IA e IM foram também afetadas pelo tratamento e pelo tempo ($P<0.05$). O percentual de espermatozoides com acrossomo e membrana íntegros foi similar entre todos os grupos às 0h ($P>0.05$) e permaneceu assim até a 2ª hora de avaliação ($P>0.05$), quando foi observado uma queda de IA e IM no sêmen de nelore e holandês descongelado a 37°C ($P<0.05$), mas não nos descongelados à 4°C ($P>0.05$). Conclui-se que ocorre uma perda da qualidade do sêmen ao longo do tempo, independente da raça e da temperatura de descongelamento. Contudo, o descongelamento/armazenamento a 4°C é capaz de manter a qualidade espermática por mais tempo durante a incubação que o 37°C.

EXPRESSÃO DO PEPTÍDEO ANTIMICROBIANO DS01 EM *Komagataella phaffii*

Flávia Cabral Netto Resende
Carlos Bloch Júnior
Fernando Araripe Gonçalves Torres

Peptídeos antimicrobianos (PAMs) são moléculas geralmente catiônicas e anfífilas encontradas em uma grande variedade de organismos, de bactérias a vertebrados. Essas moléculas apresentam atividade contra microrganismos e possuem baixa citotoxicidade para células eucarióticas, tornando-os uma possível alternativa para os antibióticos convencionais. DS01, um PAM de 29 resíduos de aminoácido descrito por Brand et al. (2002) possui uma massa molecular de 2793.39 Da. Esse peptídeo faz parte da família das Dermaseptinas, encontrada na secreção cutânea de anuros da subfamília *Phyllomedusinae*. O presente trabalho objetiva a produção heteróloga de DS01 na levedura *Komagataella phaffii* (*Pichia pastoris*) e sua caracterização estrutural e funcional. Inicialmente, células de *Escherichia coli* foram transformadas com plasmídeos comerciais contendo um cassete de expressão construído usando a estratégia do fator alfa de acasalamento de levedura. Os cassetes são constituídos de quatro repetições da sequência da DS01, que substituem os módulos do fator alfa de acasalamento de levedura nativo, separadas por sítios de clivagem de KEX2 e de Ste13. As células foram plaqueadas e cultivadas em meio LB previamente ao isolamento do DNA plasmidial com o kit de midiprep da Qiagen. Os plasmídeos foram digeridos com as enzimas de restrição XhoI e NotI overnight a 37°C. Os cassetes de expressão foram purificados do gel de agarose e clonados no vetor de expressão em *Pichia* pK-IId. O novo plasmídeo foi nomeado pKDS01. Novamente, *E. coli* foram transformadas para a multiplicação plasmidial e o plasmídeo pKDS01 foi obtido. O vetor pKDS01 foi linearizado com SacI para o protocolo de transformação de levedura. O próximo passo será transformar células de *K. phaffii* (M12) e expressar o peptídeo. Agradecimentos: EMBRAPA-CENARGEN, CNPq, UnB.



Controle Biológico

ANÁLISE DE INFERÊNCIA FILOGENÉTICA BASEADO EM ORTOLOGIA DE GENOMAS DO GÊNERO *Lysinibacillus*

Vanessa De Araujo Clifford
Rutiane Moreira De Jesus Costa
Paulo Roberto Martins Queiroz
Roberto Coiti Togawa
Priscila Grynberg

Bactérias do gênero *Lysinibacillus* apresentam o aminoácido L-lisina em sua parede celular e são usados no controle biológico de insetos da ordem Diptera. Mais de 200 genomas já estão disponíveis no NCBI, mas aproximadamente 30% não possuem a espécie definida, e pode haver erros de classificação taxonômica. Estudos anteriores do nosso grupo mostraram que análises de genômica comparativa através de ortologia são uma excelente ferramenta para a classificação taxonômica de genomas. O objetivo deste trabalho foi analisar genomas deste gênero disponíveis no NCBI, além de dois genomas de isolados na coleção de bactérias entomopatogênicas da Embrapa Cenargen, através dos estudos de grupos ortólogos para confirmar as identificações em nível de espécie. Para isso, 79 genomas referentes a 20 espécies de *Lysinibacillus*, incluindo 28 genomas classificados em nível de gênero, totalizando 351.548 sequências proteicas, foram analisadas com o programa Orthofinder para identificação de ortogrupos obtidos através das inferências de genômica comparativa baseado nestes dados. Os webservers ClustVis e iTOL foram usados para a visualização gráfica dos resultados e para a visualização das árvores filogenômicas, respectivamente. As métricas ANI (Average nucleotide identity) e dDDH (digital DDH) foram calculadas. Um total de 343.548 (97,7%) de genes foram inseridos em um dos 12.598 ortogrupos de proteínas definidos pelo Orthofinder, sendo que 185 contém genes de todos os genomas analisados. A árvore filogenética e os valores de ANI e dDDH mostraram que existem erros na classificação de alguns genomas, como a *L. sphaericus*, com indício de que há quatro espécies distintas, além de outros quatro genomas que não apresentam valores mínimos de ANI para serem considerados *L. sphaericus*. Esse resultado é importante e indica a necessidade de revisar os métodos de identificação morfológica e molecular desta importante espécie. Por fim, encontramos indícios de que oito genomas de *L. sp.* podem ser espécies inéditas, e 20 poderiam ser anotadas em nível de espécie, sendo que seis genomas depositados no NCBI pertencem à espécie *L. capsici*.

ANÁLISE E RECONSTRUÇÃO DAS VIAS METABÓLICAS DE GENOMAS DA FAMÍLIA BACILLACEAE

Vanessa De Araujo Clifford
Rutiane Moreira De Jesus Costa
Paulo Roberto Martins Queiroz
Roberto Coiti Togawa
Priscila Grynberg

As bactérias da família Bacillaceae possuem a característica distintiva de formar endosporos, estrutura que as tornam resistentes a situações de estresses abióticos. Elas são encontradas em diversos ambientes naturais, como solo, sedimentos, ar, hospedeiros invertebrados e vertebrados, água doce e salgada, fontes térmicas, comidas, dentre outros. Muito se sabe sobre as diferenças morfológicas entre os gêneros, no entanto quase não há trabalhos sobre as diferenças metabólicas, ou seja, os produtos do metabolismo de determinado organismo. Este trabalho teve como objetivo reconstruir os metabolomas a partir dos genomas sequenciados pela Embrapa Cenargen e identificar as reações que ocorrem exclusivamente no gênero *Lysinibacillus*, em comparação com *Priestia* e com os grupos de espécies pertencentes a *Bacillus cereus* senso lato e *B. Subtilis*. Para isso, 15 genomas foram analisados com o programa gapseq a fim de identificar e compreender as diferenças entre os gêneros filogeneticamente próximos. As enzimas encontradas em cada genoma foram analisadas por gráficos de Venn a fim de identificarmos as comuns e as específicas de cada gênero ou grupo. Gráficos do tipo heatmap foram gerados com o webserver ClustVis a fim de melhorar a visualização e o entendimento sobre a presença/ausência dessas enzimas. Os resultados mostraram que 857 enzimas são comuns aos quatro grupos, no entanto encontramos 42 enzimas específicas de *Lysinibacillus*, 42 enzimas específicas de *Priestia*, 76 enzimas específicas de *B. subtilis* e 82 específicas de *B. cereus* senso lato. Uma das enzimas encontradas apenas no grupo das *Lysinibacillus* é chamada de oxidação da espermina e, além de ser produzido naturalmente pelas espécies desse gênero, eles também podem ajudar a planta contra estresses oxidativos, osmóticos e ataque de predadores. Além disso, existe também a enzima Tirosinase encontrada apenas no grupo *Priestia*. Elas são responsáveis por produzir quinonas que formam oligômeros insolúveis em água, além de serem bastante importantes em aplicações biotecnológicas. Esses resultados mostram o potencial deste tipo de análise no entendimento sobre estas bactérias.

ANÁLISE DE INFERÊNCIA FILOGENÉTICA BASEADO EM ORTOLOGIA DE GENOMAS DO GRUPO DA ESPÉCIE *Bacillus pumilus*

Rutiane Moreira De Jesus Costa
Vanessa De Araujo Clifford
Roberto Coiti Togawa
Paulo Roberto Martins Queiroz
Priscila Grynberg

O gênero *Bacillus* é atualmente um dos mais estudados dentre os procariotas. Suas variadas espécies apresentam características fenotípicas e fisiológicas diferentes entre si. *B. pumilus*, uma espécie promotora do crescimento de plantas, é também promissora no controle de doenças e de estresses abióticos. Estudos anteriores do nosso grupo mostraram que análises de genômica comparativa através de ortologia são uma excelente ferramenta para a classificação taxonômica de genomas. O objetivo deste trabalho foi analisar genomas próximos filogeneticamente da espécie *B. pumilus* disponíveis no NCBI, além de três genomas de isolados na coleção de bactérias entomopatogênicas da Embrapa Cenargen, através dos estudos de grupos ortólogos para confirmar as identificações em nível de espécie. Para isso, 45 genomas referentes a 8 espécies de *Bacillus*, totalizando 168.818 sequências proteicas, foram analisadas com o programa Orthofinder para identificação de ortogrupos obtidos através das inferências de genômica comparativa baseado nestes dados. Os webservers ClustVis e iTOL foram usados para a visualização gráfica dos resultados e para a visualização das árvores filogenômicas, respectivamente. As métricas ANI (Average nucleotide identity) e dDDH (digital DDH) foram calculadas. Um total de 164.929 (98.9 %) de genes foram inseridos em um dos 5.379 ortogrupos de proteínas definidos pelo Orthofinder, sendo que 993 contêm genes de todos os genomas analisados. A árvore filogenética e os valores de ANI e dDDH mostraram que existem erros na identificação de dois genomas de *B. pumilus*, sendo que os dados indicaram ser *B. altitudinis*. Esse resultado é importante e indica a necessidade de revisar os métodos de identificação morfológica e molecular deste gênero.

IDENTIFICAÇÃO DE ncRNAs PARA CONSTRUÇÃO DE PRIMERS ESPÉCIE-ESPECÍFICOS DO GÊNERO *Bacillus*

Rutiane Moreira De Jesus Costa

Paulo Roberto Martins Queiroz

Roberto Coiti Togawa

Priscila Grynberg

As espécies *Bacillus velezensis* e *Bacillus amyloliquefaciens* pertencentes ao gênero *Bacillus*, são de grande importância no meio científico por sua aplicação e eficácia em estudos de controle de pragas em plantas. A pesquisa consiste na busca e validação por PCR em tempo real (qPCR) de genes marcadores de espécies de interesse de *Bacillus* a partir de dados de genômica comparativa, esse método amplia as sequências de nucleotídeos-alvo o que permite e facilita a quantificação gênica nas amostras e ajuda na identificação correta das espécies. As sequências de DNA serão amplificadas com os Primers, que são sequências complementares àquelas encontradas nos locais do genoma. O objetivo deste trabalho foi identificar regiões de ncRNAs, moléculas de RNA funcional que não são traduzidas em nenhuma proteína, nos genomas de espécies do gênero *Bacillus* e avaliar a possibilidade de desenhar pares de primers espécie-específicos visando a ampliação das sequências para estudos de diversidade genética. Foi utilizado o Prokka para anotação do genoma, em seguida utilizou-se o Blast (NCBI) para a identificação, extração e comparação de cada sequência contra os genomas das outras espécies de *Bacillus*. Foram encontradas 1 região candidata em *B. velezensis* JS25R, 1 região de alinhamento com mismatches em *B. siamensis* KCTC 13613, 5 regiões em *B. amyloliquefaciens* TA208, 2 regiões em *B. nakamurai* NRRL B-41091 e nenhuma região em *B. amyloliquefaciens* IT45. Todas as regiões encontradas poderão ser utilizadas no desenvolvimento de Primers para qPCR visando a diferenciação taxonômica entre as espécies.

INFLUÊNCIA DOS VOLÁTEIS EMITIDOS POR FRUTOS E INFLORESCÊNCIAS DE MANGUEIRAS NO COMPORTAMENTO DA BROCA-DA-MANGA *Sternochetus mangiferae* (Coleoptera: Curculionidae)

Marcelly Ribeiro Serdeira Garcia
Miguel Borges
Raúl Alberto Laumann
Maria Carolina Blassioli Moraes

Sternochetus mangiferae é um inseto-praga da manga comum em países da África e Ásia, e foi detectado no Rio de Janeiro em 2014, sendo considerado uma praga quarentenária para o país. O Brasil é o 5º maior exportador de manga no mundo, assim existe a preocupação de controlar a população deste inseto no país. Os semioquímicos como os feromônios dos insetos, bem como os caimônios emitidos pelas mangueiras podem ser utilizados em armadilhas para o monitoramento e controle da espécie. Desta forma, o objetivo do trabalho foi avaliar a resposta comportamental de fêmeas e machos de *S. mangiferae* aos voláteis emitidos por frutos e inflorescências de manga. Para isso foi avaliada a resposta dos insetos em olfatômetros de dupla escolha usando os seguintes tratamentos: extratos de aeração do fruto maduro ou verde, extratos de aeração da inflorescência e da casca da manga. Uma alíquota de 10 µL de um dos tratamentos foi colocada em um pequeno pedaço de papel de filtro e, inserido em uma seringa de vidro conectada a um dos braços do olfatômetro. No outro braço foi utilizado um papel de filtro contendo 10 µL de hexano. Uma outra estratégia foi utilizar como liberador um septo de borracha, que foi impregnado com 10 compostos voláteis selecionados dos frutos. Os bioensaios com o septo foram contrastados com ar. Foi avaliada a resposta de insetos no fotoperíodo circadiano normal e mantidos em fotoperíodo invertido. Os parâmetros avaliados nos bioensaios foram a primeira escolha (teste X²) e o tempo de residência (teste t pareado). Machos e fêmeas não mostraram preferência aos voláteis de inflorescência ou frutos quando apresentados no papel de filtro ou no liberador de septo de borracha. Mas as fêmeas do ciclo invertido permaneceram mais tempo no braço contendo os voláteis do fruto emitido do septo ($p = 0.023$). Os resultados indicam que a taxa de liberação pode influenciar a resposta dos insetos.

ESTIRPES DE *Bacillus* SPP. COM POTENCIAL PARA CONTROLE DE *Fusarium oxysporum* E ATIVIDADE PROMOTORA DE CRESCIMENTO VEGETAL

Jônatas Barros Dos Santos
Leticia Costa Geraldo
Letícia Oliveira Dias
José De Oliveira Cruz
Rose Gomes Monnerat

Doenças fúngicas causam danos às culturas agrícolas em todas as fases de produção. *Fusarium oxysporum* é um patógeno de solo que infecta várias culturas podendo levar a morte de plantas e possui difícil controle pelos métodos tradicionais. Os objetivos desse trabalho foram selecionar estirpes de *Bacillus* spp., com potencial para o controle de *F. oxysporum* por meio de pareamento em placa; avaliar a detecção da capacidade de solubilização de fosfato e quantificar a produção de ácido indolacético (AIA), hormônio de crescimento vegetal. As estirpes de *Bacillus* foram cultivadas em meio EMBRAPA líquido por 72h a 200rpm. O ensaio de pareamento foi realizado colocando-se um disco de cultura fúngica no centro de uma placa de Petri contendo meio BDA/ME e 10µl de bactéria inoculada em 4 pontos equidistantes no meio e com avaliação realizada ao sétimo dia. A capacidade de solubilização de fosfato foi avaliada visualmente aos 3 e 7 dias, por meio de inoculação de 20µl das bactérias em quatro pontos da placa contendo meio NBRIP e incubadas a 28 °C. A formação do halo ao redor da colônia confirma a solubilização. A produção de AIA foi determinada por método colorimétrico. As bactérias foram cultivadas em meio DYGS suplementadas com L-Triptofano. Posteriormente, a cultura bacteriana foi centrifugada e 500 µL do sobrenadante foram transferidos para tubos de ensaio e adicionado 1 mL do reagente de Salkowski. A leitura da absorbância foi realizada em espectrofotômetro com comprimento de onda de 530 nm e determinada por meio de uma curva de calibração. Dentre 18 estirpes selecionadas, 4 apresentaram alto índice de inibição fúngica a *F. oxysporum*, (49, 204, 206, 2785). Dessas as 18 estirpes selecionadas, a 49 e a 2785 apresentaram capacidade de solubilização de fosfato in vitro. A produção de AIA variou de 5,4 a 8,9 µg/ml dentre as 4 estirpes selecionadas. Obteve-se estirpes com potencial para controle de *F. oxysporum* e que apresentaram características relacionadas à promoção de crescimento vegetal.

IDENTIFICAÇÃO DO FEROMÔNIO SEXUAL DO PERCEVEJO PRAGA DO ARROZ *Glypheapomis spinosa* CAMPOS & GRAZIA (Hemiptera: Pentatomidae)

João Victor Costa Machado
Maria Carolina Blassioli Moraes
Miguel Borges
Raúl Alberto Laumann
Mirian Fernandes Furtado Michereff
José Alexandre Freitas Barrigossi
Sayuri Cristi na Santos Takada Da Silva
Ashot Khrimian

Segundo a FAO o arroz está dentre os 10 alimentos mais consumidos no mundo, sendo um dos alimentos básicos na população brasileira. O ataque do percevejo do grão *Glypheapomis spinosa* é uma ameaça à produção. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar o feromônio sexual deste percevejo e avaliar o seu potencial para uso no manejo e controle dessa espécie. Para isso, foram conduzidas coleta de voláteis emitidos por machos e fêmeas usando a técnica da aeração forçada. Os insetos, separados por sexo, foram colocados em câmaras de vidro e os voláteis coletados a cada 24 horas em adsorvente Porapak Q. Os extratos de aeração dos machos, que apresentaram possíveis compostos feromonais foram fracionados em coluna de sílica gel usando solventes de diferentes polaridades. Os extratos e suas frações foram analisados por CG-DIC e CG-EM. Para identificar a configuração absoluta dos compostos feromonais foi conduzida análise por GC- com coluna quirál. Para avaliar o potencial da atividade biológica do feromônio foram conduzidos bioensaios em olfatométrica de dupla escolha usando os insetos vivos como fonte de odor, e para avaliar o potencial de atração do feromônio foram conduzidos bioensaios com os extratos de aeração, frações do extrato de aeração e soluções sintéticas dos componentes feromonais. A análise química dos extratos de aeração mostrou que machos produzem quatro compostos específicos, não identificados nas fêmeas: dois isômeros de 1,10-bisaboladien-3-ol (zingiberenol) e dois isômeros do sesquiperitol. A análise com GC-quirál mostrou que os machos de *G. spinosa* produzem os isômeros (3S,6S,7R) e (3R,6S,7R) do zingiberenol. Os resultados dos bioensaios mostraram que somente as fêmeas foram atraídas ao odor e ao extrato de aeração dos machos. As fêmeas também foram preferencialmente atraídas tanto para o zingiberenol como para o sesquiperitol, mas não se observou sinergismo quando estes dois compostos foram combinados. Assim, ambos componentes fazem parte do feromônio sexual desta espécie, resultado que pode viabilizar o uso pelos agricultores, pois diminuirá os custos de produção.

AVALIAÇÃO DA ATRATIVIDADE DA MOSCA-DOS-ESTÁBULOS (*Stomoxys calcitrans*) A VOLÁTEIS LIBERADOS POR SUBPRODUTOS DA CANA-DE-AÇÚCAR

Beatriz Guedes Carneiro Dos Santos

Miguel Borges

Raúl Alberto Laumann

Maria Carolina Blassioli Moraes

Michely Aquino

Thadeu Medeiros De Barros

Stomoxys calcitrans (Diptera: Muscidae) popularmente conhecida por mosca-dos-estábulo, está associada principalmente a bovinos. Por possuir hábito hematófago, causa prejuízos aos rebanhos reduzindo o ganho de peso e a produção de leite. *S. calcitrans* pode se desenvolver em locais onde há acúmulo de resíduos orgânicos de origem vegetal ou animal, em processo de decomposição ou de fermentação. Resíduos da destilação do caldo de cana fermentado, conhecidos como vinhaça e borra, podem propiciar condições favoráveis à sobrevivência e desenvolvimento das moscas. O objetivo deste estudo foi avaliar a resposta olfativa das moscas a voláteis dos subprodutos da cana-de-açúcar visando identificar atrativos para o seu monitoramento e controle. Foram realizados bioensaios em olfatômetro de dupla escolha, com machos e fêmeas, com idades entre 7 e 11 dias. Foram utilizados extratos de aeração de dois subprodutos da cana: vinhaça e borra, como tratamento, e éter etílico como controle, com 82 repetições para vinhaça e 60 repetições para borra. Uma alíquota de 10 microlitros de cada extrato foi utilizada em cada bioensaio, o que representa 0,2 mg dos materiais testados. As variáveis medidas nos bioensaios foram primeira escolha (teste χ^2) e tempo de residência (teste t pareado). Machos e fêmeas não mostraram preferência aos tratamentos em relação ao controle, tanto para vinhaça ($\chi^2=1,088$, $df=1$, $p=0,296$ para fêmeas; $\chi^2=0,925$, $df=1$, $p=0,335$ para machos) como para borra ($\chi^2=0,925$, $df=1$, $p=0,335$ para fêmeas; $\chi^2=3,57$, $df=1$, $p=0,058$). O mesmo foi observado para o tempo de residência (vinhaça: $t=0,345$, $df=44$, $p=0,731$ para fêmeas; $t=-0,333$, $df=26$, $p=0,741$ para machos e na borra $t=1,385$, $df=27$, $p=0,177$ para fêmeas; $t=0,497$, $df=28$, $p=0,622$ para machos). Os resultados mostram que os extratos nas condições experimentais utilizadas não foram atrativos para as moscas. Para determinar a quantidade de voláteis necessária para produzir a atração dos insetos avaliações com extratos em diferentes concentrações estão em curso.

DIVERSIDADE DE GENES CRY PRESENTES NAS ESTIRPES DE *B. thuringiensis* PARA APLICAÇÕES FUTURAS EM INSETOS-PRAGA

Sonia Frantz Canilha
Gabriela Teodoro Rocha
Paulo Roberto Martins Queiroz
Rose Gomes Monnerat
Bárbara Eckstein

Utilizada mundialmente como matéria-prima para biopesticidas, *Bacillus thuringiensis* (Bt) é uma bactéria entomopatogênica, capaz de formar cristais proteicos citoplasmáticos durante a esporulação, conhecidos como cry. Estes, além de possuírem especificidade aos insetos-alvo, não produzem poluentes, sendo assim, mais seguros aos organismos não-alvo. Atualmente, diversos genes cry foram identificados utilizando análises moleculares por meio da reação de PCR quantitativo (qPCR), ou seja, a partir da identificação específica da região de DNA que codifica a própria toxina de cada grupo, possibilitando assim a identificação de genes em estirpes de Bt por qPCR interessantes para o controle de insetos-praga que atacam as principais culturas comerciais do Brasil. Tendo em vista a importância da caracterização de diferentes estirpes de Bt para o desenvolvimento de novos bioinseticidas ou eventos transgênicos, prospecção de novos genes cry com potencial entomocida e identificação de novos genes, esse trabalho teve como objetivo analisar a diversidade de genes cry presentes nas estirpes de *B. thuringiensis* da Coleção de Bactérias de Invertebrados da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, visando aplicações no controle de insetos-praga. Foram analisadas 28 estirpes de Bt, por qPCR utilizando-se iniciadores desenhados para os genes cry1, cry2, cry4, cry6, cry9, cry10, cry11a, cry11b. Das estirpes analisadas, 15 apresentaram amplificação para pelo menos um gene alvo, sendo o perfil de maior ocorrência: cry1-cry2. A não detecção de pelo menos um gene alvo em 13 estirpes será investigada em maior detalhes, pois pode ter diferentes causas, como presença de outros genes cry não testados ou, até mesmo, não conter genes cry. Como próximos passos, outras estirpes serão analisadas para caracterização das estirpes da coleção quanto à presença de genes de interesse.

PROSPECÇÃO DE GENES MARCADORES DE *Bacillus* SPP A PARTIR DE GENÔMICA COMPARATIVA E VALIDAÇÃO POR PCR EM TEMPO REAL

Letícia Helena Guedes Oliveira
Gabriela Teodoro Rocha
Paulo Roberto Martins Queiroz
Roberto Coiti Togawa
Priscila Grynberg

Bacillus é um dos mais diversos gêneros de bactérias, representado por espécies encontradas em diversos habitats e que podem ser patogênicas, parasitando tanto vertebrados como invertebrados. É um extenso grupo que foi dividido em dois complexos de espécies, *B. cereus* e *B. subtilis*. Contudo, em estudos prévios com cepas de *Bacillus*, foram encontradas incongruências de classificação. Considerando o processo e custo para a identificação correta das cepas, propomos neste projeto, buscar genes marcadores, a partir da identificação de genes ortólogos específicos, visando a compreensão da classificação filogenética de espécies do complexo *Bacillus subtilis*. O método utilizado foi o de genômica comparativa. Por meio do software OrthoFinder, foram encontrados ortogrupos específicos; com esses ortogrupos, foi calculado o ANI (Average nucleotide identity) e feita uma análise de componentes principais (PCA). Os resultados indicaram que, a partir dos ortogrupos encontrados, há a formação dos clados de *B. spizizenii*, *B. inaquosorum* e *B. subtilis*, que aparecem bem separados e formam linhagens próprias. Segundo os cálculos de ANI, foi visto que as espécies *B. atrophaeus* e *B. globigii* são a mesma espécie, ocorrendo o mesmo no caso de *B. intestinalis* quando comparada com *B. spizizenii*. Se tratando de *B. stercoris*, *B. valismortis*, *B. tequilensis* e *B. inaquosorum*, os resultados indicam que são espécies propriamente ditas. Além disso, *B. halotolerans* e *B. mojavensis*, não foram completamente diferenciadas e nem aparentadas, aparecendo juntas no mesmo grupo. A análise de PCA demonstrou que o grupo *B. cereus* se encontra separado das demais espécies e gêneros, além de haver uma sobreposição das espécies *B. licheniformes* e *B. subtilis*. Algumas espécies não foram completamente classificadas, sendo assim, torna-se evidente que, para a devida classificação das espécies do complexo *Bacillus subtilis*, é necessário desenvolver outros marcadores gênicos, além de maiores esforços de genômica comparativa.

ASPECTOS DA BIOACÚSTICA DE *Sternochetus Mangiferae* (Coleoptera: Curculionidae)

Giancarlo Catafesta
Maria Carolina Blassioli Moraes
Miguel Borges
Raúl Alberto Laumann
Marcelo Perrone Ricalde

Sternochetus mangiferae é originário do sudeste da Índia e utiliza como hospedeiro específico a manga. No Brasil *S. mangiferae* é considerada uma praga quarentenária presente no território, com distribuição restrita a 9 municípios do Rio de Janeiro. O objetivo deste trabalho foi estudar a comunicação acústica de *S. mangiferae*, com o intuito de caracterizar os sinais produzidos. Os insetos foram coletados no Rio de Janeiro e transportados até a unidade da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Para registrar os componentes acústico e vibracionais dos sinais relacionados ao comportamento reprodutivo vinte casais foram colocados individualmente em placas de vidro. Sobre a placa foi colocado um microfone de alta sensibilidade acoplado a um amplificador analógico e, aderido ao vidro, um acelerômetro piezoelétrico. O microfone e o acelerômetro foram conectados a um computador para digitalizar os sinais utilizando o software CoolEdit Pro. Para registrar a emissão de sons em condições de estresse foram realizados experimentos com machos e fêmeas (n=30 por sexo), utilizando pinças como estressor e os mesmos métodos de registro e análises descrito anteriormente. Os resultados demonstram que *S. mangifera* emite sons estridulatórios de dois tipos e em diferentes contextos comportamentais. Em situações de corte e acasalamento a estridulação produzida pelos machos se caracteriza por uma curta sequência de pulsos ($14,23 \pm 6,48$ pulsos/s) com duração média de $0,084 \pm 0,020$ ms, tempo de repetição de $0,237 \pm 0,060$ ms e frequência dominante de $6407 \pm 623,91$ Hz, sem registro deste sinal nas fêmeas. O som emitido em condições de estresse caracteriza-se por estridulações com longas sequências ininterruptas de pulsos curtos que se mantem enquanto o inseto está na situação de estresse, emitindo $11,59 \pm 1,97$ pulsos/s com duração média de $0,037 \pm 0,012$ ms, tempo de repetição de $0,087 \pm 0,019$ ms e frequência dominante de $5069 \pm 52,56$ Hz sem diferenças entre as estridulações emitidas por fêmeas e machos. A função destes sinais deve ser esclarecida com bioensaios de comportamento.

POTENCIAL ENTOMOCIDA E FUNGICIDA DE *Bacillus amyloliquefaciens*

Letícia Costa Geraldo
Jônatas Barros Dos Santos
Lara Gabriela Pereira Aguiar Letícia Oliveira Dias
Anderson De Oliveira Feitosa
Bárbara Eckstein
Rose Gomes Monnerat

Os lepidópteros pragas causam danos severos em commodities agrícolas, como soja, milho e algodão. Assim como o fungo fitopatogênico *Sclerotinia sclerotiorum*, que causa a doença denominada mofo branco nas mesmas culturas. Para o controle dessas pragas e doenças é constante a busca por produtos mais seguros ao meio ambiente e aos seres humanos. O objetivo do presente trabalho foi observar a capacidade entomocida e fungicida de uma estirpe de *Bacillus amyloliquefaciens* isolada da rizosfera da planta *Melinis repens*. O potencial tóxico foi avaliado por meio de bioensaios para *Helicoverpa armigera*, *Spodoptera frugiperda* e *Chrysodeixis includens* através do contato direto da estirpe e das pragas em dieta artificial. Também foi avaliado a toxicidade aos fungos *Sclerotinia sclerotiorum* e *Fusarium oxysporum* por meio do confronto direto, com a adoção do método de pareamento de culturas em placas de Petri. A estirpe de *Bacillus amyloliquefaciens* (Ba), apresentou aproximadamente 80%, 90% e 60% de toxicidade às espécies *Spodoptera frugiperda*, *Chrysodeixis includens* e *Helicoverpa armigera* respectivamente. Esta cepa de Ba também apresentou um efeito redutor de 75% no desenvolvimento do patógeno *Sclerotinia sclerotiorum*. Existem relatos na literatura sobre a capacidade antifúngica de *B. amyloliquefaciens*, porém pouco se sabe do potencial de biocontrole desta espécie no controle de lepidópteros praga. O isolado de Ba mostra-se uma ferramenta promissora para o controle biológico de pragas e doenças de importância agrícola.

POTENCIAL ENTOMOCIDA DE *Bacillus pumilus* PARA CONTROLE DE BICUDO-DO-ALGODOEIRO (*Anthonomus grandis*)

Letícia Costa Geraldo
Jônatas Barros Dos Santos
Letícia Oliveira Dias
Anderson De Oliveira
Bárbara Eckstein
Rose Gomes Monnerat

O bicudo-do-algodoeiro (*Anthonomus grandis*) é a principal praga da cultura nas américas e quando não controlado corretamente pode ocasionar perdas severas na produção. O inseto tem hábito endofítico e se aloca no interior do botão floral, de forma a dificultar seu controle. É constante a busca por alternativas de controle dessas pragas de forma segura ao meio ambiente e aos seres humanos. O objetivo deste trabalho foi isolar estirpes de *B. pumilus* com potencial entomocida para formulação de produtos de controle biológico ou como doadoras de genes em programas de melhoramento genético de plantas. Foram coletadas cinco raízes de plantas (*Mangifera indica*; *Eugenia uniflora*; *Tradescanti a pallida* purpúrea; *Paspalum notatum*; *Melinis repens*), cujo solo presente foi retirado por meio de diluição em solução salina. Posteriormente, aplicou-se choque térmico (80°C/12 min e gelo/5min) e plaqueou-se 100uL da suspensão de solo em Meio Embrapa sólido (ME). Após 24h, as colônias crescidas foram caracterizadas morfológicamente e inoculadas em ME líquido para sua completa esporulação. Após armazenamento, as estirpes foram identificadas molecularmente via PCR em tempo real e submetidas a testes quanto a sua toxicidade para espécie *A. grandis* e bioensaio de solubilidade de fosfato. Para a realização de bioensaio, larvas de segundo instar foram submetidas à bactéria. A análise foi realizada após sete dias. O bioensaio de solubilidade foi feito pela aplicação da bactéria em meio de cultura com adição de fósforo, a bactéria que solubilizou no meio apresenta halo transparente e a porcentagem de solubilidade é diretamente proporcional ao tamanho do halo. A estirpe de *Bacillus pumilus* isolada apresentou aproximadamente 70% de toxicidade ao bicudo-do-algodoeiro. Esta estirpe também apresentou a capacidade de solubilizar fósforo. Existem relatos na literatura do potencial fungicida e entomocida de *Bacillus pumilus*, entretanto pouco se sabe sobre a capacidade dela no controle de *Anthonomus grandis*. Quanto à solubilidade, não se tem relatos do uso de *Bacillus pumilus* como inoculante até o momento.

AVALIAÇÃO DE ESTÍMULOS FÍSICOS QUE INDUZEM O COMPORTAMENTO DE TANATOSE DO BICUDO-DO-ALGODOEIRO (*Anthonomus grandis*)

Samuel Barreto Batista Lima
Michely Aquino
Raúl Alberto Laumann
Maria Carolina Blassioli Moraes
Miguel Borges
Jose Ednilson Miranda

Anthonomus grandis também conhecido popularmente como bicudo-do-algodoeiro é uma dos insetos praga mais importante do algodão. Em áreas de produção de algodão o controle é realizado por aplicações de inseticidas. No entanto, mesmo com esse tipo de controle o bicudo continua a afetar o produto final. O comportamento de tanatose do bicudo pode servir como mecanismo de escape aos tratamentos com inseticidas. A tanatose é um mecanismo de defesas dos animais que consiste em simular a morte frente a uma situação de estresse, por exemplo perigo de predação. O objetivo do trabalho foi estudar o efeito de estímulos físicos na indução do comportamento de tanatose do bicudo. Foram empregadas quatro metodologias: 1) ação direta com pinça (pegar o inseto, pressionar e soltar em placa de Petri), 2) pulverização com água sobre o inseto em placa de Petri, 3) pulverização com água sobre o inseto em planta de algodão, 4) ação indireta sobre o bicudo pela pulverização em folhas de mesma planta que se encontra o bicudo e 5) ação indireta sobre o bicudo pela pulverização em folhas de planta diferente da que se encontra o bicudo. Para as metodologias 1 e 2 foram utilizadas mais de 500 bicudos para a caracterização da tanatose e sua duração. O bicudo-do-algodoeiro foi induzido ao comportamento de tanatose pelas metodologias 1, 2 e 3, no entanto, não houve indução pelas metodologias 4 e 5. O estímulo de pressão com pinças determinou que uma maior proporção de insetos desenvolvam a tanatose. A duração da tanatose variou de 1 minuto a 2:20 h. A tanatose parece ser mais influenciada pelo tipo de indução e pela ação direta de um estresse mecânico sobre o inseto.

INFLUÊNCIA DOS COMPOSTOS QUÍMICOS VOLÁTEIS PRODUZIDOS POR *Crotalaria spectabilis* ROTH. NAS INTERAÇÕES ENTRE O MILHO (*Zea mays* L.) E SUA PRINCIPAL PRAGA, A LAGARTA-DO-CARTUCHO (*Spodoptera frugiperda* J. E. SMITH)

Bruna Sartório De Castro
Miguel Borges
Raúl Alberto Laumann Mauro
Vicentini Correia Maria Carolina
Blasioli Moraes

O milho (*Zea mays* L.) é uma das plantas mais cultivadas no mundo, e pode ter a sua produtividade reduzida devido ao ataque da lagarta-do-cartucho (*Spodoptera frugiperda* J. E. Smith), principal e mais destrutiva praga do milho no Brasil. Estudos de campo mostraram que em culturas de milho com crotalária (*Crotalaria spectabilis* Roth.) como cultura de bordadura, foi observada uma diminuição no número de plantas de milho com injúria severa da praga *S. frugiperda*. Desta forma, os objetivos deste trabalho foram avaliar o perfil químico dos compostos orgânicos voláteis (COVs) produzidos pela crotalária e pelo milho, que poderiam estar envolvidos na interação entre o milho e a mariposa de *S. frugiperda*, e avaliar se as mariposas são capazes de distinguir os COVs emitidos por estas duas plantas quando injuriadas por lagartas coespecíficas. Para isso, foi conduzida a coleta dos COVs de plantas de crotalária e de milho sadias e com injúria de lagartas de *S. frugiperda*. Os extratos de aeração foram analisados por CG-EM e CG-DIC. Foram realizadas análises de CG-DEA para identificar quais COVs das plantas submetidas à herbivoria possuíam atividade eletrofisiológica nas antenas de mariposas fêmeas e machos, e os voláteis com resposta eletrofisiológica foram colocados em septos de borracha e testados em túnel de vento. A análise química permitiu a detecção de 39 COVs para a crotalária e 41 para o milho, e as plantas submetidas à injúria de herbivoria emitiram uma quantidade significativamente maior dos compostos. As análises de CG-DEA revelaram doze compostos eletrofisiologicamente ativos, e os bioensaios comportamentais em túnel de vento mostraram que as mariposas foram capazes de distinguir os COVs emitidos por plantas de crotalária e de milho.

PROSPECÇÃO, CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO DE EXTRATOS VEGETAIS EFETIVOS CONTRA OVOS E J2 DE *Meloidogyne incognita*, EM CONDIÇÕES DE CASA DE VEGETAÇÃO E CAMPO EXPERIMENTAL

Paulo De Moraes Ferreira
Gustavo Ramos Oliveira
Thales Lima Rocha

De acordo com relatório da Organização das Nações Unidas, a população mundial deverá atingir 8,6 bilhões de pessoas em 2030 e, 12,7 bilhões até o ano de 2100. Neste contexto, é estratégico o desenvolvimento de produtos que visem o aumento de produtividade com segurança alimentar. Ademais, o Brasil apresenta grande relevância mundial neste cenário. Contudo, grande parte dessa produção é reduzida severamente em razão do ataque de pragas incluindo o *Meloidogyne incognita*, que se destaca pela capacidade de reduzir a produtividade das cultivares, acarretando prejuízos anuais estimados em milhões de Dólares aos agricultores. Atualmente o controle deste fitoparasita permanece centrado na utilização de defensivos agrícolas sintéticos, desta forma, acarretando problemas para a saúde humana e animal e para o meio ambiente. Assim faz-se necessária a busca por alternativas de tecnologias verdes para o manejo destes fitopatógenos. Neste trabalho, foram obtidos e avaliados extratos crus aquosos oriundos de 5 espécies pertencentes a distintas famílias botânicas contra ovos e juvenis de segundo estágio (J2) de *M. incognita*. Bioensaios in vitro permitiram a seleção de dois extratos (Blue 4 e Blue 2) com atividade nematicida acima de 90% contra ovos e J2 de *M. incognita*. Adicionalmente, estes extratos exibiram também estabilidade térmica, após exposição a 50 ° C e baixa toxicidade sobre células de insetos. Em bioensaio conduzido em casa de vegetação os extratos das plantas Blue 4 e Blue 2 foram os mais efetivos no controle do fitoparasita reduzindo em 70% e 54% o número de ovos. Este resultado foi corroborado pelo teste realizado a campo de cultivo de soja localizada na região de Buritis - MG, onde foi observado a redução acentuada de até 35% da densidade populacional de *M. incognita* e de ovos além do aumento da produtividade de até 5,6%, para cultura da soja quando comparada à área não tratada.

AVALIAÇÃO DA RESPOSTA COMPORTAMENTAL DE *Cosmopolites sordidus* (Coleoptera: Curculionidae) A SEMIOQUÍMICOS VISANDO APRIMORAR AS FORMULAÇÕES DA PASTILHA BIOLÓGICA PARA A TÉCNICA ATRAI-INFECTA

Alice Pereira De Freitas
Raúl Alberto Laumann
Maria Carolina Blassioli Moraes
Miguel Borges

O moleque-da-bananeira *Cosmopolites sordidus* (Coleoptera: Curculionidae) (Germar, 1824) é uma importante praga do cultivo da banana. Suas larvas constroem galerias nos rizomas deixando a planta debilitada e exposta a doenças. O uso de semioquímicos pode auxiliar para desenvolver métodos eficientes de controle disponibilizando substâncias altamente atrativas para o inseto. O objetivo deste trabalho foi avaliar a atratividade de voláteis de folhas verdes e de folhas secas de duas variedades de banana, Prata e Nanica, para o moleque-da-bananeira. Para isto foram realizados bioensaios em olfatômetros de duas escolhas contrastando os voláteis das folhas com ar, os voláteis das diferentes variedades e os voláteis dos dois tipos de folhas. Foram observados a primeira escolha e o tempo de residência dos machos e das fêmeas. Para as primeiras escolhas foi utilizada o teste χ^2 , e para o tempo de residência foi utilizado o Teste de Wilcoxon. Os resultados mostraram que machos e fêmeas escolheram preferencialmente os voláteis de folhas verdes e folhas secas quando comparado com ar filtrado (controle). As folhas verdes foram as mais atrativas do que as folhas secas. Na variedade Nanica, as folhas secas retiradas do chão e da planta atraem de forma similar a broca. Na variedade Prata os insetos preferem as folhas secas retiradas da planta às retiradas do chão. As folhas da variedade Nanica foram mais atrativas às brocas do que as da Prata. Quando contrastados os voláteis de folhas verdes versus voláteis de folhas secas coletadas do chão da variedade Nanica, os machos preferiram as áreas do olfatômetro com voláteis de folhas verdes, enquanto as fêmeas não mostraram preferência entre os voláteis contrastados. Para os restantes dos tratamentos, não houve diferença na resposta entre machos e fêmeas. Podemos concluir que tanto as folhas verdes como as secas emitem voláteis atrativos à broca. Os próximos passos serão avaliar o perfil químico dos voláteis das folhas.

AVALIAÇÃO DO CARVÃO VEGETAL DO ENDOCARPO DA MACAÚBA COMO ADSORVENTE EM MEIO LÍQUIDO DE COMPOSTOS ORGÂNICOS VOLÁTEIS

João Victor Costa Machado
Simone Palma Favaro
Rossano Gambetta
Miguel Borges
Raúl Alberto Laumann
Maria Carolina Blassioli Moraes

Macaúba (*Acrocomia aculeata*) é uma palmeira presente no território brasileiro, com grande concentração no bioma cerrado e, vem sendo utilizada como fonte de óleo vegetal. Além do óleo, outros sub-produtos são obtidos, como o endocarpo, que podem se tornar uma fonte de renda na cadeia produtiva. O endocarpo é uma material lignocelulósico, e tem potencial para produção de carvão vegetal, e sua versão ativada, pode ser usado como filtros e adsorventes, por exemplo. Desta forma, o objetivo deste estudo foi avaliar a capacidade de diferentes carvões derivados do endocarpo da macaúba (CA-I, CA-II e Biochar), sendo as amostras CA-1 e CA-2 ativadas com vapor d'água, como adsorvente de moléculas orgânicas voláteis. Para isto soluções com diferentes concentrações de salicilato de metila (SaMe) foram preparadas, e 1 mL dessa solução foi colocada em um frasco de vidro cônico, contendo 100 mg de carvão. Após fechado o frasco foi mantido sob agitação por 4 horas. Após esse período, o sobrenadante foi transferido para outro frasco e o volume ajustado e o SaMe presente no sobrenadante quantificado por CG-DIC. Para avaliar a capacidade de recuperação do SaMe, após a adsorção, o carvão foi lavado sequencialmente 3 vezes com 2 mL de hexano, deixando 10 minutos no ultrassom para cada lavagem. As soluções foram combinadas, concentradas e, o SaMe recuperado quantificado. Os resultados mostraram que para todas as concentrações houve uma adsorção entre 96 e 98% para os materiais CA I e CA II, já para o biochar a adsorção foi menor que 70%. A recuperação de SaMe foi entre 10 a 70% no biochar, o que pode indicar que o SaMe fica adsorvido de forma mais superficial neste material e por isso a maior recuperação. Para os outros dois materiais avaliados a recuperação foi menor que 10% (CA-I) e 40% (CA-II), indicando potencial desses materiais como filtro, mas menor potencial para serem usados como adsorventes.

ANÁLISE DE INFECÇÃO MISTA DE *Chrysodeixis includens* NPV E CIPOVÍRUS EM AMOSTRAS DE ÁCIDOS NUCLEICOS DE ISOLADOS DA COLEÇÃO DE VÍRUS DE INVERTEBRADOS

Lucas De Araújo Andrade

Beatriz Campos Araújo

William Sihler

Marcio Martinello Sanches

Marlinda Lobo De Souza

O uso de microrganismos para controle biológico de pragas tem crescido expressivamente na última década, como alternativa para um meio ambiente sustentável com redução do uso de agrotóxicos e afins. Os vírus da família *Baculoviridae*, são vírus de insetos com alta especificidade e têm sido utilizados para o desenvolvimento de produtos para controle de diversas espécies de lepidópteros. O gênero *Cipovirus* (Vírus de Poliedrose Citoplasmática) da família *Reoviridae*, apresenta mecanismo de ação similar aos baculovírus, levando a formação de corpos de oclusão (poliedros) que protegem os vírions de condições ambientais adversas. Após a ingestão de alimentos contaminados, a infecção por cipovírus se distribui através da região do intestino do inseto resultando na modificação de sua morfologia pela elevada produção de poliedros, os quais serão excretados com as fezes ou encontrados junto com os ovos das lagartas. Neste trabalho, foram selecionados quatro isolados do baculovírus ChinNPV (*Chrysodeixis includens nucleopolyhedrovirus*) armazenados na Coleção de Vírus de Invertebrados da Embrapa/Cenargen (ChinNPV-Tabatinga, ChinNPV-168, ChinNPV-Buritis e ChinNPV-Sucupira) para investigação de possível contaminação com cipovírus. Para verificar a presença de bandas extras de RNA nos isolados, pelo fato do cipovírus ser um vírus de RNA fita dupla, foi feita análise das amostras por eletroforese em gel de agarose após purificação de poliedros, extração de ácidos nucleicos e tratamento com RNase em duplicatas (com e sem adição de RNase). Os isolados virais foram, de forma rotineira, multiplicados na lagarta falsa-medideira (*C. includens*), purificados e mantidos a -20C. Após análise dos fragmentos (DNA e RNA) por eletroforese de gel de agarose, a presença de múltiplas bandas de RNA foi constatada em amostras provenientes da amplificação dos quatro isolados no hospedeiro a partir de 2021, confirmando contaminação mista de baculovírus e cipovírus. A presença de cipovírus não foi observada nas quatro amostras originais armazenadas na Coleção. Para dar continuidade às investigações, a técnica de RT-PCR com base em primers específicos para genes do Cipovírus está sendo desenvolvida pela Embrapa.

CONFIRMAÇÃO DA IDENTIFICAÇÃO DE ISOLADOS DA COLEÇÃO DE VÍRUS DE INVERTEBRADOS ATRAVÉS DE TÉCNICAS MOLECULARES

Beatriz Campos Araújo,
Marcio Martinello Sanches
Marlinda Lobo De Souza

Dentro das classes de organismos que podem ser usados como biopesticidas para o controle de pragas agrícolas, os vírus pertencentes à família Baculoviridae tem um bom potencial contra insetos da ordem Lepidoptera, devido a alta patogenicidade a esses insetos e maior resistência a fatores externos. A Coleção de Vírus de Invertebrados (CVI) da Embrapa preserva e avalia vírus com potencial para utilização como agentes de controle de pragas. Visando confirmar a identidade de isolados disponíveis na Coleção e outros isolados com potencial de inclusão na Coleção, amostras de vírus foram submetidas a técnicas moleculares de identificação. Sete isolados foram avaliados a partir de purificação de lagartas previamente contaminadas e os corpos de oclusão (OBs) quantificados em câmara de Neubauer por microscopia óptica. Também foi extraído o DNA, com o kit comercial DNeasy Blood & Tissue (Qiagen), e aplicado a técnica de Eletroforese em gel de agarose para a análise dos bandeamentos formados nos géis das extrações e de produtos de DNA submetidos a reação em cadeia da polimerase (PCR) com primers para as regiões dos genes pohl/gran, lef-8 e lef-9. As sequências dos novos isolados foram comparadas com outras sequências de baculovírus disponíveis no GenBank. Análises filogenéticas foram executadas através do software MEGA 11.0. Os resultados comprovam a presença de baculovírus nas amostras. Quatro isolados foram confirmados como *Chrysodeixis includens nucleopolyhedrovirus* (ChinNPV) com identidades entre 96 e 99% nessas regiões gênicas com outros isolados dessa espécie. Um isolado foi confirmado como *Dione juno juno nucleopolyhedrovirus* (DjjNPV) com identidade de 99% com outro isolado da espécie. Um isolado foi confirmado como *Erynnis ello granulovirus* (ErelGV) com identidade de 98 a 99% nessas regiões gênicas com outros isolados da espécie. Finalmente, um isolado foi classificado como uma nova espécie tentativa *Automeris liberia nucleopolyhedrovirus* (AuliNPV). Os dados referentes aos isolados foram catalogados no Sistema Alelo Micro da Embrapa para subsidiar a utilização dos mesmos em programas de controle biológico de pragas.

Mariana Natal Berbert
Thales Lima Rocha

O setor agrícola é um dos que mais contribuiu para a economia brasileira com impacto direto sobre o crescimento do Produto Interno Bruto. Neste âmbito, o Brasil é referência na produção e exportação de algumas commodities com destaque para a cultura da soja. Contudo, essa produção e o rendimento agrícola podem ser afetados negativamente por agentes bióticos, como fitonematoides, fitovírose, fungos e bactérias. Além disso, as ervas daninhas também ocasionam a redução na qualidade do produto e o aumento do custo de produção, devido a interferência persistente no desenvolvimento das culturas. A principal erva daninha infestante de lavouras de soja é a *Conyza bonariensis*, popularmente conhecida como buva. Para o manejo e o controle de ervas daninhas em distintas culturas, herbicidas sintéticos, como o glifosato, são utilizados, porém, são responsáveis pela contaminação do solo e redução da resistência da planta a longo prazo. Dessa maneira, é necessário a busca por potenciais substitutos desses herbicidas, como alternativa os bioherbicidas estão sendo elaborados a partir de compostos naturais, sendo uma forma de reduzir impactos ambientais. No entanto, existem poucos estudos sobre quais compostos biológicos controlam as ervas daninhas. Em virtude desse cenário, o presente trabalho versa sobre a potencialidade da utilização de fitoherbicidas efetivos no controle da erva daninha *C. bonariensis*. Para tanto, foram realizadas pesquisas na literatura e na Plataforma Alelo Recursos Genéticos Vegetais visando a seleção de uma planta candidata que apresentasse princípios alelopáticos. O resultado desta atividade permitiu a seleção da espécie *Eugenia uniflora* (Pitanga) pertencente à família Mirtaceae. Extratos crus aquosos (ECAs) de raízes, sementes e folhas desta espécie botânica foram obtidos com sucesso e posteriormente liofilizados. No momento, estão em curso os bioensaios in vitro para avaliação do efeito dos ECAs de *E. uniflora* sobre o processo de germinação de sementes de *C. bonariensis* (buva) e de *Glycine max* (soja).

NÍVEIS DE CONTROLE DE *S. frugiperda* POR BACTÉRIAS DA FAMÍLIA BACILLACEAE PRESENTES NA COLEÇÃO DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA

Letícia Oliveira Dias
Bárbara Eckstein
Anderson De Oliveira Feitosa
Gabriella Magarelli

A espécie *Spodoptera frugiperda* é responsável por danos em variadas culturas como as de milho, soja e algodão, causando prejuízos econômicos consideráveis ao país. A aplicação do controle biológico vem se tornando uma prática promissora contra essa e diversas outras pragas agrícolas tendo em vista os malefícios já conhecidos da utilização de defensivos químicos no solo e nas plantações. Neste contexto, os testes envolvendo bactérias do gênero *Bacillus* vêm revelando grande eficácia no controle das larvas de lepidópteros que acometem essas cultivares. O estudo teve como objetivo realizar um levantamento de dados sobre as estirpes de *Bacillus* da coleção de bactérias entomopatogênicas da Embrapa CENARGEN, testadas através de bioensaios seletivos e seu percentual de mortalidade sob *Spodoptera frugiperda*, classificando as bactérias em 4 diferentes níveis de controle: 0-30%, 31-60%, 61-80%, 81-100%. Das 2.941 estirpes testadas, 66% estiveram na faixa de controle de 0-30%, 17% na faixa 31-60%, 8% na faixa de 61-80%, e 8% em 81-100%. 69% das que obtiveram o total de mortalidade acima de 81% são pertencentes à espécie *B. thurigiensis*, demonstrando maior eficácia no controle das larvas em relação às demais bactérias identificadas, como *B. cereus*, *B. tropicus* e *B. pumilus*.

***Bacillus thuringiensis* E *Bacillus amyloliquefaciens* CAUSA EFEITO EM IMATUROS DE ABELHAS SEM FERRÃO *Scaptotrigona aff. depilis* E *Melipona quadrifasciata*?**

Luana Katheryne De Souza Dantas
Luana Aparecida Gilio
Jenifer Ramos
Gabriella Magarelli
Cristiano Menezes
Bárbara Eckstein
Carmen Pires
Rose Gomes Monnerat

Bactérias entomopatogênicas do gênero *Bacillus* têm sido utilizadas como biopesticidas de microrganismos fitopatogênicos e insetos-praga, e também como promotores de crescimento vegetal. Tendo em vista a importância desses microrganismos na agricultura, este trabalho tem como objetivo avaliar a biossegurança dos bioinsumos a base de *Bacillus thuringiensis* var. *kurstaki* e *B. amyloliquefaciens* tanto os produzidos comercialmente quanto “on farm” sobre imaturos de abelhas sem ferrão visando determinar possíveis efeitos letais e subletais sobre os diferentes estágios de desenvolvimento. Observou-se se durante a fase larval retarda o desenvolvimento de imaturos, aumenta a taxa de mortalidade e origina indivíduos de tamanho menor e assimétricos. Para análise de risco serão utilizadas como organismo-modelos as espécies *Scaptotrigona aff. depilis* e *Melipona quadrifasciata*, ambas as espécies melhor classificadas na matriz de seleção proposta pelo IBAMA. Serão desenvolvidos bioensaios utilizando protocolo de criação in vitro das larvas, usando alimento natural das abelhas. As larvas de primeiro instar das duas espécies de abelhas serão submetidas a cinco tratamentos, com cinco repetições cada: T1 - (controle negativo) apenas alimento larval; T2 - (controle de soluções) alimento larval + água destilada autoclavada; T3 - (controle positivo) alimento larval + inseticida neonicotinóide; os demais tratamentos T4 e T5 - alimento larval + solução final das diferentes espécies de *Bacillus*. Espera-se descobrir se essas estirpes de *Bacillus* têm algum efeito letal ou subletal sobre as abelhas sem ferrão.

REDUÇÃO NA SEVERIDADE DA PODRIDÃO ABACAXI EM CANA-DE-AÇÚCAR POR *Trichoderma* SPP.

Ana Luiza Bezerra Cardoso
Amanda Silva Botelho
Lincon Rafael Da Silva
José De Ribamar Nazareno dos Anjos
Sueli Corrêa Marques de Mello

A podridão abacaxi da cana-de-açúcar, doença causada pelo fungo *Thielaviopsis* sp., afeta principalmente a brotação das gemas. Por tratar-se de um patógeno de solo, o uso intensivo de defensivos agrícolas na cultura pode prejudicar o meio ambiente e a saúde humana. O controle biológico com fungos do gênero *Trichoderma* vem se mostrando eficaz para o controle de diversas doenças de plantas de interesse agrícola, principalmente como complemento a outras medidas de manejo das culturas. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito da aplicação de cepas de *Trichoderma* spp. sobre a severidade da podridão abacaxi em cana-de-açúcar. Foram utilizadas quatro linhagens de *Trichoderma*, além de uma cepa comercial registrada para o controle da doença. Culturas dessas cepas, como também do patógeno *Thielaviopsis* sp., mantidas na Coleção de Agentes de Controle Biológico da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O experimento foi conduzido em laboratório, para verificar a capacidade supressão do patógeno pelas cepas de *Trichoderma*, em caixas Gerbox. Colmos de cana-de-açúcar foram tratados com a suspensão de esporos do agente de biocontrole (1×10^8 conídios/mL) e, em seguida, inoculados com o patógeno, por meio de aspersão de uma suspensão (1×10^5 conídios/mL) sobre os cortes laterais do colmo. O experimento foi conduzido duas vezes, em delineamento inteiramente casualizado, com quatro repetições por tratamento (cepas de *Trichoderma*) e contou com duas testemunhas. Estas consistiram de colmos inoculados e colmos não inoculados com o patógeno. A capacidade antagônica das cepas de *Trichoderma* foi avaliada após sete dias de incubação, utilizando a escala de notas de 1 a 5, conforme Sansoli-Chanquinie (2015), com adaptações. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância e, as médias, comparadas pelo teste de Tukey, a 5% de probabilidade. Todas as cepas de *Trichoderma* exerceram redução na severidade da doença. As cepas CEN1277 (*T. asperelloides*) e CEN1546 (*T. afroharzianum*) apresentaram o melhor resultado na redução da severidade da doença, comportando-se de forma semelhante à cepa comercial, ESALQ-1306 (*T. harzianum*).

INIBIÇÃO MICELIAL DE FUNGOS FITOPATOGÊNICOS HABITANTES DO SOLO POR CEPAS COMERCIAIS DE *Trichoderma* SPP.

Amanda Silva Botelho
Lincon Rafael Da Silva
Leonardo Luís de Barros Rodrigues
Ana Luiza Bezerra Cardoso
Sueli Corrêa Marques de Mello

Trichoderma é o principal fungo agente de controle biológico de doenças de plantas comercializado no Brasil. Esse gênero é reconhecido pela alta capacidade de parasitar fitopatógenos, incluindo estruturas de sobrevivência, e pela multiplicidade de mecanismos de ação. Estudos comparando cepas comerciais de *Trichoderma* frente a fitopatógenos são escassos na literatura. Assim, é difícil concluir sobre o desempenho deles. O objetivo desse estudo foi comparar o potencial antagônico de oito das principais cepas comerciais de *Trichoderma* utilizadas em lavouras brasileiras, através de experimentos in vitro, contra os patógenos *Macrophomina phaseolina*, *Sclerotinia sclerotiorum*, *Rhizoctonia solani*, *Sclerotium rolfsii*, *Fusarium oxysporum* F. sp. *vasinfectum* e *Thielaviopsis* sp. Determinou-se a capacidade de inibição do crescimento micelial desses patógenos por pareamento de culturas e exposição aos compostos orgânicos voláteis de *Trichoderma*. Nesse segundo experimento, um disco de BDA contendo micélio do antagonista foi depositado em uma base de placa de Petri com BDA e esta foi sobreposta por outra base contendo um disco de meio colonizado pelo patógeno, sendo esse sistema selado. Sistema contendo apenas patógeno foi utilizado como testemunha. Também se avaliou a habilidade de *Trichoderma* spp. em degradar escleródios de *S. sclerotiorum* e *S. rolfsii*. Para isso, 16 escleródios foram depositados em caixas Gerbox contendo solo autoclavado e receberam, localmente, suspensão de conídios de *Trichoderma* spp. (1×10^7 conídios/mL). Os experimentos foram conduzidos em DIC, com quatro repetições por tratamento. Todas as cepas foram capazes de inibir o crescimento micelial dos patógenos no cultivo pareado. Em atmosfera compartilhada, o crescimento do *Thielaviopsis* sp. não foi inibido pelas cepas de *Trichoderma*. A cepa *T. harzianum* CCT 7589 foi uma das que apresentaram as maiores porcentagens de inibição do crescimento, pelos dois métodos de avaliação. Todas as cepas testadas atingiram porcentagens de degradação de escleródios de *S. sclerotiorum* acima de 82,81%. Quanto a *S. rolfsii*, apenas quatro cepas alcançaram porcentagens de escleródios degradados acima de 49,06%.

Trichoderma* SPP. NA INIBIÇÃO MICELIAL DE *Macrophomina phaseolina*, *Sclerotinia sclerotiorum*, *Rhizoctonia solani* E *Sclerotium rolfsii

Amanda Silva Botelho
Ana Beatriz Zacaroni
Lincon Rafael Da Silva
Leonardo Luís de Barros Rodrigues
Sueli Corrêa Marques de Mello

Macrophomina phaseolina, *Sclerotinia sclerotiorum*, *Rhizoctonia solani* e *Sclerotium rolfsii* são patógenos habitantes do solo, capazes de sobreviver nesse ambiente por longos períodos como estruturas de sobrevivência e ocasionam doenças em diferentes espécies de plantas. Por outro lado, o fungo *Trichoderma* é o principal agente de controle biológico de doenças veiculadas pelo solo, capaz de atuar por diferentes mecanismos de ação. O objetivo deste trabalho foi avaliar a capacidade de oito isolados de *Trichoderma* para inibir o crescimento micelial desses quatro patógenos, pelos métodos de pareamento de culturas e exposição aos compostos orgânicos voláteis e não voláteis termoestáveis. No experimento com compostos voláteis, bases de placas de Petri, contendo colônias de *Trichoderma* spp. com 72 horas de idade, foram sobrepostas por outra base de placa contendo um disco de BDA contendo micélio do patógeno. O sistema foi selado formando uma atmosfera compartilhada. Para produção de compostos não voláteis termoestáveis, os isolados foram cultivados em meio BD líquido e, após sete dias, filtrado das culturas foram incorporados ao BDA na proporção de 25%, antes da autoclavagem. Os três experimentos foram conduzidos em DIC, com cinco repetições por tratamento e repetidos duas vezes. As avaliações consistiram na medição do diâmetro das colônias dos patógenos e cálculo de inibição do crescimento em relação aos tratamentos controle. Todos os isolados de *Trichoderma* inibiram o crescimento dos patógenos no cultivo pareado e atmosfera compartilhada. Contudo, os isolados CEN1277 e CEN1559, ambos pertencentes à espécie *T. asperelloides*, destacaram-se entre os que apresentaram as maiores porcentagens de inibição. Os filtrados autoclavados de *T. afroharzianum* CEN287 e *T. rifaaii* CEN288 foram superiores na inibição de *S. sclerotiorum*, alcançando 75,6 e 79,2 % de inibição, respectivamente. Já *M. phaseolina*, *R. solani* e *S. rolfsii* não foram inibidos por nenhum dos tratamentos. Os isolados se revelaram potencialmente capazes de controlar o desenvolvimento dos quatro fitopatógenos e esse potencial necessita agora ser melhor examinado por meio de estudos em plantas.

COMPATIBILIDADE DE FUNGO ENTOMOPATOGÊNICO E ÁCARO PREDADOR PARA O CONTROLE BIOLÓGICO DO ÁCARO-RAJADO

Sabrina Araújo Dos Santos
Elisangela Gomes Fidelis
Isadora Alexopoulos Quevedo
Miguel Michereff Filho
Rogério Lopes

A demanda por agentes biológicos para controle do ácaro-rajado, *Tetranychus urticae* (Acari: Tetranychidae), em cultivos de hortaliças tem crescido. O controle do ácaro-rajado é um desafio, pois suas populações atingem altas densidades e existem muitos casos de resistência aos acaricidas químicos. Uma alternativa para o controle dessa praga é o uso de fungos entomopatogênicos e ácaros predadores. No entanto, a compatibilidade destes agentes tem sido questionada. O objetivo desse trabalho foi avaliar o impacto do fungo *Beauveria bassiana* sobre o ácaro predador *Neoseiulus californicus* (Acari: Phytoseiidae), em diferentes tempos de liberação do predador após aplicação do fungo. Plantas de feijão-de-porco, previamente infestadas com acaro-rajado, foram pulverizadas com fungo *B. bassiana* (isolado CG18), na concentração de 108 conídios/ml. Em seguida, 25 adultos do predador foram transferidos para cada folha, aos 0, 2, 4 e 6 dias após a pulverização do fungo. Quatro repetições foram utilizadas e uma testemunha, sem aplicação do fungo. O número de ácaros predadores vivos e mortos pelo fungo foi contado seis dias após a liberação. A mortalidade do ácaro predador *N. californicus* foi alta (> 60%) em todos os intervalos de liberação do predador. As maiores mortalidades foram nos tempos 0 e 6 dias após a pulverização do fungo, 77 e 61%, respectivamente. A menor mortalidade de predadores foi na testemunha, com 13%. Esses resultados indicam que o isolado CG18 de *B. bassiana* não é seletivo para o predador *N. californicus*, pois causa altas mortalidades, mesmo quando o predador é liberado seis dias após a aplicação do fungo. Muitos ácaros-rajado mumificados pelo fungo foram observados durante o experimento, especialmente 4 e 6 dias após a pulverização, por isso, é possível que os predadores foram infectados ao entrarem em contato com os conídios dos cadáveres do ácaro-rajado. No entanto, outros estudos são necessários para avaliar a efetividade de controle do ácaro-rajado com uso desses agentes, em condições de casa-de-vegetação campo e com tempo maior de liberação do predador.

PAISAGEM E SERVIÇOS ECOSISTÊMICOS: ÁREAS AGRÍCOLAS FAVORECEM O PARASITISMO DE AFÍDEOS POR VESPAS PARASITOIDES

Gabriel Marins Ramos Rodrigues Fonsêca

Michely Aquino

Beatriz Guedes Carneiro dos Santos

Samuel Barreto Batista Lima

Pedro Henrique Brum Togni

Raúl Alberto Laumann

Devido aos impactos antrópicos atualmente, cresce a preocupação com a perda de serviços ecossistêmicos fornecidos pela biodiversidade,. Conservar paisagens naturais é essencial para incrementar a diversidade e os serviços. A paisagem também pode afetar a rede de interações entre as espécies e, por conseguinte, a prestação de serviços ecossistêmicos, já que interações antagônicas, redundantes ou complementares podem ser consequência de variações na diversidade. A estrutura dessas redes de interações é mediada pela paisagem, a qual influencia desde o pool regional de espécies até a competição por recursos. Vespas parasitoides são importantes inimigos naturais de afídeos, e os estudos que analisam o efeito de características da paisagem no controle biológico apresentam resultados divergentes. Por isso, buscamos avaliar quais características da paisagem são mais importantes para mediar o parasitismo das vespas em culturas orgânicas. Amostramos 12 propriedades de cultivos orgânicos de brassicas no Distrito Federal, selecionadas de acordo com a composição da paisagem avaliada no software QGIS. Em cada propriedade medimos a densidade de pulgões e a taxa de parasitismo, em 3 folhas de 40 plantas aleatórias. Medimos o efeito da composição da paisagem (proporções de áreas naturais, agrícolas e urbanas) na taxa de parasitismo por meio de um Modelo Linear Generalizado (GLM). Nossos resultados indicaram que dentre as paisagens amostradas a única que teve efeito significativo na taxa de parasitismo foi a agrícola ($P = 0,028$), cuja proporção na paisagem explicou 56,2% da variação na taxa de parasitismo. O coeficiente do GLM de 0,73 indica que a cada 10% de proporção de área agrícola, temos um incremento de 7,3% no parasitismo. Esse resultado explicita a importância de recursos locais presentes nas áreas cultivadas para a manutenção dos parasitoides e seu controle biológico. Além disso, esse resultado pode indicar que áreas naturais estejam mediando interações antagônicas entre os parasitoides, como o hiperparasitismo, fenômeno muito comum em sistemas brassicas-afídeo-parasitoide, podendo alcançar 90% dos parasitoides emergidos em áreas com histórico de plantio de brassicas.

OCORRÊNCIA DO *Cucurbit aphid-borne yellows* VIRUS E *Cowpea aphid-borne mosaic virus* EM MARACUJAZEIROS NO RIO DE JANEIRO, BRASIL

Ana Clara Rodrigues de Abreu
Andreza Henrique Vidal
Jose Leonardo Santos Jiménez
Raul Castro Carriello Rosa
Maite Vaslin de Freitas Silva
Simone Ribeiro

O *cucurbit aphid-borne yellows virus* (CABYV, Polerovirus, Solemoviridae) foi identificado pela primeira vez em 1988 em meloeiros na França, e desde então tem sido identificado em outras plantas, incluindo em maracujazeiros. O objetivo deste trabalho foi avaliar a presença do CABYV e do *cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV, Potyvirus, Potyviridae) em maracujazeiros coletados no Rio de Janeiro (RJ). Folhas de *Passiflora edulis*, genótipo FB300 (n= 25) e do híbrido H09-110/111 (n= 27), apresentando sintomas típicos de infecção viral (deformação foliar, bolhosidade e mosaico), foram coletadas no campo experimental do Sistema Integrado de Produção Agroecológica (SIPA), Seropédica, RJ. O RNA total foi extraído das folhas usando TRIzol™ Reagent (Invitrogen). Para detecção inicial foram construídos pools de RNA, e usados na síntese de cDNA com transcriptase reversa (RT) M-MLV (Promega). Para a detecção do CABYV, os cDNAs foram amplificados por PCR usando Taq Polymerase (Invitrogen) e primers específicos CE-9 (5' GAATACGGTCGCGGCTAGAAATC 3')/CE-10 (5'CTATTCGGGTTCTGGACCTGGC3'). Dos cinco pools de RNA, dois foram positivos para o CABYV. A incidência nas amostras individuais de cada pool positivo foi avaliada por RT-PCR. O CABYV foi identificado em 29,2% (7/24) das amostras testadas, sendo quatro maracujazeiros do genótipo FB300 e três híbridos H09-110/111. A infecção mista com o CABMV foi investigada nas plantas positivas para o CABYV. RT-PCR com os primers CABMVLNJP2492F(5'GGTTCGTGATGTTTTGGTGCC3')/CABMVLNJP3373R(5'CAAAAAGCACGCACTCACAAATC3') confirmou a presença do CABMV em todas as plantas testadas. O CABYV foi descrito pela primeira vez em maracujazeiros (*P. edulis*, *P. cincinnata* e *P. alata*) na Bahia, tendo sido também reportado em meloeiro no Rio Grande do Norte e Bahia. O CABMV, causador do endurecimento dos frutos do maracujazeiro, também foi identificado em infecção mista com CABYV nos maracujazeiros na Bahia. De acordo com os nossos resultados, e trabalhos anteriores, o CABYV parece ser amplamente distribuído pelo Brasil. É evidente, a necessidade de estudos adicionais para avaliar a epidemiologia do CABYV, bem como o impacto da interação CABYV/CABMV na produtividade da cultura.

OCORRÊNCIA DE *Meloidogyne incognita* EM ÁREAS CULTIVADAS COM ALGODOEIRO RESISTENTE 'IMA 5801B2RF'

Caio Felipe De Barros Souza
Fabiano J. Perina
João Pedro Rodrigues Pêgo
Sheila Freitas De Almeida
Juvenil Enrique Cares
Regina Maria Dechechi Gomes Carneiro

Devido à recente detecção de *Meloidogyne enterolobii* no estado da Bahia, foi realizado um levantamento de espécies do nematoide de galhas em 12.500 hectares de algodão, em seis municípios desse estado, cultivados com a variedade 'IMA 5801B2RF', que apresenta resistência a *M. incognita* (QTL qMi-C11 e qMi-C14). Este trabalho teve como objetivo mapear a nova raça de *M. enterolobii* nessa região, que poderá causar futuramente sérios danos a produção de algodão, devido a sua virulência à cultivar resistente. A detecção de *Meloidogyne* sp. foi feita em 42 talhões de algodão. Foi detectado o nematoide das galhas em 21 amostras (50% de ocorrência). Também foram detectadas outras espécies de fitonematóides, comumente associadas às raízes do algodoeiro (*Pratylenchus brachyurus* e *Rotylenchulus reniformis*). Seis populações de *Meloidogyne* sp. dos municípios de São Desidério, Correntina e Riachão das Neves apresentaram elevado número de juvenis de segundo estágio (J2) em 10 g de raízes e 200 cm³ de solo (>500 J2). As análises bioquímica e molecular revelaram que as seis populações das três origens geográficas distintas eram *M. incognita*. *M. enterolobii* não foi detectada no levantamento, mostrando a sua baixa distribuição. Um bioensaio com a cultivar IMA 5801B2RF não revelou altos níveis de reprodução dessas populações de *M. incognita* encontradas em campo, confirmando a alta resistência da cultivar IMA 5801B2RF e a não virulência das populações do nematoide. Esse trabalho destaca possíveis erros na identificação das cultivares plantadas, utilização de sementes de safras anteriores ou possíveis erros na distribuição de lotes de sementes. Esses erros podem colocar em risco ações direcionadas ao controle do nematoide das galhas.

OCORRÊNCIA RESTRITA DE *Meloidogyne izarcoensis* EM CAFEZEIROS NO TRIÂNGULO MINEIRO, BRASIL

Sheila Freitas De Almeida
Daniela Rossato Stefanelo
Marcilene Fernandes Almeida Dos Santos
Gleiciane Pinheiro Sousa
Yuri Medeiros Maia
Juvenil Enrique Cares
Regina Maria Dechechi Gomes Carneiro

Meloidogyne izarcoensis Carneiro et al., 2005 foi recentemente detectada no Brasil, parasitando cafeeiros na região do Triângulo Mineiro, MG. Dessa maneira, a fim de determinar a distribuição desse nematoide nessa região foi realizado um levantamento de *Meloidogyne* spp. em cafezais nos municípios de Araguari e Indianópolis. No início do levantamento, o perfil de esterases foi usado, mas com essa metodologia não foi possível detectar *M. exigua*. Assim, optou-se pelos marcadores SCAR-café que detectaram todas as espécies em multiplex. Com base nos marcadores SCAR, foram detectados tais nematoides em 79,17% do total de amostras, das quais *M. exigua* (562 pb), *M. incognita* (399 pb), *M. paranaensis* (208 pb) e *M. izarcoensis* (670 pb) estavam presentes em 41,67%, 33,33%, 20,83% e 4,17%, respectivamente. Misturas de populações foram observadas em 20,83% das amostras, ou seja, *M. paranaensis* + *M. exigua* (8,33%) ou *M. incognita* + *M. exigua* (12,5%). *Meloidogyne exigua* foi a espécie prevalente, ocorrendo na maioria das amostras. Este levantamento confirmou que *M. izarcoensis* ainda é de ocorrência restrita na região onde a mesma foi inicialmente detectada, e também serve como alerta para a adoção de medidas de contenção para *M. incognita* e *M. paranaensis* no estado de Minas Gerais.

REAÇÃO DE GENÓTIPOS DE CAFÉ A *Meloidogyne izarcoensis*

Sheila Freitas De Almeida
Daniela Rossato Stefanelo
Paolo Lucas Rodrigues Silva
Yuri Medeiros Maia
Marcilene Fernandes Almeida Dos Santos
Gleiciane Pinheiro Sousa
Sonia Salgado
Gustavo Hiroshi Sera
Juvenil Enrique Cares
Regina Maria Dechechi Gomes Carneiro

Meloidogyne izarcoensis foi recentemente detectado (Triângulo Mineiro, MG) no Brasil na cultura do café (*Coffea arabica* L.). Apesar da resistência genética de plantas ser considerada uma das principais medidas de manejo de nematoides, a resistência a *M. izarcoensis* ainda não foi estudada em cultivares de café com genes de resistência para outras espécies de *Meloidogyne* do cafeeiro. O objetivo deste estudo foi avaliar a reação de quinze genótipos de café a esse nematoide. Para isso, foram realizados quatro ensaios separados utilizando a mesma concentração de inóculo (10.000 ovos/planta), dispostos em delineamento inteiramente casualizado, com oito repetições. Os genótipos que apresentaram $FR < 1$ foram classificados como resistentes (R), enquanto aqueles com $FR > 1$ foram considerados suscetíveis (S), segundo Oostenbrink, 1966. Critério intermediário como moderadamente resistente (MR) foi determinado usando análise estatística. Nos quatro experimentos verificou-se a suscetibilidade de quase todos os acessos e genótipos avaliados (Cruzamentos Amphillo x Catuaí, Híbrido do Timor, IAPAR 59, IPRs 99, 100, 102, 103, 105, 106, 107 e 108, FRs variando de 5,1 a 146,5) a *M. izarcoensis*, exceto a cv. Apoatã IAC 2258 que se mostrou moderadamente resistente ($FR = 2,65$). De maneira geral, a suscetibilidade de quase todos os genótipos que são resistentes a outras espécies de *Meloidogyne*, dá indícios de uma espécie virulenta. Mais estudos são necessários para medir a agressividade do nematoide e o comportamento dos cafeeiros ao longo do tempo.

OCORRÊNCIA DE UMA NOVA RAÇA DE *Meloidogyne enterolobii* PARASITANDO O ALGODOEIRO NO OESTE DA BAHIA

Caio Felipe De Barros Souza
Rafael Galbieri
Jean Louis Belot
Bárbara França Negri
Fabiano J. Perina
Juliano Vilardi Gavoçi Tenente Prendi
Juvenil Enrique Cares
Regina Maria Dechechi Gomes Carneiro

Meloidogyne incognita é uma espécie de nematoide das galhas mundialmente conhecida por infectar o algodoeiro, e a cultivar resistente IMA 5801B2RF foi lançada recentemente no Brasil para o seu controle. Em 2019, a primeira infecção por *M. enterolobii* em algodão resistente foi relatada no estado de Minas Gerais. Em 2021, o algodoeiro resistente cv. IMA 5801B2RF exibindo múltiplas galhas e plantas de porte reduzido foram detectadas no município de São Desidério, Bahia. A identificação do nematoide ocorreu com base em abordagem bioquímica e molecular revelando o fenótipo da a-esterase En2 e amplificação do fragmento específico de 520 pb (primer MK7F/MK7R), padrões típicos de *M. enterolobii*. Para confirmar a patogenicidade e a raça desta população, algodoeiros da cultivar IMA 5801B2RF foram inoculadas com 6.000 ovos/J2, e foram aos 70 dias após a inoculação. O algodão inoculado apresentou fator de reprodução (FR) médio de 3,38, comprovando que a resistência da cultivar IMA 5801B2RF foi quebrada, confirmando o postulado de Koch. Nosso trabalho traz o primeiro relato da infecção natural de *M. enterolobii* em algodão no estado da Bahia e a presença de uma nova raça desta espécie no Brasil, destacando a presença da raça patogênica ao algodão em dois estados: Minas Gerais e Bahia. Dada a virulência e ampla gama de hospedeiros desta espécie, e a quebra de genes de resistência em diversas culturas de interesse econômico, medidas de contenção precisam ser tomadas para evitar a disseminação da raça do algodão de *M. enterolobii* no Brasil.

ESTIRPES DE *Bacillus* COM O MELHOR E O PIOR SUCESSO NO CONTROLE DE COLEÓPTEROS, ATRAVÉS DOS DADOS COLETADOS DE BIOENSAIOS SELETIVOS DO LABORATÓRIO DE BACTÉRIAS ENTOMOPATOGÊNICAS

Anderson De Oliveira Feitosa
Letícia Oliveira Dias
Bárbara Eckstein
Gabriella Magarelli

Anthonomus grandis é a principal praga da cultura de algodão, que ataca o órgão reprodutivo da planta, causando sérios prejuízos comerciais. Seu controle deve ser feito de maneira cuidadosa e correta, pois o menor descuido pode elevar a população do inseto e causar prejuízo a mais da metade da lavoura. A seleção de estirpes de *Bacillus* com grande sucesso no controle do bicudo para a construção de cultivares transgênicos com genes de resistência a essas pragas é uma das alternativas para seu controle. O objetivo desse estudo foi identificar as espécies de *Bacillus* que obtiveram o maior e o menor sucesso no controle dos coleópteros, por meio de bioensaios in vitro feitos no Laboratório de Bactérias Entomopatogênicas da Embrapa CENARGEN. Foram analisados os dados de controle de 1976 estirpes, disponíveis no Banco AleloMicro. Os dados foram distribuídos em diferentes faixas de controle (mortalidade), incluindo de 0 a 30%, 31% a 60%, 61% a 80% e de 81% a 100% de mortalidade do inseto. Após a análise dos dados, *Lysinibacillus sphaericus* revelou ser a estirpe menos eficaz, pois das 434 amostras testadas, apenas 26 apresentaram sucesso em bioensaios e mais de 400 amostras apresentaram resultado próximo a 0%. Entretanto, a espécie *Bacillus thuringiensis* (Bt) apresentou estirpes com maior frequência de alto controle, apresentando 74 amostras acima de 61% de eficácia, dentre 760 estirpes de Bt analisadas. A análise de dados realizada auxilia na tomada de decisão de quais espécies devem ser priorizadas para a busca de bacilos ativos contra *A. grandis*. Ainda, reforça a importância de um banco bem caracterizado taxonomicamente para a otimização de recursos e das pesquisas em geral.

AVALIAÇÃO DE DIETA ARTIFICIAL PARA ALIMENTAÇÃO DE *Dichelops melacanthus* EM LABORATÓRIO

Lara Gabriela
Gabriella Magarelli
Caroline Bezerra
Anderson De Oliveira Feitosa
Bárbara Eckstein

O percevejo *Dichelops melacanthus* ataca as culturas de soja, milho e trigo, afetando principalmente as sementes. Existem relatos de perdas consideráveis, como consequência de seu ataque, principalmente na cultura da soja. O controle biológico é uma das formas de controle. A fim de testar bactérias entomopatogênicas para seu controle, é necessário o uso de uma dieta artificial para os experimentos em laboratório. O objetivo do trabalho é analisar se a dieta utilizada para o percevejo *Euschistus heros*, já em uso no Laboratório de Bactérias Entomopatogênicas da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia é adequada para a espécie *D. melacanthus*. Para tal, os insetos de segundo instar serão submetidos à dieta artificial (à base de vagem de feijão, amendoim, sacarose, semente de soja, semente de girassol, germe de trigo, nupagim e ácido sórbico) e seu desenvolvimento será acompanhado por três gerações. O parâmetro a ser analisado será a taxa de mortalidade, peso e o desenvolvimento de três gerações. Os ensaios serão realizados com 10 insetos e cinco repetições. Os insetos serão acondicionados em placas de petri contendo a dieta artificial que é trocada uma vez por semana, para o controle será utilizada dieta natural (vagem de feijão). Os ensaios serão analisados para poder validar a dieta como fonte de alimento em condições de laboratório.

AVALIAÇÃO DA TOXICIDADE DE BACTÉRIAS DO GÊNERO *Bacillus* CONTRA *Euschistus heros* COM SUAS DIFERENTES FASES DA VIDA

Lara Gabriela, Caroline Bezerra
Anderson De Oliveira Feitosa
Gabriella Magarelli
Bárbara Eckstein

Euschistus heros é uma espécie de percevejo que ataca principalmente a cultura da soja, com maiores danos em sua fase reprodutiva. Uma opção para o controle desse inseto são as bactérias da família Bacillaceae, ativas especificamente contra seus insetos alvos. O objetivo do trabalho é identificar estirpes de *Bacillus* spp. para o controle de *Euschistus heros*. O trabalho vem sendo desenvolvido no Laboratório Bactérias Entomopatogênicas da Embrapa. Para os testes, os insetos de segundo ínstar foram confinados em placas contendo dieta artificial para percevejos e suspensão bacteriana, das bactérias em estudo. Analisou-se a mortalidade dos percevejos após 7 dias de exposição. Até o presente momento foram avaliadas 398 bactérias. Os resultados foram divididos em quatro faixas, de acordo com o nível de mortalidade que a bactéria causou, incluindo A) 0 a 30%; B) 31 a 60%; C) 61 a 80% e; D) 81 a 100% de mortalidade. Como resultado, 17% das amostras estão na classificação "A", 39% na classificação "B", 25% na classificação "C" e 19% na última faixa. Conclui-se que vários isolados da Coleção de Bactérias da Embrapa apresentam bom nível de controle do percevejo *E. heros* in vitro. O próximo passo será a análise das melhores bactérias em condição de casa-de-vegetação.

COMPORTAMENTO REPRODUTIVO DE *Sternochetus mangiferae* (Coleoptera: Curculionidae)

Giancarlo Catafesta
Maria Carolina Blassioli Moraes
Miguel Borges
Raúl Alberto Laumann
Marcelo Perrone Ricalde

Sternochetus mangiferae é originário da Índia, seu ciclo de vida é associado à manga sendo considerado uma praga, por reduzir a produtividade de frutos. No Brasil *S. mangiferae* é uma praga quarentenária, presente em 9 municípios do estado de Rio de Janeiro. O intuito deste trabalho foi estudar o comportamento reprodutivo desta espécie visando identificar as principais etapas e processo de comunicação. Os insetos utilizados, foram coletados no Rio de Janeiro e trazidos para a unidade da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia onde foram mantidos em condições de quarentena. Nos bioensaios foram utilizados casais, colocados em arenas formadas por placas de Petri de 9 cm de diâmetro e observados por 1 h. Foram realizados bioensaios sem e com a presença de estímulos (órgãos da planta, como flor, fruto e folha) para verificar se estes influenciam o comportamento de acasalamento e cópula. Para cada estímulo foram realizadas 30 repetições, na presença e ausência de luz, nos períodos da manhã e da tarde. Todos os comportamentos e sinais emitidos pelos insetos foram anotados em ordem de ocorrência. Dos casais observados, 73 (60,8%) estiveram ativos com machos e fêmeas se movimentando e desenvolvendo comportamentos de acasalamento e cópula. Com os dados obtidos foi construído um etograma, que permitiu identificar as principais categorias comportamentais sendo estas na sequência: aproximação do macho à fêmea (75,3% dos casais ativos, CA), monta do macho no dorso da fêmea (87,6% CA), emissão de sinais estridulatórios de dominância pelo macho (21% CA) que mantém a fêmea imóvel (9,5% CA) e cópula (19,1% CA). Nos casos em que a fêmea rejeitou o macho este comportamento foi precedido de emissão de som de estresse pela fêmea (16,4% CA). Outros comportamentos, como o de limpeza das patas foram observados frequentemente (43,8% CA), mas num contexto aleatório sem sugerir influência no comportamento reprodutivo do inseto. Não foi identificada influência dos diferentes órgãos da planta no comportamento dos insetos.



Quarentena

SOBREVIVÊNCIA DE *Fusarium spp.* ARMAZENADOS PELO MÉTODO DE SÍLICA GEL

Anna Caroline da Silva Nogueira
Arailde Fontes Urben

A Sala de Micologia da Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia dispõe de uma coleção de fungos parasitas ou exóticos de importância quarentenária, que estão armazenados em sílica gel. O principal objetivo dessa coleção é manter a longo prazo os isolados viáveis para pesquisas com fins quarentenários. As espécies do gênero *Fusarium* estão associadas a doenças de grande relevância, portanto, justifica-se a importância de mantê-las em coleção para usos posteriores em pesquisas. O objetivo do presente estudo foi verificar a sobrevivência das espécies de *Fusarium* da coleção, armazenadas em sílica gel, há 29 anos. O trabalho foi conduzido na Sala de Micologia da Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal durante o período de agosto a outubro de 2022. A coleção de *Fusarium spp.* é composta por um total de 104 isolados, que estão armazenados em microtubos tipo eppendorf contendo sílica gel. Foram testadas 22 amostras da coleção, representadas por 08 espécies de *Fusarium*. Retiraram-se pequenos grânulos de sílica gel contendo conídios do fungo, com o auxílio de um estilete, e distribuídos em placas de Petri contendo meio de cultura Batata-Dextrose-Ágar (BDA) e Suco de Tomate (ST). As placas foram incubadas em câmara de crescimento, tipo BOD, com fotoperíodo de 12 horas e temperatura de 24°C-26°C, durante 14 dias. A sobrevivência foi avaliada pelo crescimento de colônias em meio de cultura sólido e produção de conídios. Após o crescimento vegetativo e esporulação do fungo, foi realizada a confecção de lâminas para observação das estruturas reprodutivas e confirmação da espécie. Foram restauradas 12 cepas dentre as 22 tentativas de recuperação. Além disso, verificou-se que todas as oito espécies de *Fusarium* presentes na coleção apresentaram crescimento vegetativo vigoroso, com boa esporulação e livre de contaminação. Esse resultado mostra a eficiência no método de armazenamento de fungos em sílica gel e possibilita a continuidade do trabalho de manutenção de espécies patogênicas, como o *Fusarium*, a longo prazo na coleção.

ANÁLISE FITOSSANITÁRIA DE GERMOPLASMA VEGETAL, VISANDO A DETECÇÃO E A IDENTIFICAÇÃO DE BACTÉRIAS FITOPATOGÊNICAS

Sabrina Martins de Souza;
Abi Soares Dos Anjos Marques

Tendo em vista assegurar a sanidade vegetal e minimizar o risco de introdução e disseminação de pragas agrícolas no país, a Estação Quarentenária da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen) realiza análises fitossanitárias no germoplasma vegetal em processos de importação. A Bacteriologia Vegetal participa da análise dos materiais vegetais, com o objetivo de verificar a sanidade dos mesmos, tendo como foco a interceptação de bactérias quarentenárias para o Brasil. O diagnóstico é realizado por meio de métodos biológicos, sorológicos, bioquímicos e moleculares. Em 2022, foram analisados materiais de 13 processos: tomate, soja, milho, rabanete, capim Buffel, alfafa, *Eremocitrus*, ervilha, fava, centeio, cebola, trigo e feijão, destinados aos programas de melhoramento genético vegetal da Empresa. Após o recebimento na Bacteriologia, as amostras dos acessos foram registradas, seguindo-se o processo de análise. Diferentes procedimentos foram empregados, dependendo do tipo de material: maceração de sementes em água destilada estéril por 18 horas, em câmara fria, seguida do plaqueamento de alíquotas (100 µL) em meio sólido, acompanhamento do crescimento de colônias e observação de suas características morfológicas ou plaqueamento do extrato de folhas. As colônias que apresentaram aspectos macroscópicos compatíveis com bactérias fitopatogênicas foram purificadas para realização dos seguintes testes de identificação: fluorescência, reação de hipersensibilidade (HR), reação de Gram, oxidação/fermentação da glicose (O/F), arginina dehidrolase (ADH), catalase, oxidase e urease, para caracterizar os isolados a nível de gênero, espécie e subespécie. Foram realizados testes de patogenicidade em folhas ou frutos destacados para verificação do possível desenvolvimento de sintomas ocasionados pelas bactérias em análise. O teste molecular de reação em cadeia da polimerase (PCR) com primers específicos para subespécie e/ou patovar, seguido de eletroforese em gel de agarose, foi utilizado para confirmar o diagnóstico. Os resultados foram reunidos para a elaboração do laudo de análise, atestando a sanidade dos materiais vegetais internalizados no país. Somente um dos isolados bacterianos analisados, possivelmente *Pseudomonas viridiflava* presente em sementes de feijão, encontra-se em fase final de identificação.

CONSTRUÇÃO DE UM BANCO DE PRIMERS PARA IDENTIFICAÇÃO DE PRAGAS NA ESTAÇÃO QUARENTENÁRIA DE GERMOPLASMA VEGETAL

Philippe Spezia Silva
Amanda Gabriella Silva Venâncio
Andreza Viveiros Barbosa
Maria Elvira De Rezende
Dilson da Cunha Costa
Renata Santos De Mendonça
Norton Porto Benito
Leila Maria Gomes Barros

A reação em cadeia da polimerase (PCR), técnica utilizada para amplificar uma região específica do DNA, é frequentemente utilizada para a identificação de pragas presentes em material vegetal em análise na Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal (EQGV) da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Nas PCRs são utilizados primers descritos na literatura ou primers inéditos, desenhados pelos especialistas da EQGV, específicos para fins diagnósticos e análises filogenéticas. Esses primers estavam sendo guardados indiscriminadamente nos freezers (-20°C) dos laboratórios da EQGV, prejudicando sua acessibilidade. O objetivo deste trabalho foi a criação de um Banco de Primers contendo informações relevantes sobre cada exemplar, para agilizar as análises por PCR dos variados espécimes que chegam à EQGV. Para tal, foi criada uma tabela Excel com informações sobre a sequência, temperatura de “melting” (Tm), gene alvo, data de fabricação, empresa fabricante, solicitante, seu estado físico e referência bibliográfica, além de indicar sua localização no freezer – 20°C destinado para este Banco. Até o momento foram catalogados um total de 424 primers utilizados no diagnóstico molecular de insetos (145), ácaros (224) e nematóides (55) que estão disponíveis para os pesquisadores da EQGV e também para pesquisadores de instituições parceiras. Em breve, os primers utilizados nas áreas de Micologia, Bacteriologia e Virologia serão incorporados ao Banco, bem como todos os novos primers adquiridos pela EQGV.



Recursos Genéticos

Animais

ANÁLISE DE ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE PIRARUCU (*Arapaima gigas*) USANDO PAINEL DE SNPs DE BAIXA DENSIDADE

Aline Araujo Campelo Káifer
José Soares Silva
Noeliton Teixeira De Araújo Junior
Patrícia Ianella
Alexandre Rodrigues Caetano

O Pirarucu (*Arapaima gigas*) possui grande importância econômica e social na região Amazônica. Sua comercialização é uma das principais fontes de renda para a população local e, em razão disso, a espécie sofreu uma drástica redução em suas populações naturais. Uma alternativa viável para moderar a sobre-exploração é a criação do Pirarucu em cativeiro, entretanto, o cultivo enfrenta desafios devido ao complexo processo de reprodução e a falta de manejo genético dos reprodutores. O objetivo do presente trabalho foi caracterizar geneticamente populações de Pirarucu selvagens e de cativeiro usando um painel de SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms) de baixa densidade para analisar a variabilidade e estruturação genética dessa espécie. Amostras de tecido de populações das bacias hidrográficas dos rios Amazonas e Araguaia/Tocantins foram processadas para extração de DNA usando, principalmente, o método CTAB (Cetyltrimethylammonium Bromide). As amostras foram genotipadas com um painel de 96 SNPs na plataforma Fluidigm EP1 e os dados foram analisados com os programas SNP & Variation Suite™ (SVS – Golden Helix), GenAEx 6.5 (Peakall; Smouse, 2006, 2012) e STRUCTURE 2.3.4 (Pritchard et al., 2000). Os resultados preliminares mostram que as populações de Pirarucu são muito estruturadas. Há uma diferença genética significativa entre as populações da bacia Amazônica e da bacia Tocantins-Araguaia ($F_{st} = 0,399$) e, mesmo dentro dessas duas grandes populações, foram observadas distâncias genéticas elevadas, com F_{st} de 0,263 na bacia Amazônica e 0,430 no Tocantins-Araguaia. O índice de fixação geral (F) foi de -0,049, indicando baixa endogamia dentro dessas duas populações. É possível que o isolamento causado pelo distanciamento geográfico tenha facilitado o processo de estruturação das populações de Pirarucu. Traçar o perfil genético dessas populações auxiliará a identificar indivíduos muito aparentados e com isso, melhorar seu manejo e cultivo, contribuindo para a conservação das populações selvagens. Os resultados obtidos poderão subsidiar a elaboração de estratégias de uso e conservação de germoplasma da espécie.

MUITO ALÉM DAS ÁRVORES TORTAS: A IMPORTÂNCIA DOS HABITATS SAVÂNICOS DO BIOMA CERRADO PARA A MANUTENÇÃO DA DIVERSIDADE DE ABELHAS SILVESTRES

Rafaela Mendes Assunção
Luan S. Souza
Gustavo Martins Tostes
Amanda Alves De Oliveira
João Guilherme Vasconcelos
Marina De Almeida Magalhães Pereira
Pedro H. B. Togni
Carmen Pires

Abelhas compõem um grupo diverso com características funcionais complementares que favorecem a polinização de diferentes culturas agrícolas. Habitats de vegetação natural próximos aos cultivos fornecem recursos e podem beneficiar a diversidade de abelhas. Contudo, há diferenças entre habitats naturais do bioma Cerrado que podem impactar de forma distinta a biodiversidade e os serviços associados. Avaliamos como diferentes tipos de vegetação natural do Cerrado afetam a diversidade de abelhas silvestres visitantes florais do tomateiro. O estudo foi feito em sete propriedades rurais orgânicas, entre 2019 e 2020. Nesse período, todas as abelhas que pousavam na flor do tomateiro eram coletadas. Avaliamos a composição da paisagem através da proporção ocupada por diferentes tipos de vegetação natural do Cerrado (campo, floresta e savana) dentro de um raio de 2km, tomando como centro o cultivo de tomateiros. As características da paisagem e dos habitats naturais foram relacionadas com a diversidade de abelhas coletadas (índice de Shannon). Confirmando nossas previsões, o efeito da proporção de vegetação natural da paisagem na diversidade de abelhas variou entre os tipos de vegetação. Os habitats savânicos tiveram um efeito positivo, mas habitats florestais tiveram um efeito negativo na diversidade de abelhas observada. Habitats savânicos tiveram a maior importância na relação entre quantidade de vegetação natural na paisagem e a diversidade de abelhas, explicando 57% dessa relação. Nossos resultados evidenciam a importância de considerar as particularidades dos ecossistemas naturais do Cerrado e, assim, auxiliar no manejo e conservação apropriados da sua biodiversidade, como pode ser o caso para outras regiões e biomas tropicais. Sugerimos que habitats savânicos precisam ser melhor avaliados em estudos de contexto paisagístico em agroecossistemas. Isso porque abelhas silvestres em agroecossistemas interagem diretamente com os habitats naturais, especificamente os savânicos.

MITOS ENTOMOLÓGICOS: ENSINO SOBRE INSETOS COM MACROFOTOGRAFIAS PARA DESCONSTRUIR SEU ESTIGMA NEGATIVO

Daniel Antunes Daldegan

Maria Rita Avanzi

Carmen Pires

O ensino sobre a temática Insetos muitas vezes é subvalorizado, comparado a importância ecológica de seus espécimes e sua parcela participativa na Fauna. Sua abordagem normalmente se dá de maneira conteudista, priorizando informações taxonômicas, sem uma contextualização ecológica e etnoentomológica. Esta conduta, aliada às representações sociais comumente baseadas em preconceitos, age como um gerador de aversão a estes animais, dificultando também o interesse dos alunos pelo conteúdo. Frente a isso, desenvolveu-se a proposta de um material didático que buscasse abordar esses animais por uma outra visão, além da exemplificação apenas de espécies classificadas como pragas, vetores de doenças, ou que trazem algum benefício a sociedade. O material é apresentado em tópicos relacionados à morfologia, ecologia e classificação, relativos aos conteúdos curriculares, e à temática social, apresentando e discorrendo sobre mitos e lendas provenientes dos conhecimentos populares, de maneira a ressignificar as possíveis relações de medo e aversão aos insetos. O material didático produzido foi submetido a uma análise por onze professores com experiência no Ensino Fundamental – Anos finais, etapa a qual é destinado, e posterior validação por meio de um questionário online. As perguntas do questionário buscavam uma avaliação por sua diagramação, conteúdos biológicos e etnoentomológicos abordados, e relevância das imagens e ilustrações que o compõem. O retorno foi positivo, indicando seu potencial didático para a compreensão dos conceitos curriculares e desconstrução de mitos e lendas. Foi considerado que seu conteúdo contribui para a ressignificação das representações sociais acerca dos insetos, sendo apresentado de maneira didática e convidativa, auxiliando os professores a tornar este tema atrativo aos alunos, facilitando o aprendizado. As sugestões propostas pelos participantes da pesquisa serão consideradas para edição do material, visando sua disponibilização para professores e estudantes de educação básica.

CARACTERIZAÇÃO GENÉTICA DE BOVINOS DA RAÇA CRIOULA LAGEANA

Daiza Orth
Fernanda Luísa Alves
Lucas Macêdo Santos Basílio
Alexandre Rodrigues Caetano
Alexandre Floriane Ramos
Patrícia Ianella

O Crioulo Lageano é uma raça taurina brasileira adaptada aos Campos de Cima da Serra do RS e do planalto Catarinense. O plantel médio atual é de 1400 animais, tornando-a assim uma raça em risco de extinção. O Banco Brasileiro de Germoplasma Animal (BBGA) mantém germoplasma dessa raça, como parte do Programa Nacional de Conservação de Recursos Genéticos Animais. O objetivo desse estudo foi caracterizar a diversidade genética, assim como o tamanho efetivo populacional (N_e) da raça Crioulo Lageano de diferentes fazendas, e compará-las com as amostras conservadas no BBGA. Um total de 520 amostras, sendo 25 do BBGA, 43 do Banco de DNA da Embrapa (BDNA) e 452 de oito fazendas foram genotipadas com o chip Illumina Bovine HD BeadChip, BovineSNP50 ou GGP150k Neogen. Os dados foram analisados no software SNP & Variation Suite v8.x (SVS, Golden Helix, Inc.). As análises iniciais de controle de qualidade removeram amostras duplicadas e marcadores com call rate < 0.90 , MAF < 0.05 e LD $r^2 < 0,5$, resultando em um conjunto de dados com 12.961 SNPs e 492 amostras. Para estimar as estatísticas de Wright e Análise de Variância Molecular (AMOVA) foi utilizado o software Arlequin v. 3.5. Para estimar o Tamanho efetivo populacional (N_e) de cada grupo de amostras foi utilizado o NeEstimator v.2.0. O Crioulo Lageano apresentou uma heterozigosidade média observada ($H_O = 0,381$), sugerindo altos níveis de diversidade genética, a análise da AMOVA demonstrou que apenas 2,11% da variação genética observada de todo o conjunto de dados é devido a diferenças entre populações distintas. A análise de F_{ST} indicam uma pequena diferenciação entre as diferentes populações de raças. O N_e estimado para as amostras de 8 fazendas foi de 21.5 indivíduos, enquanto que para o BBGA o N_e estimado foi de 6. O resultado obtido demonstra que o BBGA deve ser populado com mais amostras dos rebanhos comerciais existentes de Crioulo Lageano, afim de incluir uma amostragem mais representativa da raça.

VALIDAÇÃO DE PAINEL DE SNPs DE BAIXA DENSIDADE PARA ANÁLISE DE PATERNIDADE E DETERMINAÇÃO DE PARENTESCO DE POPULAÇÕES COMERCIAIS DE CAMARÃO CINZA (*Litopenaeus vannamei*)

Nayelle Meyre Lisboa Silva
Patrícia Ianella
Michel Eduardo Beleza Yamagishi
João Luís Rocha
Ana Karina Teixeira
Flávio Galvão Farias
Ana Carolina Guerrelhas
Alexandre Rodrigues Caetano

O camarão cinza (*Litopenaeus vannamei*) é a espécie de penaeideo mais cultivada em todo o mundo, com produção mundial de 4,1 milhões de toneladas em 2016. O desenvolvimento e validação de um painel de SNPs de baixa densidade (até 100 SNPs) para realizar atribuições de paternidade e determinação de parentesco de alto rendimento e baixo custo em linhagens de reprodutores de *L. vannamei* é de grande utilidade para o setor produtivo. Amostras de quatro linhagens de seleção de um núcleo de criação (N = 167), de sete lojas de varejo no Brasil (N = 191) e de famílias (filhos, mães conhecidas e touros putativos) de um núcleo de criação comercial (N = 257) foram usadas no estudo. Todas as amostras foram genotipadas com plataforma Fluidigm e um conjunto de 96 marcadores SNP extraídos de um conjunto de dados desenvolvido localmente. Os dados resultantes da genotipagem foram analisados, inicialmente, com SVS Golden Helix para controle de qualidade (CQ) e subsequente realização de análises de probabilidade de não exclusão. O software CERVUS foi utilizado para atribuição de paternidade. O CQ excluiu cinco amostras e oito SNPs com Taxa de chamada < 0,90, Menor Frequência Alélica < 0,01, e Desequilíbrio de Ligação com $r^2 < 0.50$. A probabilidade média geral estimada de não exclusão considerando um progenitor conhecido e um progenitor putativo foi de $1,1 \times 10^{-6}$, $7,0 \times 10^{-4}$ considerando nenhum progenitor conhecido e $2,6 \times 10^{-10}$ considerando um par putativo de pai e mãe. A análise de parentesco usando CERVUS resultou em atribuições corretas de mães de todos os descendentes testados. Atribuições de pais com >95% de confiança foram obtidas em todos os casos. A partir desses resultados pode-se sugerir que o painel validado fornece informações satisfatórias em análises de atribuição de paternidade e determinação de parentesco do camarão cinza.

COLEÇÃO ENTOMOLÓGICA DE ABELHAS DA EMBRAPA RECURSOS GENÉTICOS E BIOTECNOLOGIA: SITUAÇÃO DO ACERVO DE ABELHAS EM 2022

Daniel Antunes Daldegan
Juliana Miranda França
Antonio Gabriel Torres Cardoso
João Victor De Oliveira Marques
Rafaela Olivera De Arruda
Tiago De Araujo Maia
Carmen Pires
Eliana M. G. Fontes

As coleções entomológicas são de fundamental importância para o conhecimento da biodiversidade de insetos. Os bancos de dados permitem o desenvolvimento de estudos de ecologia, biogeografia e conservação, padrões de distribuição geográfica, biodiversidade, ciclos biológicos, controle de pragas, mudanças ambientais, taxonomia e saúde humana. O Banco de dados Alelo é uma parceria entre as estatais de pesquisa do Brasil (Embrapa), EUA (Agriculture Research Service - ARS) e Canadá (Agriculture and Agri-Food Canada - AAFC), com foco em documentação e gestão de recursos genéticos animais, microbianos e vegetais de interesse agropecuário. A coleção entomológica do Laboratório de Ecologia e Biossegurança (LEB) da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia contém um acervo da fauna de insetos, resultado de 20 anos de coletas em diferentes sistemas agrícolas de algodão, abóbora, tomate e maracujá (propriedades orgânicas e/ou agroecológicas e convencionais) e em áreas de vegetação natural de Cerrado, Caatinga e Floresta Amazônica no entorno desses cultivos. Atualmente tem mais de 100 mil exemplares montados em alfinetes entomológicos e/ou armazenados em meio líquido. Desses, 11.091 indivíduos são exemplares em via seca de Hymenoptera famílias Apidae, Andrenidae, Halictidae e Megachilidae. Em 2021, informações sobre 5.474 espécimes do acervo, dentre elas 3.624 identificadas ao nível de espécie, foram disponibilizadas no banco de dados Alelo Animal. A família Apidae está melhor representada dentre as ordens existentes, com 5.215 espécimes pertencentes a 43 gêneros e 91 espécies. Polinizadores sem ferrão (*Tribo Meliponini*) representam 59,70% das abelhas do acervo. Além das informações taxonômicas, no Alelo estão depositados dados de local, data de coleta, planta associada, coletor responsável e projeto de origem dos espécimes.

CARACTERÍSTICAS BIOQUÍMICAS DO LÍQUIDO FOLICULAR PARA PREDIZER A COMPETÊNCIA DE OVÓCITOS BOVINOS

Nayara Ribeiro Kussano
Mauricio Franco
Margot Alves Nunes Dode

A competência do ovócito se refere à sua capacidade de se desenvolver até blastocisto, sendo o principal fator responsável pelo sucesso da produção in vitro de embriões. Portanto, características bioquímicas dos folículos que contêm ovócitos com alta ou baixa competência pode contribuir para identificação de marcadores. Objetivou-se avaliar o DNA livre de células (cfDNA) e a concentração de hormônios esteroides no líquido folicular visando identificar marcadores para selecionar ovócitos mais competentes. Para isso, folículos de 5-6mm foram dissecados de ovários de abatedouros, e, de cada folículo foram coletados individualmente amostras de líquido folicular (LF) e cada ovócito foi maturado, fecundado e cultivado individualmente até dia 8 de desenvolvimento. No D8 a taxa de blastocisto foi avaliada e as amostras de LF foram agrupadas de acordo com o resultado da PIVE em EMBRIÃO e NÃO EMBRIÃO (considerando os que chegaram ou não a Blastocisto no D8). No LF dos dois grupos foram realizadas a quantificação de cfDNA dos genes ART2 e BOVTA por qPCR e a concentração de Progesterona e Estradiol por quimiluminescência e eletroquimioluminescência, respectivamente. Os dados foram analisados por análise de variância e teste de Tukey. Os resultados mostraram maior quantidade ($P=0,01$) de cfDNA do gene ART2 no LF do grupo NÃO EMBRIÃO comparado ao do EMBRIÃO. Já para o gene BOVTA nenhuma diferença foi encontrada entre os grupos ($P>0,05$). A concentração de progesterona no LF foi similar entre os grupos EMBRIÃO (164,5ng/mL) e NÃO EMBRIÃO (152,8ng/mL), enquanto a de estradiol foi maior ($P=0,02$) no grupo EMBRIÃO (33,14ng/mL) comparado ao grupo NÃO EMBRIÃO (3,73ng/mL). Quando a relação P4/E2 foi avaliada constatou-se que essa foi maior no grupo EMBRIÃO ($P=0,02$). Conclui-se que, a quantificação do gene ART2, a concentração de Estradiol e a relação de P4/E2 no LF indicam ovócitos com maior potencial de desenvolvimento.

TESTAGEM DE MARCADORES SEXO-ESPECÍFICOS PARA TILÁPIA-DO-NILO (*Oreochromis niloticus*) EM GERMOPLASMA BRASILEIRO

Káifer José Soares Silva
Aline Araujo Campelo
Alexandre Rodrigues
Caetano Patrícia Ianella

A Tilápia-do-Nilo (*Oreochromis niloticus*) é a espécie com maior importância econômica para o setor aquícola do Brasil. A linhagem GIFT, criada com o objetivo de obter peixes com maior taxa de sobrevivência e rápido crescimento, representa mais da metade (54,6%) da produção da aquicultura no país. O objetivo do presente trabalho foi testar marcadores sexo-específicos em germoplasma de tilápia brasileiro, com o intuito de se determinar a acurácia da sexagem. Para tanto, 96 amostras de tecido de matrizes de tilápias sexadas, oriundas de produtores de diversos locais do país, foram processadas para extração de DNA com o método CTAB (Cetyltrimethylammonium Bromide). Iniciadores (primers) para sexagem de tilápia obtidos da literatura e desenvolvidos por nossa equipe com base em uma sequência sexo específica para tilápias foram testados nas 96 amostras por meio da técnica de PCR. Os resultados da PCR foram avaliados por eletroforese em gel para verificar a concordância entre o sexo fenotípico e o resultado dos testes. Os resultados preliminares mostram que de todos os primers testados, três apresentaram os melhores resultados de sensibilidade e especificidade: ON_SEX2 (84,2% / 91%), Amh_EVII (86,3% / 91,5%) e Amh_E0_del (86,2% / 92,6%). A acurácia de cada marcador foi de 87,5%, 88,9% e 89,4%, respectivamente. As discordâncias observadas podem ser explicadas por questões laboratoriais (falhas na PCR) ou biológicas, já que a linhagem GIFT é sabidamente resultante da combinação de várias outras linhagens de tilápia, o que pode ter afetado os mecanismos naturais de determinação do sexo. Identificar marcadores sexo-específicos com maior acurácia, considerando o germoplasma presente no Brasil, pode trazer grandes benefícios para a produção da espécie e para o mercado de aquicultura no país. Os resultados obtidos trazem informações importantes para o desenvolvimento de estudos para identificação de marcadores de determinação sexual com maior acurácia utilizando ferramentas de genotipagem de alta densidade e estudos de associação genômica.

O PAPEL DAS PLANTAS ESPONTÂNEAS NA MANUTENÇÃO DA COMUNIDADE DE ABELHAS SILVESTRES EM AGROECOSSISTEMAS

Rafaela Mendes Assunção
Luan S. Souza
Gustavo Martins Tostes
Amanda Alves De Oliveira
João Guilherme Vasconcelos
Marina De Almeida Magalhães Pereira
Pedro H. B. Togni
Carmen Pires

O manejo do habitat em agroecossistemas pode beneficiar a diversidade de abelhas e a polinização em diferentes culturas agrícolas. Partindo dessa perspectiva, avaliamos como as plantas espontâneas auxiliam na manutenção de abelhas em propriedades orgânicas. O estudo foi feito em três propriedades orgânicas utilizando cultivos de tomateiro como modelo, entre outubro e novembro de 2020. Plantas espontâneas e suas abelhas visitantes foram amostrados em três áreas: dentro do cultivo, na borda do cultivo e nas plantas espontâneas a 10 metros do cultivo. A riqueza, abundância e disponibilidade de recurso das plantas espontâneas foram relacionadas com a abundância e riqueza de abelhas. Observamos que a abundância e a riqueza de abelhas nas plantas espontâneas não variaram com o local (dentro, borda ou à 10m do cultivo). Isso demonstra que as plantas espontâneas podem ser uma fonte de recurso suplementar para as abelhas independentemente do local onde são mantidas mesmo fora do período de floração dos cultivos. Também observamos que o número de indivíduos por espécie de planta espontânea teve efeito positivo na abundância e na riqueza de abelhas. Por outro lado, o número de flores por indivíduo por espécie de planta espontânea teve efeito negativo na abundância de abelhas. Isso mostra que a composição da comunidade de plantas espontâneas e sua disponibilidade de recursos também é um fator importante para as abelhas. Ter espécies de plantas espontâneas que apresentam quantidades variadas de flores é mais importante para as abelhas do que apenas a presença de plantas espontâneas de floração massiva. Nosso estudo também reforça a importância de se considerar a disponibilidade local de recursos providos pelas plantas espontâneas para garantir a manutenção de polinizadores na cultura. Isso pode ajudar a traçar estratégias de manejo que tornem as propriedades rurais mais permeáveis às abelhas, favorecendo a prestação do serviço de polinização nos agroecossistemas.

INFLUÊNCIA DA REDUÇÃO DA LUZ UV E AUMENTO DA TEMPERATURA SOBRE A ACLIMATAÇÃO E ATIVIDADE DE FORRAGEAMENTO DE ABELHAS SEM FERRÃO

Davi De Lacerda Ramos
Daniel Antunes Daldegan
Lucas Borges Macedo
Carmen Pires
Eliana M. G. Fontes
Mercedes Maria Da Cunha Bustamante

O uso de abelhas sem ferrão em casas de vegetação é uma alternativa promissora, entretanto, a efetividade da polinização pode ser comprometida pelas condições ambientais visto que os materiais plásticos de revestimento reduzem a luminosidade na faixa do ultravioleta (UV), utilizada na visão e orientação. Aumentos da temperatura nestes ambientes também podem reduzir a atividade destas abelhas. Tal efeito deve ser maior nos trópicos, onde as temperaturas podem ultrapassar 36°C. Este estudo avaliou o efeito da redução da luz UV por diferentes materiais e o aumento da temperatura na aclimação e atividade de forrageamento de duas espécies de abelhas sem ferrão (Hymenoptera:Apidae): *Melipona quadrifasciata* e *Frieseomelitta varia*. Foram usadas quatro arenas de 5,2m³ com baixa/alta luminosidade na faixa do UV e temperatura amena/elevada. Os resultados mostraram que para *M. quadrifasciata*, comportamentos relacionados a aclimação (entrada/saída do ninho e mortalidade) variaram entre tratamentos de acordo com o horário ($p<0.001$) e dias de confinamento ($p=0.01$). Horários mais quentes tiveram menor entrada e saída das abelhas e houve maior mortalidade no tratamento com elevada temperatura e incidência de luz UV. Em relação a atividade de forrageamento a média de visitas é maior nos tratamentos com temperatura amena, mesmo com redução de luz UV. Este número decresce com o passar do horário, sobretudo nos tratamentos mais quentes ($p=0.009$). Já em *F. varia*, a média de saídas, retornos e visitas florais foi sempre maior no tratamento com baixa temperatura e alta incidência de luz UV e tende a aumentar ao longo dos dias de confinamento nestas condições ($p<0.001$). A mortalidade, contudo, foi maior no tratamento com elevada temperatura e incidência de luz UV ($p<0.05$). Os resultados deste estudo sugerem que, embora possam se aclimatar, as condições ambientais podem afetar de forma diferenciada as abelhas avaliadas. *M. quadrifasciata* parece mais limitada pelo aumento da temperatura, enquanto que *F. varia*, além da temperatura, sofre maior influência da redução da luz UV sobre sua atividade de aclimação e forrageamento.

INFLUÊNCIA DA BAIXA INCIDÊNCIA DE LUZ ULTRAVIOLETA NO COMPORTAMENTO DE ESCOLHA DE TRÊS ESPÉCIES DE ABELHAS NATIVAS SEM FERRÃO

Davi De Lacerda Ramos
Lucas Borges Macedo
Daniel Antunes Daldegan
Carmen Pires
Eliana M. G. Fontes
Mercedes Bustamante

O uso de abelhas sem ferrão como polinizadores de cultivos em casas de vegetação é uma alternativa promissora. Entretanto, a efetividade da polinização por estas abelhas pode ser comprometida pelas condições ambientais visto que os materiais plásticos de revestimento reduzem a luminosidade na faixa do ultravioleta (UV), utilizada na visão e orientação das abelhas. Este estudo avaliou o efeito da redução da luz UV por diferentes materiais no comportamento de escolha de três espécies de abelhas sem ferrão (Hymenoptera: Apidae): *Scaptotrigona postica*, *Melipona quadrifasciata* e *Frieseomelitta varia*. Foram utilizadas arenas de dupla escolha no formato de Y, totalmente fechadas, pintadas internamente de preto, com entradas de luz somente nas extremidades finais dos braços. O experimento foi realizado em espaço aberto, durante a manhã, com luz natural incidindo igualmente nas arenas. Os seguintes materiais foram avaliados: vidro transparente de 4mm (> 90% de transmitância na faixa do UV); vidro com aplicação de película automotiva e filme plástico, que transmitem apenas 7% e <1% na faixa do UV, respectivamente. Os insetos eram introduzidos individualmente por um orifício na parte superior da arena. O registro da escolha era feito por observação direta. Para cada espécie, 100 abelhas foram observadas de forma independente nas seguintes combinações de tratamentos: vidro x vidro, vidro x vidro com película (VPE), vidro x filme plástico (VPL) e vidro com película x filme plástico (PEPL). A escolha das três espécies nas arenas foi maior pelo tratamento com maior transmitância de UV (vidro) quando contrastados com o plástico ou vidro com película ($p < 0.05$). Analisando os materiais com baixa transmitância (PEPL), as abelhas não mostraram preferência por nenhum dos materiais. Estes resultados indicam que a luz UV é determinante no comportamento de escolha das abelhas, sendo um importante fator ambiental a ser considerado em situações de uso e manejo destas em ambientes confinados.

AVALIAÇÃO DA VISITAÇÃO DE *Melipona quadrifasciata* Lepeletier (HYMENOPTERA: APIDAE) EM FLORES DE DIFERENTES VARIEDADES DE TOMATEIRO EM CULTIVO ORGÂNICO EM ESTUFAS

Luana Katheryne De Souza Dantas

Davi De Lacerda Ramos

Tiago De Araujo Maia

Lucas Borges Macedo

Antonio Gabriel Torres Cardoso

Eliana M. G. Fontes

Carmen Pires

O tomateiro, *Lycopersicon esculentum* Mill (Solanaceae), é polinizado pela vibração de suas flores. A abelha mandaçaia (*Melipona quadrifasciata*), realiza este comportamento no momento da coleta do pólen, atuando como polinizador efetivo. Têm-se testado o uso destas abelhas para polinização do tomateiro em estufas visando a melhoria da produção de sementes e frutos. Contudo, pouco se sabe sobre o manejo destes polinizadores nestes ambientes. O objetivo deste trabalho foi avaliar em tomateiro, variedades Italiano (ITA) e Sweet grape (SG), cultivado organicamente em estufa (1) se a visitação da mandaçaia diferia entre variedades, (2) como o aumento no número de colônias incrementaria a visitação nas duas variedades; e (3) quantas colônias eram necessárias para visitar 50% das flores de cada variedade. Os experimentos foram conduzidos na Fazenda Malunga - DF durante seis semanas, em uma estufa de 3.212 m², onde foram cultivadas 2.028 e 3.645 mudas das variedades ITA e SG, respectivamente. Semanalmente, foram adicionadas três caixas de mandaçaia, totalizando 18 caixas ao final da sexta semana de amostragem. A presença de marcas deixadas pelas abelhas nas flores foi utilizada como proxy da visitação e foi amostrada, semanalmente, em 135 plantas de SG e 78 plantas de ITA. Para a análise de dados realizamos um teste de Mann-Whitney e um modelo linear generalizado (GLM) com distribuição quasibinomial. Observamos que: houve maior visitação na variedade italiano ($p < 0,05$); nas duas variedades houve um incremento na visitação das flores com o aumento no número de colônias ($p < 0,05$) e o número máximo de colônias ($n=18$) foi suficiente para a visitação de 50% das flores de ambas variedades, embora na variedade ITA, este percentual tenha sido alcançado com 12 caixas. Os resultados confirmaram o potencial de uso da mandaçaia para polinização de flores do tomateiro em estufa e indicaram que mais estudos são necessários para determinar as causas da preferência entre variedades.



Recursos Genéticos Vegetais

SÍNTESE VERDE DE NANOPARTÍCULAS DE PRATA UTILIZANDO FOLHAS DE FRUTAS CÍTRICAS

Lucas Felipe Grizza Rossi
Sarah Araujo Dias Borges
Thalita Fonseca De Araujo
Cíntia Caetano Bonatto
Andre Felipe Camara Amaral
Luciano Paulino Da Silva

A síntese verde de nanopartículas metálicas destaca-se por permitir o uso de recursos biológicos no lugar de reagentes tóxicos, com vistas a diminuir a geração de subprodutos potencialmente perigosos ao ser humano e ao meio ambiente. Este estudo objetivou avaliar o potencial de recursos genéticos (RG) vegetais cítricos na síntese verde de nanopartículas de prata (AgNPs). Nesse viés, extratos aquosos das folhas de laranja e limão de concentrações iniciais de 2 e 20 mg/mL foram adicionados separadamente a uma solução de nitrato de prata (AgNO₃), concentração final de 1 mM, e, em seguida, as amostras foram incubadas em banho-maria a 75°C por 2,5 h. Com vistas a analisar a possível produção de AgNPs ao longo do tempo, alíquotas de 100 µL foram recolhidas, a cada 30 min, para a leitura espectrofotométrica a 450 nm. Com isso, foi observada mudança de coloração das reações contendo extratos aquosos de folhas das espécies analisadas e aumento da absorbância ao longo do tempo, sugerindo a formação de AgNPs em rendimentos e características variados. Nesse sentido, as AgNPs produzidas com os extratos de limão apresentaram diâmetros hidrodinâmicos (DH) médios de 105,5 e 895,6 nm, índices de polidispersividade (Pdl) de 0,268 e 0,828 e potencial Zeta (PZ) de -19,5 e -19,1 mV para as concentrações de extrato de 2 e 20 mg/mL respectivamente. Já as variedades de laranja demonstraram DH médios variando de 114,5 a 311,5 nm (extrato a 2 mg/mL) e de 542,3 a 3361,0 nm (extrato a 20 mg/mL); Pdl variando de 0,392 a 0,481 (extrato a 2 mg/mL) e 0,394 a 0,895 (extrato a 20 mg/mL); e PZ variando de -18,30 a -4,84 mV (extrato a 2 mg/mL) e -22,10 a -15,10 (extrato a 20 mg/mL). Por fim, com base nos resultados obtidos a partir de acessos de plantas de cítricas, nota-se a importância da seleção de RG vegetais apropriados para síntese verde de AgNPs para uso em aplicações industriais e agropecuárias.

COMPATIBILIDADE VEGETATIVA ENTRE ISOLADOS DE *Lentinula edodes* (Berk.) Pegler DA COLEÇÃO DE COGUMELOS DA EMBRAPA

Anna Caroline Da Silva Nogueira
Arailde Fontes Urben

O estudo de compatibilidade vegetativa entre isolados de cogumelos é fundamental, pois influencia diretamente no sucesso da produção de corpos frutíferos. O shiitake (*Lentinula edodes*) é um cogumelo comestível, com diversas propriedades medicinais, e as produções de linhagens híbridas podem ser conseguidas cultivando o fungo em meio líquido ou meio sólido. Essa técnica tem sido usada com sucesso em cultivo para produção de corpos frutíferos de *Lentinula edodes*, que é uma espécie heterotálica, de acordo com a literatura. Este trabalho objetiva determinar a compatibilidade e a sexualidade de 72 culturas fúngicas de *L. edodes* em meio sólido. Os ensaios foram conduzidos no Laboratório de Cogumelos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenargen). Utilizou-se cepas fúngicas da coleção de cogumelos procedentes de São Paulo (CC18), Paraná (CC19) e França (CC302). Foram utilizados dois meios de cultura acidificados para o desenvolvimento vegetativo do fungo: Batata-Dextrose-Ágar (BDA) e Suco de Tomate (ST). Em geral, o meio de cultivo contendo BDA apresentou melhor desenvolvimento vegetativo, comparado ao meio ST, com 14 dias de incubação. Todos os isolados apresentaram micélio cotonoso, de coloração branca e bastante ramificado. Efetuou-se pareamentos em todas as combinações de três isolados de *L. edodes*, sendo realizado seis repetições para cada meio de cultivo, totalizando 72 placas. Os resultados dos testes realizados indicam que houve pareamento de grupos opostos entre alguns isolados deste cogumelo. Dos 72 testes realizados de compatibilidade vegetativa, 44 culturas apresentaram uma leve ou forte linha branca nas áreas de cruzamento, enquanto 28 placas não apresentaram sinais de hibridação. Estudos sobre a produção das estruturas reprodutivas estão sendo conduzidos para confirmar o heterotalismo nas linhagens estudadas de *L. edodes*.

FUNGOS ASSOCIADOS ÀS ESPÉCIES DE BAUNILHA (*Vanilla spp.*)

Anna Caroline Da Silva Nogueira
Rosa de Belem das Neves Alves
Roberto Fontes Vieira
Luciano de Bem Bianchetti Arailde
Fontes Urben

No Brasil, há cerca de 38 espécies conhecidas do gênero *Vanilla*, Família Orchidaceae, que estão distribuídas em diversas regiões brasileiras. A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia dispõe do primeiro banco de germoplasma de baunilhas do Brasil, visando a preservação e o cultivo doméstico dessas espécies. Os fungos são um dos principais causadores de doenças em Orchidaceae, afetando a qualidade das flores e impedindo o cultivo das espécies. Este trabalho objetiva identificar fungos patogênicos em amostras de Baunilhas, coletadas no banco de germoplasma do Cenargen. Foram recebidas 07 amostras de Baunilha: *Vanilla* FSR 26, *Vanilla* RFV 2692, *Vanilla* MFS, *Vanilla* AAS 3758, *Vanilla* RFV 2693, *Vanilla planifolia* e *Vanilla* PSF. As amostras foram analisadas pelos métodos de Exame Direto e Plaqueamento em Meio de Cultura de Batata-Dextrose-Ágar (BDA). As placas foram incubadas em câmara de crescimento, tipo BOD, com fotoperíodo de 12 horas e temperatura de 24°C-26°C, durante 14 dias. Os fungos foram identificados sob aspectos culturais, morfológicos, fisiológicos, morfométricos e descrição taxonômica. No método de Exame Direto, observou-se lesões necróticas foliares com bordas escuras e de cor pardacenta. No Plaqueamento em Meio de Cultura foram detectados e identificados 08 fungos: *Cladosporium cladosporioides*, *Colletotrichum gloeosporioides*, *Fusarium moniliforme*, *Fusarium oxysporum*, *Hormiscium* sp., *Penicillium* sp., *Pestaloti a vanillae* e *Sordaria fimicola*. Os gêneros *Cladosporium*, *Hormiscium* e *Penicillium* geralmente são saprófitos, enquanto *Fusarium*, *Pestaloti a* e *Colletotrichum* são patogênicos em plantas. O *Fusarium oxysporum* é um dos principais patógenos que afetam Orchidaceae, causando podridão de raiz e caule nas plantas. Em *V. planifolia* o fungo é mais virulento, o que se atribui a uma forma especial (*F. oxysporum* F. sp. *radicis-vanillae*). Sugere-se realizar estudos sobre as variedades de baunilha resistentes aos patógenos aqui descritos e fazer levantamentos de fungos existentes no cultivo de baunilha no Brasil com o objetivo de adotar estratégias de controle biológico, que é de grande importância na saúde e na sustentabilidade do meio ambiente.

SÍNTESE DE NANOFIBRAS BIOPOLIMÉRICAS A PARTIR DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Mariana Gouveia De Queiroz
Bruna Moreira Hoefling
Karoline Da Costa Vieira
Lucio De Assis Araujo Neto
Cíntia Caetano Bonatto
Luciano Paulino Da Silva

A produção de nanofibras biopoliméricas a partir de materiais biológicos provenientes de plantas como fontes naturais de nanomateriais é uma alternativa sustentável e economicamente atrativa em comparação à utilização de fibras sintéticas. Nanofibras são nanomateriais que apresentam características vantajosas como altas cristalinidade e área de superfície, rigidez (módulo de Young alto), resistência à tração, transparência, além da densidade baixa e biodegradabilidade (no caso das nanofibras de fontes naturais). O estudo desenvolvido explora uma variedade de recursos genéticos (RG) vegetais para a síntese de nanofibras biopoliméricas a partir de uma mesma metodologia. As etapas de síntese envolvem pré-tratamento com NaOH 17,5% p/v, hidrólise ácida com HCl 1 M a 80°C e uma última etapa de tratamento químico com NaOH 2% p/v. Após a secagem, os materiais biológicos são submetidos a tratamento mecânico, macerados manualmente e centrifugados, sendo que, então, o sobrenadante é homogeneizado em ultrassom ou ultraturrax. As nanofibras de celulose foram sintetizadas a partir de acessos de bancos ativos de germoplasma (BAGs) e coleções de plantas como cuscuta, soja, café, girassol e caju. Os nanomateriais e micromateriais produzidos foram caracterizados por microscopia de luz e microscopia de força atômica (MFA), indicando materiais em nano a microescala com uma ampla diversidade de formas. As nanofibras identificadas apresentavam tamanho médio em diâmetro variando entre 4 nm e 180 nm (segundo dados de altura obtidos por MFA) e comprimento variando de 200 nm até a faixa micrométrica, chegando a 10 µm. Espera-se que os ensaios possibilitem o desenvolvimento de nanofibras biopoliméricas de alta qualidade a partir de RG vegetais diversos, com potencial para múltiplas aplicações, desde o reforço de compósitos até membranas de filtração, nanobiossensores e sistemas de biorremediação. O andamento do estudo no âmbito da plataforma NanoRecVeg visa ainda selecionar, dentre centenas de RGs vegetais, aqueles com propriedades mais apropriadas para a síntese desses nanomateriais.

Mariana Gouveia De Queiroz
Bruna Moreira Hoefling
Karoline Da Costa Vieira
Lucio De Assis Araujo Neto
Cíntia Caetano Bonatto
Luciano Paulino Da Silva

Carbon dots representam uma importante classe de nanopartículas de carbono com características atrativas como elevada dispersibilidade em água, baixa toxicidade, elevada biocompatibilidade, tamanho na escala nanométrica (até 10 nm), alto rendimento quântico, além da possibilidade de funcionalização superficial e intensa atividade fotoluminescente. Ainda, são de relativamente baixo custo para obtenção, a partir de métodos simples e econômicos, além do uso de precursores como coprodutos agropecuários e florestais. São nanomateriais com potencial para aplicação em diferentes áreas, como biossensores, supercapacitores, bioimagem, biomedicina, entre outros. O estudo desenvolvido explora diferentes recursos genéticos (RG) vegetais como fontes de materiais biológicos para a síntese de carbon dots a partir de uma mesma metodologia, que envolve calcinação a 260°C, seguida de maceração, dispersão em água ultrapura por sonicação e uma última etapa de filtração em 0,22 µm. Os carbon dots foram sintetizados a partir de materiais provenientes de acessos de bancos ativos de germoplasma (BAGs) e coleções da Embrapa de plantas como soja, café, girassol e caju. Foram caracterizados por espectroscopia de fotocorrelação, o diâmetro hidrodinâmico (DH) e o índice de polidispersividade (PDI); e por mobilidade eletroforética, o potencial Zeta (PZ). O DH médio dos nanomateriais produzidos variou, aproximadamente, entre 1 nm e 200 nm, indicando necessidade de aprimoramento do processo. Já o PDI se manteve entre 0.206 e 0.359 e o PZ, negativo, apresentando valor médio de -42,3 mV. Também foram caracterizados quanto às propriedades luminescentes por meio da inspeção visual das amostras sob luz ultravioleta em diferentes comprimentos de onda, sendo possível observar fotoluminescência no verde para algumas dessas. Espera-se que os ensaios possibilitem o estabelecimento de uma rota confiável para síntese de carbon dots de alta qualidade a partir de RG vegetais diversos, além da seleção, no âmbito da plataforma NanoRecVeg, daqueles que apresentem as propriedades mais adequadas para a síntese desses nanomateriais com ampla aplicabilidade industrial e na agricultura, como por exemplo em fertilizantes.

IDENTIFICAÇÃO E AVALIAÇÃO IN SILICO DA EXPRESSÃO EM TECIDOS DE POSSÍVEIS mRNAs DE VIDA LONGA DE FEIJÃO ATRAVÉS DE ANÁLISES DE GENÔMICA COMPARATIVA

Thifany Purcena
Alisson Ferreira Dantas
Roberto Coiti Togawa
Marcos Gimenes
Priscila Grynberg

A conservação de sementes é uma das formas mais eficientes para a conservação de recursos genéticos em longo prazo. O teste de germinação é o método recomendado para o monitoramento da viabilidade das sementes. Entretanto, esse teste não permite a detecção dos estágios iniciais da deterioração das sementes, mas apenas os finais, que são caracterizados por sementes com baixa viabilidade ou mortas. Em função disso, tem-se buscado marcadores moleculares, que permitam a avaliação desses estágios mais precoces. O nosso objetivo foi identificar genes de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) ortólogos a genes de arroz (*Oryza sativa* L.) e de *Arabidopsis thaliana* que codificam mRNAs de vida longa. Para isso uma análise de genômica comparativa por grupos ortólogos foi realizada utilizando o programa OrthoFinder para recuperar as proteínas de feijão potencialmente envolvidas com o processo. Um total de 99 proteínas ortólogas entre feijão e arroz (77% de similaridade entre as sequências) e 94 entre feijão e *A. thaliana* (65% de similaridade entre as sequências) foram identificadas. Os níveis de expressão de 44 genes de feijão, através da identificação de ortólogos em soja [*Glycine max* L. (Merrill)], foi verificada utilizando a plataforma web Bar (“Web-based tools for visualizing functional genomics and other data”). Nove genes de soja ortólogos a seis genes de feijão apresentam expressão alta e exclusiva em tecidos de sementes sendo quatro entre 10 e 13 dias após a fecundação (DAF) e cinco entre 28 e 42 dias após a fecundação. Aqueles que apresentam expressão mais tardia podem representar mRNAs de vida longa. A identificação desses mRNAs de vida longa candidatos abre a possibilidade de avaliação de suas integridades durante o processo de armazenamento de feijão em longo prazo em bancos de germoplasma e abre-se possibilidades para o monitoramento das coleções uma vez que a redução na integridade dos RNAs armazenados em semente é correlacionada com a degradação da semente levando à redução do poder de germinação do acesso em conservação.

SÍNTESE VERDE DE NANOPARTÍCULAS DE PRATA UTILIZANDO FOLHAS DE SETE VARIEDADES DE PLANTAS DO GÊNERO *Prunus*

Sarah Araujo Dias Borges
Lucas Felipe Grizza Rossi
Thalita Fonseca De Araujo
Cíntia Caetano Bonatto
Andre Felipe Camara Amaral
Luciano Paulino Da Silva

Biomoléculas encontradas em extratos vegetais têm a capacidade de reduzir metais em processos rápidos e simples possibilitando a produção de nanopartículas metálicas (NPMs) por meio da denominada síntese verde. O presente estudo buscou realizar uma triagem com recursos genéticos vegetais para selecionar aqueles que apresentam maior capacidade de sintetizar NPMs. Foram realizadas reações de síntese de nanopartículas de prata (AgNPs) utilizando extratos aquosos de folhas de pessegueiros (gênero *Prunus*) cultivados na localidade de Brasília. Os extratos aquosos foram produzidos pela decoção das folhas picotadas em água ultrapura com posterior filtragem a fim de se obter concentrações finais nas reações de 1 mg/mL (exceto para as variedades Eragil, Rubinel, Fascínio e Bruna) e 10 mg/mL e introduzidos em tubos contendo nitrato de prata (AgNO₃) na concentração final de 1 mmol/L. Os tubos contendo as reações foram incubados em banho-maria a 75°C durante 2 h e 30 min. A cada 30 min, uma alíquota era coletada e aplicada em uma microplaca para leitura da absorbância a 450 nm para monitoramento das reações. Posteriormente, as AgNPs formadas foram caracterizadas para obter o diâmetro hidrodinâmico (DH), índice de polidispersividade (Pdl) e potencial Zeta (PZ). Foram observados indicativos de formação de AgNPs pela mudança de coloração nos respectivos tubos de ensaio e aumento da absorbância com o passar do tempo de reação. Com a menor concentração de cada extrato foram produzidas AgNPs com DH variando de 218,7 a 329,6 nm, Pdl de 0,208 a 0,615 e PZ de -12,4 a -38,8 mV. Utilizando a maior concentração de cada extrato, obtiveram-se AgNPs com DH de 169,0 a 2748,0 nm, Pdl de 0,329 a 0,934 e PZ de -22,0 a -29,20 mV. Os resultados mostram que cada variedade testada formou AgNPs com diferentes características físico-químicas e que podem ser utilizadas para diversas aplicações industriais e agropecuárias.

SÍNTESE DE NANOPARTÍCULAS MONOMETÁLICAS E BIMETÁLICAS A PARTIR DE ACESSOS DO GÊNERO *Curcubita* PARA A EXPERIMENTAÇÃO IN VITRO QUANTO ÀS POSSÍVEIS ATIVIDADES BIOLÓGICAS POR MEIO DE TESTES EM MODELOS BACTERIANOS

Karoline De Britto Rocildes Abreu
Cíntia Caetano Bonatto
Luciano Paulino Da Silva

Nanopartículas metálicas (NPMs) vêm sendo estudadas como uma opção aos agentes antibacterianos convencionais. Para a obtenção de NPMs por métodos bottom-up comumente são utilizados sais metálicos de prata e cobre. Estudos recentes associam esses metais em nanopartículas bimetálicas (NPBMs) com o objetivo de unir vantagens e obter possíveis efeitos sinérgicos contra bactérias. O presente estudo teve como objetivo sintetizar quatro tipos de NPMs sendo elas: nanopartículas de cobre (CuNPs), nanopartículas de prata (AgNPs) e dois tipos de NPBMs: Ag@CuNPs e Cu@AgNPs a partir de extrato aquoso de acesso de planta do gênero *Curcubita*. Para a síntese das NPMs foi preparado extrato aquoso na concentração de 20 mg/mL, para as soluções de sais metálicos foram utilizados o nitrato de prata (AgNO₃) e sulfato de cobre (CuSO₄) a 1 mM. Na síntese das NPBMs foram utilizados os produtos da síntese das NPMs com ajustes de volume. Para a caracterização das NPMs foram realizadas as medições de diâmetros hidrodinâmicos (DH), potenciais Zeta (PZ) e índices de polidispersividade (Pdl). Foram realizados ensaios de concentração inibitória mínima (CIM) com cepas bacterianas de *Escherichia coli* e *Staphylococcus aureus*. Durante as reações de síntese de AgNPs, Ag@CuNP e Cu@AgNPs observou-se visualmente uma mudança na coloração que indica a formação de NPMs. Já durante a síntese de CuNPs não houve mudança de coloração. Os DH das NPMs foram na faixa compreendida entre 104 e 357 nm, Pdl entre 0,245 e 0,515, e PZ entre -21 e -27 mV, o que evidencia variações nas características entre as NPMs, mas que em geral foram nanométricas; levemente a moderadamente polidispersas; e com baixa a moderada estabilidade coloidal. As AgNPs apresentaram melhor resultado com relação ao ensaio de CIM a 256 µM contra *E. coli* e sem atividade determinada em *S. aureus*, enquanto as demais NPMs não demonstraram atividade até a maior concentração testada. Conclui-se então que as AgNPs apresentam uma atividade antimicrobiana mais pronunciada do que as demais NPMs avaliadas

VALIDAÇÃO “IN PLANTA” DO EFEITO DO GENE DA EXPANSINA (AdEXLA1) NO AUMENTO DA RESISTÊNCIA AO NEMATOIDE DAS GALHAS

Matheus Nascimento de Aguiar
Bruna Medeiros Pereira
Thais Nicolini Oliveira
Andressa da Cunha Quintanda Martins
Ana Mota
Mario Alfredo de Passos Saraiva
Patrícia Messemberg Guimarães
Ana Cristina Miranda Brasileiro

Fitopatógenos constituem um dos principais fatores de perda de produtividade em culturas de importância para o agronegócio brasileiro, com perdas de até 30% em soja, milho e algodão. O controle dessas pragas é em grande parte baseado no uso de agroquímicos que além de onerosos, são altamente tóxicos ao meio ambiente e ao homem. O uso de variedades resistentes contendo genes de resistência isolados de plantas parcialmente resistentes é a forma mais eficiente e durável para o controle dessas pragas. Plantas possuem um sofisticado sistema de resposta de defesa a patógenos em multicamadas que inclui desde barreiras físicas locais e armas químicas, até a sinalização sistêmica entre células e morte celular programada (HR) que limita a invasão e o crescimento de patógenos. Nesse estudo, objetivou-se a validação “in planta” do efeito do gene candidato (AdEXLA1), que codifica a proteína Expansina-like A (EXLA) isolado de *Arachis duranensis*, no processo de resistência ao nematoide das galhas, *Meloidogyne* spp. Para tal, plantas transgênicas de *Arabidopsis thaliana* (T2), superexpressando o gene AdEXLA1 foram obtidas e posteriormente inoculadas com *M. incognita*. Análises fenotípicas, realizadas 60 dias após a inoculação das plantas de geração T2, mostraram uma redução significativa tanto no número de galhas por grama de raiz inoculada (média de redução de 66,6%) como no número de fêmeas por grama de raiz inoculada (média 63,8%). Esses resultados indicam que a superexpressão de AdEXLA1 tem efeito significativo na redução da infecção causada *M. incognita*, e constitui um excelente candidato para transformação de plantas-alvo (soja, algodão, amendoim) visando um controle sustentável do patógeno.

GENES DA SUPERFAMÍLIA DAS EXPANSINAS DE ESPÉCIES SILVESTRES DE *Arachis* POTENCIALMENTE ENVOLVIDOS NA TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO

Matheus Nascimento de Aguiar
Bruna Medeiros Pereira
Thais Nicolini Oliveira
Andressa Da Cunha Quintanda Martins
Ana Mota
Mario Alfredo De Passos Saraiva
Patrícia Messemberg Guimarães
Ana Cristina Miranda Brasileiro

Longos períodos de estiagem têm sido um fator limitante para a produção agrícola em certas regiões que apresentam condições climáticas propícias para a ocorrência de seca prolongada. Denomina-se déficit hídrico o fenômeno que ocorre quando a precipitação é menor do que a evapotranspiração das plantas em um determinado período. Nas situações em que a irrigação de plantas não é econômica e/ou ambientalmente viável, as plantas ativam genes envolvidos nas respostas de tolerância ao déficit hídrico para sobreviver à desidratação. Um dos grupos de genes que está potencialmente envolvido nestas respostas é o da superfamília das Expansinas que são proteínas extracelulares responsáveis pelo relaxamento e extensão da parede celular e desempenham um papel essencial nos processos de desenvolvimento da planta, assim como na resposta a diferentes tipos de estresses. No presente estudo, objetivou-se a caracterização “in planta” da função biológica de dois genes candidatos que codificam respectivamente as proteínas a-Expansina (AdEXPA24) e Expansina-like A (AdEXLA1) de *Arachis duranensis* e estão potencialmente envolvidos no processo de tolerância ao déficit hídrico em espécies silvestres de *Arachis*. Para tanto, plantas transgênicas do sistema-modelo de *Arabidopsis thaliana*, em geração T2, superexpressando os genes AdEXPA24 e AdEXLA1 foram obtidas e posteriormente submetidas ao estresse hídrico por aproximadamente 15 dias com subsequente reidratação. Durante o ensaio, as plantas transgênicas e o controle não-transgênico foram fotografadas em dias alternados e “paletas” com essas fotos foram posteriormente montadas para comparar a respostas fenotípica da parte aérea à desidratação e reidratação. Foram atribuídas notas de 0 a 5 às paletas, em que 0 representa entrada no processo de murcha permanente e 5 a recuperação (“recovery”) do fenótipo normal hidratado, e a maioria das plantas transgênicas apresentaram boa recuperação quando comparadas aos controles não-transgênicos. Os resultados obtidos indicam que a superexpressão de genes pertencendo a duas subfamílias distintas de Expansina de *A. duranensis* é capaz de aumentar a tolerância ao déficit hídrico, quando comparadas com as plantas não-transgênicas.

CARACTERIZAÇÃO DA ATIVIDADE ANTIOXIDANTE E DOS FITOQUÍMICOS (SAPONINAS E ANTRAQUINONAS) DE EXTRATOS VEGETAIS DE AMOSTRAS DOS BANCOS ATIVOS DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA

Ananda De Oliveira Duarte
Karen Chrockatt De Sá Dantas
Gabriella Magarelli
Andre Felipe Camara Amaral
Luciano Paulino Da Silva
Vera Lucia Perussi Polez

Na Embrapa, uma significativa variabilidade genética vegetal está conservada em Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs), que representam uma fonte abundante de diversos materiais que podem fornecer moléculas com inúmeras características de interesse, como ação antioxidante. Os compostos antioxidantes, devido ao seu potencial redutor, participam da produção de nanopartículas metálicas (NPMs) via síntese verde. O objetivo do estudo visou avaliar as atividades antioxidantes e os fitoquímicos (saponinas e antraquinonas) presentes em extratos vegetais de amostras provenientes dos BAGs da Embrapa. A metodologia espectrofotométrica via radical 1,1-difenil-2-picrilhidrazila (DPPH) modificada foi utilizada para a avaliação da atividade antioxidante. Sementes de amendoim (*Arachis hypogaea*, cultivar OL4) foram germinadas para serem utilizadas nos ensaios de padronizações da atividade antioxidante. As reações com DPPH (0,06 mM) foram realizadas com extratos aquosos de amendoim [A1 (0,83 mg/mL), A2 (1,66mg/mL), A3 (3,33mg/mL) e A4 (5,0mg/mL)]. O padrão antioxidante utilizado como controle do experimento foi o ácido gálico (1,17 x 10⁵ mol/mL). As análises espectrofotométricas (UV/Vis) das amostras foram realizadas após 1 h de reação (492 nm). Para a atividade antioxidante, os extratos aquosos apresentaram a porcentagem de inibição A1 (10,90%), A2 (22,74%), A3 (45,48%) e A4 (57,63%). O protocolo será utilizado para as amostras de materiais biológicos oriundos BAGs. Já, os protocolos para a triagem fitoquímica (saponinas e antraquinonas) estão sendo otimizados por ensaios qualitativos para detectar os teores de antraquinonas e saponinas em amostras do BAG Caju. Neste caso, espera-se obter uma correlação entre extratos com atividade antioxidante, o perfil fitoquímico e a síntese de NPMs. Adicionalmente, os dados gerados poderão contribuir para a valoração dos BAGs da Embrapa.

NLR DE *Arachis stenosperma* CONFERE RESISTÊNCIA A *Fusarium oxysporum*

Amanda Cristina de Araújo Robert

Neil Gerard Miller

Patrícia Messemerberg Guimarães

Ana Cristina Miranda Brasileiro

Plantas são constantemente atacadas por pragas e microrganismos causadores de doenças que causam grandes perdas econômicas e sociais. Dentre os genes de resistência (R) encontrados em plantas, uma das famílias mais importantes é a dos NLR, que codificam proteínas com sítio de ligação de nucleotídeos (NBS) e domínios de repetição rica em leucina (LRR), e que desempenham papéis importantes na defesa contra patógenos. Ao longo dos últimos anos, estudos de genômica e transcritômica do nosso grupo possibilitaram a identificação de vários genes do tipo NLR em espécies selvagens de *Arachis*. O objetivo desse trabalho foi avaliar o efeito da superexpressão do gene NBS AsTIR19 de *A. stenosperma* na resistência a *Fusarium oxysporum* f.sp. conglutinans em *Arabidopsis thaliana*. As cepas 699 e 699 GFP de *F. o. f.sp. conglutinans*, fungo causador de murcha em diversas espécies, foram cultivadas em meio BDA e mantidas em placas de petri a 28°C. Para a produção de microconídios, discos de micélio foram transferidos para o meio nutritivo (BDB) e incubados por 3-4 dias a 28°C e 150 rpm. Os esporos foram filtrados, centrifugados e ressuspensos em água, e 1×10^5 esporos/ml foram usados na inoculação de plantas de *A. thaliana* selvagem (Col-0) e transgênicas com 21 dias de idade. As plantas foram avaliadas utilizando escala de notas visuais, de 1-5 em que 1 significava a planta com grau máximo de senescência, e os valores das avaliações foram submetidos a testes de significância e teste de Tukey. Todos os 7 eventos de *Arabidopsis* testados demonstraram redução significativa na infecção do fungo quando comparados com o controle, confirmando o papel deste NLR na defesa contra o patógeno. As vias metabólicas envolvidas na tolerância ao *F. oxysporum* f.sp. conglutinans serão analisadas visando identificar a dinâmica das respostas de defesa incitadas pelo gene seu potencial de utilização em plantas-alvo.

EXTRAÇÃO, FORMAÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DE NANOCRISTAIS DE CELULOSE PROVENIENTES DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS

Karoline Da Costa Vieira
Bruna Moreira Hoefling
Mariana Gouveia De Queiroz
Lucio De Assis Araujo Neto
Cíntia Caetano Bonatto
Luciano Paulino Da Silva

Nanocristais de celulose (NCs) são utilizados como componentes em embalagens para alimentos, veiculação de medicamentos, armazenamento de energia, biossensores, entre outros. Uma vez que esse tipo de nanomaterial detém a capacidade de ser renovável e biocompatível, existe interesse crescente para sua utilização tecnológica. Portanto, esse estudo visa ao desenvolvimento e utilização de uma metodologia simples, eficaz e menos poluente para extração e caracterização de NCs de diferentes fontes vegetais. Os materiais biológicos foram higienizados, pesados e submetidos a ciclos de lavagem com etanol absoluto e água. Após a secagem em estufa, utilizando pistilo e almofariz ocorreu a maceração mecânica, seguida de processo de hidrólise ácida com ácido sulfúrico em autoclave (121°C e 1 atm), seguida de correção do pH para neutro e, posteriormente, adicionando 0,1% de glutaraldeído como agente reticulante, em diferentes pH (5, 7, 8 e 11), promovendo a formação de NCs. Esse protocolo foi utilizado em cascas de semente do girassol, café, soja, amendoim, castanha de caju e fibra de cuscuta. A técnica de espectroscopia de fotocorrelação foi utilizada para obter os índices de polidispersividade (PDI) e diâmetros hidrodinâmicos (DH) visando a caracterização desses nanomateriais. Cada amostra apresentou um ou mais pH considerados ideais para formação dos NCs com menores tamanhos. Os resultados das médias da distribuição do DH em número mostraram que três amostras (soja, fibra de cuscuta e castanha de caju) apresentaram melhores atributos para formação de NCs em pH 5, duas amostras (café e amendoim) em pH 7, uma amostra (semente de girassol) em pH 9 e nenhuma apresentou o pH 11 como ideal. Nessas situações, os NCs apresentaram valores de PDI entre 0,560 e 0,826, indicadores de moderada a alta polidispersividade. Nesse momento, a metodologia de síntese está sendo utilizada para testar a capacidade de formação de NCs de acessos de materiais provenientes dos Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) da Embrapa para enriquecer com dados a plataforma NanoRegVeg com vistas a possíveis aplicações industriais e agropecuárias.

ANÁLISES HISTOLÓGICAS DA INTERAÇÃO ENTRE RAÍZES DE *Arabidopsis thaliana* SUPEREXPRESSANDO O GENE ASG29 DURANTE A INFECÇÃO POR *Meloidogyne incognita*

Nathália Nascimento De Aguiar
Patrícia Messemberg Guimarães
Bruna Medeiros Pereira
Ana Cristina Miranda Brasileiro
Eliza Bellard Do Nascimento
Ana Claudia Guerra de Araujo

O nematoide das galhas (Root-Knot Nematodes -RKN) *Meloidogyne* spp. é um fitopatógeno que afeta a produtividade de inúmeras culturas mundialmente. O seu controle é feito majoritariamente pela combinação de estratégias de manejo, uso de cultivares com maior resistência ao patógeno e de nematicidas, não utilizados em vários países devido aos prejuízos trazidos para humanos, animais e meio ambiente. O número de cultivares mais resistentes ao RKN ainda é limitado para a maioria das culturas, e, portanto, sempre é necessário desenvolver novas cultivares mais resistentes. Para isso, é necessário um maior conhecimento dos mecanismos de defesa da planta e dos elementos e genes envolvidos nessa interação. Assim, a identificação de genes que tem expressão diferencial durante a infecção por RKN vem sendo conduzida em diferentes abordagens. Dentre esses, o gene AsG29, oriundo da espécie silvestre *Arachis stenosperma* foi selecionado como um dos genes de defesa a ser analisado, e sua validação realizada em plantas modelo. Nesse trabalho, as análises das secções histológicas de raízes e galhas isoladas de *Arabidopsis thaliana* superexpressando o gene AsG29 após inoculação com estágio juvenil 2 (J2) de *M. incognita* indicaram a ocorrência frequente de estádios de desenvolvimento J2 e J3, além de múltiplos sítios de alimentação morfológicamente alterados com células gigantes (CGs), enquanto as plantas controle (WT) raramente indicaram alterações desse tipo. Essas observações indicam que a superexpressão desse gene de defesa induz de forma direta ou não, a degeneração dessas estruturas durante os estágios iniciais da interação planta-patógeno, o que possivelmente reduz os níveis de infecção pelo RKN.

AVALIAÇÃO DA ATIVIDADE ANTIOXIDANTE E MEDIDA DE FITOQUÍMICOS (FLAVONOIDES E TANINOS) DE EXTRATOS VEGETAIS DE AMOSTRAS DOS BANCOS ATIVOS DE GERMOPLASMA DA EMBRAPA

Karen Chrockatt De Sá Dantas
Ananda De Oliveira Duarte
Gabriella Magarelli
Andre Felipe Camara Amaral
Luciano Paulino Da Silva
Vera Lucia Perussi Polez

Antioxidantes são utilizados extensivamente em diferentes áreas como alimentícia, farmacêutica e biotecnológica. Diversos extratos vegetais são fontes de biomoléculas para a síntese verde de nanopartículas (NPs) e antioxidantes e outros componentes fitoquímicos apresentam um papel essencial para a formação de muitas dessas NPs. Os Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) da Embrapa são fontes importantes de recursos genéticos contendo moléculas vegetais para a síntese de NPs. O objetivo do estudo visou avaliar o potencial antioxidante e o perfil fitoquímico (flavonoides e taninos) de extratos vegetais de amostras provenientes dos BAGs da Embrapa. Para a avaliação da ação antioxidante foi utilizando o método quantitativo DPPH (2,2 Diphenyl 1 picrylhydrazyl) adaptado. A reação com DPPH (0,06 M) foi otimizada para um volume reduzido (0,6 mL) utilizando-se extratos aquosos de folhas desidratadas de cenoura (*Daucus carota*) [Ex-Aq-1 (0,83 mg/mL) e Ex-Aq-2 (8,3 mg/mL)] e etanólicos (50 e 80%): [Ex-Et50%-1 (0,83 mg/mL), Ex-Et80%-1.1 (0,83 mg/mL), Ex-Et50%-2 (8,3 mg/mL) e Ex-Et80%-2.1 (8,3 mg/mL)]. Como controle foi utilizado o ácido gálico ($1,17 \times 10^{-5}$ mol/mL). As análises espectrofotométricas de UV/Vis das amostras foram realizadas a 492 nm após 1 h de reação. As porcentagens de inibição do radical DPPH• pelos extratos foram: Ex-Aq-1 (12,6%), Ex-Aq-2 (74,5%), ExC-Et50%-1 (19,43%), ExC-Et80%-1.1 (18,18%), ExC-Et50%-2 (71,87%), ExC-Et80%-2.1 (53,56%). Os resultados indicaram uma maior atividade antioxidante para os extratos mais concentrados, em meio aquoso e em etanol 50%. O protocolo otimizado será aplicado para as amostras dos BAGs. Os ensaios qualitativos das caracterizações fitoquímicas estão sendo padronizados para detectar a presença de flavonoides e taninos utilizando amostras do BAG Caju (em andamento). Dessa forma, espera-se relacionar as caracterizações das atividades antioxidantes e fitoquímicas dos extratos vegetais com as propriedades das NPs sintetizadas, contribuindo assim para a valoração dos BAGs e das Coleções da Embrapa para futuras aplicações industriais e agropecuárias.

SÍNTESE VERDE DE NANOPARTÍCULAS METÁLICAS UTILIZANDO CASCAS DOS FRUTOS DE *Anacardium occidentale* L. ADVINDAS DO BANCO ATIVO DE GERMOPLASMA (BAG) CAJU

Sarah Araujo Dias Borges
Lucas Felipe Grizza Rossi
Thalita Fonseca De Araujo
Cíntia Caetano Bonatto
Andre Felipe Camara Amaral
Luciano Paulino Da Silva

O presente estudo faz parte da plataforma de triagem e seleção de recursos genéticos vegetais (NanoRecVeg) para produção de nanopartículas metálicas (NPMs) e está no primeiro ano de execução. Estão sendo realizadas reações de síntese de nanopartículas monometálicas de prata (AgNPs), cobre (CuNPs), ferro (FeNPs) e óxido de zinco (ZnONPs); e bimetálicas de cobre e prata (Cu@AgNPs). Utilizam-se extratos aquosos das cascas dos frutos de acessos de caju com concentração inicial de 20 mg/mL produzidos pela decocção das cascas em água ultrapura por 2 min com posterior filtragem. Os sais metálicos utilizados para as sínteses são: nitrato de prata (AgNO_3), sulfato de cobre pentahidratado ($\text{CuSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$), sulfato de ferro heptahidratado ($\text{FeSO}_4 \cdot 5\text{H}_2\text{O}$) e nitrato de zinco hexahidratado ($\text{Zn}(\text{NO}_3)_2 \cdot 6\text{H}_2\text{O}$). Uma determinada quantidade de cada sal metálico é adicionada a outra de extrato aquoso e o volume final de cada reação é de 5 mL. As NPMs são caracterizadas para obter o diâmetro hidrodinâmico (DH), índice de polidispersividade (Pdl) e potencial Zeta (PZ). Os DHs médios obtidos variaram entre: 54,4 e 214,0 nm para AgNPs, 275,1 e 2909,0 nm para CuNPs, 304,4 a 1929 nm para FeNPs, 2354 a 4795 nm para ZnONPs e 113,8 a 530,9 nm para Cu@AgNPs. Seguindo a mesma ordem, os Pdl e PZs variaram, respectivamente: de 0,217 a 0,493 e de -21,1 a -33,5 mV; de 0,407 a 0,992 e de -18,3 a -21,7 mV; de 0,346 a 0,831 e de -9,7 a -12,3 mV; de 0,108 a 1,000 e de -9,02 a 6,55 mV; de 0,215 a 0,428 e de -12,8 a -20,3 mV. As variadas características físico-químicas das NPMs formadas por cada acesso do BAG Caju demonstram as diferenças fitoquímicas existentes e a ampla aplicabilidade industrial das mesmas.

ANÁLISE DO EFEITO DO SILENCIAMENTO GÊNICO VIA RNAi EM *Nicotiana tabacum* VISANDO O AUMENTO DE RESISTÊNCIA A NEMATOIDE DAS GALHAS (RKN)

Renan Miguel Dos Anjos
Pedro Souza Berbert
Bruna Medeiros Pereira
Ana Cristina Miranda Brasileiro
Patrícia Messemberg Guimarães

Técnicas agrícolas mais recentes alcançaram níveis altos de produção e sustentabilidade para culturas de grande importância econômica. No entanto, uma parte considerável de custos dos processos agrícolas é referente ao controle de pragas, principalmente se tratando de nematoides parasitas, que além de ser um fator limitante da produtividade não há um método de controle eficaz e com baixa toxicidade disponível no mercado. Dentro desse contexto, o objetivo desse trabalho foi avaliar os efeitos do silenciamento gênico via RNA interferente (RNAi) de efetores putativos de *Meloidogyne incognita* (Minc_21700 e Minc_35054). Na literatura, esses genes apresentaram um aumento em sua expressão durante os estágios juvenis J2-J3-J4 e continuaram expressos na fase adulta feminina, além do efector 16D10 como controle positivo, que em análises anteriores demonstraram uma alta redução na infecção por RKN. As sequências senso e antisense dos dsRNA desenhados para o silenciamento dos efetores (Minc_21700, Minc_35054 e 16D10) foram clonadas no vetor primário pKB sob o controle do promotor do gene CaMV35S e posteriormente transferido para a linhagem desarmada de *Agrobacterium tumefaciens* EHA 105 e utilizado para transformação de plantas de tabaco (*Nicotiana tabacum* cv Xanthi). Plantas geneticamente modificadas foram obtidas pela seleção in vitro com canamicina e análises de PCR confirmaram a presença do transgene nas plantas regeneradas e resistentes à canamicina. Para avaliar o efeito dos efetores no aumento da resistência a RKN nas plantas transformadas, foram utilizadas linhagens de plantas transgênicas na linhagem T1 expressando dsRNA de 21700, 35054 e 2 e 16D10 que foram desafiadas com *M. incognita*. Dados preliminares indicaram que duas linhagens de 21700, apresentaram redução da infecção em mais de 22%, uma linhagem de 16D10 apresentou uma redução de 30% e o evento de 35054 manifestou uma redução de mais de 50% quando comparadas com plantas controle não-transgênicas. Este resultado indica que o silenciamento destes efetores é uma estratégia promissora para a geração de plantas resistentes a nematoides formadores de galhas.

ANÁLISES MICROSCÓPICAS DO EFEITO DA SUPEREXPRESSÃO DO GENE ASG29 EM FOLHAS DE *Arabidopsis thaliana* INFECTADAS POR *Sclerotinia sclerotiorum*

Nathália Nascimento de Aguiar
Patrícia Messemerberg Guimarães
Deziany Da Silva Ferreira
Ana Cristina Miranda Brasileiro
Eliza Bellard Do Nascimento
Ana Claudia Guerra de Araujo

Sclerotinia sclerotiorum é fungo com distribuição mundial, que pode infectar importantes plantas cultivadas, causando a doença designada mofo branco. Os escleródios são hifas vegetativas que desempenham um papel significativo no ciclo biológico e na infectividade de *S. sclerotiorum*, já que são a principal forma de propágulo para a dispersão do fungo, além de garantirem sua sobrevivência no solo mesmo durante condições desfavoráveis ao seu crescimento. O controle desse fungo é feito principalmente pelo uso de fungicidas. Entretanto, possui várias desvantagens, já que é difícil prever o melhor momento para aplicação, além da dificuldade de manejo em espécies com dosséis densos. Nesse estudo, para comparar o processo de infecção e o desenvolvimento das hifas e dos apressórios, um inóculo de escleródios de *S. sclerotiorum*, cultivado in vitro, foi utilizado em folhas destacadas de *Arabidopsis thaliana* e observados em microscópio estereomicroscópio Leica M205 FA (Leica, Alemanha) e microscópio de luz Zeiss Axiophot (Zeiss, Alemanha), ao longo das primeiras horas após inoculação. Regularmente, em folhas controle, as hifas se alongam sobre a superfície da folha, abaixo e em torno da área onde o plug contendo o inóculo foi depositado, em seguida, observa-se ramificações dicotômicas das pontas das hifas e aglomerados de hifas, juntamente com o acúmulo de mucilagem, que funciona como um adesivo. Então, as estruturas escleróticas são envoltas por hifas e o início da melanização das paredes da casca dos escleródios é iniciada. Quando maduros, os escleródios são caracterizados por pigmentação escura com formato arredondado, textura áspera e células edemaciadas. Já nas folhas destacadas das linhagens de *A. thaliana* superexpressando AsG29 foi observado um atraso no crescimento das hifas e alterações morfológicas durante as primeiras horas da interação, indicando que, nessas condições experimentais, a superexpressão desse gene tem efeito no desenvolvimento das hifas, pois além de diminuir sua quantidade e atrasar seu desenvolvimento, ainda altera sua morfologia.

COPRODUTO DE *Arachis* spp ORIUNDO DE COMUNIDADES INDÍGENAS DO XINGU NO CONTROLE DE *Meloidogyne incognita*

Lucas Martins Saldanha
Thales Lima Rocha

O Brasil se destaca no cenário mundial na produção e exportação de amendoim (*Arachis* spp). Contudo, além da produção comercial, comunidades indígenas do Parque Nacional do Xingu se beneficiam da produção de amendoim para consumo próprio. Estas comunidades manejam suas culturas com características de semelhança igual a da vegetação nativa, com alta diversidade genética de espécies em suas roças. Com sofisticados sistemas de plantio, criam barreiras biológicas que reduzem a propagação de pragas e doenças, em função da alta variabilidade genética do material de cultivo. Nesse sentido, corroborando com estudos relacionados à resistência de *Arachis* spp a infecção por *M. incognita*, as variedades produzidas por essas comunidades, visando sua diversidade genética única, apresentam potenciais aplicações biotecnológicas no controle do fitonematoide. O manejo de áreas infestadas com nematoides é feito, em geral, com base nos métodos químico, genético e cultural, com destaque para uso maciço de químicos sintéticos. Além disso, estudos relacionados a Extratos Crus Aquosos - (ECAs) de coprodutos de *Arachis* spp e sua aplicação no controle de fitonematoides são raros, sendo assim, os resultados compreendem um conjunto de informações inéditas. Neste contexto, objetivando o potencial supracitado, o coproduto (casca do amendoim) de acessos de *Arachis* spp oriundos de comunidades do Parque Nacional do Xingu foram avaliados quanto à aplicabilidade no manejo de *M. incognita*. Para tanto, cascas de 10 acessos de *Arachis* spp foram utilizados com êxito para a obtenção dos ECAs, os quais foram avaliados individualmente em bioensaios de viabilidade e de recuperação utilizando juvenis de segundo estágio (J2) (fase infectiva) de *M. incognita*. Os resultados do bioensaio de viabilidade demonstraram que todos os acessos avaliados exibiram efeito nematotóxico paralisando acima de 80% dos J2 após 48 horas de exposição. Para o bioensaio de recuperação que visa certificar o tipo de efeito nematocida ou nematostático, os resultados mostraram uma ação nematocida para todos os ECAs, com a morte de mais 80% dos J2 de *M. incognita*.

HIDROSSOL GERADO PELA INDÚSTRIA DE ÓLEOS ESSENCIAIS COMO BASE DE TECNOLOGIA VERDE PARA O CONTROLE DO FITONEMATOIDE *Meloidogyne incognita*

Rejane Valeriano Da Silva
Thales Lima Rocha
Vera Lucia Perussi Polez
Roberto Fontes Vieira
Clenilson Martins Rodrigues
Patrícia Verardi Abdelnur
William Sihler

Os fitonematoides constituem um dos principais problemas enfrentados pela agricultura. Dentro deste grupo de patógenos, o gênero *Meloidogyne* é o de maior importância em termos globais, com ênfase para a espécie *Meloidogyne incognita*. O manejo destes fitoparasitas é realizado majoritariamente por controle químico, contudo essa prática eleva substancialmente os custos de produção além de representar riscos à saúde humana, aos animais e ao meio ambiente. Uma alternativa que tem se mostrado promissora no controle de doenças de plantas é o uso de coprodutos industriais. Assim, o objetivo do trabalho visou investigar o coproduto denominado hidrossol, gerado a partir do processo de obtenção de óleos essenciais por bioensaios in vitro de nematotoxicidade, citotoxicidade, fitotoxicidade, especificidade utilizando organismos não alvo e em bioensaio em casa de vegetação. O hidrossol exibiu efeito nematicida acima de 96%, para uma concentração de 1mg/ml, contra J2 de *M. incognita*, após 48 horas de exposição e ainda certificou a estabilidade térmica dos compostos nematotóxicos existentes na amostra. Além disso, o hidrossol apresentou reduzida toxicidade contra células de ovário do inseto *Spodoptera frugiperda*, com 78% das células permanecendo vivas após 24 horas de exposição, utilizando a mesma concentração que matou os J2. Quanto ao bioensaio de especificidade, o hidrossol (1mg/ml) foi incapaz de inibir o crescimento da levedura *Saccharomyces cerevisiae* em meio líquido, que revelou um crescimento de 100%, após 32 horas de exposição. De maneira oposta, o hidrossol (1 mg/ml) demonstrou efeito bactericida inibindo 90% do crescimento da bactéria gram-positiva *Staphylococcus aureus* e 78% da gram-negativa *Escherichia coli*. Por fim, o hidrossol (50mg/4ml) reduziu em 89% o número de ovos de *M. incognita* em bioensaio conduzido em casa de vegetação utilizando a planta *Nicotiana tabacum*.

OCORRÊNCIA DE MANCHA-DE-ALGA (*Cephaleuros virescens* Kunze) EM ABACATEIRO NO DISTRITO FEDERAL

Anna Caroline Da Silva Nogueira
Norton Porto Benito
Eudes De Arruda Carvalho

Este trabalho teve como objetivo relatar a ocorrência de mancha-de-alga em abacateiro no Distrito Federal (DF). Folhas de abacateiro apresentando sintomas de manchas foliares foram recebidas no Laboratório de Quarentena de Germoplasma, Unidade de Micologia na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, e submetidas às análises de exame direto sob microscópio estereoscópio para observação das estruturas morfológicas. Posteriormente, foi realizada a confecção de lâminas para análise das estruturas em microscópio de luz. Adicionalmente, pequenos fragmentos de folhas com tecido sadio e tecido contaminado foram retirados e procedeu-se ao Isolamento Indireto em meio de cultura Batata-Dextrose-Ágar (BDA). O agente etiológico não se desenvolveu no meio de cultura, corroborando com outros trabalhos na literatura. Verificou-se a ocorrência de manchas salientes de coloração alaranjada, com formatos arredondados a irregulares e distribuídas por toda face adaxial das folhas do abacateiro. Por meio do microscópio de luz, observou-se as estruturas morfológicas vegetativas (zoosporângios) e reprodutivas (zoosporangióforos) de *Cephaleuros virescens*, confirmando a etiologia da doença. *C. virescens* é uma alga verde da família Trentepohliaceae que parasita diversas plantas, causando a doença conhecida como mancha-de-alga. No Brasil, essa doença já foi relatada em outras culturas além do abacate, como pimenta-do-reino, acerola, urucum, caju, chá-preto, erva-mate, manga, café, graviola, maçã, mandioca, manjeriço, goiaba, azeitona e citros. Segundo citações, a mancha-de-alga pode causar danos econômicos por diminuir a área fotossintética foliar, e como consequência reduzir o vigor da planta e a produção de frutos, principalmente em regiões litorâneas, favorecidas pela alta temperatura e umidade. Até o momento, a ocorrência da mancha-de-alga (*Cephaleuros virescens*), não havia sido relatada em abacateiro no Distrito Federal, o que pode ser atribuído à ausência de condições ambientais favoráveis ao progresso da doença. Inspeções de campo em abacateiro e em outras culturas poderão ser realizadas visando o levantamento de informações sobre danos ocasionados.

UTILIZAÇÃO DE RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS PARA A PRODUÇÃO DE NANOPARTÍCULAS DE CELULOSE

Bruna Moreira Hoefling
Karoline Da Costa Vieira
Mariana Gouveia De Queiroz
Cíntia Caetano Bonatto
Lucio De Assis Araujo Neto

Estruturas nanométricas têm sido extensivamente exploradas devido às vastas possibilidades de aplicações. A fim de avançar nos estudos para produção de nanomateriais sustentáveis, a plataforma NanoRecVeg propõe sintetizar, caracterizar e avaliar possíveis aplicações para a celulose e outros biopolímeros extraídos de recursos genéticos vegetais. A pesquisa se baseia em formar nanopartículas de celulose acessando os Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs) visando ao desenvolvimento de nanomateriais avançados. A metodologia aplicada consistiu em dissecar os materiais biológicos em fragmentos e mantê-los em uma solução alcalina, seguido de ultrassonicação. Em seguida recebeu um tratamento ácido e, posteriormente, alcalino novamente. Após a lavagem em água ultrapura e acetona, os materiais biológicos são secos e incubados em solução de NaOH/tiourea/ureia (NTU); ultrassonicados e congelados por 24h. Posteriormente, dá-se início ao processo de precipitação da celulose em etanol absoluto. Em seguida, formam-se nanopartículas de celulose a partir de 5 concentrações distintas. Já para a caracterização das dispersões de nanopartículas, foi utilizada a técnica de espectroscopia de fotocorrelação para obter o diâmetro hidrodinâmico (DH) e índice de polidispersividade (Pdl). Foram realizados testes com fibras de *Cuscuta sp*, cascas de *Coffea arabica*, sementes de *Glycine max*, *Helianthus annuus* e *Arachis hypogaea* para verificar a eficiência da metodologia e observar como diferentes espécies podem ser empregadas em rotas de produção. Após testes, deu-se início à triagem com amostras dos BAGs, estando mais 300 acessos de caju disponíveis. Analisando os resultados experimentais obtidos até o momento, perceber-se que há variações expressivas no DH (de nanômetros a micrômetros) e no Pdl (de moderado a altamente polidispersas) para as mesmas concentrações com diferentes acessos de caju, demonstrando que cada acesso apresenta propriedades diferentes que afetam e modulam a formação de nanopartículas a partir da sua celulose extraída, porém, na concentração 0,003 v/v%, há uma maior reprodutibilidade na distribuição do diâmetro hidrodinâmico em número, indicando possivelmente a concentração mais adequada para o que se pretende com o presente estudo.

Apoio: Embrapa e CNPq.

LEVANTAMENTO DA FLORA VASCULAR DA ESTAÇÃO ECOLÓGICA SERRA GERAL DO TOCANTINS

Raiana Rocha De Souza
Marcelo Fragomeni Simon
Juliana Gastaldello Rando
Sergio Eustáquio De Noronha
Bianca Schindler
Maurício Figueira

O Brasil é considerado um país megadiverso e possui grandes remanescentes de vegetação, que ainda cobrem cerca de 60% do país e abrigam uma considerável parte das espécies da Terra em uma variedade de ecossistemas. Um destes ecossistemas chave é o Cerrado, que possui uma flora rica e endêmica, mas encontra-se altamente ameaçado pela perda de habitats e degradação causados principalmente pela expansão da agricultura. Apesar da sua importância, diversas áreas do Cerrado permanecem pouco amostradas, particularmente aquelas situadas no Matopiba, uma fronteira agrícola localizada na porção norte do Cerrado. Para preencher as lacunas de biodiversidade nesta região, realizamos um levantamento florístico na Estação Ecológica Serra Geral do Tocantins (EESGT), uma das maiores reservas do Cerrado. Com base em inventários de campo e buscas em bases de dados públicas de ocorrências de espécies (3623 registros), foram catalogadas 985 espécies vasculares para a EESGT, distribuídas em 136 famílias e 483 gêneros. Samambaias e Licófitas possuem 33 spp., pertencentes a 17 famílias e 27 gêneros. Já as angiospermas possuem 952 spp. distribuídas em 119 famílias botânicas e 456 gêneros. As famílias mais ricas foram: Fabaceae (114 spp.); Poaceae (58); Rubiaceae (50); Asteraceae (41); Cyperaceae, Melastomataceae e Myrtaceae (39); Malvaceae e Euphorbiaceae (27); Apocynaceae (26); Eriocaulaceae (23); Malpighiaceae (21) e Lamiaceae (20). A maioria das espécies (871) em nossa lista de não foram avaliadas quanto ao grau de ameaça pela autoridade nacional de plantas ameaçadas de extinção (CNCFlora). Das 113 espécies avaliadas, duas foram consideradas Criticamente Ameaçadas, nove Ameaçadas e sete Vulneráveis. Novas ocorrências de espécies foram registradas para os estados em que a EESGT está localizada (23 para BA e 222 para TO). Foram listadas também 16 espécies que são consideradas endêmicas para região do Matopiba. Portanto, o presente trabalho traz registros importantes de espécies relevantes para a conservação, os quais poderão subsidiar ações de manejo e conservação da biodiversidade brasileira.

AVALIAÇÃO DA INTEGRIDADE DO RNA ENTRE INTRODUÇÕES DE ACESSOS DE *Phaseolus vulgaris* L. CONSERVADOS NA COLBASE

Alisson Ferreira Dantas
Tayara Colins Tayara
Patrick Oliveira Kramer
Solange Barrios Roveri José
Antonieta Nassif
Juliano Gomes Pádua
Marcos Gimenes
Marilia De Castro Rodrigues Pappas

A degradação de RNAs de vida longa presentes em sementes secas pode indicar envelhecimento e ser correlacionado com a viabilidade de sementes. Por isso, metodologias que permitem avaliar o nível de integridade do RNA têm potencial para auxiliar na monitoração de sementes conservadas a longo prazo. Este estudo teve por objetivo avaliar a integridade do RNA de 6 acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.), conservados por períodos de 19 a 39 anos na Colbase (Coleção de Base da Embrapa), por meio do número de integridade do RNA (do inglês RNA Integrity Number, RIN). Cinco acessos possuem duas introduções e um acesso, três introduções. Todos os acessos apresentaram poder de germinação (PG) superior a 84%, exceto uma introdução de 1987 do acesso 00012025-3 que apresentou PG de 63%. O RNA total de cada amostra foi extraído a partir de 50 sementes maceradas em cadinho com nitrogênio líquido utilizando o Aurum™ Total RNA Fatty and Fibrous Tissue Kit (BioRad), com modificações no protocolo original. Em seguida, o RNA foi quantificado por espectrofotometria (Nanodrop, Thermofisher) e avaliado por eletroforese de alta resolução usando Bioanalyzer (Agilent) usando chips RNA 6000 Nano e o ensaio Plant RNA Nano, de acordo com os protocolos do fabricante. Cada amostra de RNA foi analisada em triplicata técnica. O programa 2100 Bioanalyzer Expert foi usado para gerar o valor de RIN. Entre as introduções de mesmo acesso, os valores de RIN médio variaram de 6,50 a 8,73 e permitiram uma diferenciação significativa ($P < 0,05$) em quatro dos seis acessos analisados. Os valores de RIN de todas as amostras de acessos conservados na Colbase foram significativamente menores ($P < 0,05$) do que o de um lote de sementes recém-colhidas (PG = 84%, RIN médio = 9,83). Estes resultados sugerem que o número de integridade do RNA pode ser uma ferramenta sensível para diferenciação e monitoração do nível de envelhecimento, principalmente, em estágios em que o PG ainda não foi afetado.

Embrapa

*Recursos Genéticos e
Biotecnologia*

MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA
E PECUÁRIA

