

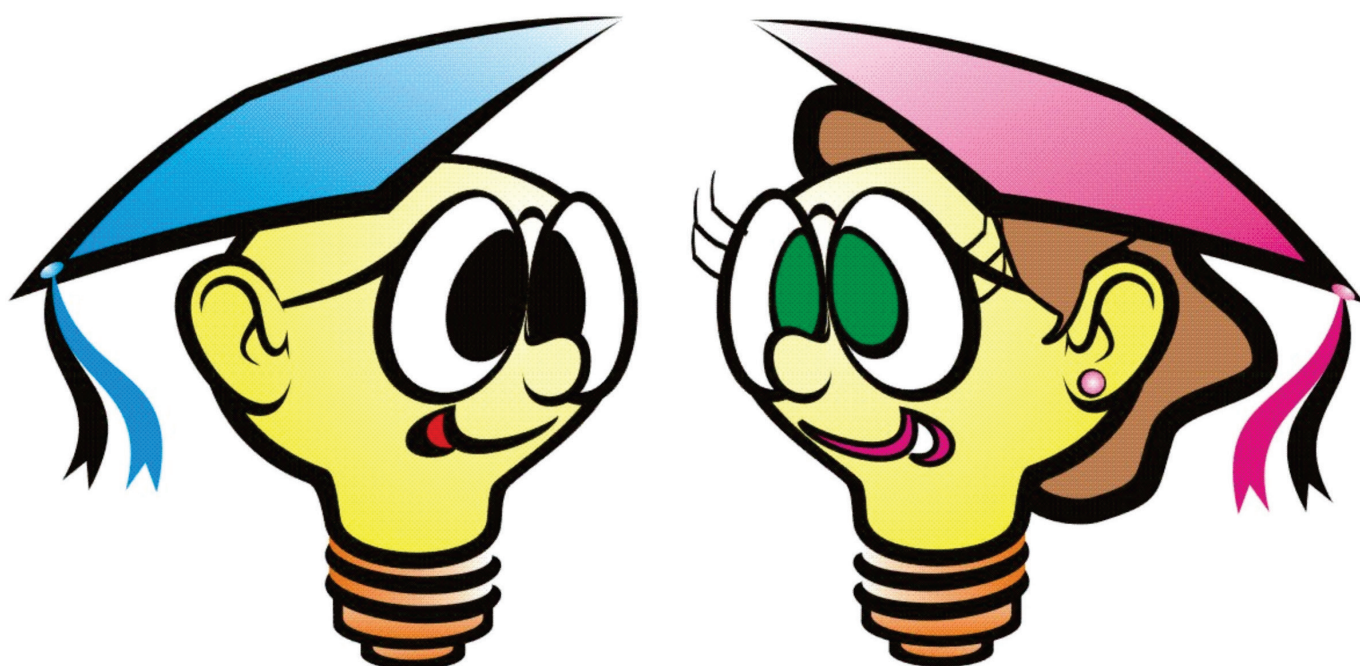
Resumos

XXVIII

Encontro do Talento Estudantil 2025

20 a 22 de agosto de 2025

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia



Embrapa

Recursos Genéticos e
Biotecnologia

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

e-ISSN 3086-4607

***Eventos Técnicos
& Científicos***

003

Março, 2026

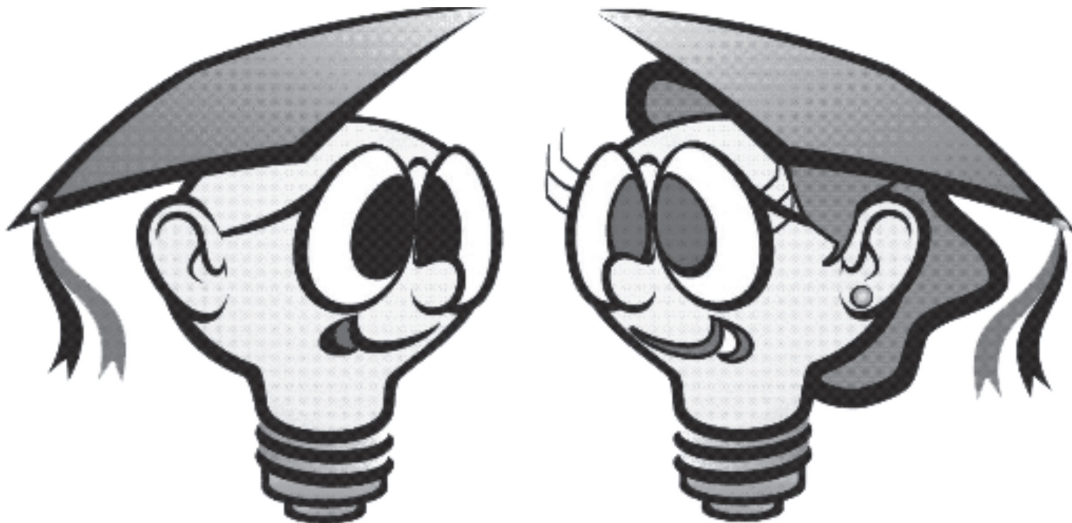
Resumos

XXVIII

Encontro do Talento Estudantil 2025

20 a 22 de agosto de 2025

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia



Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Brasília, DF
2026

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia
Parque Estação Biológica, PqEB, Av. W5 Norte (final)
www.embrapa.br/recursos-geneticos-e-biotecnologia
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações

Presidente
João Henrique Viana

Secretária-executiva
Ana Flavia do Nascimento Dias

Membros
*Andrielle Camara Amaral Lopes, Bruno Machado
Teles Walter, Carolina Vianna Morgante, Débora Pires
Paula, Edson Junqueira Leite, Marcos Aparecido
Gimenes, Naiara Milagres Augusto da Silva, Solange
Carvalho Barrios Roveri Jose e Sueli Corrêa Marques
de Mello*

Revisão de texto
Comissão técnico-científica

Normalização bibliográfica
Rosamares Rocha Galvão (CRB-1/2122)

Projeto gráfico
Leandro Sousa Fazio

Diagramação
Adilson Werneck

Foto da capa
Paulo Euler

Ilustrações
Gustavo Coelho

Publicação digital: PDF

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

Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (28 : 2025 : Brasília, DF).

Resumos: XXVIII Encontro do Talento Estudantil da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 20-22 de agosto de 2025, Brasília, DF / – Brasília, DF : Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2026.

e-ISSN 3086-4607

125p. -- (Eventos Técnicos e Científicos / Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 3).

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

CDD: 575.1

Comissão organizadora

Marcos Aparecido Gimenes

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Adilson Amaral Werneck

Técnico, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Ana Flávia Nascimento Dias

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Naiara Milagres Augusto da Silva

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Comissão técnica e/ou científica

Marcos Aparecido Gimenes

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Priscila Grynberg

Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Naiara Milagres Augusto da Silva

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Raul Alberto Laumann

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Elisângela Gomes Fidelis

Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Patrícia Ianella

Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Carolina Vianna Morgante

Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Cristiano Castro Lacorte

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Marco Aurélio C. P. Pessoa Filho

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Comissão avaliadora

Adriana Regina Custódio

Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Alexandre Specht

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

André Felipe Câmara Amaral

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Andrielle Câmara Amaral Lopes

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Bruna Pena Soleiro

Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Carolina Vianna Morgante

Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Cíntia Caetano Bonatto

Pesquisadora colaboradora, Universidade de Brasília, UnB, Brasília, DF

Cristiano Castro Lacorte

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Daniel David Noriega

Pesquisador, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF

Elizangela Gomes Fidelis

Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Erica Castro Costa

Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Fabio Oliveira Freitas

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Fabício Barbosa Monteiro Arraes

Pesquisador, SEMPRE AgTech, Chapecó, SC

Fernanda Alvares da Silva

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Fernando Rafael Alves Ferreira

Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Guilherme Souza Prado

Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Juliana Junqueira Pinelli

Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Julio Carlyle Macedo Rodrigues

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Léia Cecilia de Lima Fávaro

Pesquisadora, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF

Rosa de Belém das Neves Alves

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Leonardo Lima Pepino de Macedo

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Marco Aurélio C. P. Pessoa Filho

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Marcos Aparecido Gimenes

Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Naiara Milagres Augusto da Silva

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Nicolau Brito da Cunha

Professor, Universidade de Brasília, Brasília, DF

Patricia Ianella

Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Paula Diana de Paulo

Bolsista, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF

Raul Alberto Laumann

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Rodrigo da Rocha Fragoso

Pesquisador, Embrapa Agroenergia, Brasília, DF

Rosa de Belém das Neves Alves

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Sayuri Takada da Silva

Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Simoni Campos Dias

Professora, Universidade Católica de Brasília, Brasília, DF

Stephan Nielen

Consultor, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Apresentação

A Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia realizou a 28ª Edição do Encontro do Talento Estudantil, entre os dias 20 a 22 de agosto de 2025. O presente evento tem como finalidade promover o intercâmbio de conhecimentos entre pesquisadores, professores e estudantes vinculados às instituições de pesquisa e ensino do Distrito Federal, contribuindo para o fortalecimento da integração entre ensino, pesquisa e inovação.

O Encontro visa incentivar e valorizar a produção científica de estudantes de graduação e pós-graduação envolvidos em pesquisas voltadas à caracterização, conservação e biotecnologia de recursos genéticos animais, microbianos e vegetais. Ademais, constitui um espaço qualificado para a divulgação dos resultados de pesquisas desenvolvidas sob a orientação de equipes científicas de excelência.

Por meio da realização desta iniciativa, a Embrapa reafirma seu compromisso com a formação acadêmica e científica no Brasil, proporcionando aos estudantes a oportunidade de vivenciar a aplicação do método científico, ampliar sua formação e interagir com pesquisadores experientes, fortalecendo sua inserção no ambiente de pesquisa.

Nesta edição, foram inscritos 105 trabalhos, distribuídos nas áreas temáticas de Biotecnologia, Controle Biológico, Quarentena, Recursos Genéticos Animais e Recursos Genéticos Vegetais.

As pesquisas foram apresentadas na forma de pôsteres e avaliadas por uma Comissão Julgadora composta por pesquisadores de reconhecida qualificação. Como forma de reconhecimento e estímulo à qualidade da produção científica, os trabalhos que se destacaram na avaliação da Comissão Julgadora receberam premiação simbólica.

O Encontro de 2025 também contou com um concurso de fotografias, que impressionou a todos ao apresentar imagens inspiradoras relacionadas às pesquisas em andamento. Nosso reconhecimento se estende aos empregados da Unidade, pela orientação e apoio dedicados aos estudantes, à Comissão Julgadora e às demais unidades da Embrapa que contribuíram para o sucesso do evento.

Ricardo Alamino Figueiredo
Chefe-geral
Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia



Sumário

CONTROLE BIOLÓGICO	14
<i>Trichoderma</i> spp. na supressão de <i>Sclerotium rolfsii</i> em atmosfera compartilhada	15
Produção de feromônios sintéticos para aplicação no manejo de pragas de importância agrícola no Brasil	16
Comportamento reprodutivo e comunicação por estridulações de <i>Euscepes postfasciatus</i> (Coleoptera: Curculionidae)	17
Avaliação de formulações líquidas para liberação lenta do feromônio 2,6,10-Trimetiltridecanoato de metila com diferentes carreadores	18
Dois compostos voláteis produzidos por machos de <i>Dichelops melacanthus</i> modulam o comportamento de fêmeas coespecíficas	19
Investigação do efeito sinérgico em infecção mista com os Baculovírus SpfrGV e SpfrMNPV para o controle de <i>Spodoptera frugiperda</i>	20
Síndromes comportamentais: evidências de variação intraespecífica no comportamento de parasitismo em populações brasileiras de <i>Telenomus podisi</i> (Hymenoptera: Scelionidae)	21
Avaliação de bioóleos como bioinsumos no manejo de corós (<i>Liogenys</i> spp.) em cultura de inhame	22
Identificação e análise de semioquímicos voláteis do besouro <i>Sternochetus mangiferae</i> (Coleoptera: Curculionidae)	23
Épocas de aplicação de <i>Trichoderma</i> no controle do tombamento de plântulas de soja	24
Caracterização molecular e fisiológica de isolados de <i>Trichoderma</i> armazenados em coleção de culturas	25
Influência de uma rizobactéria na resposta bioquímica de <i>Solanum lycopersicum</i> L. à infecção por nematoide	26
Identificação e avaliação da atividade comportamental de compostos da glândula metatorácica de <i>Diceraeus melacanthus</i> (Hemiptera: Pentadomidae)	27
Influência dos metabólitos secundários de diferentes variedades de <i>Brachiaria</i> sobre o comportamento de busca de hospedeiros de <i>Blissus pulchellus</i> (Hemiptera: Blissidae)	28
Identificação e avaliação da influência intraespecífica dos compostos defensivos de <i>Blissus pulchellus</i> (Hemiptera: Blissidae)	29
Atividade antioxidante de tomateiros inoculados com bacilos e nematoides em diferentes condições de solo	30
<i>Trichoderma</i> como agente de biocontrole de <i>Rhizoctonia solani</i> em alface	31
Comparação de dois métodos de extração de RNA visando a indexação de acessos de maracujazeiro (<i>Passiflora</i> spp.) mantidos no Banco Genético in vitro da Embrapa	32
QUARENTENA	33
Metodologia para diagnóstico molecular de um único nematoide dos gêneros <i>Meloidogyne</i> , <i>Pratylenchus</i> e <i>Ditylenchus</i>	34
Fungos interceptados na Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal entre 2024 e 2025	35

Biologia de <i>Blissus pulchellus</i> em arroz: a suscetibilidade da variedade esmeralda	36
Levantamento de doenças fúngicas em cultivos de bananeiras e de videiras no Distrito Federal	37
Monitoramento de ácaros em videiras no Distrito Federal: resultados parciais e riscos fitossanitários	38
Ocorrência de ácaros <i>Eriophyidae</i> em cultivos de videira no Distrito Federal	39
Importância do diagnóstico molecular para a distinção de espécies crípticas: <i>Cochonilhas Planococcus minor</i> e <i>Planococcucitri</i> (Hemiptera: Pseudococcidae)	40
Biologia comparativa do percevejo <i>Blissus pulchellus</i> (Hemiptera: Blissidae) em duas variedades de milho	41
Moscas-das-frutas (Diptera:Tephritidae) em frutíferas no Distrito Federal	42
Monitoramento de moscas-das-frutas quarentenárias no Distrito Federal	43
RECURSOS GENÉTICOS	44
Avaliação da distribuição geográfica, estrutura populacional e perda de habitat de <i>Chamaecrista fulgida</i> Barneby, espécie ameaçada e endêmica da Chapada dos Veadeiros, Goiás	45
Estudo populacional e conservação ex situ das espécies ameaçadas <i>Mimosa dominarum</i> Barneby e <i>M. rheiptera</i> Barneby	46
Reação de hipersensibilidade do porta enxerto de goiabeira ‘Brs Guaraçá’ comprova a sua resistência a <i>Meloidogyne enterolobii</i>	47
Resposta transcricional de <i>Arabidopsis</i> à superexpressão de genes de <i>Arachis</i> com potencial biotecnológico	48
Desenvolvimento de um protocolo de avaliação não destrutiva da saúde de colmeias de abelhas sem ferrão manejadas em meliponários	49
Parâmetros genéticos e reconstrução de pedigree em ovinos Santa Inês conservados in situ	50
Abordagens genômicas e estratégias de manejo aplicadas ao ovino crioula lanada no Rio Grande do Sul	51
Importância das plantas-espontâneas não cultivadas para a diversidade de abelhas em cultivos orgânicos de tomateiros no Cerrado	52
Protótipo de caixa modular para monitoramento visual não invasivo de colônias de <i>Frieseomelitta varia</i>	53
Pedigree e diversidade genética dos bovinos da Raça Sindi	54
Declínio da viabilidade em sementes de feijão sob envelhecimento artificial: perda da integridade do RNA e associação com transcritos individuais	55
Regenera Cerrado: diversidade de abelhas em áreas de soja e vegetação adjacente no sudoeste goiano	56
Prospecção de extratos botânicos de folhas de poáceas no controle sustentável de <i>Pratylenchus zeae</i>	57
Comparação entre a vitrificação em gota e a vitrificação convencional para a criopreservação de embriões somáticos secundários de <i>Theobroma cacao</i> L.	58
Plantas invasoras de vasos no Banco Ativo de Germoplasma de espécies silvestres de <i>Arachis</i>	59
Crescimento in vitro de maracujá sob diferentes temperaturas: estudo com acessos do Banco de Germoplasma da Embrapa	60

Novas perspectivas no manejo sustentável do nematoide das galhas <i>Meloidogyne incognita</i> : potencial de extratos aquosos de sementes de Poáceas na proteção do cafeeiro	61
Conservação de macrofungos: comparação entre os métodos Castellani modificado e Edison	62
Análise da distribuição de <i>Pfaffia sarcophylla</i> Pedersen (Amaranthaceae), uma espécie hiperacumuladora de níquel, e a sua vulnerabilidade à mineração	63
RNAs como biomarcadores de viabilidade: comparação transcriptômica de sementes de <i>Phaseolus vulgaris</i> envelhecidas e embebidas	64
Potencial de extratos de raízes de poaceae no manejo sustentável de <i>Heterodera glycines</i> : uma abordagem ecológica para o manejo do nematoide de cisto da Soja	65
Reconstrução de pedigree e estimativa do número efetivo em ovinos Santa Inês	66
Descoberta de novas espécies de <i>Rhabdovirus</i> em maracujazeiros (<i>Passiflora</i> spp.) no Brasil	67
Correlação fenotípica de medidas morfométricas em bovinos de 14 a 20 meses da raça Crioula Lageana nas variedades Mocha e Aspada	68
Relações de parentesco do bovino Crioulo Lageano na fazenda Santa Rita	69
Abrangência geográfica e taxonômica da coleção entomológica de abelhas da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia	70
Fluxo de germoplasma vegetal no Brasil (2019–2024): balanço técnico e estratégico	71
Frequências alélicas e genotípicas de SNPs associados a características econômicas em duas raças de bovinos brasileiros	72
Avaliação do intervalo médio entre repicagens de acessos de batata (<i>Solanum</i> spp.) conservados in vitro no Banco Genético da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia	73
Variação nas características dos solos de locais de ocorrência de espécies silvestres de <i>Arachis</i>	74
Importância das áreas de vegetação nativa sobre a comunidade de abelhas presentes em áreas de produção de soja que adotam práticas regenerativas no sudoeste goiano	75
BIOTECNOLOGIA E NONOTECNOLOGIA	76
Análise de expressão e silenciamento gênico do gene notch por RNAi em <i>Leucoptera Coffeella</i> (Lepidoptera: Lyonetiidae)	77
Desenvolvimento de embalagem biodegradável e nutritiva para mudas de morangueiro produzidas com biocompósito à base de casca de arroz	78
Obtenção de DNA de indivíduos do bicho-mineiro-do-cafeeiro (<i>Leucoptera Coffeella</i>) avaliados por teste de falha de controle ao inseticida Altacor®	79
Avaliação do ciclo de vida na gestão de resíduos da produção de cogumelos no DF	80
Identificação de tospovírus em feijoeiros do Goiás	81
CfDNA no meio de cultivo: possível marcador de desenvolvimento e qualidade embrionária em bovinos	82
Desenvolvimento de organelas sintéticas sem membrana como ferramenta para o controle de funções celulares em plantas	83

Malondialdeído como indicador bioquímico de estresse oxidativo durante a embriogênese somática de <i>Piper aduncum</i> L.	84
Impacto de melatonina Pré-Miv no estresse oxidativo de complexos cumulus-ovócito	85
Csf2 não altera taxas de blastocisto nem parâmetros celulares e moleculares em meio reduzido	86
Otimização de protocolo para transformação de variedade comercial de tomateiro (<i>Solanum lycopersicum</i> L.) ...	87
Hemoglobinas de soja sintéticas produzidas por sistema livre de células	88
Avaliação do peso corporal em borregas e ovelhas adultas ao longo da gestação e lactação	89
Ressincronização de estro com diagnóstico precoce de gestação em ovelhas, desempenho reprodutivo entre categorias	90
Análise transcriptômica de co-culturas de <i>Trichoderma reesei</i> e <i>Pleurotus citrinopileatus</i> em fontes de carbono lignocelulósico	91
Avaliação da utilização de resíduos de <i>Camellia sinensis</i> proveniente da produção de kombucha como substrato para produção de cogumelos <i>Pleurotus ostreatus</i>	92
TIFOI para maturação de ovócitos bovinos vitrificados: efeitos celulares e resposta ao estresse oxidativo	93
Aumento da tolerância ao déficit hídrico em tomateiros expressando o gene <i>Mdgl2</i>	94
Edição de inibidores Bowman-Birk em soja utilizando CRISPR-Cas9	95
Uma nova estratégia para superexpressão de GmPR10 via CRISPR-Cas9,, visando aumentar a tolerância a nematoides em soja	96
Variabilidade genética de <i>Xanthomonas euvesicatoria</i> Pv. Perforans provenientes de mudas e do campo	97
Genes de espécies silvestres de <i>Arachis</i> conferem resistência ao mofo-branco em tomateiro	98
Indução de resistência em repolho utilizando nanopartículas de prata obtidas pelo método de síntese verde: contribuições de uma análise proteômica	99
Avaliação da atividade antifúngica da proteína PR8 de cupuaçuzeiro visando o controle de fitopatógenos	100
Gene que codifica uma expansina-like b confere resistência a <i>Meloidogyne enterolobii</i> em Tomateiro	101
Detecção da atividade de poligalacturonase (PG) secretada por <i>Moniliophthora perniciosa</i>	102
Decifrando o diálogo molecular: a interação proteômica entre plantas e insetos minadores	103
Análise da segregação e avaliação fenotípica de plantas transgênicas de tomateiro superexpressando o gene <i>Astir19</i>	104
Superexpressão do gene <i>Admlp11</i> na mitigação da seca recorrente	105
Avaliação da expressão de genes de defesa em plantas de tomateiro Cv. microtom superexpressando uma endoquitinase	106
Influência da quantidade de camadas de células nos complexos-cumulus-ovócitos na eficiência da Tifoi em bovinos	107

Metodologia alternativa para a produção de esporos de <i>Moniliophthora Perniciosa</i> , sem o uso de vassouras secas	108
Suplementação com melatonina na PIVE bovina: produção embrionária, expressão gênica e padrões de metilação	109
Determinação da CI50 do Dicloroisocianurato de Sódio (Hidrossan®) em sementes de alface para controle de contaminação in vitro	110
Portfólio de microrganismos de ambientes hipersalinos da baixada litorânea nordestina de cultivo raro ou com potencial pré-tecnológico para a agricultura e a bioindústria nacionais	111
Expression profile of new potential susceptibility factors in tomato	112
Método otimizado para extração do vírus da meleira a partir de látex do mamoeiro	113
Obtenção de planta de tomateiro editada via CRISPR-Cas9, visando plantas resistentes à mancha bacteriana do tomateiro	114
Síntese ajustada de nanopartículas de ouro para aplicação em imunoenaios de fluxo lateral	115
Desenvolvimento de plantas de cana-de-açúcar geneticamente modificadas para o controle da broca gigante por piramidação de toxina cry e silenciamento gênico via RNAi	116
Edição de GmAIP10 Via CRISPR-Cas9, visando maior produtividade e resistência à estresse hídrico em soja	117
Modulação transcricional e traducional via CRISPR para a promoção da tolerância da soja a <i>Meloidogyne incognita</i>	118
Validação in planta do gene GMNBS no controle de fitonematoides formadores de galhas na cultura da soja	119
Edição gênica em tomateiro por meio de CRISPR-Cas9, visando resistência à mancha bacteriana	120
Otimização de sistema de edição de genoma livre de DNA por CRISPR-Cas9, via entrega de ribonucleoproteínas por bombardeamento	121
Engenharia genética de precisão via CRISPR para modulação do circuito DCD/NRP e da morte celular programada, visando aumento da tolerância à seca em Soja	122

Controle Biológico



***Trichoderma* spp. na supressão de *Sclerotium rolfii* em atmosfera compartilhada**

Jean Carlos Silva Batista Júnior⁽¹⁾, Amanda Silva Botelho⁽¹⁾, Luana Flozina dos Santos⁽¹⁾, Laura Freitas Copati⁽¹⁾ e Sueli Corrêa Marques de Mello⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: jeancarlos290102@gmail.com.

Resumo - *Sclerotium rolfii* é um fitopatógeno que possui amplo ciclo de hospedeiros. Sua sobrevivência nas áreas de cultivo dificulta o controle da podridão de raízes, causada por esse fungo. No gênero *Trichoderma* encontram-se os agentes de controle biológico (ACBs) mais estudados e utilizados em âmbito global. Muitos destes são produtores de compostos orgânicos voláteis (COV) com propriedades antifúngicas. O objetivo deste trabalho foi avaliar a habilidade de 27 isolados de *Trichoderma* para inibir o crescimento micelial de *S. rolfii*, pela emissão de COVs, adotando-se o método da atmosfera compartilhada. Placas de Petri contendo meio BDA receberam discos de culturas de *Trichoderma* spp. Em outra placa, depositaram-se discos de cultura do patógeno. As duas bases de placas foram sobrepostas e seladas com plástico, mantendo-se o patógeno na parte superior. Os sistemas assim montados foram mantidos a 25°C, com fotoperíodo de 12 horas. Os experimentos foram conduzidos com 3 repetições distribuídas em blocos casualizados. O tratamento controle consistiu em um sistema contendo apenas patógeno na placa superior. Após cinco dias, foram feitas as medições do diâmetro das colônias do patógeno e calculadas as porcentagens de inibição do crescimento micelial em relação ao controle. A menor porcentagem média de inibição foi de 53,89% e os destaques foram para os tratamentos com os isolados CEN1704, CEN1693, CEN1675, CEN1713 e CEN 1716, os quais alcançaram valores médios de inibição variando entre 86,29% e 100,00%. Estudos para seleção de potenciais ACBs para uso no controle da podridão de raízes serão continuados com os isolados que se destacaram.

Termos para indexação: biocontrole, inibição, crescimento micelial.



Produção de feromônios sintéticos para aplicação no manejo de pragas de importância agrícola no Brasil

Izabella Vitoria Souza Maravalho⁽¹⁾, Miguel Borges⁽²⁾, Raul Alberto Laumann⁽²⁾ e Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista CNPq, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carolina.blassioli@embrapa.br

Resumo - A síntese de feromônios é uma etapa essencial para o desenvolvimento de estratégias mais sustentáveis no manejo integrado de pragas (MIP) na agricultura brasileira. Feromônios são substâncias químicas produzidas por insetos para comunicação intraespecífica. A síntese em laboratório permite replicar esses compostos para uso no monitoramento e controle de pragas. No Brasil, a aplicação de feromônios tem crescido significativamente em culturas como soja, algodão, arroz, milho e fruticultura, visando reduzir o uso de inseticidas químicos e minimizar impactos ambientais. O objetivo deste trabalho foi sintetizar os feromônios: zingiberenol (*Tibraca limbativentris*); β -sesquifelandreno (*Piezodorus guildinii*); 4-(1,5-dimetil-hex-4-enil)ciclohex-2-enona (*Dichelops melacanthus*); dauceno (*Alphitobius diaperinus*) e ácido grandisóico (*Anthonomus grandis*) para o uso no controle de pragas. A síntese dos feromônios zingiberenol e β -sesquifelandreno foi feita a partir da mesma rota sintética com quatro etapas, utilizando como material de partida o citronelal e tendo como intermediário chave da 2ª etapa a cetona 4-(1,5-dimetil-hex-4-enil) ciclohex-2-enona, feromônio do *D. melacanthus*. Assim, foi possível a síntese de três diferentes feromônios utilizando uma única rota. Já a síntese do dauceno foi feita em uma única etapa a partir da reação de eliminação unimolecular do carotol, obtido do óleo de cenoura. Enquanto a síntese do ácido grandisóico foi realizada em duas etapas de oxidação partindo do grandisol. A metodologia aplicada foi eficiente, com bons rendimentos e fácil reprodutibilidade, viabilizando o uso dos feromônios em bioensaios e formulações para testes de campo em diferentes regiões do país.

Termos para indexação: síntese orgânica, semioquímicos, controle de pragas.



Comportamento reprodutivo e comunicação por estridulações de *Euscepes postfasciatus* (Coleoptera: Curculionidae)

Alice Pereira de Freitas⁽¹⁾, Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽²⁾, Miguel Borges⁽²⁾, Ana Cristina Meneses Mendes Gomes⁽³⁾, Miguel Michereff Filho⁽⁴⁾ e Raul Alberto Laumann⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

⁽⁴⁾Pesquisador, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: raul.laumann@embrapa.br

Resumo - O comportamento reprodutivo e os sinais estridulatórios associados são amplamente estudados em Curculionídeos. Este estudo auxilia na criação de métodos que podem ser aplicados ao Controle Biológico. *Euscepes postfasciatus* é a principal praga da batata-doce e que carece de métodos de controle eficientes. Este trabalho teve como objetivo estudar o comportamento reprodutivo e os sinais associados às interações entre fêmeas e machos. Cem casais de *E. postfasciatus* foram observados e os comportamentos registrados para elaborar um etograma detalhado. A emissão de sinais em contextos de estresse e reprodução foi analisada em 20 e 50 casais, respectivamente, utilizando microfone e acelerômetro piezoelétrico para registrar sinais acústicos e vibratórios. Adicionalmente, a morfologia do aparelho estridulatório foi examinada em 30 indivíduos por meio de Microscopia Eletrônica de Varredura. Durante o comportamento reprodutivo, observou-se variações no tipo de monta realizada pelo macho e nas respostas da fêmea. Nos machos, foram identificados sinais e comportamentos específicos durante a cópula, possivelmente para aumentar a receptividade das fêmeas, por sua vez, as fêmeas não receptivas emitiram sinais de rejeição dos machos. A faixa horária com maior atividade reprodutiva foi entre 9 e 12 am. Os sinais emitidos em situações de estresse não diferiram entre machos e fêmeas. Os sinais de rejeição emitidos pelas fêmeas diferem dos de estresse, sugerindo funções distintas. Já o sinal de corte do macho exibiu parâmetros únicos em comparação aos demais. A estrutura morfológica do aparelho estridulatório seguiu o padrão típico da família Curculionidae, sem variações entre os sexos.

Termos para indexação: Broca-da-batata-doce, bioacústica, comportamento reprodutivo, aparelho estridulatório.



Avaliação de formulações líquidas para liberação lenta do feromônio 2,6,10-Trimetiltridecanoato de metila com diferentes carreadores

Caio Costa dos Santos⁽¹⁾, Raul Alberto Laumann⁽²⁾, Miguel Borges⁽²⁾, Flávia Augusta Dias Galarza⁽¹⁾ e Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carolina.blassioli@embrapa.br

Resumo - O uso de feromônios no manejo integrado de pragas vem aumentando progressivamente em várias culturas. Uma das limitações do uso de feromônios é o alto custo da produção das moléculas e dos liberadores. Este trabalho teve como objetivo avaliar duas formulações, uma baseada em óleo de soja e a outra usando etil celulose, contendo o feromônio 2,6,10-trimetiltridecanoato de metila, o feromônio do percevejo *Euschistus heros*. As nanoemulsões foram preparadas usando o método de gotejamento e na fase final foi aplicado 1 mg do feromônio. Após o preparo das nanoemulsões a taxa de liberação do feromônio das nanoemulsões foi conduzida usando o sistema de coleta de voláteis dinâmico. Para isto, 1 mL da nanoformulação foi adicionado em uma câmara de vidro de 40 mL e os voláteis coletados a cada 30 dias consecutivos. Foram realizadas triplicatas de cada nanoemulsão. Os extratos obtidos foram analisados por CG-FID para quantificar o feromônio emitido por dia das emulsões. Para avaliar a atratividade das fêmeas dos percevejos as emulsões foram conduzidos bioensaios comportamentais em olfatométrica em γ . Os resultados dos bioensaios foram avaliados pelo teste qui-quadrado; e os dados de aeração dos compostos liberados das nanopartículas foram quantificados usando uma curva de padrão externo. Os resultados preliminares mostraram que as fêmeas não foram atraídas nos primeiros dias de liberação para a nanoemulsão de óleo de soja, mas no nono dia houve preferência pelo odor da nanoemulsão ($\chi^2 = 5.4$, $p = 0.020$). Os bioensaios conduzidos com a nanoemulsão de etilcelulose não induziram nenhuma preferência das fêmeas de *E. heros*. Esses bioensaios foram conduzidos entre as 10:00 e 13:00. Iremos conduzir os mesmos bioensaios no período da tarde para avaliar a resposta dos insetos. As análises por GC-FID foram iniciadas e os dados estão sendo analisados para quantificar a emissão do feromônio diária das nanoemulsões.

Termos para indexação: ecologia química, controle biológico, formulações emulsionadas.



Dois compostos voláteis produzidos por machos de *Dichelops melacanthus* modulam o comportamento de fêmeas coespecíficas

João Victor Costa Machado⁽¹⁾, Miguel Borges⁽²⁾, Raul Alberto Laumann⁽²⁾ e Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: joaovicosta006@gmail.com

Resumo - *Diceraeus melacanthus* é uma importante praga das culturas de soja e milho no Brasil. Seu controle é realizado principalmente pela aplicação de inseticidas, o que levanta preocupações quanto à sustentabilidade ambiental. Nesse contexto, os feromônios representam uma alternativa para o manejo de pragas, pois são compostos naturalmente presentes no ambiente e eficazes em quantidades mínimas, contribuindo para uma agricultura mais sustentável. Este estudo teve como objetivo identificar potenciais feromônios sexuais ou de agregação em *D. melacanthus*. Compostos voláteis foram coletados de machos e fêmeas usando a técnica de aeração. Adicionalmente, o edeago de dez machos foi dissecado e imerso em hexano por cinco minutos (N = 10). Para comparação, extratos de edeago também foram obtidos de machos de *Euschistus heros* e *Nezara viridula* (N = 10). Todas as amostras foram analisadas por cromatografia gasosa com detector de ionização de chama (GC-FID) e acoplada à espectrometria de massas (GC-MS). As análises dos extratos de aeração não mostraram a presença de compostos sexo-específicos. No entanto, nos extratos de edeago das três espécies, identificaram compostos exclusivos dos machos. Em *E. heros* e *N. viridula*, os feromônios sexuais produzidos pelos machos, previamente descritos na literatura, foram confirmados. No caso de *D. melacanthus*, dois compostos foram identificados: um sesquiterpeno e um éster metílico. O sesquiterpeno foi identificado como 4-(1,5-dimetilhex-4-enil)ciclohex-2-enona. Para confirmar sua estrutura, o composto foi sintetizado, e os tempos de retenção, e espectros de massa corresponderam aos do composto produzido pelos machos. Em bioensaios de dupla escolha com olfatômetro em Y, fêmeas de *D. melacanthus* mostraram preferência significativa pelo braço contendo o sesquiterpeno sintético nas doses de 0,02 µg e 0,2 µg, quando comparado ao controle (hexano). Os machos não mostraram preferência aos odores contrastados. Estudos adicionais estão em andamento para determinar a configuração absoluta do sesquiterpeno e avaliar a atividade comportamental do éster metílico.

Termos para indexação: semioquímicos, controle biológico, sesquiterpeno.



Investigação do efeito sinérgico em infecção mista com os Baculovírus SpfrGV e SpfrMNPV para o controle de *Spodoptera frugiperda*

Kamila Ketlen Santos Leite⁽¹⁾, Amanda Gabriella Silva Venâncio⁽¹⁾, Letícia Izidro Raposo⁽¹⁾, William Sihler⁽²⁾ e Marlinda Lobo de Souza⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: marlinda.souza@embrapa.br

Resumo - A lagarta-do-cartucho, *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae), é uma praga polífaga de grande importância econômica, atacando mais de 350 espécies vegetais em diversas regiões do mundo. Baculovírus, especialmente os gêneros *Alphabaculovirus* (NPV) e *Betabaculovirus* (GV), são considerados promissores no manejo integrado de pragas (MIP), por serem específicos ao hospedeiro e inofensivos a organismos não-alvos. Este estudo avaliou o efeito da combinação dos isolados brasileiros SpfrMNPV I-19 (PR) e SpfrGV Bom Jesus do Amparo (MG) sobre *S. frugiperda*, comparando-os também de forma isolada. Foram testadas diferentes concentrações e proporções dos vírus: (A) SpfrNPV 1x106 com GV em 1:1 e 1:3; (B) SpfrNPV 1x107 com GV em 1:1 e 1:3; e (C) SpfrNPV 1x108 com GV em 1:1 e 1:2, além de um grupo controle sem vírus. A mortalidade larval foi monitorada por 12 dias. Os resultados indicaram sinergismo nas combinações dos vírus, com mortalidade superior a 80% em todos os tratamentos. A combinação mais eficaz foi SpfrNPV 1x106 com SpfrGV na proporção 1:3, apresentando mortalidade três vezes maior que o uso isolado do NPV. Conclui-se que a interação entre SpfrMNPV I-19 e SpfrGV Bom Jesus do Amparo potencializa o controle de *S. frugiperda*, sendo uma alternativa promissora para o desenvolvimento de biopesticidas mais eficientes.

Termos para indexação: *Spodoptera frugiperda*; nucleopoliedrovirus, Granulovirus, sinergismo.



Síndromes comportamentais: evidências de variação intraespecífica no comportamento de parasitismo em populações brasileiras de *Telenomus podisi* (Hymenoptera: Scelionidae)

Beatriz Guedes Carneiro dos Santos⁽¹⁾, Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽²⁾, Miguel Borges⁽²⁾ e Raul Alberto Laumann⁽²⁾

⁽¹⁾Pós-graduação, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: raul.laumann@embrapa.br

Resumo - *Telenomus podisi* se destaca como principal agente no controle de *E. heros* no Brasil, sendo amplamente distribuído e utilizado em programas de manejo integrado. Apesar do avanço, ainda existem lacunas no conhecimento sobre variações comportamentais entre populações desse parasitoide. Essas diferenças podem impactar diretamente sua eficácia no campo, tornando essencial a caracterização comportamental para otimizar programas de controle biológico. Desse modo, o objetivo deste estudo foi avaliar o comportamento de parasitismo de fêmeas de diferentes populações (DF, MT, PR e SP) de *T. podisi* em ovos de *E. heros*, por meio de observação de reconhecimento e aceitação do hospedeiro. A análise da sequência de comportamentos utilizando etogramas revelou que o comportamento de oviposição das fêmeas das quatro populações de *T. podisi* é composto por etapas claramente bem definidas, com transições comportamentais estatisticamente significativas, esses resultados indicam que tais padrões comportamentais são altamente estereotipados, de natureza inata e independentes das características das populações. Entretanto, o tempo investido por indivíduos de cada população em cada categoria do comportamental apresentou diferenças para o comportamento de tamborilamento, prova, oviposição e marcação. Ao analisar a sequência de oviposição numa postura pelas fêmeas do parasitoide e considerando se parasitou um ovo em contato físico com o ovo previamente parasitado (vizinho) e sem contato físico (não vizinho) foi observado que as fêmeas das populações MT e DF uma probabilidade maior de 0,5 de escolher ovos vizinhos após uma oviposição. Essas diferenças nas síndromes comportamentais entre as populações podem refletir adaptações locais relacionadas às características dos ambientes de origem, além de possivelmente estarem associadas a variações genéticas que influenciam o comportamento de busca e decisão durante a oviposição.

Termos para indexação: parasitoides de ovos, comportamento, controle biológico.



Avaliação de bioóleos como bioinsumos no manejo de corós (*Liogenys* spp.) em cultura de inhame

Paulo de Moraes Ferreira⁽¹⁾ e Thales Lima Rocha⁽²⁾

⁽¹⁾Estudante de graduação, Centro Universitário do Distrito Federal (UDF), Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: thales.rocha@embrap.br

Resumo - Larvas de coró (*Liogenys* spp.), especialmente *Liogenys fusca* e *Liogenys suturalis*, são pragas rizófagas de solo que causam prejuízos significativos em culturas como o inhame, ao danificar as raízes e comprometer a absorção de água e nutrientes. O manejo dessa praga envolve estratégias como o controle biológico, utilizando parasitoides naturais como *Ptilodexia* spp., que já demonstraram taxas de parasitismo superiores a 20% em determinadas regiões, e o controle químico, baseado em inseticidas como clorpirifós e fipronil, eficazes no estabelecimento inicial das plantas, mas limitados em persistência e com potencial impacto ambiental. Nesse contexto, bioóleos derivados da pirólise de biomassa vegetal, ricos em compostos fenólicos, surgem como alternativas sustentáveis no controle de pragas agrícolas. Este estudo avaliou, por meio de bioensaio in vitro, o potencial de dois bioóleos (A e B) no controle de larvas de coró coletadas em campo de inhame. As larvas, com 4 a 5 cm, foram mantidas individualmente em copos plásticos com terra do local de coleta e pedaços de inhame, recebendo 20 mL de bioóleo por tratamento. Os controles utilizados foram água destilada (negativo) e álcool 70% (positivo). As avaliações de mortalidade foram realizadas a cada 48 horas durante sete dias. Os resultados indicaram que os bioóleos A e B possuem efeito letal de 100% durante o período testado. Desta forma os bioóleos ainda demonstram potencial como parte de estratégias de manejo integrado, especialmente considerando sua origem renovável e baixa toxicidade ambiental. Investigações futuras devem explorar diferentes concentrações, formulações e modos de aplicação, bem como ensaios em condições de campo e avaliações combinadas com outras abordagens biológicas. A caracterização química dos bioóleos e o esclarecimento de seus mecanismos de ação são etapas fundamentais para consolidar seu uso como bioinsumo no controle sustentável de *Liogenys* spp. em cultivos como o do inhame.

Termos para indexação: larva de besouro, coproduto, *Liogenys fusca*, *Liogenys suturalis*.



Identificação e análise de semioquímicos voláteis do besouro *Sternochetus mangiferae* (Coleoptera: Curculionidae)

Kamila Leite⁽¹⁾, Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽²⁾, Miguel Michereff Filho⁽³⁾, Miguel Borges⁽²⁾, Raul Alberto Laumann⁽²⁾, Mirian Fernandes Furtado Michereff⁽¹⁾, e Marcelo Perrone Ricalde⁽⁴⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF, ⁽⁴⁾Analista, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS. E-mail: kaka98150598@gmail.com

Resumo - O coleóptero *Sternochetus mangiferae* é uma praga de importância econômica por atacar exclusivamente a mangueira. Registrado no Brasil em 2014, encontra-se atualmente à cidade do Rio de Janeiro, com nova detecção no estado do Amapá em 2024. Sua presença compromete a germinação das sementes e o desenvolvimento dos frutos de manga, reduzindo seu tamanho e provocando queda precoce, o que impacta negativamente a produtividade. Como o Brasil é um dos maiores exportadores de manga, especialmente no Vale do São Francisco, o controle dessa praga é essencial para a manutenção da qualidade e da viabilidade econômica da cultura. Diante disso, este estudo visa identificar semioquímicos de *S. mangiferae* com potencial aplicação no manejo integrado. Para isso, os insetos adultos foram separados por sexo e mantidos em câmaras de vidro para coleta de compostos voláteis a cada dois dias. Os voláteis foram extraídos com n-hexano e analisados por cromatografia gasosa com detector de ionização de chama (GC-FID) para quantificação e por cromatografia gasosa acoplada à espectrometria de massas (GC-MS) para identificação qualitativa, ambas com coluna apolar. A identificação dos compostos foi baseada na comparação dos espectros de massas com bancos de dados do NIST (2020) e padrões autênticos. Nas análises por GC-MS, foi identificado um composto volátil com pico de massa em m/z 140, que apresentou maior intensidade nos machos em comparação às fêmeas. Este achado sugere uma emissão diferencial relacionada ao sexo, indicando o possível papel do composto como semioquímico envolvido na comunicação intraespecífica. Análises complementares estão em andamento para confirmar sua identidade e quantificar sua emissão nos diferentes sexos, visando sua aplicação no monitoramento ou controle da praga.

Termos para indexação: Controle biológico, semioquímicos, pragas, feromônio sexual.



Épocas de aplicação de *Trichoderma* no controle do tombamento de plântulas de soja

Amanda Silva Botelho⁽¹⁾, Luis Alberto Martins Palhares de Mello⁽²⁾ e Sueli Corrêa Marques de Mello⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: sueli.mello@embrapa.br

Resumo - *Trichoderma* é o principal fungo utilizado como agente de controle biológico de doenças de plantas, principalmente aquelas causadas por fungos habitantes do solo, como o fitopatógeno *Rhizoctonia solani*. O objetivo deste trabalho foi avaliar o uso de *Trichoderma* no controle do tombamento de plântulas de soja causado por *R. solani*. Para isso, testaram-se os isolados CEN 1277 (*T. asperelloides*) e CEN 1653 (*T. afroharzianum*) em distintas épocas de aplicação ao solo: (T1) sete dias antes da semeadura, (T2) simultaneamente à semeadura, (T3) primeira aplicação e, sete dias após, reaplicação simultaneamente à semeadura, (T4) primeira aplicação simultaneamente à semeadura e, sete dias após, reaplicação. Foram adotados dois tratamentos como controle (aplicação de água): inoculação do patógeno sete dias antes da semeadura (T5) e inoculação do patógeno no dia da semeadura (T6). O experimento foi conduzido em casa de vegetação, em vasos de 300 mL de capacidade, contendo mistura de solo e substrato inoculados com um grão de arroz colonizado pelo patógeno, no dia da primeira aplicação do antagonista. As suspensões de *Trichoderma* foram preparadas na concentração de 1×10^7 conídios/mL. Cada vaso recebeu duas sementes de soja. Aos 20 dias do plantio, foi avaliado o número de plantas vivas. Os tratamentos que resultaram nas maiores porcentagens de plantas vivas foram: aplicação de CEN 1653 na semeadura e, sete dias após, reaplicação de *Trichoderma* (63%); única aplicação de CEN 1277 na semeadura (60%); e única aplicação de CEN 1653 na semeadura (60%). Sem aplicação de *Trichoderma*, o controle (T5) resultou em 18% de plantas vivas e (T6) em 35%. Os demais tratamentos com *Trichoderma* não se diferenciaram estatisticamente dos controles. Os resultados indicam que a aplicação *Trichoderma* antes do plantio não promoveu o controle da doença e que uma segunda aplicação não promoveu ganhos adicionais.

Termos para indexação: biocontrole, fungos antagonistas, biofungicidas.



Caracterização molecular e fisiológica de isolados de *Trichoderma* armazenados em coleção de culturas

Amanda Silva Botelho⁽¹⁾, Thaís França Silva⁽¹⁾, Danilo Batista Pinho⁽²⁾ e Sueli Corrêa Marques de Mello⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Professor, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: sueli.mello@embrapa.br

Resumo - A identificação correta das espécies do fungo *Trichoderma* é fundamental para se possa explorar adequadamente o potencial biotecnológico desse agente de biocontrole (ACB). Este estudo teve como objetivo caracterizar/identificar 10 isolados recém-incorporados à Coleção de ACBs de Fitopatógenos e Plantas Daninhas da Embrapa CENARGEN. Os fungos foram cultivados em meio BD por 3 dias no escuro, sem agitação. O micélio foi coletado e o DNA extraído utilizando kit comercial. Os marcadores utilizados para a reação em cadeia da polimerase (PCR) foram: espaçadores transcritos internos do DNA ribossomal, actina, calmodulina, fator de alongação da tradução 1-a e a segunda maior subunidade do RNA polimerase. Os produtos de PCR foram enviados para o sequenciamento e as matrizes de sequências concatenadas foram submetidas a análise Máxima Verossimilhança. Para caracterização fisiológica, os fungos foram cultivados nos meios BDA, SNA e CMD, sob temperaturas de 15°C, 20°C, 25°C, 30 °C e 35 °C. Foram encontradas as espécies *T. spirale* (CEN 1650), *T. lentiforme* (CEN 1651 e CEN 1654), *T. afroharzianum* (CEN 1652 e CEN 1653), *T. asperelloides* (CEN 1655, CEN 1656, CEN 1658 e CEN 1659) e *T. azevedoi* (CEN 1660). Os 10 isolados se distinguiram quanto ao crescimento nas diferentes condições de cultivo. O desenvolvimento ótimo das culturas ocorreu a 30 °C; temperaturas de 15°C e 35 °C limitaram o crescimento. Esses isolados de *Trichoderma* armazenados na coleção, estão disponíveis para estudos com vistas ao controle biológico e outras aplicações agrícolas.

Termos para indexação: biocontrole, análise multi-locus, filogenia.



Influência de uma rizobactéria na resposta bioquímica de *Solanum lycopersicum* L. à infecção por nematoide

Karen Chrockatt de Sá Dantas⁽¹⁾, Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽²⁾, Vera Lucia Perussi Polez⁽²⁾, Regina Maria Dechechi Gomes Carneiro⁽²⁾ e Barbara Eckstein⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: karencsadantas@gmail.com

Resumo - Nematoides formadores de galha (*Meloidogyne* sp.) são uma preocupação global para o cultivo de tomate (*Solanum lycopersicum*). Espécies de *Bacillus* podem ser aplicadas para melhorar a resposta de *S. lycopersicum* contra patógenos, como *M. incognita* (MI). Objetivou-se verificar o impacto de uma estirpe de *Bacillus aryabhatai* (BA) na resposta de tomateiros quando infectados ou não por MI verificando o conteúdo de clorofila (CC), e a liberação de compostos orgânicos voláteis (COVs) pela parte aérea. Utilizou-se os tratamentos T1) Planta, T2) Planta + BA, T3) Planta + MI, T4) Planta + BA + MI. O CC foi medido extraíndo a clorofila de discos foliares com DMSO + 5% CaCO₃ por 1 hora a 65°C. A absorbância dos extratos foi medida em espectrofotômetro com detector UV. Para analisar a defesa indireta, plantas dos 4 tratamentos foram submetidas à aeração e os COVs coletados a cada 24 horas em adsorventes poliméricos. Extratos de aeração contendo os COVs foram analisados por CG-DIC e CG-EM. A identificação dos COVs foi realizada calculando o índice de Kovats e com a biblioteca NIST20, e confirmado com a injeção de padrões autênticos. Os compostos identificados foram utilizados em análises multivariadas. CC foi medido aos 7 e 37 dias após a inoculação de MI (DAI) e COV em 8, 18 e 25 DAI. O CC diminuiu significativamente a 37 DAI em relação a 7 DAI, mas não houve diferença significativa entre os tratamentos em cada período. Foram identificados entre 27 e 29 COVs nas amostras. A presença de BA reduziu a emissão de COVs, e 8 compostos apresentaram diferença significativa entre os tratamentos. As plantas T3 não mostraram alteração na emissão dos COVs quando comparado com as plantas T1. Observa-se que *B. aryabhatai* interfere na emissão de COVs e não afeta a qualidade da planta, evidenciado pelo conteúdo de clorofila.

Termos para indexação: bioinsumo, meloidoginose, tomate, bacillus, controle biológico.



Identificação e avaliação da atividade comportamental de compostos da glândula metatorácica de *Diceraeus melacanthus* (Hemiptera: Pentadomidae)

João Victor Costa Machado⁽¹⁾, Miriam Fernandes Furtado Michereff⁽²⁾, Miguel Borges⁽³⁾, Raul Alberto Laumann⁽³⁾ e Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽³⁾

⁽¹⁾Instituto Federal de Brasília, Campus-Gama. ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carolina.blassioli@embrapa.br

Resumo - *Diceraeus melacanthus* (Hemiptera: Pentadomidae) é uma praga das culturas de soja e milho no Brasil, cujo controle é realizado principalmente através da aplicação de inseticidas. Como alternativa mais sustentável, os semioquímicos são explorados para o manejo. Percevejos, como *D. melacanthus*, produzem compostos defensivos que atuam contra inimigos naturais, no entanto, ainda não está claro se esses compostos influenciam o comportamento de coespecíficos. Em um estudo prévio realizado pela nossa equipe, identificamos nos machos e fêmeas de *D. melacanthus* os aldeídos (E)-2-hexenal, 4-oxo-(E)-2-hexenal e (E)-2-octenal; os acetatos de (E)-2-hexenila e (E)-2-octenila; e os hidrocarbonetos undecano, dodecano e tridecano, além do monoterpeneo linalol, detectado nas amostras de aeração. Neste estudo, conduzimos bioensaios em olfatômetro em Y com machos e fêmeas para avaliar se estes compostos afetam o comportamento de coespecíficos. Além disso, foi determinada a configuração absoluta do linalol presente nas amostras voláteis. Para avaliar o papel comportamental dos compostos, foram testadas três doses (0,02, 0,2 e 2 µg) de padrões sintéticos contrastados com hexano. Nos bioensaios, tanto machos quanto fêmeas mostraram preferência significativa por hexano quando contrastado com o acetato de (E)-2-octenila. Além disso, as fêmeas mostraram preferência pelo odor do acetato de (E)-2-hexenila a 2 µg quando contrastado com o hexano. Uma solução contendo ambos os acetatos combinados contrastados com hexano foi avaliada, mas não houve preferência por parte de ambos. A análise quiral do linalol revelou a presença dos dois enantiômeros, sendo o isômero (R) em maior quantidade. Em testes com (R)-linalol, observou-se aumento da atração das fêmeas à medida que a dose diminuía. Na menor dose testada (0,01 µg), as fêmeas demonstraram preferência significativa pelo braço contendo o composto. Os resultados mostram que os compostos presentes na glândula metatorácica também influenciam o comportamento de coespecíficos, e que poderiam ser usados junto com o feromônio da espécie no manejo dessa praga no campo.

Termos para indexação: semioquímicos, comportamento, feromônios.



Influência dos metabólitos secundários de diferentes variedades de *Brachiaria* sobre o comportamento de busca de hospedeiros de *Blissus pulchellus* (Hemiptera: Blissidae)

Anariel Gomes Campos⁽¹⁾, Beatriz Cardoso da Silva Lara⁽¹⁾, Raul Alberto Laumann⁽²⁾, Miguel Borges⁽²⁾, Elisângela Gomes Fidelis⁽²⁾, Yan Vítor⁽¹⁾ e Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carolina.blassioli@embrapa.br

Resumo - A *Brachiaria* é uma importante gramínea utilizada como pasto no Brasil, com mais de 80 variedades disponíveis para uso. Uma de suas pragas é o percevejo *Blissus pulchellus*, que ataca a planta alojando-se em suas bainhas e parte aérea. Os danos causados acontecem através da alimentação dos percevejos, que injetam seus estiletes no floema da planta. O objetivo deste estudo foi determinar a influência dos metabólitos secundários voláteis de variedades de *Brachiaria* sobre o comportamento de busca de *Blissus pulchellus*. Para isso foram cultivadas três variedades de *Brachiaria* (*B. ruziziensis*, *B. dictyoneura* e *B. marandu*) comumente utilizadas pelos agricultores. A coleta dos voláteis das três variedades foi feita com 45 dias após o plantio (n=8 para cada variedade), cada planta foi colocada em uma câmara de vidro e foram utilizados adsorventes químicos (Porapak Q, 100 mg 80-20 mesh) para retenção dos voláteis. As amostras de voláteis foram coletadas a cada 24 horas e analisadas por CG-DIC e CG-EM. A análise química das amostras contendo os voláteis das plantas mostrou que estas produzem um perfil de voláteis diferentes, mas que não há diferença na produção total de voláteis entre as três variedades (Anova, F=0,059, gl=2, p=0,947). Para avaliar se há preferência dos insetos pelas variedades de *Brachiaria* e, se os compostos voláteis estão envolvidos nessa preferência, estudos foram conduzidos, mostrando haver uma preferência para *B. dictyoneura*. Os bioensaios para avaliar a influência dos voláteis das plantas sobre os insetos estão em andamento.

Termos para indexação: *Brachiaria*, praga, *blissus*, metabólitos, voláteis, bioensaio.



Identificação e avaliação da influência intraespecífica dos compostos defensivos de *Blissus pulchellus* (Hemiptera: Blissidae)

Beatriz Cardoso da Silva Lara⁽¹⁾, Anariel Gomes Campos⁽¹⁾, Yan Vítor⁽¹⁾, Raul Alberto Laumann⁽²⁾, Miguel Borges⁽²⁾, Elisangela Gomes Fidelis⁽²⁾ e Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carolina.blassioli@embrapa.br

Resumo - O percevejo *Blissus pulchellus* é uma praga significativa de gramíneas utilizadas como pastagem no Brasil, com potencial para causar prejuízos econômicos. O objetivo deste estudo foi identificar e avaliar a influência intraespecífica dos compostos defensivos produzidos pelas glândulas metatorácicas (MTG) e glândulas abdominais dorsais (DAG) dessa espécie. Os compostos foram obtidos por meio da maceração de indivíduos com hexano líquido, separando amostras específicas das glândulas. As análises químicas foram realizadas por Cromatografia Gasosa com Detector de Ionização de Chama (CG-DIC) e Cromatografia Gasosa acoplada à Espectrometria de Massas (CG-MS), além da purificação de alguns compostos por cromatografia em coluna de sílica. A quantificação dos compostos identificados foi feita utilizando a técnica do padrão externo com curvas analíticas individuais. Para investigar a influência comportamental dessas substâncias químicas, foram conduzidos bioensaios comportamentais em olfatosmetria de dupla escolha com machos e fêmeas adultos, testando os compostos isoladamente nas concentrações de 0,1; 0,01 e 0,001 mg/ml. Os resultados mostraram que *B. pulchellus* produz compostos típicos de defesa química encontrados em outros percevejos, com diferenças qualitativas e quantitativas entre sexos e estágios de desenvolvimento. As fêmeas produzem maior quantidade de (E)-2-hexenal, enquanto os machos produzem mais (E)-2-acetato de hexenila. Já as ninfas apresentaram produção elevada de hexanal e 4-oxo-(E)-2-hexenal. No entanto, os insetos adultos não demonstraram preferência comportamental por nenhum dos compostos testados de forma isolada. Estudos adicionais estão sendo conduzidos para avaliar o efeito de misturas desses compostos sobre o comportamento intraespecífico da espécie.

Termos para indexação: percevejo, feromônios, quarentenário.



Atividade antioxidante de tomateiros inoculados com bacilos e nematoides em diferentes condições de solo

Nayane Marcela Lima⁽¹⁾, Fernando Nogueira Rocha⁽¹⁾, Karen Chrockatt de Sá Dantas⁽¹⁾, Regina Maria Dechechi Gomes Carneiro⁽²⁾, Vera Lucia Perussi Polez⁽²⁾, Barbara Eckstein⁽²⁾ e Gabriella Magarelli⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: Naymarcela2@gmail.com

Resumo - A bactéria *Bacillus aryabhatai* surge como potencial bioinsumo para controle de *Meloidogyne incognita* em tomateiros, cuja eficácia pode ser modulada pela microbiota do solo. A atividade antioxidante das plantas é usada para investigar essa interação e os mecanismos bioquímicos envolvidos. Extratos etanólicos de folhas de tomateiros, cultivados em solo esterilizado e em solo com microbiota ativa, foram avaliados quanto às concentrações de fenólicos totais (Folin-Ciocalteu) e à atividade antioxidante (DPPH). Os tomateiros foram cultivados sob diferentes tratamentos: 1) controle; 2) com *B. aryabhatai*; 3) com *M. incognita*; 4) combinação dos dois. Os resultados mostraram variações notáveis entre os tratamentos, com destaque para o solo com microbiota, onde a diferença entre os grupos 1 e 3 foi expressiva ($p=0,0007$). A combinação da bactéria com o nematoide neste solo resultou na maior ação antioxidante, atingindo 83,7% de inibição do radical DPPH, e no mais elevado teor de fenóis, com 1,72 mg/g. No solo esterilizado, os efeitos foram mais sutis, embora o tratamento só com o nematoide tenha registrado o pico de fenóis aos 60 dias de cultivo (1,58 mg/g). Observou-se que há uma forte correlação positiva entre os níveis de compostos fenólicos e a atividade antioxidante. A microbiota do solo mostrou intensificar as interações entre os agentes bióticos, estimulando a produção de metabólitos de defesa nas plantas. Conclui-se que a associação de *B. aryabhatai* com o nematoide torna mais forte a resposta antioxidante do tomateiro, um efeito marcadamente superior em solos com microbiota, o que realça o seu papel na defesa bioquímica vegetal.

Termos para indexação: tomateiro, compostos fenólicos, atividade antioxidante, *B. aryabhatai*, *M. incognita*.



***Trichoderma* como agente de biocontrole de *Rhizoctonia solani* em alface**

Luana Flozina dos Santos⁽¹⁾, Jean Carlos Silva Batista Júnior⁽¹⁾ e Sueli Corrêa Marques de Mello⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: sueli.mello@embrapa.br

Resumo - A alface é uma das hortaliças mais produzidas no mundo, e doenças causadas por fitopatógenos limitam sua produção. Dentre esses, destaca-se *Rhizoctonia solani*, um patógeno de solo amplamente disseminado, cujos sintomas em alface incluem lesões necróticas na haste e raiz, podendo levar à morte da planta. *Trichoderma* é um agente de biocontrole promissor, atuando por mecanismos como: competição, hiperparasitismo, antibiose, indução de resistência de plantas a doenças e promoção de crescimento. O presente estudo objetivou avaliar a capacidade supressiva de 10 linhagens de *Trichoderma* da Coleção de Agentes de Controle Biológico da Embrapa, abrigada no CENARGEN, em plantas de alface inoculadas com *R. solani*. Em casa de vegetação, sacos plásticos com 3 L de capacidade foram preenchidos com solo autoclavado e substrato (2:1) e acrescidos de inóculo do patógeno produzido em arroz (2,5 g L⁻¹). Após o transplante das mudas, aos 14 dias de idade, aplicaram-se suspensões de conídios de *Trichoderma* (1 x 10⁷ conídios/mL) próximo ao colo das mudas. As avaliações foram realizadas sete dias após o transplante das mudas, baseado em notas de acordo com os sintomas desenvolvidos. O experimento foi conduzido em blocos inteiramente casualizados, com 10 repetições e executado duas vezes. Dentre os agentes de biocontrole testados, as linhagens CEN 288 (*T. rifaii*), CEN 1651, CEN 1080, CEN 1685, CEN 1659 e CEN 1416 (*T. lentiforme*) se agruparam no grupo estatístico com menor grau de lesões. Conclui-se que, os isolados citados possuem potencial para controlar a rizoctoniose em plantas de alface e deverão ser utilizados em experimentos futuros.

Termos para indexação: controle biológico, fungos antagonistas, patógeno de solo.



Comparação de dois métodos de extração de RNA visando a indexação de acessos de maracujazeiro (*Passiflora* spp.) mantidos no Banco Genético in vitro da Embrapa

Jaine Gabriele da Silva⁽¹⁾, Elias da Cruz Ribeiro⁽²⁾, Cristielly de Oliveira Silva Machado⁽¹⁾ e Jonny Everson Scherwinski-Pereira⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Estudante de Doutorado, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, AM. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: jonny.pereira@embrapa.br

Resumo - Diversas técnicas podem ser adotadas para garantir a fitossanidade de coleções vegetais mantidas em Bancos Ativos de Germoplasma, sendo os testes de indexação fitossanitária uma das principais. No caso do maracujazeiro (*Passiflora* spp.), o Cowpea aphid-borne mosaic vírus (CABMV), agente etiológico da doença do endurecimento dos frutos, representa uma das maiores ameaças à cultura, com impacto relevante em diversos países produtores. Este estudo teve como objetivo comparar dois métodos de extração de RNA visando à detecção do CABMV em um acesso provenientes do Banco Genético in vitro da Embrapa, visando posterior monitoramento de outros acessos. Inicialmente, 2 g de folhas de maracujazeiro (acesso 75) foram coletadas e congeladas em nitrogênio líquido (NL). As folhas foram maceradas em NL e o pó resultante foi usado nos protocolos. Foram utilizados dois protocolos diferentes: (1) Metodologia modificada utilizando tampão de extração (2% CTAB, 2% PVP, 100mM Tris/HCL, pH 8, 25mM EDTA, 2 M NaCl, 2% 2-mercaptoetanol), 7,5 M de cloreto de lítio e lavagens com clorofórmio:álcool isoamílico (24:1) e (2) Metodologia usando o EasyPure® RNA Kit (TransGen Biotech), conforme as instruções do fabricante. O cDNA foi sintetizado utilizando o kit GoScript™ Reverse Transcriptase (Promega) e o produto foi utilizado para realizar a PCR. O rendimento obtido com o método (1) foi de 55.3 ng/ul, enquanto o método (2) apresentou rendimento de 500 ng/ul. Apenas o RNA extraído com o kit comercial foi utilizado para a síntese do cDNA e posterior PCR. A PCR foi realizada com primers que codificam parte do capsídeo viral (800 pb). Apenas os controles positivos apresentaram banda, validando a eficiência do protocolo. Conclui-se que o método baseado no kit comercial foi significativamente mais eficiente e se mostra viável para aplicação na indexação de outros acessos e espécies conservadas no Banco Genético in vitro da Embrapa.

Termos para indexação: PCR, CABMV, diagnóstico molecular, passiflora, in vitro.



Quarentena

Metodologia para diagnóstico molecular de um único nematoide dos gêneros *Meloidogyne*, *Pratylenchus* e *Ditylenchus*

Gustavo Costa da Silva⁽¹⁾, Nathalia Thais de Moraes da Silva⁽¹⁾, Diego Araújo Ferreira⁽¹⁾, Dilson da Cunha Costa⁽²⁾, Leila Maria Gomes Barros⁽²⁾ e Renata Santos de Mendonça⁽¹⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: mendoncarsm@gmail.com

Resumo - O filo Nematoda inclui mais de 25.000 espécies descritas, muitas das quais são parasitas de plantas. A identificação precisa dessas espécies é essencial para o manejo adequado e para a emissão de laudos fitossanitários. No entanto, métodos morfológicos e bioquímicos apresentam limitações devido à variabilidade intraespecífica e à presença de populações mistas em uma mesma planta. Técnicas moleculares baseadas em sequenciamento têm se mostrado promissoras para superar esses desafios. Este trabalho teve como objetivo desenvolver e validar uma metodologia de identificação molecular de espécies de fitonematoides a partir de um único juvenil de segundo estágio (J2). Foram analisados 60 indivíduos de *Meloidogyne*, 102 de *Pratylenchus* e 60 de *Ditylenchus*. Inicialmente, foram realizadas análises morfométricas com base em chaves taxonômicas, considerando índices corporais, bulbos esofagianos, cauda, estilete e posição da vulva. Para o diagnóstico molecular, o DNA genômico foi extraído de um único J2 utilizando o kit DNeasy® Blood & Tissue (Qiagen), com adaptações no protocolo original. A região do rDNA (ITS1-5.8S-ITS2) foi amplificada por PCR com os primers TW81 e AB28. Os produtos amplificados foram sequenciados pelo método de Sanger, nos sentidos senso e antissenso. As sequências foram tratadas no Benchling, com eliminação das extremidades de baixa qualidade e geração das sequências consenso. Em seguida, essas sequências foram alinhadas com dados do GenBank por meio da ferramenta BLAST. Os resultados identificaram as espécies *Meloidogyne javanica*, *Pratylenchus brachyurus* e *Ditylenchus dipsaci*, em concordância com os dados morfológicos. A principal vantagem da metodologia proposta é permitir a identificação molecular a partir de um único indivíduo, evitando interferências causadas por populações mistas e sendo especialmente útil em situações de interceptação fitossanitária, nas quais poucos espécimes estão disponíveis.

Termos para indexação: fitoparasitas, pragas, quarentena, taxonomia integrativa.



Fungos interceptados na Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal entre 2024 e 2025

Samantha Silva Veras⁽¹⁾, Anna Caroline da Silva Nogueira⁽¹⁾, Camilly Santos Salgado⁽¹⁾, Leila Maria Gomes Barros⁽²⁾ e Eudes Carvalho⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: samantha.veras@colaborador.embrapa.br

Resumo - A Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (EQGV) é responsável pela análise de material vegetal destinado à pesquisa. O objetivo foi relatar a interceptação de fungos no Laboratório de Micologia da EQGV, entre julho de 2024 e junho de 2025. Foram analisados 1.319 acessos de 10 processos, de 09 espécies vegetais, provenientes de 07 países. As amostras foram submetidas ao “Blotter Test” e ao isolamento indireto em meio Batata-Dextrose-Ágar (BDA), incubadas a 25 °C em câmara de crescimento tipo “B.O.D”. A identificação fúngica após a obtenção de culturas puras, análises das colônias e observação morfológica de estruturas reprodutivas por microscopia de luz. Em algumas amostras, realizaram-se a extração de DNA, amplificação por PCR, análises via BLAST e confecção de árvores filogenéticas. Foram interceptadas as espécies *Fusarium oxysporum*, *Aspergillus niger*, *Rhizopus arrhizus* e *Epicoccum nigrum*, já relatadas no Brasil. Além dos fungos *Periconia epilithographicola* e *Xylaria curta* associados a material vegetal em decomposição, sem risco à agricultura. As análises quarentenárias possibilitaram o intercâmbio de lentilha (*Lens*), capim buffel (*Cenchrus*), batata (*Solanum*), mandioca (*Manihot esculenta*), morango (*Fragaria*), agave (*Agave*) e tamareira (*Phoenix*).

Termos para indexação: defesa fitossanitária, quarentena de plantas, pragas quarentenárias.



Biologia de *Blissus pulchellus* em arroz: a suscetibilidade da variedade esmeralda

Yan Vítor⁽¹⁾, Mayara Siqueira Messias⁽¹⁾ e Elisangela Gomes Fidelis⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: elisangela.fidelis@embrapa.br

Resumo - O arroz está entre os principais cultivos do Brasil e possui grande importância no consumo humano. Os percevejos do gênero *Blissus* (Hemiptera: Blissidae) são pragas importantes de Poaceae, incluído o arroz. Porém os estudos sobre sua ocorrência são focados em gramíneas forrageiras. Diante disso, este trabalho teve como objetivo avaliar o desenvolvimento de *Blissus pulchellus* em plantas de arroz da variedade Esmeralda. Os experimentos foram conduzidos em condições controladas, utilizando ninfas obtidas de colônias mantidas em *Brachiaria ruziziensis*. As plantas da fase experimental foram plantadas semanalmente e colonizadas com ninfas de 1º ínstar recém emergidas, 10 dias após a emergência na fase vegetativa V2, sendo substituídas a cada sete dias. Foram monitoradas a duração dos instares, a taxa de sobrevivência e o tempo total de desenvolvimento até chegar à fase adulta. O desenvolvimento médio do período ninfal nas plantas de arroz Esmeralda foi de 27,7 dias. A duração do 1º ínstar foi de 5,67 dias, 2º ínstar 5,04 dias, 3º ínstar 4,62 dias, 4º ínstar 5,27 dias e o 5º ínstar 7,06 dias. A taxa de mortalidade nestas fases foi baixa, de 8,24%. Com isso, podemos concluir que *B. pulchellus* completa o ciclo em plantas de arroz da variedade Esmeralda, evidenciando sua suscetibilidade ao inseto. Esses dados destacam a importância de ações voltadas ao monitoramento e ao controle integrado de *B. pulchellus* em áreas onde a variedade de arroz Esmeralda é plantada.

Termos para indexação: Percevejo-das-gramíneas, Poaceae, Blissidae, resistência de plantas.



Levantamento de doenças fúngicas em cultivos de bananeiras e de videiras no Distrito Federal

Camilly Santos Salgado⁽¹⁾, Samantha Silva Veras⁽¹⁾, Enzo Cardoso Vaz Ribeiro⁽¹⁾, Giovanna Raiane Lucena de Sousa⁽¹⁾, Viviani de Sousa Pereira⁽¹⁾ e Eudes Carvalho⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: eudes.carvalho@embrapa.br

Resumo - As condições edafoclimáticas do Distrito Federal favorecem o cultivo de diversas espécies frutíferas, dentre elas a bananeira e a videira. Contudo, o risco da ocorrência de pragas é constante em função do intenso trânsito de material vegetal, da localização geográfica e de condições ambientais favoráveis. O objetivo deste trabalho foi realizar o levantamento de doenças fúngicas em áreas cultivadas com bananeiras e videiras no Distrito Federal. Foram inspecionadas 04 propriedades com pomares de bananeira e 15 de videiras. Amostras de partes sintomáticas das plantas foram coletadas e transportadas para análises no Laboratório de Micologia da Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (EQGV/Cenargen). Foram realizados exame direto, sob microscópio estereoscópico, indução de crescimento e esporulação de fungos em câmara úmida, isolamento de fungos para obtenção de cultura pura e confecção de lâminas para microscopia de luz. A identificação das espécies foi realizada a partir de características morfológicas das colônias formadas e de estruturas reprodutivas, retiradas da cultura pura ou do crescimento sobre tecidos sintomáticos após incubação. O fungo *Mycosphaerella musicola*, agente etiológico da Sigatoka-amarela da bananeira foi identificado em todas as amostras. O fungo *Cordana musae*, agente etiológico da Mancha-de-cordana, foi observado em apenas uma amostra. Todas as amostras de videira apresentaram sintomas e sinais de Míldio, com a presença de estruturas do fungo *Plasmopara viticola*. Não foram detectadas pragas quarentenárias nas propriedades inspecionadas.

Termos para indexação: fitopatologia, fruticultura no Distrito Federal, inspeções de pomares.



Monitoramento de ácaros em videiras no Distrito Federal: resultados parciais e riscos fitossanitários

Giovanna Raiane Lucena de Sousa⁽¹⁾, Viviani de Sousa Pereira⁽¹⁾, Kamila Carvalho da Silva⁽¹⁾, Norton Porto Benito⁽²⁾ e Elisângela Gomes Fidelis⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista CNPq, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: elisangela.fidelis@embrapa.br

Resumo - Com o avanço da viticultura no Distrito Federal (DF), favorecido por condições climáticas adequadas e crescente interesse de produtores, torna-se fundamental o monitoramento de pragas com risco fitossanitário. Dentre as ameaças potenciais para o DF, destacam-se os ácaros, espécies quarentenárias ausentes no Brasil, como *Brevipalpus chilensis* (Acari: Tenuipalpidae). Este trabalho teve como objetivo realizar levantamentos de detecção de ácaros em cultivos de videira no DF, visando propor estratégias de vigilância e manejo. As coletas ocorreram entre junho e setembro de 2024 em parceria com a equipe Gerência de Sanidade Vegetal da Seagri-DF, em 15 propriedades de diferentes regiões produtoras do DF, abrangendo diversas cultivares de uva. Folhas e brotos de videira foram coletados em campo, e na Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal da Embrapa/Cenargen lavados com detergente neutro, a solução foi lavada com peneiras de malha fina para separação dos ácaros. Os ácaros extraídos foram conservados em álcool 70%, posteriormente passaram por triagem sob estereomicroscópio e montados em lâminas com os meios de Hoyer e Berlese, secadas em seguida em estufa. Os ácaros montados foram observados em microscópio e identificados por família, com auxílio de chaves taxonômicas específicas. Um total de 935 ácaros de quatro famílias foram encontrados, sendo 156 Eriophyidae, 458 Tetranychidae, 186 Tenuipalpidae e 135 Phytoseiidae. Os dados indicam alta diversidade e distribuição de ácaros nas videiras do DF, incluindo fitófagos e predadores (Phytoseiidae), que contribuem para o equilíbrio ecológico das videiras. Até o momento nenhuma praga quarentenária foi encontrada. Porém, a alta ocorrência de Tenuipalpidae, família à qual pertence *B. chilensis*, reforça a necessidade de monitoramento constante e diagnósticos confiáveis. A continuidade do monitoramento e a identificação em nível de espécie (próxima etapa deste trabalho) permitirão avaliações mais robustas sobre a dinâmica populacional desses ácaros, contribuindo para o manejo integrado e proteção fitossanitária das videiras no DF.

Termos para indexação: eriophyidae, tenuipalpidae, phytoseiidae, praga quarentenária.



Ocorrência de ácaros Eriophyidae em cultivos de videira no Distrito Federal

Viviani de Sousa Pereira⁽¹⁾, Giovanna Raiane Lucena de Sousa⁽¹⁾, Sofia Jabber de Souza⁽²⁾, Leila Maria Gomes Barros⁽³⁾, Renata Santos de Mendonça⁽¹⁾ e Elisângela Gomes Fidelis⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Syngenta, Formosa, GO. ⁽³⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: elisangela.fidelis@embrapa.br

Resumo - No Brasil, a vitivinicultura é uma atividade tradicional, com destaque para a Região Sul. No Distrito Federal, essa cultura está em plena expansão, com produtividade média superior à nacional. Diante disso, é essencial conhecer os desafios fitossanitários dessa cultura na região. Os ácaros da família Eriophyidae são pragas de importância econômica amplamente distribuídas em videiras, especialmente as espécies *Calepitrimerus vitis* e *Colomerus vitis*. Este trabalho teve como objetivo realizar levantamentos de detecção e identificar espécies de Eriophyidae em cultivos de uva no DF. As amostragens foram realizadas em 26 propriedades, distribuídas em diferentes regiões administrativas, entre junho de 2018 e março de 2025. Foram coletadas folhas e ramos de *Vitis labrusca* e *V. vinifera*, lavados com detergente neutro e filtrados por peneiras de malha fina. A solução resultante foi armazenada em álcool 70% e triada sob estereomicroscópio. Durante a triagem, os ácaros foram separados, montados em lâminas com meio de Hoyer e identificados morfológicamente com base na literatura especializada. A espécie *Calepitrimerus vitis* foi identificada em 11 propriedades, localizadas em Brazlândia, Planaltina, Sobradinho 1 e 2, PAD-DF, Vargem Bonita, Riacho Fundo II, São Sebastião e Lago Oeste, sendo mais frequente na variedade Niágara. A presença de *C. vitis* nos cultivos do DF tem implicações para a produtividade, pois esse ácaro causa deformações foliares, necrose e queda precoce de flores e frutos. Os resultados reforçam a necessidade de monitoramento constante e diagnóstico precoce como ferramentas de manejo integrado, contribuindo com dados técnicos relevantes para o controle de pragas quarentenárias.

Termos para indexação: *Calepitrimerus vitis*, eriofídeos, viticultura, pragas quarentenárias.



Importância do diagnóstico molecular para a distinção de espécies crípticas: *Cochonilhas Planococcus minor* e *Planococcu citri* (Hemiptera: Pseudococcidae)

Victor Silva Neiva⁽¹⁾, Cristiane Isaura Dollanora⁽¹⁾, Yan Vítor⁽¹⁾, Eloisa Aparecida Belleza Ferreira⁽²⁾, Leila Maria Gomes Barros⁽²⁾, Renata Santos de Mendonça⁽³⁾ e Norton Porto Benito⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pos-doc CNPq, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: norton.benito@embrapa.br

Resumo - As cochonilhas *Planococcus minor* e *P. citri* apresentam significativa similaridade morfológica, resultando em frequente confusão na identificação dessas espécies. São pragas polípagas que podem ocorrer simultaneamente nas plantas. Essa sobreposição compromete a identificação da espécie e o manejo. A Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal (EQGV) da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, inspecionou mudas de cacauero (*Theobroma cacao* L.) destinadas à Costa Rica e ao Equador. Após a inspeção, a identificação morfológica convencional indicou a presença de cochonilhas do gênero *Planococcus* sp. O objetivo deste trabalho foi conduzir análises para a identificação molecular da espécie de *Planococcus* coletada nas mudas de cacaueros, sob quarentena na EQGV. Para o diagnóstico molecular, o DNA de oito exemplares individualizados foi extraído com o kit DNeasy® Blood & Tissue (Qiagen). Os espécimes foram preservados para montagem de lâminas após a extração. Um fragmento do gene COI foi amplificado com os primers C1-J-2183-TL2-N-3014. As sequências obtidas foram submetidas ao programa Benchling para a edição das sequências consenso, que posteriormente foram alinhadas no GenBank via BLAST. Os resultados confirmaram a obtenção de DNA em quantidade e qualidade suficientes para as PCRs. Os espécimes foram recolhidos com sucesso após a extração e montados em lâminas para referência (espécime-voucher). O BLAST apontou 99,9% de identidade com *P. minor* e 97,8% com *P. citri*, confirmando a presença de *P. minor* nas mudas. Este resultado reforça a importância da análise molecular como recurso complementar à identificação morfológica convencional de pragas.

Termos para indexação: pragas, taxonomia integrativa, *Theobroma cacao*, diagnóstico molecular, Pseudococcidae.



Biologia comparativa do percevejo *Blissus pulchellus* (Hemiptera: Blissidae) em duas variedades de milho

Mayara Siqueira Messias⁽¹⁾, Yan Vítor⁽²⁾, Elisangela Gomes Fidelis⁽³⁾, Miguel Borges⁽³⁾, Maria Carolina Blassioli-Moraes⁽³⁾ e Raul Alberto Laumann⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Estudante de mestrado, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: mayarasiiq2@gmail.com

Resumo - Os percevejos-das-gramíneas *Blissus pulchellus* (Hemiptera: Blissidae) são pragas importantes de Poaceae forrageiras. *B. pulchellus* é uma praga emergente e de importância agrícola no Brasil, afetando pastagens e culturas como arroz e milho. Este estudo avaliou o desenvolvimento e a mortalidade de ninfas do percevejo *B. pulchellus* em duas variedades de milho: Zapalote Chico e Sintético Spodoptera. As ninfas com até 24 horas de vida foram transferidas mudas plantadas em potes de 300 ml, com 7 dias após a germinação, e com a parte aérea da planta isolada do solo utilizando organza e espuma. Foi colocada uma ninfa por planta, que foi diariamente observada para avaliação da sobrevivência e o instar. As ninfas alimentadas com Zapalote Chico apresentaram maior tempo de desenvolvimento, sendo 37 dias até a fase adulta, enquanto os alimentados com Sintético Spodoptera apresentaram média de 30 dias. A média total de desenvolvimento dos cinco ínstares foi de 27,93 dias na variedade Sintético Spodoptera e 34,26 dias na variedade Zapalote Chico. A mortalidade foi significativamente maior em Zapalote Chico (25%) em comparação à variedade Sintético Spodoptera (12,1%). A continuidade do trabalho irá integrar dados reprodutivos e análises químicas dos voláteis emitidos pelas plantas em resposta à herbivoria, buscando identificar compostos com potencial para controle comportamental do inseto, auxiliando em métodos de controle que até o momento são ineficientes.

Termos para indexação: resistência vegetal, manejo integrado, *Zea mays*, percevejos-das-gramíneas.



Moscas-das-frutas (Diptera:Tephritidae) em frutíferas no Distrito Federal

Kamila Carvalho da Silva⁽¹⁾, Camilly Santos Salgado⁽²⁾, Giovanna Raiane Lucena de Sousa⁽³⁾, Viviani de Sousa Pereira⁽³⁾ e Elisangela Gomes Fidelis⁽⁴⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Estudante de mestrado, Universidade de Brasília Bolsista ⁽³⁾Estudante de graduação, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: kamilakck@gmail.com

Resumo - As moscas-das-frutas (Diptera: Tephritidae), como *Anastrepha* spp., *Ceratitis capitata* e *Bactrocera* spp., comprometem a qualidade dos frutos, reduzem a produtividade, elevam custos de manejo e impõem barreiras comerciais, afetando diretamente a competitividade da fruticultura brasileira. Este trabalho apresenta dados do monitoramento dessas espécies em cultivos de goiaba e em áreas adjacentes no Distrito Federal (DF), com base na emergência de adultos em frutos hospedeiros coletados em propriedades rurais de Brazlândia. Foram coletados, quinzenalmente entre fevereiro e maio de 2025, frutos de goiaba (*Psidium guajava*), seriguela (*Spondias purpurea*), e jambo-rosa (*Syzygium jambos*), em uma propriedade comercial de quatro hectares com goiaba da variedade Pedro Sato, com 15 anos de cultivo, e um sítio de turismo rural, localizado a 1 km da propriedade anterior. Os frutos foram quantificados, pesados e mantidos em bandejas com areia úmida na Estação Quarentenária de Germoplasma Vegetal da Embrapa/Cenargen. Semanalmente, as bandejas foram triadas e os pupários encontrados foram quantificados e mantidos em placas de Petri com papel filtro umedecido até a emergência. Os adultos emergidos foram preservados em álcool 70% e identificados morfológicamente. Foram obtidos 230 espécimes de Tephritidae, sendo 82 de *Ceratitis capitata*, e 148 *Anastrepha* spp. A goiaba destacou-se como o principal hospedeiro. No Sítio Paraná, foram coletados 104 indivíduos do gênero *Anastrepha* e 64 do gênero *Ceratitis*. Em frutos de jambo-rosa, 6 indivíduos de *Anastrepha* e 3 de *Ceratitis*. Na propriedade comercial, foram registrados 18 indivíduos de *Anastrepha* em goiaba e 20 em seriguela, além de 8 indivíduos de *Ceratitis* em goiaba e 7 em seriguela. A diversidade de plantas hospedeiras no Sítio Paraná pode ter favorecido a maior abundância observada. Com a redução dos frutos em maio, houve queda na densidade de adultos. Os resultados reforçam a importância do monitoramento contínuo e contribuem para o entendimento da dinâmica destas pragas na região.

Termos para indexação: *Anastrepha*, *Ceratitis*, Tephritidae, vigilância fitossanitária.



Monitoramento de moscas-das-frutas quarentenárias no Distrito Federal

Kamila Carvalho da Silva⁽¹⁾, Camilly Santos Salgado⁽²⁾, Giovanna Raiane Lucena de Sousa⁽³⁾, Viviani de Sousa Pereira⁽³⁾ e Elisângela Gomes Fidelis⁽⁴⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Estudante de mestrado, Universidade de Brasília Bolsista ⁽³⁾Estudante de graduação, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: kamilakck@gmail.com

Resumo - As moscas-das-frutas (Diptera: Tephritidae) quarentenárias *Bactrocera carambolae* (quarentenária presente no Amapá, Pará e Roraima) e *Bactrocera dorsalis* (quarentenária ausente) representam riscos à fruticultura brasileira, podendo causar danos à produção e restrições comerciais. Este trabalho visou realizar levantamentos para detecção dessas espécies no Distrito Federal. Os pontos de monitoramento foram definidos com base em fluxos logísticos e risco de entrada. A Seagri-DF apoiou na prospecção e viabilização dos locais. Dezesesseis armadilhas tipo McPhail com atrativo alimentar (pastilhas de torula) e seis tipo Jackson com paraferomônio metil-eugenol, ambos fornecidos pelo MAPA, foram instaladas. As armadilhas McPhail foram distribuídas assim: cinco em cultivo de goiabeira e uma em propriedade de turismo rural em Brazlândia, cinco em goiabeira em Planaltina, uma na Feira do Produtor de Ceilândia, três em caramboleiras no Recanto das Emas e uma no Jardim Botânico. As armadilhas tipo Jackson foram instaladas em pontos de alto risco de entrada de frutos da região Norte e de outros países, como a CEASA e nas proximidades das embaixadas de países onde ocorrem espécies de *Bactrocera*. As inspeções foram quinzenais. O conteúdo da armadilha McPhail foi filtrado, triado e as moscas preservadas em álcool 70%. Nas tipo Jackson, a coleta iniciava com retirada das bases protegidas com plástico filme, seguida da triagem visual, separação por espécie e contagem. Os insetos foram removidos com pinça, colocados em frascos com álcool e identificados morfológicamente na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Nenhum espécime de *Bactrocera* foi encontrado. O monitoramento destas pragas deve ser contínuo, a fim de embasar ações de defesa agropecuária no DF.

Termos para indexação: *Bactrocera*, fruticultura, praga quarentenária, vigilância fitossanitária, Tephritidae.



Recursos Genéticos



Avaliação da distribuição geográfica, estrutura populacional e perda de habitat de *Chamaecrista fulgida* Barneby, espécie ameaçada e endêmica da Chapada dos Veadeiros, Goiás

Rafaela Oliveira de Arruda⁽¹⁾, Suelma Ribeiro Silva⁽²⁾, Sérgio Eustáquio de Noronha⁽³⁾, Marcelo Fragomeni Simon⁽⁴⁾

⁽¹⁾Estudante de Mestrado, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽²⁾Instituto Chico Mendes de Conservação da Biodiversidade, Brasília, DF. ⁽³⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. E-mail autor correspondente: marcelo.simon@embrapa.br

Resumo - *Chamaecrista fulgida* (Fabaceae), é uma planta endêmica da Chapada dos Veadeiros, classificada atualmente como “ criticamente em Perigo”. Devido à sua raridade e ameaça, há urgência por estudos que visem promover estratégias para sua conservação. O presente trabalho teve como objetivo analisar a estrutura populacional de *C. fulgida*, bem como reavaliar seu grau de ameaça a partir de novos dados de distribuição geográfica e uso da terra. A estrutura populacional foi avaliada por meio de censos em quatro populações, onde os indivíduos foram medidos (diâmetro-DAS e altura-HT) e georreferenciados. A partir de registros de herbários e buscas em campo foram calculadas: Área de Ocupação - AOO e Extensão de Ocorrência - EOO. A perda de habitat entre 1986 e 2023 foi calculada com base nos dados do MapBiomas. As médias de DAS e HT foram: 45,36mm/2,29m (81 ind.); 4,25mm/2,06m (58 ind.); 10,64mm/2,71m (36 ind.); 9,87mm/2,72m (12 ind.). Houve recrutamento em três populações, exceto em uma composta somente por indivíduos adultos. Os valores de AOO (44 km²) e EOO (1.770 km²) superaram os de 2020 (12 e 50 km², respectivamente), permitindo a reclassificação da espécie como “ Em Perigo”. Entre 1986 e 2023, a EOO da espécie perdeu 198,78 km² de vegetação nativa, total de 11,32%. Os dados obtidos ampliaram a distribuição conhecida da espécie, demonstraram sua elevada abundância natural em habitats específicos e reforçaram a importância de estudos voltados à sua conservação, especialmente diante da tendência de modificação de áreas nativas em agrícolas, ameaça significativa à sobrevivência da espécie em seu habitat.

Termos para indexação: Fabaceae, conservação, lista vermelha.



Estudo populacional e conservação ex situ das espécies ameaçadas *Mimosa dominarum* Barneby e *M. rheiptera* Barneby

Tawane Rodrigues dos Santos⁽¹⁾, Dulce Alves⁽²⁾ e Marcelo Fragomeni Simon⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: tawanesantos0@gmail.com

Resumo - *Mimosa dominarum* e *M. rheiptera* são endêmicas da Chapada dos Veadeiros, Goiás, ambas classificadas como “Em Perigo”. Devido à raridade das espécies, há poucas informações sobre distribuição geográfica, tamanho populacional ou ameaças, o que torna urgente o desenvolvimento de estudos para conservação. O objetivo deste trabalho foi ampliar o conhecimento sobre a distribuição geográfica e a estrutura populacional das duas espécies, além de desenvolver protocolos para a conservação ex situ de sementes. Amostragens populacionais utilizando parcelas de 10m × 20m foram realizadas entre maio e outubro de 2024 em cinco locais da Chapada dos Veadeiros, correspondentes a cinco populações, onde foram obtidos dados de altura, diâmetro e localização para cada indivíduo. Sementes foram coletadas em quatro dessas populações e submetidas a testes de germinação com o objetivo de identificar métodos eficientes para superação de dormência e avaliar a aptidão das sementes para conservação ex situ. Os dados obtidos demonstraram populações com distribuição fragmentada e variação na densidade de indivíduos, com estimativas de 16 a 2.160 ind./ha para *M. dominarum* e 255 a 1.535 ind./ha para *M. rheiptera*. Impactos antrópicos como a expansão agrícola, incêndios e presença de espécies invasoras foram observados, principalmente em uma população de *M. dominarum*. O tratamento com água quente foi o mais eficaz para quebrar a dormência das sementes (98% de germinação). As sementes toleram a dessecação e o congelamento (90% a 92% de germinação), permitindo sua conservação a longo prazo em banco de germoplasma. O trabalho contribuiu para ampliar o conhecimento sobre distribuição e estrutura populacional das espécies, permitindo um maior conhecimento sobre seu status de ameaça, e fortalecendo as estratégias de conservação e manejo da flora endêmica do Cerrado.

Termos para indexação: Banco Genético, Cerrado, endemismo, germinação.



Reação de hipersensibilidade do porta enxerto de goiabeira ‘Brs Guaraçá’ comprova a sua resistência a *Meloidogyne enterolobii*

Ana Luisa Porto Cruz⁽¹⁾, Ana Cristina Meneses Mendes Gomes⁽²⁾, Carlos Eduardo dos Santos Dias⁽³⁾, Marcilene Fernandes Almeida dos Santos⁽⁴⁾, Carlos Antônio Fernandes Santos⁽⁵⁾, Juvenil Enrique Cares⁽⁶⁾ e Regina Maria Dechechi Gomes Carneiro⁽⁷⁾. E-mail autor correspondente:

⁽¹⁾Universidade de Brasília (UnB), Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Embrapa Semiárido, Petrolina, PE. E-mail autor correspondente: anaportocruz@gmail.com

Resumo - O nematoide-das-galhas *Meloidogyne enterolobii* (sin. *M. mayaguensis*) foi detectado em 2001 dizimando goiabeiras na região de Petrolina. No Vale do São Francisco, ocorreu redução de mais de 70% na produção de goiaba entre 2000-2007. Em 2019, a EMBRAPA lançou o porta-enxerto BRS Guaraçá (Híbrido: *Psidium guajava* x *P. guineense*), que mostrou resistência a *M. enterolobii* e compatibilidade de enxertia com goiabeiras comerciais. Esse porta enxerto foi testado para diferentes populações de *M. enterolobii* e a resistência foi confirmada. No presente estudo os mecanismos de resistência desse porta-enxerto e o ciclo de vida do nematoide na cultivar comercial suscetível ‘Paluma’ foram documentados. Para estudo histopatológico, métodos de coloração de nematoides com fucsina ácida e cortes histopatológicos foram utilizados. Na quantificação dos juvenis de segundo estágio (J2) que penetraram nas raízes da planta suscetível ‘Paluma’, houve penetração de 279 juvenis aos 3-8 dias após a inoculação (DAI), sendo observadas as primeiras células gigantes (CG) em formação e aos 21 DAI CG completamente formadas. Aos 28-32 DAI apareceram as massas de ovos. Sobre a quantificação dos J2s no porta-enxerto resistente ‘BRS Guaraçá’, penetraram apenas 10 juvenis aos 3-8 DAI, representando uma redução de penetração e desenvolvimento do nematoide da ordem de 95%, devido à Reação de Hipersensibilidade (RH) observada no período de 3 a 19 DAI. Os poucos J2s que penetraram estabeleceram células gigantes com grandes vacúolos na região do cilindro vascular (15 DAI) e apresentaram atraso no desenvolvimento, com ausência total de massas de ovos após 32 DAI. O estudo demonstra que o mecanismo de resistência envolve RH no início do ciclo de vida do nematoide. O porta-enxerto BRS Guaraçá está sendo comercializado por vários viveiros em diferentes regiões do Brasil e os nossos resultados confirmam a alta resistência desse híbrido.

Termos para indexação: nematoide-da-goiabeira, histopatologia, híbrido, *Psidium guineense*, *Psidium guajava*.



Resposta transcricional de *Arabidopsis* à superexpressão de genes de *Arachis* com potencial biotecnológico⁽¹⁾

Marcela Gomes Rodrigues⁽²⁾, Priscila Grynberg⁽³⁾, Ana Cristina Miranda Brasileiro⁽³⁾ e Roberto Coiti Togawa⁽⁴⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

⁽²⁾Bolsista CNPq, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

E-mail autor correspondente: roberto.togawa@embrapa.br

Resumo - Diante da crescente necessidade de desenvolver estratégias para aumentar a resiliência vegetal e contribuir com a compreensão dos processos moleculares que podem potencialmente aprimorar a tolerância a estresses em plantas, este estudo investigou os efeitos transcricionais da superexpressão dos genes AdEXLB8 e AsTIR19, isolados de espécies do gênero *Arachis*, em *Arabidopsis thaliana*. Foram obtidas nove amostras de RNAseq, três por condição, processadas com o programa Fastp para remoção de adaptadores e leituras de baixa qualidade. O alinhamento ao genoma foi realizado com o software STAR, resultando em taxas de mapeamento superiores a 96% e predominância de leituras unicamente alinhadas. Análises de variância e distribuição gênica indicaram consistência entre réplicas e separação clara entre os grupos. A análise de expressão diferencial identificou genes significativamente regulados com parâmetros estatísticos de False Discovery Rate < 0.05 e $-2 < \log \text{fold change} = 2$. A análise de enriquecimento por ontologia gênica revelou que o gene AsTIR19 reprimiu vias associadas à resposta a estímulos bióticos e ao metabolismo secundário, enquanto ativou rotas relacionadas ao metabolismo de açúcares simples, estresse osmótico e fosforilação de proteínas. O gene AdEXLB8 também induziu alterações expressivas. Os resultados indicam que os transgenes promovem modulações coordenadas no transcrito, com potencial aplicação em engenharia genética, à tolerância a estresses.

Termos para indexação: transgênica, estresse, transcrito.



Desenvolvimento de um protocolo de avaliação não destrutiva da saúde de colmeias de abelhas sem ferrão manejadas em meliponários

Jônatas de Siqueira Castro⁽¹⁾, Davi de Lacerda Ramos⁽¹⁾, Rafaela Mendes Assunção⁽¹⁾, Giuseppe Fernandes Martins Cortizo⁽¹⁾ e Carmen Silvia Soares Pires⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carmem.pires@embrapa.br

Resumo - Mais de 20 espécies de abelhas sem ferrão (ASF) são criadas em caixas racionais com metodologias consolidadas. No entanto, a escassez de colmeias em quantidade e qualidade ainda limita a adoção da polinização assistida no Brasil. Um dos entraves é a falta de métodos não destrutivos para avaliar a saúde das colmeias. Portanto, este estudo propõe o desenvolvimento de um protocolo não destrutivo, baseado em análises de comportamento de forrageamento e parâmetros biológicos, para auxiliar pesquisadores, meliponicultores e agricultores na avaliação da vitalidade de colmeias manejadas de ASF. Comparamos o comportamento de forrageamento de campeiras de *Melipona quadrifasciata* (mandaçaia) com o armazenamento de alimento na colmeia. Quantificamos as abelhas que retornavam com pólen para a colmeia. Seis colmeias foram observadas durante a estação chuvosa, entre 14/01 e 31/03 de 2025, duas vezes por semana, entre 7:00 e 10:00 horas, período de maior atividade da espécie. Semanalmente abrimos as colmeias e fotografamos para quantificar o número de potes de alimento cheios e relacionarmos os dados das operárias retornando ao ninho com alimento. Não identificamos uma relação positiva significativa entre a atividade de forrageamento e o número de potes de alimento, conforme esperado. Contudo, apesar de não observarmos diminuição evidente na atividade de forrageamento, as fotos mostraram que houve uma redução na quantidade de potes de alimento cheios. Esses resultados são preliminares e assim, para melhor compreender a relação entre a atividade de forrageamento e os parâmetros biológicos das colmeias, realizaremos uma segunda série de observações na estação seca.

Termos para indexação: abelhas, alimento, colmeias, forrageamento.



Parâmetros genéticos e reconstrução de pedigree em ovinos Santa Inês conservados *in situ*⁽¹⁾

Camila Souza Rodrigues⁽²⁾, Danielle Assis de Faria⁽³⁾, Concepta McManus⁽⁴⁾ e Samuel Rezende Paiva⁽⁵⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). ⁽²⁾Estudante de doutorado, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽³⁾Pós-doutoranda, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Professora, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽⁵⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: rodriguesscamila@outlook.com

Resumo - A raça ovina Santa Inês é amplamente difundida no Brasil, representando o mais importante patrimônio genético ovino autóctone nacional. A Embrapa Tabuleiros Costeiros mantém um rebanho representativo da raça, objetivando garantir o tamanho efetivo populacional e sua variabilidade genética. Este estudo visou investigar a diversidade genética desse rebanho, bem como reconstruir o pedigree dos animais amostrados. No total, 183 ovinos foram genotipados para 2,945 marcadores SNPs, por meio do EMBRAPA multispecies 65K Illumina Infinium 1 chip, sendo filtrados 751 SNPs para as análises de parentesco. Os valores médios de heterozigosidade esperada (H_e) e heterozigosidade observada (H_o) foram 0,390 e 0,399, respectivamente, o que sugere que a população está em equilíbrio de Hardy-Weinberg. O coeficiente de endogamia (FIS) foi negativo (-0,022), demonstrando uma alta proporção de heterozigotos e baixa endogamia. Entretanto, a estimativa do tamanho efetivo populacional ($N_e = 43$), obtida pelo método de desequilíbrio de ligação, está abaixo do limiar mínimo recomendado pela Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura (FAO) ($= 50$). Portanto, recomenda-se a adoção de estratégias de manejo para ampliação da variabilidade genética, como a utilização de sêmen de reprodutores que não possuem parentesco com esse Núcleo de Conservação. A análise de reconstrução de pedigree revelou 22 trios, 55 duos e 13 conjuntos de irmãos completos. Quatro carneiros foram amplamente utilizados, cada um com pelo menos seis descendentes, o que reforça a necessidade de introduzir novos alelos no rebanho. Esses resultados orientam estratégias de conservação e manejo populacional, contribuindo para a preservação da variabilidade genética da raça.

Termos para indexação: análise de parentesco, *Ovis aries*, tamanho efetivo populacional.



Abordagens genômicas e estratégias de manejo aplicadas ao ovino crioula lanada no Rio Grande do Sul⁽¹⁾

Katherine Victoria Valadares Inglis⁽²⁾, Danielle Assis de Faria⁽³⁾, José Carlos Ferrugem Moraes⁽⁴⁾, Carlos Jose Hoff de Souza⁽⁴⁾ e Samuel Rezende Paiva⁽⁵⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽³⁾Pós-doutoranda, Universidade de Brasília, Brasília, DF, ⁽⁴⁾ Pesquisador, Embrapa Pecuária Sul, Bagé, RS, ⁽⁵⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: katherinevinglis@gmail.com

Resumo - O ovino Crioula Lanada recebe esse nome devido à sua cobertura lanosa abundante, sua fibra apresenta características ideais para a produção de artesanato tradicional, como tapeçarias, mantas e ponchos. Acredita-se que a raça, originária do Rio Grande do Sul, teria se formado a partir do cruzamento entre ovinos da raça Churra Bordaleira ou a Churra com a raça Lacha. Essas raças foram introduzidas no Brasil durante o período colonial, dando origem a uma população adaptada localmente. O presente trabalho tem como objetivo estimar e validar as relações de parentesco conhecidas entre indivíduos do rebanho da raça ovina Crioula Lanada, dentro do Núcleo de Conservação da Embrapa Pecuária Sul. Foram analisados 415 SNPs do beadchip EMBRAPA – MULTI 60k CHIP e 244 animais. Primeiramente, foram identificados 108 duos (pai-filho ou mãe-filho) e 20 trios (mãe-pai-filho) com base em análises de exclusão e probabilidade de parentesco. A reconstrução do pedigree mostra a presença de 12 pares de irmãos completos e 664 pares de meio-irmãos entre os indivíduos analisados. Destacou-se o reprodutor 4089, estimado como pai de 14 indivíduos do rebanho. Esse número elevado de descendentes oriundos de um único pai é indesejável, pois contribui para o aumento da endogamia e a redução da variabilidade genética. O tamanho efetivo da população estimado com base no desequilíbrio de ligação (NeDL) entre 2.838 SNPs distribuídos no genoma ovino foi igual a 51, que se apresenta acima do nível de risco da FAO ($N_e = 50$). Esses resultados contribuem para o melhor entendimento da estrutura familiar dentro do rebanho e fornecem subsídios importantes para estratégias de manejo e conservação da raça.

Termos para indexação: diversidade genética, ovino crioula lanada, recursos genéticos animais.



Importância das plantas-espontâneas não cultivadas para a diversidade de abelhas em cultivos orgânicos de tomateiros no Cerrado

Fabrini Pereira da Silva⁽¹⁾, João Victor de O. Marques⁽¹⁾, Rafaela Mendes Assunção⁽¹⁾, Pedro Henrique Brum Togni⁽¹⁾, Eliana Maria Gouveia Fontes⁽²⁾ e Carmen Silvia Soares Pires⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista CNPq, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carmen.pires@embrap.br

Resumo - A polinização por abelhas é um serviço ecossistêmico essencial para a reprodução de plantas silvestres e cultivadas. As plantas espontâneas (popularmente chamadas de ervas-daninhas) beneficiam os insetos benéficos presentes nas áreas agrícolas, pois ampliam a oferta de recursos, especialmente fora do período de floração dos cultivos. Portanto, o objetivo deste estudo é entender como as características das plantas espontâneas contribuem para a visitação de abelhas em agroecossistemas orgânicos no Cerrado. O estudo foi feito em 13 propriedades rurais no Distrito Federal, entre maio e outubro dos anos de 2022 e 2023. Coletamos abelhas que pousavam diretamente nas flores das plantas espontâneas para registro de interação planta-abelha. Identificamos as abelhas e plantas ao menor nível taxonômico possível. Registramos 2.309 interações, entre 68 espécies de abelhas e 27 espécies de plantas espontâneas. As abelhas mais abundantes foram *Apis mellifera* (50%), *Paratrigona lineata* (11%) e *Trigona spinipes* (8%). Estas são espécies sociais, generalistas e resistentes às condições das áreas cultivadas. As espécies de plantas com maiores interações foram *Bidens pilosa* L. (34%), *Bidens alba* (L.) DC. (21%) e *Emilia fosbergii* Nicolson (13%). Estas são plantas herbáceas muito comuns em agroecossistemas devido seu crescimento maciço, alta produção de sementes e períodos de floração prolongados. Os traços florais como o hábito de vida (arbustiva ou herbácea), a presença de odor e a disponibilidade de néctar, influenciaram significativamente a composição de abelhas. Em relação ao hábito de vida, as plantas herbáceas apresentaram maior relação com a abundância, pois melhor se adaptam às áreas manejadas. A presença de odor e néctar foram importantes para a riqueza e diversidade de abelhas. Plantas que produzem néctar geralmente apresentam odor adocicado, o que está relacionado a maiores índices de visitação. Desse modo, as plantas espontâneas mantêm a presença de abelhas nos cultivos de tomateiros e beneficiam a polinização e a produtividade agrícola.

Termos para indexação: agroecossistemas, interação planta-abelha, erva-daninha, traços florais, polinização.



Protótipo de caixa modular para monitoramento visual não invasivo de colônias de *Frieseomelitta varia*

Giuseppe Fernandes Martins Cortizo⁽¹⁾, Jônatas de Siqueira Castro⁽¹⁾, Rafaela Mendes Assunção⁽²⁾, Davi de Lacerda Ramos⁽³⁾ e Carmen Silvia Soares Pires⁽⁴⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Estudante de doutorado, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽³⁾Bolsista pós-doutoramento/Cargill, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carmen.pires@embrapa.br

Resumo - Abelhas-sem-ferrão (tribo Meliponini) são polinizadoras nativas de alta relevância ecológica e crescente aplicação em sistemas agrícolas. A espécie *Frieseomelitta varia*, conhecida como marmelada, apresenta características morfológicas e comportamentais que favorecem o desenvolvimento de tecnologias para manejo racional. Com base em experiências do projeto Meliponário UnB e modelos adotados por meliponicultores como Vinícius Viana (DF) e Carlos Yraptã (SP), este estudo buscou desenvolver um protótipo de caixa racional com estrutura modular e laterais transparentes, que permite o monitoramento visual de enxames de *F. varia* sem abertura ou destruição da colônia para uso científico e didático. A ausência de invólucro de cera nas estruturas internas e a organização em cachos de cria - características da espécie - possibilitam a visualização direta do interior, incluindo potes de alimento, abelhas em trânsito e desenvolvimento de células de cria. A caixa foi confeccionada em madeira pinus não tratada, com espessura de 2 cm e dimensões de 52 x 10 x 20 cm (comprimento x largura x altura), composta por três módulos, cada um contendo aberturas laterais em acetato transparente e vedação em EVA preto, assegurando o escurecimento interno. O conjunto foi queimado e envernizado visando aumentar a durabilidade. Um protótipo está em teste no Meliponário do Cenargen com uma colônia viva e estão sendo coletados registros de imagens sequenciais para estudos não invasivos sobre desenvolvimento e saúde do enxame. A proposta responde à demanda por métodos que reduzam perdas de colônias em estudos sobre qualidade de ninhos. O projeto contou com colaboração da startup B2Bee, especializada em polinização assistida. Os custos foram levantados e a caixa possui viabilidade comercial. A caixa apresenta potencial de aplicação científica, didática e comercial, contribuindo para a meliponicultura racional e o aprimoramento de técnicas de observação e manejo de colônias nativas.

Termos para indexação: Meliponicultura racional, *Frieseomelitta varia*, caixa didática, polinização assistida, monitoramento não invasivo.



Pedigree e diversidade genética dos bovinos da Raça Sindi⁽¹⁾

Laura de Moraes Guazzelli⁽²⁾, Danielle Assis de Faria⁽³⁾, Josir Laine Veschi⁽⁴⁾, Rafael Dantas dos Santos⁽⁵⁾ e Samuel Rezende Paiva⁽⁶⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Embrapa e Mais Estágios. ⁽²⁾Estagiária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Bolsista, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). ⁽⁴⁾Pesquisador, Embrapa Semiárido, Petrolina, PE. ⁽⁵⁾ Pesquisadora, Embrapa Semiárido, Petrolina, PE. ⁽⁶⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: lauraguazzelli.12@gmail.com

Resumo - Os bovinos Sindi são uma raça zebuína originária do Paquistão, destacando-se pela boa adaptação às condições do Semiárido brasileiro. Este estudo teve como objetivo a reconstrução do pedigree de 105 indivíduos do rebanho Sindi do Núcleo de Conservação da Embrapa Semiárido, utilizando 840 marcadores SNP. No resultado das análises de exclusão de paternidade, o Cervus indicou 45 duos e 16 trios, enquanto o Colony confirmou 42 desses duos e todos os trios, além de apontar dois duos e um trio inéditos. Foram indicadas 14 duplas de irmãos completos e 566 de meios-irmãos, com probabilidades superiores a 91,4%. Os resultados evidenciam um único macho como genitor de 33 indivíduos, o que representa cerca de 31% do rebanho estudado. Dentre esses 33 indivíduos, existem 9 famílias diferentes e 11 duplas de irmãos completos, envolvendo 14 indivíduos, representando cerca de 42,4% dos descendentes desse reprodutor. A análise de diversidade genética, revelou uma heterozigosidade observada (H_o) de 0,366 e esperada (H_e) de 0,345, com valor de FIS negativo (-0,055), indicando baixa endogamia e variabilidade genética satisfatória no rebanho. O tamanho efetivo populacional (N_e), estimado pelo nível de desequilíbrio de ligação entre loci neutros (NeLD), foi 29. O resultado do NeLD encontrado está corroborando com as heterozigosidades medidas, indicando variabilidade genética. Lembrando que esse N_e é uma estimativa atual do rebanho baseado em marcadores não ligados distribuídos pelo genoma. Esse resultado é importante para a tomada de decisões em estratégias de manejo e conservação. O rebanho necessita de estratégias mais equilibradas, com foco na diversificação das contribuições parentais, a fim de assegurar a conservação sustentável da raça Sindi.

Termos para indexação: conservação, marcadores SNP, manejo genético.



Declínio da viabilidade em sementes de feijão sob envelhecimento artificial: perda da integridade do RNA e associação com transcritos individuais

Cristielly de Oliveira Silva Machado⁽¹⁾, Tayara Colins Nunes⁽¹⁾, Tamara Dantas⁽¹⁾, Solange Barrios Roveri José⁽²⁾, Antonieta Salomão⁽²⁾, Marília de Castro Rodrigues Pappas⁽²⁾, Ana Cristina Miranda Brasileiro⁽²⁾ e Marcos Aparecido Gimenes⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Universidade de Brasília, Brasília, DF/Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: marcos.gimenes@embrapa.br

Resumo - A perda progressiva da viabilidade das sementes representa um grande desafio para a conservação a longo prazo dos recursos genéticos vegetais em bancos de germoplasma. Embora os testes de germinação continuem sendo o método padrão para avaliação da viabilidade, eles são insuficientes para detectar a deterioração molecular precoce. A degradação do RNA surgiu como um biomarcador promissor do envelhecimento pré-sintomático das sementes. O objetivo foi aplicar o envelhecimento artificial em sementes de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e identificar o Limiar Crítico de Deterioração (LCD) do cultivar comercial Brutus por meio de análises combinadas de germinação e análise de transcritos individuais. Foram analisados lotes de sementes do cultivar de feijão Brutus com baixa capacidade de germinação, obtidos através da técnica de envelhecimento artificial. As sementes foram incubadas a 42 °C por 24, 32, 48, 56, 72, 80, 96, 104, 112, 120, 136 e 144 horas. A integridade de nove genes foi analisada via RT-qPCR antes (80h), durante (96h) e depois (104h) do LCD. Como resultado do envelhecimento artificial, observou-se uma redução progressiva na germinação até 96 horas, onde teve a sua maior queda (- 60%) com relação ao controle (94%) atingindo seu limiar crítico de deterioração (34%). Na análise molecular de transcritos individuais via RT-qPCR, todos os nove genes tiveram aumento no valor de Cq (Cicle quantification) com relação ao controle. No gene SMP1 5' o controle teve o Cq = 21, 80h = 23, 96h = 27 e o 104h = 25, ATP1 5': controle = 28, 80h = 30, 96h = 33 e o 104h = 31 e PD1 5': controle = 26, 80h = 29, 96h = 31 e o 104h = 28. Os resultados indicam que a perda de integridade do RNA acompanha o declínio germinativo durante o envelhecimento artificial, permitindo identificar um ponto crítico de deterioração.

Termos para indexação: mRNA, banco genético, germoplasma, monitoramento.



Regenera Cerrado: diversidade de abelhas em áreas de soja e vegetação adjacente no sudoeste goiano⁽¹⁾

João Victor de O. Marques⁽²⁾, Fabrini Pereira da Silva⁽³⁾, Davi de Lacerda Ramos⁽⁴⁾, Eliana Maria Gouveia Fontes⁽⁵⁾ e Carmen Silvia Soares Pires⁽⁵⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Cargill. ⁽²⁾Bolsista Cargill, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Bolsista de Pós-Doutoramento, Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde, GO. ⁽⁵⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carmen.pires@embrapa.br

Resumo - As abelhas são os principais polinizadores de plantas nativas e cultivadas, mas barreiras taxonômicas dificultam estudos em áreas como ecologia e conservação. Coleções biológicas são essenciais para preservar e mapear a biodiversidade. Este trabalho teve como objetivo organizar exemplares de abelhas coletadas em soja e áreas de vegetação próximas ao cultivo, durante a safra 2023/2024, no âmbito do Projeto Regenera Cerrado, para identificação e inserção na Coleção Entomológica de Abelhas do Cenargen e, posterior registro no Banco de Dados Alelo. As coletas foram realizadas em 30 saídas de campo, durante a floração da soja, em sete fazendas localizadas no sudoeste goiano, usando rede entomológica e armadilhas visuais denominadas pan traps. Foram coletados 11.199 insetos, sendo 764 abelhas. Estas foram devidamente montadas, identificadas e armazenadas na coleção. As abelhas pertencem a cinco famílias, com 758 exemplares identificados até o gênero e 437 até a espécie, totalizando 27 gêneros e 53 espécies. Apenas 1% dos indivíduos coletados ainda estão classificados em nível de tribo. Das abelhas coletadas, 89% são nativas e 11% da espécie exótica *Apis mellifera*. As mais abundantes foram *Dialictus* sp.1, *Exomalopsis analis*, *Apis mellifera*, *Ceratina (Crewella) duplocarinata* e *Augochloropsis* sp.1. Portanto, este estudo demonstra a importância das coleções biológicas para o avanço do conhecimento sobre a diversidade de abelhas em áreas agrícolas, destacando a predominância de espécies nativas e contribuindo para futuras pesquisas em polinização e conservação no Cerrado. Os resultados reforçam a necessidade de iniciativas como o Projeto Regenera Cerrado para monitorar e preservar os polinizadores em paisagens agrícolas.

Termos para indexação: taxonomia, *Hymenoptera*, coleção entomológica.



Prospecção de extratos botânicos de folhas de poáceas no controle sustentável de *Pratylenchus zae*⁽¹⁾

Brian Silva Bontempo⁽²⁾, Letícia Alcântara Silva⁽²⁾, Lorena Weber Medeiros⁽³⁾, Nathalia Thais de Moraes da Silva⁽³⁾, Diego Araújo Ferreira⁽³⁾, Dilson da Cunha Costa⁽⁴⁾ e Thales Lima Rocha⁽⁴⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

⁽²⁾Estudante de graduação, Universidade Católica de Brasília, DF. ⁽³⁾Estudante de graduação, Universidade de Brasília, DF. ⁽⁴⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: thales.rocha@embrapa.br

Resumo - A cultura do milho, de grande relevância socioeconômica no Brasil, é ameaçada por fitoparasitas como *Pratylenchus zae*, que compromete o sistema radicular e a produtividade, exigindo estratégias sustentáveis de manejo. Este estudo teve como objetivo avaliar a eficácia de extratos vegetais obtidos da parte aérea de espécies da família Poaceae no controle de *P. zae*, em condições laboratoriais. As espécies foram selecionadas com auxílio do programa de inteligência artificial Gemini, a partir do banco de germoplasma da Embrapa. Para a extração, utilizaram-se 35 g de folhas por espécie, que foram axigenadas, maceradas em nitrogênio líquido, solubilizadas em água destilada (1 g/6 mL), agitadas por 24 horas, filtradas em gaze e centrifugadas (30 min/7<U+202F>°C). Os sobrenadantes foram liofilizados, armazenados na extratoteca do Laboratório de Prospecção de Compostos Bioativos (LPCB) e submetidos a bioensaios in vitro de nematotoxicidade. A triagem resultou na seleção de 20 espécies com potencial bioativo, cujos extratos foram devidamente catalogados na plataforma Alelo da Embrapa. Atualmente, os extratos seguem em avaliação quanto à atividade nematotóxica frente a juvenis (J2) de *P. zae*, com vistas à identificação de compostos eficientes. Espera-se que os resultados subsidiem o desenvolvimento de tecnologias sustentáveis e eficazes no controle desse fitoparasita, contribuindo para o avanço do manejo integrado de nematoides em culturas agrícolas como o milho.

Termos para indexação: Poaceae, extrato, controle, fitonematoide.



Comparação entre a vitrificação em gota e a vitrificação convencional para a criopreservação de embriões somáticos secundários de *Theobroma cacao* L.

Elias da Cruz Ribeiro⁽¹⁾, Stephania Alzate Lozano⁽¹⁾, André Luís Xavier de Souza⁽²⁾ e Jonny Everson Scherwinski-Pereira⁽³⁾

⁽¹⁾Estudante de doutorado, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, AM. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. E-mail autor correspondente: elias-cruz19@hotmail.com

Resumo - A criopreservação de germoplasma de cacau (*Theobroma cacao* L.) constitui uma ferramenta essencial para a conservação da biodiversidade e da segurança alimentar futura. Frente a ameaças como mudanças climáticas, pragas e doenças, a manutenção de um banco genético diversificado é fundamental para programas de melhoramento genético e a sustentabilidade da produção cacaujeira. Este trabalho teve como objetivo comparar as técnicas de vitrificação em gota (VG) e vitrificação convencional (VC) na criopreservação de embriões somáticos (ES) de genótipos de cacaujeiro. Na técnica de VG, embriões somáticos em estágio globular foram transferidos para frascos de vidro preenchidos com 2 mL da solução de carregamento (LS) por 20 minutos. Em seguida, a solução foi substituída pela solução de PVS2 por 50 minutos, mantida em banho de gelo. Após esse período, os ES, aspirados na presença de da solução PVS2, foram depositados em forma de gota sobre tiras de papel alumínio. As tiras foram acondicionadas em criotubos de 2 mL e imediatamente submersas em nitrogênio líquido (NL2). Os criotubos permaneceram armazenados em botijões contendo NL2 e, após 24 horas, foram descongelados em solução de recuperação (RS) por 20 minutos e transferidos para o meio de desenvolvimento. Para a técnica VC, os ES passaram pelas mesmas soluções e tempos de exposição, porém todo o processo foi realizado diretamente dentro dos criotubos, sem a etapa da gota. Verificou-se que após 25 dias de cultivo, os ES submetidos à técnica de VG apresentaram 32% de sobrevivência e 28% de regeneração; contudo, apenas 8% desenvolveram cotilédones bem formados. Já os ES da técnica VC apresentaram 16% de sobrevivência, mas nenhum deles mostrou desenvolvimento até a data de avaliação determinada .

Termos para indexação: vitrificação, cacaujeiro, criopreservação, embriogênese.



Plantas invasoras de vasos no Banco Ativo de Germoplasma de espécies silvestres de *Arachis*⁽¹⁾

Vinícius Campos de Sales⁽²⁾, Andréia Regina Santos da Silva⁽²⁾ e José Francisco Montenegro Valls⁽³⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Fundação de Amparo à Pesquisa do Distrito Federal (FAP-DF) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). ⁽²⁾Bolsistas de Iniciação Científica (FAP-DF), Centro Universitário do Distrito Federal (UDF). ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: jose.valls@embrapa.br

Resumo - O BAG-*Arachis* é essencial para a conservação, caracterização e documentação do germoplasma de parentes silvestres do amendoim e inclui fases de multiplicação e conservação em vasos, em telado. Plantas infestantes desses vasos, de famílias diversas, comprometem o manejo e a integridade do acervo. Várias dessas plantas são hospedeiras de patógenos, competem com as de *Arachis* por espaço, água e nutrientes, e práticas para sua extirpação podem prejudicar as plantas de *Arachis*, em especial quando de sua frutificação subterrânea. Este trabalho tem por objetivo o levantamento e identificação das plantas invasoras do BAG. As coletas foram realizadas manualmente, os dados lançados em caderneta de coleta e o material foi seco em estufa, fotografado e identificado pela morfologia, a partir de literatura, e será incorporado ao Herbário CEN. As espécies detectadas pertencem às Asteraceae-7, Brassicaceae-1, Caryophyllaceae-1, Cyperaceae-1, Euphorbiaceae-2, Oxalidaceae-2, Phyllanthaceae-2, Poaceae-3, Rubiaceae-4, Urticaceae-1 e Pteridaceae-1, sendo *Oxalis corniculata*, *Cardamine bonariensis*, *Pilea microphylla*, *Gamochaeta* sp., *Pteris vittata* e *Drymaria cordata* as mais problemáticas. Algumas mostram alta frequência, eventual mimetismo e mecanismos de dispersão que dificultam o controle, favorecendo a reinfestação. Ocorrem por todo o ano, exigindo atenção contínua. O levantamento permite montar estratégias de controle eficazes, aumentando a eficiência das atividades de multiplicação inicial e de regeneração de acessos por sementes e de conservação em médio e longo prazos de acessos estéreis ou pouco prolíferos, das espécies do acervo.

Termos para indexação: amendoim, parentes silvestres, conservação ex situ, regeneração, plantas infestantes.



Crescimento in vitro de maracujá sob diferentes temperaturas: estudo com acessos do Banco de Germoplasma da Embrapa⁽¹⁾

Jaine Gabriele da Silva⁽²⁾, Alina Guimarães Furtado⁽²⁾, Jonny Everson Scherwinski-Pereira⁽³⁾ e Elias da Cruz Ribeiro⁽⁴⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio de bolsa PIBIC do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). ⁽²⁾Bolsista PIBIC, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Estudante de doutorado, Universidade Federal do Amazonas, Manaus, AM. E-mail autor correspondente: gabijgfsa@gmail.com

Resumo - A conservação de germoplasma vegetal in vitro depende de fatores como meio de cultura, luminosidade e temperatura. Este trabalho avaliou o crescimento in vitro de acessos de maracujazeiro (*Passiflora* spp.) sob diferentes temperaturas, visando identificar condições adequadas para conservação com menor necessidade de subcultivo. Foram utilizados três acessos (75, 42 e 80) do Banco Genético da Embrapa. Brotações com cerca de 1 cm e duas gemas axilares inoculadas em meio Murashige e Skoog com metade da concentração de sais e mantidas por 90 dias a 10<U+202F>°C, 20<U+202F>°C e 25<U+202F>°C. Utilizaram-se cinco repetições por acesso. Os acessos 42 e 80 apresentaram crescimento médio de 2,2 cm e 5,4 cm, respectivamente, a 20<U+202F>°C; e de 1,6 cm e 1,4 cm a 10<U+202F>°C. A 25<U+202F>°C (controle), cresceram 3,2 cm e 3,6 cm. O acesso 75 teve crescimento de 1,2 cm a 10<U+202F>°C e 4,9 cm a 25<U+202F>°C. As temperaturas de 10<U+202F>°C e 20<U+202F>°C diferiram significativamente do controle (teste de Dunnett, 5%). Embora 10<U+202F>°C tenha limitado o crescimento, causou estresse fisiológico, como amarelecimento e queda foliar. Já 20<U+202F>°C restringiu o crescimento de forma eficaz e com menor impacto na sanidade das brotações. Assim, recomenda-se 20<U+202F>°C como condição padrão para conservação in vitro de maracujazeiros, sendo necessários ajustes específicos para o acesso 75. Os acessos utilizados neste estudo foram obtidos do Banco de Recursos Genéticos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia (Cenagen), onde se encontram conservados.

Termos para indexação: *Passiflora* spp., cultura de tecidos, conservação in vitro, germoplasma, temperatura.



Novas perspectivas no manejo sustentável do nematoide-das-galhas *Meloidogyne incognita*: potencial de extratos aquosos de sementes de Poáceas na proteção do cafeeiro⁽¹⁾

Letícia Alcântara Silva⁽²⁾, Brian Silva Bontempo⁽²⁾, Lorena Weber Medeiros⁽²⁾, Dilson da Cunha Costa⁽³⁾, Gustavo Costa da Silva⁽¹⁾ e Thales Lima Rocha⁽³⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico CNPq e da Carbom Brasil. ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: thales.rocha@embrapa.br

Resumo - A cafeicultura brasileira, essencial para o PIB nacional, enfrenta uma urgente demanda por alternativas de controle mais seguras e sustentáveis para o nematoide-das-galhas (*Meloidogyne incognita*), em virtude dos severos danos radiculares que este fitoparasita causa e dos impactos ambientais e sanitários adversos dos nematicidas sintéticos. Este estudo teve como objetivo avaliar a eficácia de extratos crus aquosos (ECAs) obtidos de sementes de 10 espécies da família Poaceae no controle de *M. incognita*, em condições laboratoriais. As espécies foram selecionadas com auxílio do programa de inteligência artificial Gemini, por fornecer informações confiáveis relativas à família, espécie e compostos com ação nematotóxica, a partir do Banco de Germoplasma da Embrapa. Para a extração, utilizaram-se 35g de folhas sementes por espécie, que foram esterilizadas com NaClO, maceradas em nitrogênio líquido, solubilizadas em água destilada (1g / 6mL), agitadas por 24 horas, filtradas em gaze, centrifugadas a 7000 g, por 30 min a 4°C e os sobrenadantes foram liofilizados. Os ECAs secos foram devidamente catalogados e armazenados na extratoteca física do Laboratório de Prospecção de Compostos Bioativos (LPCB), e as informações geradas foram integradas ao banco de dados in silico Alelo. Atualmente, esses ECAs estão sendo submetidos a bioensaios in vitro de nematotoxicidade. Espera-se que os resultados subsidiem o desenvolvimento de tecnologias sustentáveis e eficazes no controle desse fitoparasita, contribuindo para o avanço do manejo integrado de nematoides em culturas agrícolas como o café.

Termos para indexação: Poaceae, extrato, fitonematoide, *Meloidogyne incognita*.



Conservação de macrofungos: comparação entre os métodos Castellani modificado e Edison

Vinícius Lopes Beckmann⁽¹⁾ e Loeni Ludke Falcão⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: loeni.falcao@embrapa.br

Resumo - Os macrofungos comestíveis e medicinais têm sido amplamente estudados por seu valor nutricional, farmacológico e industrial. A conservação adequada de tais organismos é essencial para a manutenção de culturas viáveis em coleções e micotecas, facilitando sua aplicação científica e produção comercial. Este estudo teve como objetivo comparar as taxas de viabilidade e de contaminação de dois métodos de conservação: Castellani modificado e Edison. Foi analisado um total de 35 cepas pertencentes à coleção de macrofungos da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. O método Castellani modificado consiste em adicionar 5 ml de água destilada estéril em tubos de penicilina. Após autoclavagem, são inoculados com três discos de micélio. Já o método Edison utiliza capim Tifton estéril acondicionado em tubos Falcon. Sobre o capim, adiciona-se meio de cultura BDA e um fragmento de micélio. Todos os tubos foram armazenados a 4 °C. Após 30 dias do inóculo, realizou-se o teste de viabilidade. Para o método Castellani, cinco gotas de 10 µl do conteúdo foram inoculadas em placas de Petri com meio BDA e incubadas a 24 °C. Para o método Edison, inoculou-se um fragmento de capim miceliado nas mesmas condições. A taxa de contaminação observada foi de 8,57% no método Castellani e 5,71% no método Edison. Todas as amostras livres de contaminantes apresentaram crescimento micelial, indicando sua viabilidade. Ambos os métodos demonstraram eficácia na conservação a curto prazo. No entanto, o método Edison apresentou menor índice de contaminação e pode representar uma alternativa mais adequada para a manutenção de cepas fúngicas em coleções.

Termos para indexação: macrofungos, conservação, micélio, Castellani, Edison.



Análise da distribuição de *Pfaffia sarcophylla* Pedersen (Amaranthaceae), uma espécie hiperacumuladora de níquel, e a sua vulnerabilidade à mineração

Carolina Gonçalves Penna⁽¹⁾, Sérgio Eustaquio de Noronha⁽²⁾, Taciana Barbosa Cavalcanti⁽³⁾, Fabricio Escarlata Tavares⁽⁴⁾ e Leide Rovenia Miranda de Andrade⁽⁵⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Professor titular, centro universitário de Brasília, CEUB. ⁽⁵⁾Pesquisadora, Embrapa Cerrados, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carolinag.penna02@gmail.com

Resumo - As atividades de mineração, de agricultura e a expansão de áreas urbanas sobre áreas de Cerrado nativo têm levado à retirada de material vegetal ainda pouco conhecido em relação à tolerância a níveis elevados de metais no solo e ao seu potencial uso tecnológico. Contudo, materiais botânicos oriundos dessas áreas constituem os acervos de 3 herbários de instituições do Distrito Federal. O projeto “Mapeamento de espécies hiperacumuladoras de metais que ocorrem na Província Mineral de Goiás, em material herborizado de instituições públicas do Distrito Federal” (CPAC/Cenargen), aprovado pela FAPDF (2022-2025) visa a caracterização de espécimes herborizados por meio de espectrômetro de fluorescência de raios-X-XRF, permitindo conhecer a capacidade de acumulação de metais e indicar espécies para coleta de material de propagação para estudos fitorremediação/fitominação de metais. A capacidade de hiperacumular metais atribui a essas espécies potencial de diminuir a concentração de metais em solos contaminados e obter metais de interesse econômico acumulados na biomassa dessas plantas. Frequentemente endêmicas de regiões metalíferas, essas plantas estão associadas a jazimentos minerais estando sob forte pressão antrópica. Por meio da espectrometria de fluorescência de raios X em espécimes de coleções herborizadas, *Pfaffia sarcophylla* Pedersen foi detectada como uma espécie hiperacumuladora de níquel, acumulando 9.000 mg/kg, nível consideravelmente superior aos de outras espécies. Esta pesquisa objetivou investigar a distribuição geográfica e o status de conservação de *P. sarcophylla*, pelo levantamento de registros a campo, literatura e em herbários virtuais, visando a indicação de medidas para conservação. Foi realizada uma expedição a campo e georreferenciados onze pontos de coleta. Foi verificado que a espécie é endêmica de Niquelândia, só ocorre sobre solos metalíferos, com área de extensão de 26 km², área de ocupação de 32 km² e alta especificidade de habitat, que classifica *P. sarcophylla* como “criticamente em Perigo (CR)”, segundo o critério B1ab da IUCN.

Termos para indexação: Cerrado goiano, Niquelândia, espécies endêmicas, metais pesados, fitorremediação.



RNAs como biomarcadores de viabilidade: comparação transcriptômica de sementes de *Phaseolus vulgaris* envelhecidas e embebidas

Guilherme Henrique Moss Barreto Corrêa de Oliveira⁽¹⁾, Rutiane Moreira de Jesus Costa⁽¹⁾, Crislielly de Oliveira Silva Machado⁽¹⁾, Tayara Colins Nunes⁽¹⁾, Roberto Coiti Togawa⁽²⁾, Priscila Grynberg⁽³⁾, Marcelo Brigido⁽⁴⁾ e Marcos Aparecido Gimenes⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾ Pesquisador da Universidade de Brasília, E-mail autor correspondente: marcos.gimenes@embrapa.br

Resumo - A conservação ex situ da diversidade genética vegetal depende de diagnósticos precoces de deterioração, pois ensaios de germinação só revelam perdas quando a viabilidade já está gravemente comprometida. Evidências recentes indicam que RNAs mensageiros de longa vida (long-lived mRNAs) permanecem íntegros em sementes ortodoxas viáveis e se degradam gradualmente durante o envelhecimento, podendo funcionar como biomarcadores moleculares sensíveis. Este trabalho objetiva identificar e validar esses transcritos como marcadores de viabilidade em sementes de *Phaseolus vulgaris*, oferecendo uma ferramenta complementar de monitoramento para os bancos de germoplasma da Embrapa. Dois experimentos foram conduzidos. No primeiro, lotes envelhecidos naturalmente por até oito anos e artificialmente a 42 °C/75 % UR foram avaliados por germinação, condutividade elétrica, integridade do RNA (RIN) e RNA-seq. No segundo, realizou-se um time-course de embebição (0 h, 2 h, 4 h, 8 h) em sementes com alta e baixa viabilidade, totalizando 54 bibliotecas Illumina. As leituras foram alinhadas ao genoma de referência v2.1 e genes diferencialmente expressos (DEGs) identificados no EdgeR. A queda do RIN apresentou correlação significativa com o poder germinativo ($r = 0,92$; $p < 0,01$), sugerindo seu uso para triagem rápida. A comparação entre lotes revelou um conjunto-núcleo de 318 transcritos estáveis em sementes viáveis, mas ausentes ou degradados em lotes comprometidos. Dezoito genes sentinela foram selecionados para RT-qPCR; seis permaneceram estáveis, seis foram induzidos e seis reprimidos durante o envelhecimento, exibindo alta concordância com o RNA-seq ($r = 0,80$). Análises de enriquecimento funcional apontaram papéis centrais em síntese de parede celular, chaperonas HSP20 e defesa redox. Os resultados sustentam o uso de long-lived mRNAs como indicador não destrutivo da idade fisiológica das sementes e orientador da regeneração de acessos, otimizando recursos e preservando a diversidade genética armazenada.

Termos para indexação: *Phaseolus vulgaris*, RIN, long-lived mRNA, envelhecimento de sementes, conservação ex situ.



Potencial de extratos de raízes de poaceae no manejo sustentável de *Heterodera glycines*: uma abordagem ecológica para o manejo do nematoide de Cisto da Soja⁽¹⁾

Lorena Weber Medeiros⁽²⁾, Letícia Alcântara Silva⁽²⁾, Brian Silva Bontempo⁽³⁾, Nicolas Sá Rodrigues Maia⁽²⁾, Diego Araújo Ferreira⁽²⁾, Dilson da Cunha Costa⁽³⁾, Jaqueline Rosemeire Verzignassi⁽⁴⁾, Marcelo Mattos Cavalari⁽⁶⁾ e Thales Lima Rocha⁽³⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico CNPq. ⁽²⁾Estudante de graduação, Universidade de Brasília, DF. ⁽³⁾Estudante de graduação, Universidade Católica de Brasília, DF. ⁽⁴⁾Pesquisadora da Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS. ⁽⁶⁾Pesquisador da Embrapa Pecuária Sudeste, São Carlos, SP. E-mail autor:correspondente: thales.rocha@embrapa.br

Resumo - A cultura da soja, de grande importância socioeconômica no Brasil, é severamente afetada por fitonematoides como *Heterodera glycines*, conhecido como nematoide do cisto, que compromete o sistema radicular e reduz significativamente a produtividade, exigindo estratégias sustentáveis de manejo. Este estudo teve como objetivo avaliar a eficácia de extratos vegetais obtidos da parte aérea de espécies da família Poaceae no controle de *H. glycines*, em condições laboratoriais. As espécies foram selecionadas com auxílio do programa de inteligência artificial Gemini, a partir do banco de germoplasma da Embrapa. Para a extração, utilizaram-se 35 g de folhas por espécie, que foram axigenadas, maceradas em nitrogênio líquido, solubilizadas em água destilada (1 g/6 mL), agitadas por 24 horas, filtradas em gaze e centrifugadas (30 min/7<U+202F>°C). Os sobrenadantes foram liofilizados, armazenados na extratoteca do Laboratório de Prospecção de Compostos Bioativos (LPCB) e submetidos a bioensaios in vitro de nematotoxicidade. A triagem resultou na seleção de 20 espécies com potencial bioativo, cujos extratos foram devidamente catalogados na plataforma Alelo da Embrapa. Atualmente, os extratos seguem em avaliação quanto à atividade nematotóxica frente a juvenis de segundo estágio (J2) de *H. glycines*, com vistas à identificação de compostos eficazes. Espera-se que os resultados subsidiem o desenvolvimento de tecnologias sustentáveis e eficientes para o controle desse fitoparasita, contribuindo para o avanço do manejo integrado de nematoides em culturas agrícolas como a soja.

Termos para indexação: Poaceae, extrato, fitonematoide, *H. glycines*.



Reconstrução de pedigree e estimativa do número efetivo em ovinos Santa Inês

Diogo Gonçalves de Sousa Costa⁽¹⁾, Danielle Assis de Faria⁽²⁾, Kleibe de Moraes Silva⁽³⁾, Olivardo Facó⁽³⁾ e Samuel Rezende Paiva⁽¹⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). ⁽²⁾ Bolsista, Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). ⁽³⁾ Pesquisador, Embrapa Caprinos e Ovinos, Sobral, CE. ⁽⁴⁾ Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: diogocosta.zootec@gmail.com

Resumo - A raça ovina Santa Inês foi desenvolvida no Nordeste brasileiro por meio do cruzamento entre animais das raças Bergamácia, Morada Nova, Somalis e ovinos sem raça definida. Reconhecida por sua aptidão para produção de carne e elevada rusticidade, a raça apresenta ampla adaptação às condições climáticas das regiões tropicais, com destaque para os ambientes semiáridos no Nordeste. Este trabalho teve como objetivo reconstruir o pedigree de ovinos Santa Inês pertencentes ao Núcleo de Conservação da Embrapa Caprinos e Ovinos, por meio da estimativa e validação de parentesco. Foram analisados 86 animais genotipados com 731 SNPs, resultando na identificação de 26 duplas (pai-progênie ou mãe-progênie) e 13 trios (pai-mãe-progênie), confirmando o pedigree previamente estabelecido. Adicionalmente, foram detectadas duas duplas mãe-progênie e uma dupla pai-progênie divergentes do pedigree original. A reconstrução do pedigree identificou 59 irmãos completos e 163 meios-irmãos entre os animais. O reprodutor 34009 foi identificado como pai de 17 descendentes dentro do rebanho, o que representa um impacto negativo sobre a variabilidade genética e favorece o aumento da endogamia. O número efetivo da população (NeLD), estimado a partir do Desequilíbrio de Ligação entre 2159 SNPs distribuídos no genoma, foi igual a 33, valor inferior ao limite de 50 recomendado pela Food and Agriculture Organization (FAO). Porém, sabemos que a raça Santa Inês não está em risco de extinção devido ao seu número efetivo no país. Os resultados obtidos evidenciam riscos genéticos decorrentes da concentração reprodutiva e atribuem uma compreensão mais apurada da estrutura das famílias dentro do Núcleo de Conservação, permitindo criar e adequar estratégias de manejo e conservação genética da raça Santa Inês.

Termos para indexação: Tamanho efetivo, pedigree, recursos genéticos, variabilidade genética, *ovis aries*.



Descoberta de novas espécies de *Rhabdovirus* em maracujazeiros (*Passiflora* spp.) no Brasil

Andreza Henrique Vidal⁽¹⁾, Ana Clara Rodrigues de Abreu⁽²⁾, Jorge Flavio de Sousa Dantas-Filho⁽²⁾, Monique Jacob Xavier Vianna⁽²⁾, Cristiano Castro Lacorte⁽³⁾, Emanuel Felipe Medeiros Abreu⁽⁴⁾, Gustavo Pereira Felix⁽⁵⁾, Dione Mendes Teixeira Alves-Freitas⁽¹⁾, Bruna Pinheiro de Lima⁽⁶⁾, Isadora Nogueira⁽⁶⁾, Fábio Gelape Faleiro⁽⁷⁾, Raul Castro Carriello Rosa⁽⁸⁾, Onildo Nunes de Jesus⁽⁹⁾, Marcio Martinello Sanches⁽¹⁰⁾, Yam de Sousa Santos⁽¹¹⁾, Rosana Blawid⁽¹²⁾, Jose Leonardo Santos Jiménez⁽¹³⁾, Maite Vaslin de Freitas Silva⁽¹⁴⁾, Elliot Watanabe Kitajima⁽¹⁵⁾, Magnolia de Araujo Campos⁽¹⁶⁾, Rafaela Salgado Fontenele⁽¹⁷⁾, Arvind Varsani⁽¹⁷⁾, Fernando Lucas de Melo⁽¹⁸⁾, Simone Ribeiro⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil. ⁽²⁾Bolsista, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil. ⁽³⁾Pesquisador(a), Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil. ⁽⁴⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil. ⁽⁵⁾Estudante de mestrado, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil. ⁽⁶⁾Estudante de doutorado, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil. ⁽⁷⁾Pesquisador, Embrapa Cerrados, Planaltina, DF, Brasil. ⁽⁸⁾Pesquisador, Embrapa Agrobiologia, Seropédica, RJ, Brasil. ⁽⁹⁾Pesquisador, Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, BA, Brasil. ⁽¹⁰⁾Pesquisador, Embrapa Gado de Corte, Campo Grande, MS, Brasil. ⁽¹¹⁾Pesquisador, Universidade de Viçosa, Viçosa, MG, Brasil. ⁽¹²⁾Professora, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, PE. ⁽¹³⁾Pesquisador, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. ⁽¹⁴⁾Professora titular, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, RJ, Brasil. ⁽¹⁵⁾Professor aposentado, ESALQ- USP, São Paulo, SP, Brasil. ⁽¹⁶⁾Centro de Educação e Saúde, Universidade Federal de Campina Grande, Cuité, PB, Brasil. ⁽¹⁷⁾Pesquisador(a), Arizona State University Tempe, Arizona, EUA. ⁽¹⁸⁾Consultor, Onsite Genomics, Brasília, DF, Brasil.

Resumo - O objetivo deste estudo foi explorar os vírus de RNA em espécies de *Passiflora* no Brasil. Utilizando sequenciamento de alto rendimento, seguido da validação por RT-PCR foram identificadas novas espécies de *rhabdovirus* (Rhabdoviridae) denominados e classificados taxonomicamente como *Passiflora cytorhabdovirus* (PFCV, Gammacytorhabdovirus), *Passiflora nucleorhabdovirus* 1 (PaNV1, Alphanucleorhabdovirus) e *Passiflora nucleorhabdovirus* 2 (PaNV2, Alphanucleorhabdovirus) em várias espécies de *Passiflora*. O gammacytorhabdovirus PFCV possui uma organização genômica de 3'-N-P-P3-P4-M-G-P7-L-5', e apresenta glicoproteína (G), o que representa uma divergência dentro do gênero Gammacytorhabdovirus, já que nenhum outro membro deste grupo codifica para essa proteína. O PFCV foi identificado em alta incidência nas regiões do Nordeste, Centro-Oeste e Sudeste do Brasil. Os alphanucleorhabdovirus PaNV1 com genoma 3'-N-P-P3-M-G-L-5' e PaNV2 com 3'-N-X-P-Y-M-G-L-5' tiveram uma ocorrência mais restrita, tendo sido identificado apenas na Bahia (PaNV1) e Distrito Federal (PaNV2). A morfologia da partícula em forma de bala do PaNV2 foi confirmada por meio de microscopia eletrônica de transmissão de tecido foliar de maracujazeiro. A análise de redes de similaridade e filogenia das glicoproteínas desses vírus forneceram insights valiosos sobre o posicionamento evolutivo e potenciais associações com vetores. Essas descobertas expandem a diversidade de rhabdovirus em *Passiflora* e contribuem para a compreensão de sua evolução e epidemiologia.

Termos para indexação: gammacytorhabdovirus, alphanucleorhabdovirus, *rhabdovirus* de planta.

Correlação fenotípica de medidas morfométricas em bovinos de 14 a 20 meses da raça Crioula Lageana nas variedades Mocha e Aspada

Ana Karla Alvarenga⁽¹⁾, Geraldo Magela Côrtes Carvalho⁽²⁾, Lucas Macêdo Santos Basílio⁽¹⁾ e Alexandre Floriani Ramos⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisador, Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: alexandre.floriani@embrapa.br

Resumo - A raça Crioula Lageana é uma raça brasileira conhecida por sua rusticidade. O objetivo deste trabalho foi determinar as correlações fenotípicas de bovinos da raça Crioula Lageana entre 14 a 20 meses de idade. Foram coletados dados morfométricos de 316 animais entre 2021 e 2025 nos estados de Santa Catarina e Paraná. As medidas morfométricas incluíram: peso vivo (PV), circunferência torácica (CT), comprimento do corpo (CC), altura da cernelha (AC), altura da garupa (AG), ângulo da garupa (A^oG), prepúcio (PR) e circunferência escrotal (CE) nos machos. As medidas ultrassonográficas foram: área de olho de lombo (AOL), espessura de gordura na garupa (EPG8) e espessura de gordura subcutânea (EGS). A análise foi realizada no programa estatístico SAS. Para determinar as correlações, os animais foram separados por sexo e variedade. As fêmeas aspadas apresentaram correlação moderada entre PV e EGS (0,34), PV e EPG8 (0,31) e PV e AOL (0,40), enquanto a correlação entre AG e AC (0,95) e PV e CT (0,83) foi alta. As fêmeas mochas mostraram correlação moderada entre PV e AOL (0,50), PV e EPG8 (0,50), PV e A^oG (0,32) e AG e AOL (0,38), baixa entre PV e EGS (0,24) e alta entre CT e PV (0,80) e AG e AC (0,90). Machos aspados apresentaram correlação moderada entre PV e AOL (0,67), PV e EGS (0,57), PV e EPG8 (-0,35), PV e PR (0,33), CE e ATG (0,30), CT e AOL (0,64), AG e AOL (0,37) e alta entre AG e AC (0,91) e PV e CT (0,77). Machos mochos tiveram alta correlação entre PV e AOL (0,74), PV e CT (0,84) e AG e AC (0,88), e moderada entre CT e AOL (0,61), CE e PV (0,36), PV e EPG8 (-0,63), AG e AOL (0,58). Conclui-se que o peso e altura influenciaram nas medidas ultrassonográficas.

Termos para indexação: adaptação, fenótipos, recursos genéticos, raça brasileira, morfometria.



Relações de parentesco do bovino Crioulo Lageano na fazenda Santa Rita⁽¹⁾

Isabela Kellen Ribeiro Ferreira⁽²⁾, Danielle Assis de Faria⁽³⁾, Alexandre Floriani Ramos⁽⁴⁾ e Samuel Rezende Paiva⁽⁴⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Bolsista, Fundação Espírito-santense de Tecnologia, Vitória, ES, ⁽³⁾Pós-doutoranda, Universidade de Brasília, Brasília, DF, ⁽⁴⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: isabelakellen31@gmail.com

Resumo - O bovino Crioulo Lageano, originado de animais das Missões Jesuíticas, foi fundamental para a bovinocultura nos Campos de Cima da Serra (RS) e no Planalto Catarinense. A partir do fim do século XIX, cruzamentos com raças européias e zebuínas levaram à sua drástica redução populacional. Para evitar seu desaparecimento, a Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia o incluiu no Programa de Conservação na década de 80. Mansidão, precocidade, rusticidade, gordura, marmoreio, longevidade e fertilidade são características marcantes da raça e seus produtos. Desse modo, este estudo teve como objetivo estimar as relações de parentesco e reconstruir o pedigree do rebanho da fazenda Santa Rita do Passo da Telha, em Lages, SC. As análises foram realizadas nos programas Cervus e Colony, com 88 descendentes e, respectivamente, 169 e 73 candidatos a pai e mãe, genotipados com o chip GGP Bovine 100K. Com alta probabilidade foram formados 33 duos e 14 trios, correspondentes a pares pai-progênie ou mãe-progênie, dentre os quais 7 duplas de irmãos completos e 221 de meios-irmãos. Ademais, um reprodutor (RN ID: 6331) foi atribuído como genitor de 12 filhos com 10 fêmeas diferentes, formando 10 famílias e envolvendo 23 indivíduos. Ainda em relação aos descendentes desse reprodutor, foram registradas duas duplas de irmãos completos e 64 pares de irmãos unilaterais paternos. O tamanho efetivo populacional (NeLD), estimado pelo método que considera o desequilíbrio de ligação entre *loci* neutros, foi de 30. Esse valor, abaixo do ideal, reflete a alta concentração reprodutiva e aponta para uma vulnerabilidade da variabilidade genética. A Fazenda Santa Rita reflete o cenário nacional apresentado por essa raça e a importância das ações de conservação e das estratégias *in situ* e *ex situ*, a fim de manter a variabilidade genética e garantir a sustentabilidade da raça Crioula Lageano como patrimônio genético.

Termos para indexação: Crioulo Lageano, diversidade genética, pedigree, recursos genéticos animais.



Abrangência geográfica e taxonômica da coleção entomológica de abelhas da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia⁽¹⁾

João Victor de O. Marques⁽²⁾, Heitor Augusto Castilha de Queiroz⁽³⁾, Fabrini Pereira da Silva⁽⁴⁾, Rafaela Mendes Assunção⁽⁴⁾, Eliana Maria Gouveia Fontes⁽⁵⁾ e Carmen Silvia Soares Pires⁽⁵⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Cargill. ⁽²⁾Bolsista Cargill, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Estudante de doutorado, Bolsista Capes, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽⁵⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carmen.pires@embraa.br

Resumo - Com o declínio das populações de abelhas, coleções científicas são fundamentais para resgatar informações sobre a riqueza de espécies em diferentes locais, biomas e períodos. Este trabalho tem como objetivo apresentar informações atualizadas táxons e regiões de coleta de espécimes da coleção entomológica do Cenargen. Com 23 anos de registro, a coleção inclui coletas realizadas em diversas culturas e sistemas de produção, abrangendo quatro biomas brasileiros. Utilizamos nas nossas análises, espécimes com identificação até o nível de gênero e registro do bioma de origem, entre os anos 2002 e 2024. Dos 8.267 espécimes, o Cerrado destaca-se com 7.365 indivíduos, seguido pela Floresta Amazônica (452), Caatinga (448) e Mata Atlântica (2). O período de 2010-2013 concentrou 74,2% dos registros. A composição de gêneros variou por bioma: no Cerrado, *Tetragona* (11,5%) e *Paratrigona* (10,35%) foram os mais abundantes; na Floresta Amazônica, *Tetragona* (10,4%) e *Exomalopsis* (7%); na Caatinga, *Euglossa* (4,5%) e *Gaesisschia* (2,2%); e na Mata Atlântica, *Exomalopsis* e *Tetragonisca*. Os gêneros *Apis* (17,4%) e *Trigona* (33,5%) foram registrados em todos os biomas, exceto Mata Atlântica. A predominância de registros no Cerrado reflete 12 anos de projetos na região e reforçam a relevância da coleção como fonte de referência taxonômica e geográfica. Essa concentração ressalta a necessidade de incluir amostragens de outros biomas para uma representação mais equitativa da biodiversidade brasileira. A coleção fornece subsídios para pesquisas de biodiversidade, monitoramento de polinizadores e estratégias de conservação, pois fornece dados que permitem compreender mudanças na distribuição e abundância das espécies ao longo do tempo. Assim, a coleção entomológica do Cenargen é uma ferramenta para estudos futuros, especialmente na compreensão da distribuição de abelhas em diferentes biomas e na avaliação do impacto das alterações ambientais sobre esses importantes polinizadores, contribuindo para a ciência da conservação e formulação de políticas públicas.

Termos para indexação: abelhas, bioma, período de tempo.



Fluxo de germoplasma vegetal no Brasil (2019–2024): balanço técnico e estratégico

Lara Caroline Carvalho Rezende⁽¹⁾, Marcos Aparecido Gimenes⁽²⁾, Jéssica Airisse Guimarães Sampaio⁽¹⁾, Antonieta Nassif Salomão⁽²⁾, Fernanda Alvares Silva⁽³⁾, Norton Porto Benito⁽²⁾, Poliana Vieira Rodrigues Sales⁽⁴⁾, Cristiano Artifon⁽⁴⁾ e Samuel Rezende Paiva⁽²⁾

⁽¹⁾Colaboradora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽³⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽⁴⁾Analista, Embrapa Sede, Brasília, DF, .E-mail autor correspondente: marcos.gimenes@embrapa.br

Resumo - O intercâmbio de germoplasma vegetal viabiliza o acesso à variabilidade genética essencial ao desenvolvimento de cultivares adaptadas e mais produtivas. Este trabalho apresenta uma análise técnica detalhada dos processos de intercâmbio internacional de germoplasma vegetal concluídos no Brasil entre 2019 e 2024, coordenados pela Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. No período, foram finalizados 57 processos, sendo 37 de importação e 20 de exportação, totalizando 13.215 acessos movimentados. Os dados foram organizados conforme o tipo de material intercambiado, gênero botânico, país de origem ou destino, tempo médio de tramitação e instituições envolvidas, proporcionando um panorama abrangente das operações. As sementes foram a principal categoria de material movimentado, refletindo a importância da conservação ex situ através dos bancos de sementes. A ampla diversidade de gêneros botânicos envolvidos destaca o papel estratégico do Brasil na conservação e no uso sustentável da agrobiodiversidade tropical. A análise também revelou os impactos significativos da pandemia de COVID-19, como o aumento dos prazos médios de tramitação e a elevação no número de cancelamentos. Apesar dessas adversidades, os fluxos de germoplasma foram mantidos com parceiros estratégicos, incluindo a continuidade dos envios ao Banco Global de Sementes de Svalbard, na Noruega, reforçando o compromisso brasileiro com iniciativas internacionais de segurança alimentar e conservação genética. Os resultados do estudo oferecem subsídios importantes para o aprimoramento das políticas de intercâmbio de germoplasma e para o fortalecimento das estratégias de gestão de coleções biológicas no país. Ao reunir dados técnicos e operacionais, a análise promove maior transparência às ações institucionais e apoia a tomada de decisão baseada em evidências. Dessa forma, reafirma-se o papel fundamental da Embrapa como articuladora de políticas públicas voltadas à conservação e ao uso sustentável dos recursos genéticos vegetais, em consonância com os marcos regulatórios nacionais e os acordos multilaterais de que o Brasil é signatário.

Termos para indexação: intercâmbio de germoplasma, recursos genéticos vegetais, conservação.



Frequências alélicas e genotípicas de SNPs associados a características econômicas em duas raças de bovinos brasileiros

Maysa Dias Sousa⁽¹⁾, Stefany Ferreira Silva⁽¹⁾, Luidy Carlo de Azevedo Lima⁽¹⁾, Noeliton Teixeira de Araújo Júnior⁽¹⁾, Alan Oliveira do Ó⁽²⁾, José Lindenberg Rocha Sarmento⁽³⁾, Geraldo Magela Côrtes Carvalho⁽⁴⁾, Alexandre Floriani Ramos⁽⁵⁾ e Patricia Ianella⁽⁵⁾

⁽¹⁾Bolsistas, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Doutorando, Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI. ⁽³⁾Professor, Universidade Federal do Piauí, Teresina – PI. ⁽⁴⁾Pesquisador, Embrapa Meio-Norte, Teresina, PI. ⁽⁵⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: maysa.sousa@colaborador.embrapa.br

Resumo - As raças bovinas Crioulo Lageano e Curraleiro Pé-Duro integram o Programa Nacional de Conservação de Recursos Genéticos da Embrapa. Crioulo Lageano, do planalto catarinense, destaca-se pela rusticidade, resistência ao frio e aptidão leiteira. O Curraleiro Pé-Duro, do Nordeste e Centro-Oeste, é valorizado por sua adaptação ao semiárido e eficiência alimentar. Neste estudo foram analisadas frequências alélicas e genotípicas de SNPs associados a tolerância ao calor (slick hair), produção de leite A2, qualidade de carne (calpaína_316 e calpastatina) e hipertrofia muscular (miostatina F94L). Foram analisados dados de 1.342 amostras de Curraleiro Pé-Duro (27 fazendas) e 232 de Crioulo Lageano (nove fazendas) genotipadas com o painel Bovine GGP 100K. Análises das frequências alélicas e genotípicas foram realizadas por meio do pacote genetics no software R. No Curraleiro Pé-Duro, slick hair teve 31% (C) e 69% (T), com genótipos CC (9%), CT (45%) e TT (46%). No leite A2, 33% (A) e 67% (C); genótipos AA (13%), AC (40%) e CC (47%). Para calpaína_316, 3% (C) e 97% (G); CG (6%) e GG (94%). Calpastatina: 67% (A) e 33% (G); AA (45%), AG (43%) e GG (12%). Miostatina F94L: todos monomórficos para o alelo C. No Crioulo Lageano, slick hair apresentou 78% (C) e 22% (T); CC (61%), CT (33%) e TT (6%). No leite A2, 39% (A) e 61% (C); AA (19%), AC (40%) e CC (41%). Calpaína_316: 18% (C) e 82% (G); CC (4%), CG (29%) e GG (67%). Calpastatina: 67% (A) e 33% (G); AA (47%), AG (41%) e GG (12%). Miostatina F94L: 99% (C) e 1% (A); CC (98%) e CA (2%). A variabilidade genética identificada nos marcadores estudados evidencia o potencial para manejo com base nas informações genéticas, visando o incremento de alelos favoráveis de acordo com os objetivos de cada sistema de produção e demandas de mercado.

Termos para indexação: crioulo lageano, curraleiro pé-duro, seleção assistida por marcadores, snp, variabilidade genética.



Avaliação do intervalo médio entre repicagens de acessos de batata (*Solanum* spp.) conservados in vitro no Banco Genético da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Laieskha Ferreira dos Anjos⁽¹⁾, Alina Guimarães Futado⁽¹⁾, Márcia José Ribeiro⁽²⁾, Jonny Everson Scherwinski-Pereira⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail laieskhaferreira123@gmail.com

Resumo - A conservação de recursos genéticos vegetais por cultivo in vitro é uma importante estratégia para espécies de propagação vegetativa, como a batata (*Solanum* spp.). Este estudo teve como objetivo avaliar o intervalo médio entre subcultivos de 30 acessos de batata mantidos in vitro, selecionados aleatoriamente entre mais de 200 acessos do Banco Genético da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Subcultivos — entendidos como transferências do material vegetal para novo meio de cultivo, por manutenção, multiplicação ou regeneração — foram usados como critério para classificar os acessos em seis categorias quanto à demanda por subcultivos: baixíssima demanda (BsD) (= 60 semanas), baixa (BD) (43–59), média (MD) (26–42), alta (AD) (13–25), altíssima (AsD) (= 12) e sem dados (SDD). O experimento foi conduzido entre janeiro de 2024 e julho de 2025. Dos acessos avaliados, seis foram classificados como BsD (90, 96, 136, 142, 182, 188), sete BD (34, 74, 113, 238, 261, 323, BGB 32), sete MD (48, 60, 106, 151, 165, 173, 219) e três AD (123, 202, 311). Dois acessos (40, 278) exigiram subcultivos mais frequentes, sendo classificados como AsD, enquanto quatro acessos (6, 22, 53, 66) foram SDD. O estudo do intervalo médio entre subcultivos mostrou-se útil para o monitoramento das culturas, pois é capaz de otimizar o uso de insumos e mão de obra. Além disso, favorece a eficiência na conservação in vitro, pelo planejamento para a ampliação dos intervalos de subcultivos — aspecto desejável para sistemas de médio e longo prazo.

Termos para indexação: Banco de germoplasma, Conservação in vitro, intervalo de repicagens.



Variação nas características dos solos de locais de ocorrência de espécies silvestres de *Arachis*

Andréia Regina Santos da Silva⁽¹⁾, Vinícius Campos de Sales⁽¹⁾ e José Francisco Montenegro Valls⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: jose.valls@embrapa.br

Resumo - A produtividade dos cultivos depende de condições de clima e solo e da escolha de espécies capazes de crescer sob parâmetros manejáveis de fertilidade de solos, que levem a produções ideais propiciadas por suas bases genéticas. Peculiaridades edáficas condicionam a ocorrência de espécies distintas de *Arachis* na natureza, pois suas raízes, rizomas e também os frutos crescem abaixo da superfície. Nativas de habitats variados, as espécies silvestres de *Arachis* se mostram adaptadas a condições de solo que extrapolam os parâmetros adequados para plantas cultivadas. A coleta de germoplasma exige a peneiração de sementes soltas no solo, ou a preparação de mudas, também revolvendo o solo, o que favorece sua amostragem para análises. A análise de amostras representativas das coletas de 273 acessos de 54 das 67 espécies brasileiras, quanto à fertilidade, textura e micronutrientes evidenciou, em média, teores elevados de cálcio, magnésio e potássio, e baixos de matéria orgânica e alumínio, bem como baixa saturação por alumínio, e pH médio de 4,9, variando de 3,7 a 7,7. Acessos de *A. triseminata*, de várzeas do rio São Francisco, mostraram pH de 6,7 a 7,5, teores de cálcio muito altos e nulos de alumínio. O pH variou de 7,6 a 7,7 para *A. appressipila*, do Pantanal. A textura média foi de 18,25% de argila, 5,79% de limo e 75,95% de areia, mas 18 acessos mostraram 90% de areia. Com 35 acessos representados, *A. stenoperma*, adotada para cultivo por indígenas e levada do Brasil Central ao Litoral Atlântico, mostrou grande amplitude edáfica. Os dados são relevantes para orientar ações de multiplicação e conservação do germoplasma em vasos.

Termos para indexação: amendoim, parentes silvestres, populações naturais, coleta de germoplasma, análises de solo.



Importância das áreas de vegetação nativa sobre a comunidade de abelhas presentes em áreas de produção de soja que adotam práticas regenerativas no sudoeste goiano

Davi de Lacerda Ramos⁽²⁾, Eliana Maria Gouveia Fontes⁽³⁾ e Carmen Silvia Soares Pires⁽³⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio da Cargill. ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

⁽³⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carmen.pires@embrapa.br

Resumo - A vegetação nativa adjacente a áreas agrícolas contribui para a manutenção da biodiversidade e o fornecimento de serviços ecossistêmicos essenciais, como a polinização. Este estudo investigou o papel das manchas de vegetação nativa sobre comunidades de abelhas que utilizam áreas de cultivo durante a floração da soja (*Glycine max* (L.) Merr.). A pesquisa foi realizada em sete fazendas com práticas regenerativas em Rio Verde – GO. Foram instaladas armadilhas visuais do tipo pan trap (10 por área, por fazenda), totalizando 140 armadilhas em áreas de mata e cultivo. As coletas ocorreram semanalmente entre novembro de 2023 e janeiro de 2024. No total, foram coletadas 728 abelhas: 324 na mata e 404 na soja. Na soja, Halictidae foram mais abundantes, com destaque para *Dialictus* sp.; na mata, *Ceratina* (*Crewella*) duplocarinata representou 29% dos indivíduos. A riqueza de espécies não diferiu estatisticamente entre as áreas. As curvas de rarefação com o estimador Chao-1 indicaram amostragem representativa da fauna (95% no campo e 98% na mata). A maior abundância de abelhas na soja pode estar relacionada à oferta floral durante a floração. A análise de composição por nMDS e PERMANOVA (índice de Jaccard, $p < 0,01$) mostrou diferenças significativas entre as áreas, sendo a comunidade da mata um subconjunto da registrada na soja. Nossos resultados indicam que a preservação de áreas de vegetação nativa no entorno dos cultivos de soja é um fator chave para a conservação da biodiversidade e do serviço ecossistêmico de polinização. Essas áreas fornecem locais de nidificação, além de abrigo e alimento para as abelhas durante os períodos de entressafra.

Termos para indexação: polinização, Cerrado, Hymenoptera.



Biotecnologia e Nanotecnologia



Análise de expressão e silenciamento gênico do gene notch por RNAi em *Leucoptera Coffeella* (Lepidoptera: Lyonetiidae)

Erick Santos Lustosa de Queiroz⁽¹⁾, Leonardo de Amorim Vidal⁽²⁾, Rafael Azevedo Flavio⁽³⁾, André Southernman Teixeira Irsigler⁽⁴⁾, Natalia Martins⁽⁵⁾, Andrea Queiroz Maranhão⁽⁶⁾ e Erika Valéria Saliba Albuquerque Freire⁽⁴⁾. E-mail autor correspondente: erick.cbio21@gmail.com

⁽¹⁾Estudante de mestrado, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Cerrados, Brasília, DF. ⁽³⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁵⁾Pesquisador, Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE. ⁽⁶⁾Pesquisador, Universidade de Brasília, Brasília, DF.

Resumo - O bicho-mineiro-do-cafeeiro (*Leucoptera coffeella*) é uma praga de grande importância na cafeicultura brasileira, alimentando-se exclusivamente de espécies do gênero *Coffea*. O Cerrado brasileiro, uma das principais regiões produtoras de café, oferece condições ideais para o desenvolvimento da cultura e o aumento de ocorrência da praga, cujas infestações podem acarretar perdas de produtividade de até 87%. O controle químico, amplamente utilizado, apresenta riscos ambientais e favorece a seleção de populações resistentes, evidenciando a necessidade de alternativas sustentáveis, como o uso da tecnologia de RNA interferente (RNAi). Este estudo teve como foco o gene Notch, que codifica a proteína Neurogenic Notch Locus, envolvida no desenvolvimento, diferenciação celular e apoptose em insetos. Primers específicos foram desenhados com base em dados transcriptômicos e sequências ortólogas de Lepidoptera relacionados. A expressão do Notch foi analisada por PCR em tempo real quantitativa (qPCR) nos quatro instares larvais (L1–L4), pupas, machos e fêmeas adultas. A expressão foi detectada em todos os estágios analisados, com níveis transcricionais significativamente mais elevados em larvas L4, pupas e adultos de ambos os sexos. Bioensaios de silenciamento gênico utilizando o método de imersão (soaking) demonstraram a viabilidade do silenciamento in vitro via dsRNA. Esses resultados preliminares indicam o gene Notch como um alvo promissor para estratégias de controle baseadas em RNAi, estabelecendo fundamentos para estudos futuros in vivo voltados ao manejo sustentável de *L. coffeella*.

Termos para indexação: *Coffea*, dsRNA, Controle biotecnológico de pragas, análise qPCR, Soaking.



Desenvolvimento de embalagem biodegradável e nutritiva para mudas de morangueiro produzidas com biocompósito à base de casca de arroz⁽¹⁾

Vitória Araujo Martins⁽²⁾ e Luciano Paulino da Silva⁽³⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).

⁽²⁾Graduanda em Biotecnologia, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: vit9854@gmail.com

Resumo - Grande parte dos materiais utilizados na agricultura, como as embalagens para mudas, é derivada de fontes não sustentáveis. Paralelamente, o setor agroindustrial gera uma quantidade expressiva de resíduos vegetais com potencial de aproveitamento, como cascas de arroz. Diante desse cenário, a utilização desse resíduo na fabricação de embalagens biodegradáveis representa uma alternativa econômica e ambientalmente responsável. Dessa maneira, o presente projeto desenvolveu uma embalagem biodegradável e nutritiva para mudas de morangueiro, tendo a casca de arroz como principal matéria-prima. A solução tecnológica busca substituir os tubetes e vasos plásticos convencionais por uma alternativa sustentável, biodegradável e que ainda seja capaz de fornecer macro e micronutrientes às mudas, favorecendo o desenvolvimento das plantas. Inicialmente, os protótipos foram produzidos por impressão 3D utilizando um biocompósito formado por cinzas de casca de arroz peneiradas, amido solúvel, alginato de sódio, gelatina em pó, cloreto de cálcio, hidroxietilcelulose e calcário. Contudo, devido à complexidade do processo de manufatura por impressão 3D e aos altos custos envolvidos, essa técnica mostrou-se inviável para produção em escala aumentada. Como alternativa, adotou-se a manufatura transformativa com o uso de moldes de silicone e o emprego de uma formulação simplificada, o que possibilitou a fabricação simultânea de diversas unidades do protótipo de forma mais eficiente. Adicionalmente, uma solução nutritiva, formulada para morangueiro, foi incorporada ao biocompósito e fitagel para estimular o crescimento das mudas. Por meio dos testes realizados, pode-se concluir que o uso de fitagel contendo solução nutritiva promoveu liberação contínua de nutrientes, uma vez que se observou menor taxa de senescência das plantas cultivadas com a formulação enriquecida quando comparadas ao controle. Ademais, em relação ao biocompósito, notou-se que este manteve sua integridade após diversos ciclos de reidratação e secagem em casa de vegetação, indicando potencial para reutilização ou eventualmente incorporação direta ao solo com a muda.

Termos para indexação: tubete, morangueiro, biodegradável.



Obtenção de DNA de indivíduos do bicho-mineiro-do-cafeeiro (*Leucoptera Coffeella*) avaliados por teste de falha de controle ao inseticida Altacor®

Rafael Azevedo Flavio⁽¹⁾, Aline Arrorellas Holanda de Melo⁽¹⁾, Nayara Lessa⁽¹⁾, Erick Santos Lustosa de Queiroz⁽²⁾ e Erika Valéria Saliba Albuquerque Freire⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Mestrando, Universidade de Brasília, Brasília. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: rafaelazevedoflavio@gmail.com

Resumo - O bicho-mineiro-do-cafeeiro (*Leucoptera coffeella*) é uma das principais pragas da cafeicultura no Brasil, ocasionando perdas de produtividade superiores a 80% em cultivos não manejados. O uso frequente de inseticidas tem favorecido o desenvolvimento de populações resistentes, como ao clorantraniliprole (ALTACOR®), uma diamida com ação neurotóxica por contato e ingestão. Este trabalho teve como objetivo obter DNA de indivíduos provenientes de bioensaios anteriores com aplicação de ALTACOR® como amostras biológicas que permitam identificar possíveis marcadores genéticos associados à falha de controle. Seguindo protocolo CTAB estabelecido no laboratório, foram realizadas extrações de larvas L4 vivas ou mortas após avaliação da mortalidade nos tempos de 24, 48, 72 e 96 horas de cinco populações de diferentes localidades, totalizando 36 amostras. As amostras foram quantificadas em espectrofotômetro Nanodrop e avaliadas em gel de eletroforese. Os resultados apontaram que as amostras têm quantidade e qualidade suficiente para análise molecular futura que visa identificar mutações associadas ao gene alvo do inseticida, possibilitando o desenvolvimento de ferramentas de diagnóstico que poderão contribuir com o manejo racional e sustentável da praga, reduzindo custos e riscos ao ambiente.

Termos para indexação: cafeicultura, diamidas, inseto, kit diagnóstico, praga.



Avaliação do ciclo de vida na gestão de resíduos da produção de cogumelos no DF

Linda Maria Oliveira dos Santos⁽¹⁾, Fernanda Mulinari Fontana⁽¹⁾ e João Filho Neto Falcão⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: joao.falcao@embrapa.br

Resumo - A fungicultura é um setor em crescente relevância, mas a gestão de seus resíduos, como o Substrato de Cogumelo Exaurido (SMS), é um desafio ambiental. Este trabalho avaliou a pegada de carbono da produção de cogumelos comestíveis no Distrito Federal para identificar estratégias de valorização de resíduos e mitigação de emissões. Utilizou-se a Avaliação do Ciclo de Vida (ACV) simplificada, com escopo do berço-ao-portão e foco no Potencial de Aquecimento Global (GWP100a). Foram comparados dois cenários de gestão para o SMS: Cenário 1 (atual), com valorização do resíduo como adubo; e Cenário 2 (alternativo), simulando o descarte em aterro. Os resultados mostraram que a valorização (Cenário 1) resulta em uma pegada de 14,48 kg CO₂eq por kg de cogumelo. Em contrapartida, o descarte (Cenário 2) eleva a pegada para 55,30 kg CO₂eq. A diferença expressiva demonstra o benefício ambiental da valorização do SMS, que gera um crédito de mitigação ao evitar a produção de fertilizantes minerais. Os principais pontos críticos de emissão identificados em ambos os cenários foram o consumo de eletricidade e os insumos do substrato. O estudo conclui que a adoção de práticas de economia circular, como a transformação do SMS em fertilizante, é crucial para a sustentabilidade do setor. Os resultados oferecem subsídios baseados em evidências para o agronegócio e para políticas públicas, reforçando a importância da gestão de resíduos na fungicultura brasileira.

Termos para indexação: pegada de carbono, economia circular, cogumelos, gestão de resíduos.



Identificação de tospovírus em feijoeiros do Goiás

Jorge Flavio de Sousa Dantas-Filho⁽¹⁾, Yam de Sousa Santos⁽¹⁾, Andreza Henrique Vidal⁽¹⁾, Fernando Lucas de Melo⁽¹⁾ e Simone Ribeiro⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: simone.ribeiro@embrapa.br

Resumo - O feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) é um legume de alta importância econômica e valor cultural na América Latina e na África, sendo um dos grãos mais presentes na alimentação humana. Entretanto, há uma variedade de vírus que infectam cultivos de feijão, afetando sua produção negativamente, como o orthotospovírus bean necrotic mosaic virus (BeNMV). Neste trabalho, foram resgatadas amostras foliares de 25 feijoeiros coletadas em 2021 no Instituto Phytus em Formosa (GO), com sintomas típicos de infecção por orthotospovírus, como pontos necróticos e necrose nas nervuras, e a presença de tripes (vetores conhecidos de orthotospovírus). Foi realizada a extração do RNA das amostras seguida de RT-PCR com primers universais para orthotospovírus. A presença de orthotospovírus em 6 das 25 amostras foi confirmada por Southern Blot utilizando uma sonda específica para tomato chlorotic spot virus (TCSV). Posteriormente, 2 das 6 amostras positivas foram sequenciadas com a tecnologia Nanopore. Assim, foi atestada a presença de sequências com identidade para groundnut ringspot virus (GRSV) e TCSV. Porém, esses vírus têm um histórico de recombinações entre si no segmento “RNA-M” e as sequências que apresentaram identidade com o GRSV no sequenciamento são todas desse segmento, enquanto as que apresentaram identidade com o TCSV são tanto do “RNA-M” quanto do “RNA-L”, o que indica uma maior probabilidade da presença de TCSV nessas amostras. Portanto, análises futuras serão feitas com o intuito de confirmar a presença de TCSV nessas plantas, sendo este, possivelmente, o primeiro relato desse vírus infectando feijoeiros no Brasil.

Termos para indexação: virologia, biologia molecular, tospoviridae, feijão.



CfDNA no meio de cultivo: possível marcador de desenvolvimento e qualidade embrionária em bovinos

Nayara Ribeiro Kussano⁽¹⁾, Gabriela de Oliveira Fernandes⁽²⁾, Mauricio Franco⁽³⁾ e Margot Alves Nunes Dode⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista FAPDF, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Colaboradora externa, Évora Diagnóstico Veterinário, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: margot.dode@embrapa.br

Resumo - Como a avaliação da qualidade de ovócitos e embriões em sistemas de PIV ainda se baseia em critérios morfológicos, torna-se necessária o desenvolvimento de métodos complementares. Este estudo objetivou avaliar se a quantificação de cfDNA nos meios de maturação (MIV) e cultivo (CIV) pode ser utilizada como marcador da competência ovocitária e da qualidade embrionária. No Experimento 1, ovócitos com alta (EMB) e baixa (NEMB) capacidade de desenvolvimento embrionário foram maturados, fecundados e cultivados individualmente até o dia 8 (D8); sendo que o meio de MIV foi utilizado para extração do cfDNA. No Experimento 2, o cfDNA foi quantificado no meio de cultivo (D5–D7) contendo blastocistos expandidos que resultaram (P) ou não (NP) em prenhez após transferência embrionária. A extração foi realizada a partir de 15 µL de meio e a quantificação dos genes ART2 e Bov-tA (SINEs) foi feita por qPCR. Os dados foram analisados pelo teste de Mann–Whitney (GraphPad Prism 9). No MIV, a quantidade de cfDNA pelo gene ART2 foi significativamente maior no grupo NEMB do que no grupo EMB, enquanto Bov-tA não apresentou diferença entre grupos ($P>0,1$). No CIV, não houve diferença significativa entre os grupos P e NP para ART2, e o Bov-tA não foi amplificado em nenhuma amostra. Pode-se concluir que níveis reduzidos de cfDNA do gene ART2 no meio de maturação estão associados a maior competência ovocitária, indicando seu potencial como marcador não invasivo para seleção de ovócitos em bovinos.

Termos para indexação: avaliação não invasiva, embrião, marcador molecular.



Desenvolvimento de organelas sintéticas sem membrana como ferramenta para o controle de funções celulares em plantas

Estefânia Faria da Silva⁽¹⁾, Patrícia Verdugo Pascoal⁽¹⁾, Elibio Rech⁽²⁾ e Daniela Matias de Carvalho Bittencourt⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: daniela.bittencourt@embrapa.br

Resumo - As células eucarióticas organizam seus componentes intracelulares em organelas que podem apresentar ou não membranas, para compartimentalização de seus componentes. Muitas organelas celulares são formadas por condensados de proteínas, ácidos nucléicos ou ambos. Essas organelas são conhecidas como Organelas Sem Membranas (OSMs). As OSMs podem se comportar como líquidos que se reúnem por meio da condensação de várias proteínas e RNAs em gotículas líquidas. As OSMs se formam por um processo conhecido como Separação de Fase Líquido-Líquido, que é um mecanismo de montagem proteica espontânea, que separa uma solução homogênea em fases diluídas densas e coexistentes. Por este processo são produzidas estruturas maleáveis e com dinâmicas semelhantes a líquidos, que controlam espacialmente seus materiais celulares, sinalização e reações bioquímicas. No entanto, as proteínas capazes de formar OSMs ainda são amplamente desconhecidas, especialmente em plantas. Dessa forma, o presente estudo apresenta o desenvolvimento de ativos biotecnológicos capazes de formar condensados proteicos funcionais em células vegetais, utilizando as proteínas de seda da aranha (espidroínas). Estas proteínas possuem características propícias para a formação de condensados celulares, são formadas por um conjunto limitado de módulos de aminoácidos ricos em alanina, glicina e prolina, além de serem proteínas desordenadas, as quais contribuem para a formação de condensados por interações multivalentes. A formação de compartimentos sem membrana por meio da condensação de proteínas desempenha um papel fundamental na organização celular. Para investigar se espidroínas recombinantes são capazes de induzir a formação de condensados em células vegetais, expressamos espidroínas fundidas à proteína fluorescente verde (sfGFP) em protoplastos de *Nicotiana tabacum*. A microscopia de fluorescência revelou a presença de condensados citosólicos, sugerindo a capacidade das espidroínas de se auto-organizarem em compartimentos distintos. A coexpressão com uma proteína cliente marcada com fluorescência vermelha (mCherry) permitiu visualizar a colocalização das duas proteínas no citoplasma, indicada pela fluorescência amarela. Esses resultados indicam que por meio da manipulação de suas propriedades físicas e funções biológicas, há o potencial uso de condensados de espidroínas para construir organelas artificiais sem membranas em células vegetais. Proteínas de seda de aranhas sintéticas podem gerar uma nova ferramenta para modular de maneira controlada e precisa respostas celulares em plantas, formando uma variedade de estruturas complexas semelhantes a organelas para diversas aplicações, como modificações de vias metabólicas específicas e a regulação da expressão genética, com o sequestro do RNAm, por exemplo, desempenhando assim um papel importante na expressão de proteínas.

Termos para indexação: Organelas sem membrana (OSMs), condensados proteicos, protoplastos vegetais, proteínas de aranha.

Malondialdeído como indicador bioquímico de estresse oxidativo durante a embriogênese somática de *Piper aduncum* L.

Natalia Barros de Souza⁽¹⁾, Rennan Oliveira Meira⁽²⁾ e Jonny Everson Scherwinski-Pereira⁽³⁾

⁽¹⁾Estudante de mestrado do Curso de Ciências Florestais, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽²⁾Bolsista de Pós-Doutorado, FAPDF, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: nataliadrive980@gmail.com

Resumo - A peroxidação lipídica é um processo de dano oxidativo aos lipídios das membranas celulares, com impacto negativo sobre a embriogênese somática. Seu principal marcador é o malondialdeído (MDA). Este estudo teve como objetivo quantificar os níveis de MDA em diferentes estágios da embriogênese somática de *Piper aduncum* L. (pimenta-de-macaco), utilizando plantas adultas cultivadas em casa de vegetação. Foram analisadas amostras de explantes foliares antes e após a desinfestação (etanol 70% por 2 minutos e hipoclorito de sódio a 0,75% por 20 minutos), além de calos primários, calos embriogênicos e calos com embriões somáticos em diferenciação. A quantificação do MDA foi realizada a partir de 100 mg de material fresco homogeneizado em ácido tricloroacético a 0,1%, seguido de reação com ácido tiobarbitúrico a 0,5%, incubada por 30 minutos a 90°C em banho-maria. A reação foi interrompida em banho de gelo, centrifugada a 13.000 rpm por 5 minutos, e o sobrenadante foi coletado para leitura espectrofotométrica nas absorvâncias de 532 e 600 nm. Os resultados indicaram níveis elevados de MDA nas folhas após a desinfestação e nos calos com embriões somáticos em diferenciação, enquanto calos nos estágios intermediários (14, 30 e 45 dias) apresentaram menores concentrações. O acúmulo elevado de MDA nos calos em diferenciação sugere dano oxidativo severo, possivelmente associado à elevada concentração de reguladores de crescimento ou excesso de sais no meio. Esses achados ressaltam a importância da estabilidade redox para o sucesso da embriogênese somática e indicam o potencial uso de antioxidantes como estratégia complementar na otimização de protocolos.

Termos para indexação: peroxidação lipídica, regulação redox, cultivo in vitro, *Piper aduncum* (pimenta-de-macaco).



Impacto de melatonina Pré-Miv no estresse oxidativo de complexos cumulus-ovócito⁽¹⁾

Laryssa Ketelyn Lima Pimenta⁽²⁾, Nayara Ribeiro Kussano⁽³⁾, José Eduardo Vieira Chaves⁽⁴⁾, Hallya Beatriz Sousa Amaral⁽⁵⁾, Mauricio Franco⁽⁶⁾, José Felipe Warmling Sprícigo⁽⁷⁾ e Margot Alves Nunes Dode⁽⁶⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio da Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAP-DF). ⁽²⁾Estudante de doutorado, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽³⁾Bolsista Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAP-DF), Brasília, DF. ⁽⁴⁾Estudante de doutorado, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO. ⁽⁵⁾Estudante de mestrado, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽⁶⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁷⁾Pesquisador, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, GO. E-mail autor correspondente: margot.dode@embrapa.br

Resumo - Para minimizar os efeitos deletérios do estresse oxidativo e melhorar a competência dos ovócitos, avaliou-se o impacto da melatonina (MTn) durante a pré-maturação in vitro (pré-MIV) em complexos cumulus-ovócito (CCOs) bovinos. Os CCOs foram distribuídos em três grupos: (1) Controle (MIV por 24 h), (2) Controle pré-MIV (6 h de pré-MIV seguidos de 24 h de MIV) e (3) Pré-MIV+MTn (6 h de pré-MIV com melatonina seguidos de 24 h de MIV). Avaliaram-se os CCOs nos tempos 0 h (controle imaturo), 6 h (com e sem melatonina) e 24 h (controle e grupos experimentais). Os ovócitos foram analisados quanto aos níveis de espécies reativas de oxigênio (EROs), por marcação com H2DCFDA, e à expressão de genes antioxidantes em ovócitos (CAT, SOD1, SOD2, GSS e NFE2L2) e células do cumulus (SOD1 e SOD2). As análises estatísticas incluíram ANOVA/teste t para dados paramétricos e Kruskal-Wallis/Mann-Whitney para não paramétricos. Os níveis de EROs foram semelhantes entre os grupos após 6 h, mas aumentaram no grupo Pré-MIV+MTn após 24 h. A expressão gênica mostrou redução ($p = 0,05$) nos transcritos GSS e NFE2L2 no grupo com melatonina após 6 h, e nos genes CAT, SOD2, GSS e NFE2L2 após 24 h. Reduções também foram observadas nos grupos sem melatonina para GSS e NFE2L2. Em células do cumulus, SOD1 foi reduzido no grupo sem melatonina. Conclui-se que a melatonina modulou a expressão gênica antioxidante, mas não atenuou os níveis de estresse oxidativo em ovócitos bovinos.

Termos para indexação: melatonina, pré-maturação, PIVE, ovócito.



CSF2 não altera taxas de blastocisto nem parâmetros celulares e moleculares em meio reduzido

Ana Caroline Chaves Vall Nicolás⁽¹⁾, Ligiane Leme⁽²⁾, Amanda Oliveira Moura⁽³⁾, Nayara Ribeiro Kussano⁽⁴⁾, Emivaldo Siqueira Filho⁽⁵⁾, Mauricio Franco⁽⁶⁾ e Margot Alves Nunes Dode⁽⁶⁾

⁽¹⁾Estudante de doutorado, Universidade de Brasília (UnB), Brasília, DF. ⁽²⁾Bolsista, Instituto de Biociências, Universidade de São Paulo (USP), São Paulo, SP. ⁽³⁾Estudante de doutorado, Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Uberlândia, MG. ⁽⁴⁾Bolsista, Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAP-DF), Brasília, DF. ⁽⁵⁾Colaborador externo, Embriotec – Reprodução Animal, Anápolis, GO. ⁽⁶⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: carolnicolas015@gmail.com.

Resumo - O fator estimulador de colônias 2 (CSF2) é uma embriocina com efeitos reconhecidos no desenvolvimento embrionário. No entanto, seu uso em laboratórios de produção in vitro de embriões apresenta limitações, pois normalmente é adicionado no Dia 5 de cultivo, exigindo a retirada das placas da incubadora, um procedimento que pode causar estresse térmico e comprometer a qualidade embrionária. Diante disso, este estudo avaliou se o CSF2 pode ser adicionado no Dia 4 (momento do feeding) ou mantido durante todo o cultivo, em sistema com meio sintético de nutrientes reduzidos. Após a maturação e a fecundação in vitro, zigotos bovinos foram distribuídos em três tratamentos: Controle – fluido ovidutal sintético (SOF), CSF2 D1 (SOF + CSF2 do Dia 1 ao 7) e CSF2 D4 (SOF + CSF2 do Dia 4 ao 7). O feeding ocorreu no Dia 4 em todos os grupos. Avaliaram-se as taxas de clivagem (Dia 4) e de blastocisto (Dia 7). No Dia 7, blastocistos expandidos foram analisados quanto à atividade mitocondrial, porcentagem de lipídios, número de células, expressão gênica e metilação do DNA (regiões a-Satellite e Satellite-1). Os dados de desenvolvimento embrionário foram analisados por Qui-quadrado ($P = 0,05$) e os demais por ANOVA com teste de Tukey (distribuição normal) ou pelos testes de Kruskal-Wallis e Mann-Whitney (não normal). As taxas de clivagem e de blastocisto foram semelhantes ($P > 0,05$) entre os tratamentos (Controle 83,8% e 39,1%; CSF2 D1 83,6% e 41,5%; CSF2 D4 85,7% e 40,9%). Também não houve diferença na atividade mitocondrial, lipídios, número de células ou metilação do DNA ($P > 0,05$). Dos 11 genes avaliados, apenas o gene Placenta-specific 8 apresentou menor número de transcritos ($P = 0,05$) em embriões do grupo CSF2 D4. Conclui-se que o CSF2 pode ser usado durante todo o cultivo sem afetar a produção embrionária ou os parâmetros celular-moleculares.

Termos para indexação: bovinos, embriocinas, embrião pré-implantação.



Otimização de protocolo para transformação de variedade comercial de tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.)

Ana Caroline Alves de Araújo⁽¹⁾, Ivonaldo Reis Santos⁽¹⁾, Glaucia Barbosa Cabral⁽²⁾, Leonardo Silva Boiteux⁽³⁾ e Angela Mehta⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisador Embrapa Hortaliças, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: angela.mehta@embrapa.br

Resumo - O tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é uma cultura bastante suscetível ao ataque de doenças e pragas, sendo esse um dos fatores limitantes para o aumento da produtividade. Dessa forma, a transformação genética mediada por *Agrobacterium tumefaciens* aliada à cultura de tecido é um dos métodos mais utilizados na obtenção de plantas resistentes aos fitopatógenos. Neste contexto, o objetivo deste estudo foi otimizar um protocolo de transformação genética mediada por *A. tumefaciens* para o genótipo de tomate LAM 375. Inicialmente, as sementes foram desinfestadas e germinadas em meio de germinação de sementes, contendo 15g/L de sacarose, 2,2g/L de meio MS, 6g/L de ágar, 400µL/100 mL de vitamina B5 em pH 5.8. A germinação foi conduzida, primeiramente, no escuro por 6 dias e, posteriormente, as plântulas foram transferidas para a luz. Em seguida, os cotilédones foram cortados e co-cultivados durante 2 dias no escuro com a *A. tumefaciens*, cepa EHA105 transformada com o vetor pCambia2301, para expressão do gene repórter β-glucuronidase (GUS). Posteriormente, os explantes foram transferidos para o meio de seleção composto por antibióticos e hormônios. O genótipo testado foi avaliado de forma indireta e qualitativa pela expressão do GUS, através de ensaios histoquímicos. Os resultados revelaram que, após a transformação mediada por *A. tumefaciens* com o vetor pCambia2301, o ensaio histoquímico revelou que havia atividade do GUS, indicando que as gemas da variedade LAM 375 estavam transformadas. Dessa forma, estes resultados demonstram a possibilidade de transformação genética do genótipo LAM 375 alternativamente.

Termos para indexação: transformação genética, expressão do GUS, tomateiro.



Hemoglobinas de soja sintéticas produzidas por sistema livre de células

Mariele de Araújo Palmeiras⁽¹⁾, Amanda Rocha⁽¹⁾, Marco Oliveira⁽¹⁾, Lilian Hasegawa Florentino⁽²⁾, Thaís Regiani Cataldi⁽³⁾, Daniela Matias de Carvalho Bittencourt⁽⁴⁾, Carlos Alberto Labate⁽⁵⁾, Grácia Maria Soares Rosinha⁽⁴⁾ e Elibio Rech⁽⁴⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Doutora, Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, SP. ⁽⁴⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁵⁾Professor titular, ESALQ/USP, Piracicaba, SP. E-mail autor correspondente: marielearaujo18@gmail.com

Resumo - As hemoglobinas, proteínas heme essenciais, são amplamente distribuídas em microrganismos, plantas e mamíferos. Em leguminosas, dois tipos distintos de hemoglobinas são identificados: a leghemoglobina (LegH) simbiótica e a hemoglobina não simbiótica (nsHb). As LegHs são abundantemente produzidas nas raízes de leguminosas e, em colaboração com bacteroides, desempenham um papel crucial na fixação de nitrogênio. As nsHbs, por sua vez, pertencem à classe 1 e exibem uma notável afinidade por oxigênio, sendo encontradas tanto em monocotiledôneas quanto em leguminosas. Dadas suas propriedades organolépticas e nutricionais, a LegH tem despertado considerável interesse na crescente indústria de carne vegetal, especialmente por apresentarem semelhanças de cor e sabor quando comparadas à carne animal. Neste estudo, foram produzidas as LegHs A, C1, C2 e C3 de soja, juntamente com a nsHb, utilizando sistemas livres de células (CFS) baseados em *Escherichia coli*. As sequências de aminoácidos foram sintetizadas com sucesso, e modificações pós-traducionais específicas foram identificadas e confirmadas por meio de cromatografia líquida acoplada à espectrometria de massas. Todas as LegHs produzidas neste sistema demonstraram atividade de peroxidase e ligação ao heme, com essas propriedades correlacionadas diretamente às suas concentrações. Ademais, todas as proteínas foram eficientemente digeridas pela pepsina em apenas um minuto, sob condições de digestão análogas às fisiológicas. Esses resultados sugerem que as hemoglobinas de leguminosas produzidas neste estudo, por meio de CFS, mantiveram sua funcionalidade e digestibilidade, portanto, podem ser consideradas aditivos alimentares alternativos e viáveis para a produção de análogos de carne à base de plantas.

Termos para indexação: leghemoglobinas, hemoglobina não simbiótica, sistema livre de células.



Avaliação do peso corporal em borregas e ovelhas adultas ao longo da gestação e lactação

Eduarda da Fonseca Nishiyama⁽¹⁾, Jéssica Drechmer⁽¹⁾, Arthur Gaspar Dias⁽²⁾, Alexandre Floriani Ramos⁽³⁾ e Bianca Damiani Marques Silva⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista PIBIC, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Estudante de Doutorado, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: bianca.damiani@embrapa.br

Resumo - O objetivo deste trabalho foi comparar o peso corporal durante o período gestacional e lactação de borregas e ovelhas múltíparas e avaliar o retorno da condição corporal desses animais. Para isso foram acompanhadas 11 borregas (1,5 ano de idade) e 9 ovelhas múltíparas (4 anos), pesadas no dia da Inseminação Artificial (IA), 45 e 15 dias pré-parto, parto e a cada 15 dias até o desmame. Todos os animais receberam 200 g de milho a partir do terço final da gestação e após o parto suplementadas com silagem de milho até o desmame. As borregas iniciaram a estação de monta mais leves que as múltíparas ($42,02 \pm 3,55$ e $51,73 \pm 9,17$, respectivamente $P < 0,05$) e permaneceram assim durante toda a avaliação. Os pesos médios das borregas variaram entre $37,29 \pm 4,72$ kg a $43,50 \pm 4,51$ kg, sem diferença entre os períodos avaliados ($P > 0,05$), sugerindo estabilidade no peso corporal durante a gestação e lactação. Apresentaram-se 15 dias antes do parto, levemente mais pesadas, 103,53% do peso inicial, ao parir houve uma perda natural (89,01%), porém apesar do período de lactação, que possui demandas nutricionais mais altas, recuperaram o peso e ao desmame estavam mais pesadas do que no início da gestação ($43,45 \pm 5,27$). Já nas ovelhas adultas, os pesos médios variaram entre $42,56 \pm 10,85$ kg a $55,56 \pm 28,73$ kg, não houve diferença de peso durante o período observado ($P > 0,05$). Antes do parto se apresentaram mais leves, 91,49% do peso inicial, após o parto atingiram 85,01%, porém a recuperação foi mais rápida, aos 90 dias pós-parto já haviam recuperado o peso (103,22%), sendo que as borregas só recuperaram ao desmame, com 120 dias. Conclui-se que apesar da diferença de peso iniciais devido a categoria, o mais importante é a recuperação pós-parto, o que ocorreu nas duas categorias e o manejo nutricional é fundamental para essa recuperação e preparação para um novo período gestacional.

Termos para indexação: categoria animal, condição corporal, nutrição, ovinos, reprodução animal.



Ressincronização de estro com diagnóstico precoce de gestação em ovelhas, desempenho reprodutivo entre categorias

Jéssica Drechmer⁽¹⁾, Eduarda da Fonseca Nishiyama⁽¹⁾, Arthur Gaspar Dias⁽¹⁾, Alexandre Floriani Ramos⁽²⁾ e Bianca Damiani Marques Silva⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: jessica.drechmer@yahoo.com.br

Resumo - A ressincronização de estro (RESSINC) em ovinos associada com o diagnóstico precoce de não gestação (DGP) busca diminuir o período de fêmeas vazias e aumentar a taxa de concepção. O objetivo deste trabalho foi avaliar a eficiência do RESSINC associada ao DGP em diferentes categorias de ovelhas. Foram utilizadas 50 ovelhas da raça Santa Inês, divididas em três categorias: borregas, solteiras, desmame e sincronizadas utilizando protocolo curto (7 dias do dispositivo de progesterona (P4), na retirada aplicado 300 UI eCG e 0,275 mg de PGF2a). A inseminação artificial (IA) (D0) por laparoscopia ocorreu 56 horas após a retirada da P4, utilizando sêmen congelado. O RESSINC ocorreu 10 dias após com a inserção de outro dispositivo de P4, em D17 foi realizado o DGP com ultrassom Doppler, para avaliar a vascularização do corpo lúteo. As fêmeas diagnosticadas vazias continuaram o protocolo de ressincronização, reinseminadas e realizado DGP. Todas as fêmeas foram avaliadas para confirmar a prenhez (DP) com ultrassonografia modo B, 30 dias após a IA. A categoria das ovelhas solteiras na 1ª IA obtiveram 47,61% de prenhez e na 2ª IA 18,18%, com a acurácia de 100% no DGP. As borregas na 1ª IA 75% no DGP e 50% no DP, 2ª IA 66,66% no DGP e 33,33% no DP, acurácia 75%. Desmame 1ª IA 52,94% no DGP e 41,17% no DP, 2ª IA 50% no DGP e 37,50% no DP, acurácia 85%. A taxa cumulativa de prenhez nas borregas 58,33% (7/12), desmame 58,82% (10/17) e solteiras 57,14% (12/21), não obteve diferença. Concluímos que o RESSINC aumentou a taxa de prenhez em todas as categorias avaliadas, obtendo uma boa confiabilidade, alta acurácia no diagnóstico de não gestação precoce para identificar as fêmeas vazias.

Termos para indexação: corpo lúteo, Inseminação Artificial em Tempo Fixo (IATF), laparoscopia, sêmen congelado, taxa de prenhez.



Análise transcriptômica de co-culturas de *Trichoderma reesei* e *Pleurotus citrinopileatus* em fontes de carbono lignocelulósico

Rutiane Moreira de Jesus Costa⁽¹⁾, Taisa Godoy Gomes⁽²⁾, Erica de Castro Costa⁽²⁾, Maquir Almirante Cardoso⁽¹⁾, Edivaldo Ximenes Ferreira Filho⁽³⁾, Roberto Coiti Togawa⁽⁴⁾, Bruna Pena Sollero⁽⁵⁾ e Robert Neil Gerard Miller⁽⁶⁾

⁽¹⁾Estudante de Mestrado, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽²⁾Bolsista, Universidade de Brasília, Brasília, DF.

⁽³⁾Pesquisador, Programa de Pós-Graduação Universidade de Brasília, Brasília, DF ⁽⁴⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽⁵⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

⁽⁶⁾Pesquisador, Universidade de Brasília, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: bruna.sollero@embrapa.br

Resumo - O Brasil ocupa posição de destaque na produção de biocombustíveis e apresenta elevado potencial na produção de etanol de segunda geração (2G), utilizando resíduos agrícolas como o bagaço de cana-de-açúcar. Este estudo teve como objetivo analisar a expressão gênica diferencial de *Trichoderma reesei* RUT C-30 (T) e *Pleurotus citrinopileatus* (P) em condições de mono e cocultivo utilizando glicose ou bagaço de cana como fontes de carbono. As culturas fúngicas foram cultivadas em meio líquido contendo tais fontes de carbono e incubadas por seis dias. Após extração do RNA e sequenciamento na plataforma Illumina NovaSeq 6000, a qualidade dos dados foi avaliada com o programa FASTP e o alinhamento das sequências com o STAR, utilizando os genomas de referência individuais (monocultivo) ou concatenados (cocultivo). A quantificação das leituras foi conduzida pelo programa HTSeq-count e as análises estatísticas pelo método limma-voom (pacote edgeR) no R. Dois contrastes principais (MBxMG, CBxMB) [C = Co-cultivo, M = Monocultivo, B = Bagaço, G = Glicose]) foram analisados segundo os critérios FDR = 0,05 e log₂ fold change = 2 ou = -2 para seleção dos genes diferencialmente expressos (DEGs). Um total de 1893 DEGs foram identificados em T, com 900 e 66 regulados positivamente, e 847 e 80 regulados negativamente, respectivamente em cada contraste. Em P, 1120 DEGs foram identificados, sendo 377 e 145 regulados positivamente, e 288 e 310 regulados negativamente, respectivamente. Os processos biológicos “processo biossintético de metabólitos secundários” e “resposta a peróxido de hidrogênio”, foram significativamente convergentes em ambos os contrastes na análise de enriquecimento para T e P respectivamente, bem como a função molecular “atividade da oxidorreductase” para P. Os termos “processo biossintético do ergosterol” e “resposta ao calor” foram significativos apenas no contraste CBMB em T e P, respectivamente. Os resultados fornecem subsídios sobre a degradação enzimática do bagaço de cana em cocultivo.

Termos para indexação: biocombustível, cocultivo fúngico, genes diferencialmente expressos, análise de enriquecimento funcional.



Avaliação da utilização de resíduos de *Camellia sinensis* proveniente da produção de kombucha como substrato para produção de cogumelos *Pleurotus ostreatus*⁽¹⁾

Augusto Delfino Ferreira⁽²⁾, Fernanda Mulinari Fontana⁽²⁾ e Loeni Ludke Falcão⁽³⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). ⁽²⁾Bolsista de Iniciação Científica na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: loeni.falcao@embrapa.br

Resumo - O cogumelo de shimeji (*Pleurotus ostreatus*) ocupa a posição de uma das espécies mais cultivadas no Brasil e no mundo, sua alta adaptabilidade a diversos tipos de substrato possibilita a utilização de uma ampla variedade de resíduos agroindustriais. Um dos resíduos associados à produção de kombucha, são os galhos, folhas e talos de chá verde (*Camellia sinensis*) que são utilizados para infusão. Este estudo investigou o uso de resíduos de chá verde provenientes da produção de kombucha como substrato alternativo para cultivo de shimeji. Testou-se diferentes proporções desses resíduos em combinação com capim (*Brachiaria* spp.), farelo de milho e gesso agrícola. A metodologia adotada envolveu uma abordagem quantitativa experimental. Os substratos formulados foram esterilizados, inoculados com micélio de Shimeji isolado PO02 e cultivados em condições semi-controladas. O estudo demonstrou que a adição de resíduos de chá verde não diminuiu a produtividade de cogumelos shimeji. Observou-se ainda, uma redução significativa no tempo de indução da frutificação no tratamento com 19,5% de chá. Esses resultados sugerem que a incorporação desses resíduos podem acelerar o ciclo produtivo sem prejuízos à produtividade, alinhando-se aos princípios da economia circular. A utilização dos resíduos de chá verde é viável, recomendando-se pesquisas adicionais sobre caracterização química detalhada dos resíduos e testes em escala ampliada para validar economicamente e operacionalmente sua aplicação no cultivo de cogumelos.

Termos para indexação: resíduos agroindustriais, chá verde, economia circular, Shimeji, cogumelos.



TIFOI para maturação de ovócitos bovinos vitrificados: efeitos celulares e resposta ao estresse oxidativo

José Eduardo Vieira Chaves⁽¹⁾, Laryssa Ketelyn Lima Pimenta⁽¹⁾, Ana Caroline Chaves Vall Nicolás⁽²⁾, Hallya Beatriz Sousa Amaral⁽²⁾, Leonardo de França Melo⁽³⁾, Margot Alves Nunes Dode⁽⁴⁾ e José Felipe Warmling Sprícigo⁽³⁾

⁽¹⁾Estudante de graduação, Universidade Federal de Goiás, Goiânia. GO. ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Professor, Universidade Federal de Goiás, Goiânia. GO, ⁽⁴⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: josechaves@discente.ufg.br

Resumo - Este estudo avaliou se a maturação *in vivo* por transferência intrafolicular de ovócitos imaturos (TIFOI) preserva funções biológicas afetadas pela vitrificação. Complexos cúmulo-ovócitos (CCOs) obtidos de ovários de abatedouro foram distribuídos em seis grupos: imaturos frescos (F-IMA), imaturos vitrificados (V-IMA), maturados *in vitro* frescos (MF), maturados por TIFOI frescos (FT), vitrificados/aquecidos maturados *in vitro* (MV) e vitrificados/aquecidos maturados por TIFOI (VT). A cromatina foi analisada em MF (n=69), FT (n=72), MV (n=83) e VT (n=59) por coloração (Iacmóide); a ultraestrutura citoplasmática (n=5/grupo) por microscopia eletrônica de transmissão (MET); e as espécies reativas de oxigênio (EROs) em F-IMA e V-IMA (n=30 cada), MF (n=25), FT (n=12), MV (n=22) e VT (n=20) com a sonda fluorescente H2DCFDA. Os dados foram analisados pelo teste de qui-quadrado (cromatina) e ANOVA com Tukey (EROs) (P = 0,05). As taxas de metáfase II foram mais altas e semelhantes em MF (89,8 %) e FT (90,2%), mas significativamente reduzidas em MV (45,7%) e VT (69,4%), com VT superior a MV (P < 0,05). A MET mostrou grânulos corticais e mitocôndrias bem distribuídas em F-IMA e maior número de vacúolos em V-IMA; após maturação, MF e FT mantiveram organelas homogêneas, enquanto MV e VT apresentaram vacúolos e organelas irregulares. Os níveis de EROs foram maiores em F-IMA que em V-IMA (P = 0,05) e, após maturação, MF exibiu mais EROs que FT, MV e VT. Conclui-se que embora a TIFOI favoreça a maturação nuclear de ovócitos vitrificados, ela não reduz danos citoplasmáticos nem os níveis de EROs em ovócitos bovinos vitrificados imaturos.

Termos para indexação: CCOs, EROs, Metáfase II, MET.



Aumento da tolerância ao déficit hídrico em tomateiros expressando o gene MdGols2

Layza Alves Miranda Leite⁽¹⁾, Juliane Costa Cabral⁽¹⁾, Natália Lima de Sousa⁽¹⁾, Luís Fernando Revers⁽²⁾ e Francisco José Lima Aragão⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisador, Embrapa Uva e Vinho, Bento Gonçalves, RS. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: francisco.aragao@embrapa.br

Resumo - A seca é um dos principais fatores limitantes do desenvolvimento do tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.), comprometendo a produtividade e elevando os custos de irrigação, o que impacta no preço final do produto. O aprimoramento genético de plantas para aumento da tolerância ao estresse hídrico pode ser obtido através de técnicas de engenharia genética, dada a importância da cultura do tomateiro para a agricultura mundial. A galactinol sintase (Gols) é o substrato chave da biossíntese de oligossacarídeos da família das rafinose (RFOs). Esses oligossacarídeos têm sido intensamente estudados como osmoprotetores. Plantas transgênicas de *A. thaliana*, expressando MdGols2 de maçã, apresentaram maiores teores de galactinol e rafinose, e maior tolerância ao déficit hídrico. Portanto, o objetivo deste trabalho foi analisar a tolerância de plantas transgênicas de tomate contendo o gene MdGols2, obtidas por transformação genética via *Agrobacterium tumefaciens*, sob estresse hídrico. O ensaio foi conduzido em casa de vegetação utilizando 10 plantas da linhagem transgênica Gols2-2 e cinco plantas não transgênicas (WT). As plantas foram mantidas em condições de iluminação natural e irrigadas diariamente até o início do déficit hídrico. O ensaio teve início no Dia 0, no qual todas as plantas foram irrigadas até a capacidade de campo, e foi finalizado no Dia 10, quando as plantas foram novamente irrigadas. Durante esse período, a redução da umidade do solo intensificou o estresse hídrico, resultando em alterações fenotípicas nas plantas, como perda de turgor, senescência e abscisão foliar. Após o ensaio, foi visualizado que as plantas contendo o gene MdGols2 apresentaram maior tolerância ao déficit hídrico, continuando seu ciclo reprodutivo e desenvolvimento. As plantas não transgênicas alcançaram o ponto de murcha permanente após o término do experimento, não sobrevivendo ao estresse. Dessa forma, a linhagem transgênica continuou a se desenvolver após o período de estresse hídrico, sugerindo a função protetora do gene.

Termos para indexação: Déficit hídrico, Micro-Tom, *Solanum lycopersicum* L.



Edição de inibidores Bowman-Birk em soja utilizando CRISPR-Cas9

Mateus Meira dos Santos⁽¹⁾, Maria Eugenia Lisei de Sa⁽²⁾, Nayara Sabrina de Freitas Alves⁽¹⁾ e Maria Fátima Grossi de Sá⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽²⁾Pesquisadora, Epamig, Belo Horizonte, MG. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: fatima.grossi@embrapa.br

Resumo - Os inibidores de tripsina e quimotripsina do tipo Bowman-Birk são compostos antinutricionais presentes nas sementes de soja, com impactos relevantes na alimentação humana e animal. A edição desses genes utilizando CRISPR-Cas9 representa uma abordagem promissora para o melhoramento genético da cultura. Neste trabalho, foram construídos vetores com guias específicas para genes-alvo dos inibidores e aplicadas as metodologias de transformação via *Agrobacterium tumefaciens* e biobalística. Como resultado das transformações realizadas, foram obtidas plantas transformadas, que estão em T1, atualmente em análise de sequenciamento para detecção de mutações. Paralelamente, análises de expressão ao longo do desenvolvimento da soja indicaram padrões distintos dos preditos in silico, reforçando a importância da validação experimental. Novas transformações já estão em andamento com vetores otimizados, visando o aumento da eficiência de edição. Os avanços obtidos até o momento demonstram o potencial da tecnologia CRISPR-Cas9 para a edição precisa de genes relacionados a fatores antinutricionais na soja, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares mais adequadas às demandas da indústria agroalimentar.

Termos para indexação: Soja, CRISPR-Cas9, Bowman-Birk, transformação genética, edição gênica.



Uma nova estratégia para superexpressão de GmPR10 via CRISPR-Cas9, visando aumentar a tolerância a nematoides em soja⁽¹⁾

Lorena Sousa de Loiola Costa⁽²⁾, Nayara Sabrina de Freitas Alves⁽²⁾, Clidia Eduarda Moreira Pinto⁽²⁾, Lilian Hasegawa Florentino⁽⁴⁾, Fabrício Barbosa Monteiro Arraes⁽³⁾, Elibio Rech⁽⁵⁾, Carolina Vianna Morgante⁽⁵⁾ e Maria Fátima Grossi de Sá⁽⁵⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq). ⁽²⁾ Bolsista, Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, ⁽³⁾ Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, ⁽⁴⁾ Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil, ⁽⁵⁾ Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil.

Resumo - Nematoides formadores de galhas (RKN) do gênero *Meloidogyne* são importantes fitopatógenos que comprometem rendimento e qualidade da soja. Estudo ômico anterior, comparando genótipos contrastantes de soja quanto à suscetibilidade a *Meloidogyne incognita*, identificou a proteína relacionada à patogênese classe 10 (GmPR10) como associada à tolerância. A GmPR10 interfere nas enzimas digestivas e na integridade da cutícula do nematoide. Sua superexpressão em plantas transgênicas de tabaco reduziu o número de galhas (51,6–57,8%), ovos (41,9–43,5%) e o fator de reprodução (40,4–48,7%) em relação a plantas selvagens, validando seu papel na tolerância a *M. incognita*. A edição de quadros de leitura abertos a montante (uORFs, upstream open reading frames) tem se destacado como estratégia para superexpressão gênica via CRISPR-Cas9, pois uORFs podem exercer regulação negativa sobre a tradução dos quadros primários (pORFs). Neste estudo, dois uORFs putativos foram identificados *in silico* na região 5'-UTR de GmPR10. Essa região foi clonada em sistema de dupla repórter luciferase/renila (LUC/REN) e os códons de iniciação (ATGs) dos uORFs foram mutados. Nos ensaios com protoplastos, mutações isoladas em uORF1 ou uORF2 não diferiram da sequência não mutada. Porém, mutações simultâneas em ambos aumentaram a atividade de LUC em ~3,5 vezes, indicando que a modificação concomitante dos dois uORFs é necessária para elevar a produção da proteína. Com base nesses dados, foi desenvolvida estratégia para promover mutações simultâneas nos uORFs 1 e 2 de GmPR10 em plantas usando CRISPR-Cas9. Os sgrNAs foram clonados em vetores CRISPR2.0 e estão em validação em raízes pilosas de soja. A deleção de uORFs por CRISPR-Cas9 para intensificar a tradução gênica é inovadora na soja e permite gerar plantas não transgênicas com tolerância a nematoides formadores de galhas.

Termos para indexação: *Glycine max*, *Meloidogyne incognita*, uORF, edição de genoma.



Variabilidade genética de *Xanthomonas euvesicatoria* Pv. Perforans provenientes de mudas e do campo

Vanessa de Araujo Clifford⁽¹⁾, Ana Caroline Alves de Araújo⁽¹⁾, Alice Maria Quezado Duval⁽¹⁾, Roberto Coiti Togawa⁽²⁾ e Angela Mehta⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: vanessaaraujo7311@gmail.com

Resumo - O tomateiro (*Solanum lycopersicum*) é frequentemente afetado pela mancha bacteriana nos cultivos de verão e/ou irrigados por pivô-central. A doença pode ser causada pelas espécies/variantes de *Xanthomonas*: *X. euvesicatoria* pv. *euvesicatoria* (XEE)/raça T1, *X. euvesicatoria* pv. *perforans* (XEP)/T3 e T4, *X. vesicatoria* (XV)/T2, *X. hortorum* pv. *gardneri* (XHG)/T2 e, recentemente descrita no exterior, a recombinante XEE-XEP/T5. As raças são designadas pela resposta de genótipos, portanto genes de resistência. Visando verificar a atual diversidade de espécies e sua variabilidade no Brasil, este estudo genético foi conduzido com 30 isolados da Embrapa Hortaliças, obtidos de mudas e lavouras, identificados como XEP por PCR multiplex, em três abordagens: 1. detecção do gene *avrXv3*, que interage com gene de resistência *Xv3*; 2. obtenção de perfis de BOX-PCR, e 3. variabilidade do *avrBs2*, um efector tipo III envolvido na supressão de defesas vegetais e conservado no gênero. Realizou-se PCR convencional com iniciadores específicos para a detecção dos genes *avr* e perfis BOX-PCR. Os amplicons do *avrBs2* foram submetidos ao sequenciamento Sanger, as análises bioinformáticas subsequentes realizadas com Electropherogram Quality Analysis e alinhamentos no software MEGA11 utilizando sequências de referência do NCBI. Observou-se variação entre isolados quanto à presença do *avrXv3*, e, desse modo, pertencentes a diferentes raças, com isolados com amplicon do tamanho esperado, sendo provavelmente T3, enquanto os que não amplificaram, T4, ambas as associadas a XEP. Alguma variabilidade intraespecífica foi encontrada pela BOX-PCR. Para o *avrBs2* verificou-se mutações conservadas entre os isolados, com substituições e inserções de aminoácidos que podem alterar a função proteica, além de mutações exclusivas identificadas em determinados isolados. A análise desse gene será também conduzida com isolados de lavouras. Isolados contrastantes serão submetidos ao sequenciamento genômico completo. Os dados obtidos auxiliarão no direcionamento de programas de melhoramento e desenvolvimento de estratégias genéticas para manejo da doença no país.

Termos para indexação: *avrBs2*, *avrXv3*, bioinformática, tomateiro, *Xanthomonas*.



Genes de espécies silvestres de *Arachis* conferem resistência ao mofo-branco em tomateiro

Fernando Rafael Alves Ferreira⁽¹⁾, Alisson Ferreira Dantas⁽¹⁾, Patricia Messenberg Guimaraes⁽²⁾ e Ana Cristina Miranda Brasileiro⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: ana.brasileiro@embrapa.br

Resumo - O mofo-branco, causado por *Sclerotinia sclerotiorum* (Ss), é um dos principais fatores para baixa produção em tomateiro (*Solanum lycopersicum*). Espécies silvestres de *Arachis* sp. podem ser utilizadas como fonte de genes de resistência a doenças fúngicas, e serem transferidos via transgenia a diferentes espécies de interesse econômico. O objetivo do trabalho foi avaliar se eventos transgênicos em geração T2 de tomateiro superexpressando, de forma isolada ou piramidada, os genes de *Arachis* AsTIR19:AdEXLB8, apresentam resistência ao crescimento de Ss. Um plug de ágar micelial de Ss foi depositado na superfície de um folíolo de cada linhagem transgênica (OE) e do controle não-transgênico (WT). Os folíolos foram acondicionados em caixas úmidas e mantidos a 22°C no escuro por 60 horas. O progresso das lesões fúngicas foi fotografado a cada 12 horas e as imagens utilizadas para a contagem da área lesionada e posterior cálculo da Área Abaixo da Curva de Progresso da Doença (AACPD). Diferenças no desenvolvimento da doença entre as OEs e os WTs foram observadas a partir de 36 horas após a infecção (HAI), sendo que três OEs piramidadas (TIR19:EXLB-4, 10 e 11) apresentaram as menores lesões em todos os tempos analisados. As manchas da doença nos folíolos de WT estavam bem desenvolvidas entre 48 e 60 HAI, enquanto para as linhagens foram observadas apenas lesões reduzidas, que não se espalharam. Em 60 HAI, a AACPD foi significativamente menor em três OEs piramidadas: TIR19:EXLB-4 (73%), 10 (68%) e 11 (68%) em comparação ao WT. Os eventos OEs podem ser incluídos em programas de melhoramento com fontes de resistência ao mofo-branco.

Termos para indexação: Transgenia, área lesionada, AACPD, resistência.



Indução de resistência em repolho utilizando nanopartículas de prata obtidas pelo método de síntese verde: contribuições de uma análise proteômica

Ivonaldo Reis Santos⁽¹⁾, Bruna de Oliveira Nascimento⁽¹⁾, Ana Caroline Alves de Araújo⁽²⁾, Daiane Gonzaga Ribeiro⁽¹⁾, Wagner Fontes⁽¹⁾, Osmundo Brilhante de Oliveira Neto⁽³⁾, Luciano Paulino da Silva⁽⁴⁾ e Angela Mehta⁽⁴⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Estagiária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Professor, Centro Universitário Unieuro, Brasília, DF. ⁽⁴⁾ Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: angela.mehta@embrapa.br

Resumo - A busca por estratégias de controle da podridão negra (*Xanthomonas campestris* pv. *campestris* (Xcc) das brássicas com menor toxicidade à saúde humana e impacto ambiental é essencial para o desenvolvimento de um sistema sustentável na cadeia produtiva do repolho (*B. oleracea* var. *capitata*). Dentre essas estratégias, com grande potencial para uso na agricultura, destacam-se as nanopartículas de prata (AgNPs). Neste sentido, o presente estudo objetivou analisar por meio de técnicas proteômicas a indução de resistência em repolho, utilizando AgNPs obtidas pelo método de síntese verde. Neste estudo, foram utilizadas AgNPs sintetizadas com extrato aquoso da casca do fruto de noni (EACFN). Plantas de repolho foram tratadas com EACFN-AgNPs, AgNO₃ ou sem tratamento (condição controle), e sua resposta proteômica foi caracterizada de forma abrangente para elucidar os mecanismos de indução de resistência das AgNPs sobre a planta. Os resultados obtidos a partir da análise proteômica revelaram um total de 871 proteínas diferencialmente abundantes. A análise de ontologia gênica mostrou que a maioria dessas proteínas reguladas positivamente estavam envolvidas em importantes processos biológicos, como fotossíntese, resposta a estímulos, processos metabólicos de carboidratos, metabolismo lipídico, entre outros. Os resultados obtidos trazem importantes contribuições para a melhor compreensão dos mecanismos de ação de AgNPs em repolho e poderão contribuir para o desenvolvimento de estratégias de controle de (Xcc) em brássica. De modo geral, demonstramos que as AgNPs biossintetizadas induzem a resistência na planta hospedeira. Esses resultados estabelecem uma base teórica para futuras aplicações de AgNPs biossintetizadas no controle de doenças bacterianas em plantas.

Termos para indexação: podridão negra, proteômica, indução de resistência, nanopartículas.



Avaliação da atividade antifúngica da proteína PR8 de cupuaçuzeiro visando o controle de fitopatógenos

Rafaela Araújo Sá⁽¹⁾, Dayanne Moura Silva⁽¹⁾, Thifany Nayan de Sousa Pires da Silva⁽¹⁾, Lucas José de Sousa⁽¹⁾, Angela Mehta⁽²⁾, Loeni Ludke Falcão⁽³⁾ e Lucilia Helena Marcellino⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: lucilia.marcellino@embrapa.br

Resumo - O cupuaçuzeiro (*Theobroma grandiflorum*) é uma cultura de grande valor socioeconômico e ambiental, particularmente para a região amazônica. Muito valorizado por seu fruto, amplamente utilizado na indústria alimentícia e cosmética, essa cultura pode ser considerada uma aliada para a preservação florestal. Entretanto, a cultura enfrenta desafios significativos, como a vassoura-de-bruxa, doença causada pelo fungo *Moniliophthora perniciosa* e de difícil manejo. A busca por novas estratégias de controle é fundamental. Proteínas de defesa (PRs) são componentes-chave da resposta imune vegetal, apresentando potencial biotecnológico. Um exemplo é a proteína PR-8, que apresenta atividade endoquitinásica, capaz de degradar a parede celular dos fungos, conferindo assim efeito antifúngico. Nesse contexto, o gene que codifica a proteína PR-8 de cupuaçuzeiro (TgPR-8) foi isolado e utilizado na transformação genética de tomateiro Micro-Tom (MT) para avaliação da atividade da proteína TgPR-8 in planta. Para os testes iniciais, um bioensaio foi realizado utilizando *Sclerotinia sclerotiorum*, outro fitopatógeno de importância agrícola. Discos de micélio de *S. sclerotiorum* foram sobrepostos em duas folhas de mudas de três linhagens de MT transformadas com o gene TgPR-8 (MT-PR-8a; MT-PR-8b; MT-PR-8c) e incubadas em condições controladas por dois dias, com quatro replicatas biológicas. As lesões foram avaliadas em 24 e 48 horas e mensuradas com o software ImageJ. Duas linhagens (MT-PR-8a e MT-PR-8c) apresentaram menor severidade das lesões em comparação às plantas não transformadas, indicando maior resistência ao fungo. Esse efeito pode ser atribuído à atividade de endoquitinase da proteína TgPR-8. Ensaio adicionais serão conduzidos para verificar seu potencial de controle também contra *M. perniciosa*.

Termos para indexação: *Theobroma grandiflorum*, *Moniliophthora perniciosa*, proteínas de defesa, vassoura-de-bruxa, resistência a fungos.



Gene que codifica uma expansina-like b confere resistência a *Meloidogyne enterolobii* em Tomateiro

Monique Germendorff Herchner⁽¹⁾, Bruna Medeiros Pereira⁽²⁾, Patricia Messenberg Guimaraes⁽³⁾ e Ana Cristina Miranda Brasileiro⁽³⁾

⁽¹⁾Estagiária, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: monique.biotec@gmail.com

Resumo - Estudos anteriores mostraram que a expressão do gene AdEXLB8, que codifica uma Expansina-like B da espécie silvestre *Arachis duranensis*, confere resistência a estresses bióticos e abióticos, incluindo os nematoides formadores de galha do gênero *Meloidogyne*, como *M. incognita* e *M. javanica*. Neste sentido, realça-se a relevância de avaliar sua resposta ainda frente à espécie *M. enterolobii* (Me), conhecida por sua ampla gama de hospedeiros e por ser considerada uma ameaça emergente para diversas culturas agrícolas em escala global. Dentre os hospedeiros, destaca-se o tomateiro (*Solanum lycopersicum*), uma vez que Me é capaz de infectar e se reproduzir mesmo em cultivares portadores do gene de resistência Mi, que é eficaz contra outras espécies do gênero *Meloidogyne*, mas não contra Me. Este estudo teve como objetivo investigar o promissor efeito da expressão do gene AdEXLB8 na indução de resistência a Me. Para tal, plantas de tomateiro (cv. Micro-Tom) foram transformadas geneticamente e quatro linhagens expressando o gene AdEXLB8 foram cultivadas e inoculadas com 1.000 indivíduos de Me no estágio de desenvolvimento juvenil 2 (J2). Aos 60 dias após a inoculação (DAI), as raízes foram coletadas e avaliadas com base no fator de reprodução (FR), parâmetro que permite medir o nível de infecção e reprodução do patógeno. Os resultados mostraram uma expressiva redução de até 90% no FR, quando em comparação com o grupo controle não transgênico, indicando que a inserção de genes de resistência oriundos de espécies silvestres pode ser uma solução eficaz para conferir resistência à infecção por Me em tomateiro.

Termos para indexação: micro tom, *M. enterolobii*, gene de resistência.



Detecção da atividade de poligalacturonase (PG) secretada por *Moniliophthora perniciosa*

Thifany Nayan de Sousa Pires da Silva⁽¹⁾, Dayanne Moura Silva⁽¹⁾, Loeni Ludke Falcão⁽²⁾ e Lucilia Helena Marcellino⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: lucilia.marcellino@embrapa.br

Resumo - O Cacaú e o Cupuaçu são culturas de significativa relevância econômica, sendo o cacaú consolidado como commodity no mercado internacional, enquanto o cupuaçu tem importância regional e é um dos sabores da cultura brasileira. Contudo, ambas as culturas têm sua produtividade reduzida pela doença vassoura-de-bruxa, causada pelo fungo *Moniliophthora perniciosa*. O desenvolvimento de novas estratégias para o controle do patógeno é crucial. O presente estudo teve como objetivo identificar e caracterizar a atividade da enzima poligalacturonase (PG) de *M. perniciosa*, enzima que degrada as pectinas dos tecidos vegetais durante a infecção, com vistas a explorar seu potencial para o desenvolvimento de métodos de controle do fungo. Para tal, foi avaliada a atividade de PG de *M. perniciosa* secretada em meio líquido BD (batata e dextrose) e em BD com 1% de pectina. Inicialmente, o fungo foi confirmado via marcadores moleculares e cultivado por 14 dias, a 25°C, sob agitação. A atividade da PG foi identificada no sobrenadante das culturas. O ensaio foi realizado em triplicata, em uma reação contendo: sobrenadante, pectina e tampão acetato de sódio 0,2 M, pH 5,0. A reação foi conduzida a 28°C por 15 minutos. A atividade enzimática foi detectada pela formação de açúcares redutores, utilizando o método DNS (ácido 3,5-dinitrosalicílico). Como controle, foi utilizada PG comercial de *Aspergillus niger*. Resultados iniciais indicam a presença de PG no material analisado. Posteriormente será investigada a presença de PG no micélio. Além disso, ensaios de inibição serão conduzidos para o desenvolvimento de ferramentas de controle de *M. perniciosa*.

Termos para indexação: cacaú, cupuaçu, poligalacturonase, *Theobroma*, vassoura-de-bruxa.



Decifrando o diálogo molecular: a interação proteômica entre plantas e insetos minadores

Bruna de Oliveira Nascimento⁽¹⁾, Ivonaldo Reis Santos⁽¹⁾, Fernando Antonio Souza de Aragão⁽²⁾, Wagner Fontes⁽³⁾ e Angela Mehta⁽⁵⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisador, Embrapa Agroindústria Tropical, Fortaleza, CE. ⁽³⁾Pesquisador, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: bruna.unb.qt@gmail.com

Resumo - Insetos de hábito minador são considerados praga chave em diversas culturas de importância econômica. Comumente, este grupo de insetos ocasionam o surgimento de minas formadas pelo consumo larval do mesófilo foliar, acarretando necrose, desfolha, exposição do fruto ou até morte da planta em casos de infestações graves. Grandes culturas são amplamente estudadas em busca de soluções biotecnológicas que forneçam controle eficaz e seguro destas pragas. Neste contexto, estudos proteômicos são capazes de proporcionar insights primordiais para a elucidação da interação planta-praga, favorecendo a elaboração de novas técnicas de controle. Este trabalho reúne abordagens que analisam o perfil proteômico por LC-MS/MS das moscas minadoras do melão e do café em suas respectivas interações. Para a praga chave do melão, *Liriomyza sativae*, folhas de dois genótipos (96 e 915), com linhagens resistentes e suscetíveis, foram analisadas nas condições com e sem infestação. Nas folhas das linhagens resistentes, observou-se a redução na abundância de proteínas ligadas a processos biológicos de resposta a stress, enquanto proteínas envolvidas na fotossíntese e fosforilação destacaram-se. Já nas linhagens suscetíveis, o perfil proteico revelou uma relação inversa das proteínas envolvidas nestes mesmos processos, e redução da abundância proteica para processos como expressão gênica e síntese de ATP. Além disso, a produção ou supressão de proteínas PR revelou ser resposta relacionada à resistência ou suscetibilidade dos genótipos analisados. Com foco na praga, larvas do bicho-mineiro do café, *Leucoptera coffeella*, nos instares L2, L3 e L4, foram avaliadas objetivando a identificação de proteínas ligadas ao metabolismo de desenvolvimento larval. Este estudo levou à identificação de proteínas potenciais que desempenham um papel importante na adaptação da larva, dentre elas, proteínas letais que podem ser um importante alvo de controle biotecnológico. Desta forma, as proteínas da planta ou da larva identificadas podem ser alvos para o controle de importantes pragas da agricultura.

Termos para indexação: Bicho-Mineiro do Cafeeiro, Mosca Minadora do Melão, Proteômica, Biotecnologia.



Análise da segregação e avaliação fenotípica de plantas transgênicas de tomateiro superexpressando o gene AsTIR19

Arthur da Costa Ferreira⁽¹⁾, Hugo Teixeira Gomes⁽¹⁾, Ana Cristina Miranda Brasileiro⁽²⁾ e Patrícia Messenberg Guimaraes⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: patricia.guimaraes@embrapa.br

Resumo-O gene AsTIR19, isolado da espécie silvestre *Arachis stenosperma*, codifica uma proteína truncada pertencente à família das NLRs (nucleotide-binding leucine-rich repeat), associada ao reconhecimento de patógenos e à ativação de respostas de defesa em plantas. Estudos prévios com plantas-modelo demonstraram que a superexpressão de AsTIR19 proporciona resistência contra diversos fungos fitopatogênicos. Assim, o presente trabalho teve como objetivo obter plantas transgênicas de tomateiro (*Solanum lycopersicum*, cv. Micro-Tom) que superexpressam esse gene de forma estável, além de avaliar o padrão de segregação e os efeitos fenotípicos dessa modificação. Para isso, sementes T1 derivadas de oito eventos primários de transformação foram germinadas em placas de Petri e, posteriormente, as plântulas foram transplantadas para copos com mistura de terra e substrato (3:1), onde permaneceram por 30 dias. O padrão de segregação foi avaliado por PCR, e as plantas transgênicas confirmadas foram cultivadas em casa de vegetação até o fim do ciclo. A taxa média de germinação dos eventos foi de 40%, e os índices de segregação dos transgenes se aproximaram da proporção mendeliana esperada de 3:1. Durante o desenvolvimento, as plantas transgênicas apresentaram crescimento vegetativo e reprodutivo semelhantes ao controle não transgênico, com produtividade média de 550 sementes por planta. Esses resultados indicam que a introdução e a superexpressão de AsTIR19 não causaram efeitos pleiotrópicos negativos no desenvolvimento das plantas T1, validando o potencial do gene como ferramenta no melhoramento genético para resistência a patógenos em culturas de interesse agrônomico.

Termos para indexação: Solanaceae, transgenia, avanço de geração, segregação genética, produção de sementes.



Superexpressão do gene AdMLP11 na mitigação da seca recorrente

Hugo Teixeira Gomes⁽¹⁾, Adrien Charles Aurelien Speck⁽¹⁾, Arthur da Costa Ferreira⁽¹⁾, Ana Cristina Miranda Brasileiro⁽⁴⁾ e Patrícia Messenberg Guimaraes⁽⁵⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: patricia.guimaraes@embrapa.br

Resumo - A memória ao estresse é um mecanismo adaptativo que possibilita às plantas reterem as informações biológicas de eventos de estresse passados, como a seca, para melhor responderem a eles no futuro. Objetivou-se avaliar a superexpressão do gene que codifica a proteína principal do látex (MLP) isolado de *Arachis duranensis* (AdMLP11) e previamente identificado como gene de memória do tipo 'revised-response', como estratégia de tolerância à seca recorrente em *Nicotiana tabacum*. Para isso, plântulas de três linhagens independentes, superexpressando o gene AdMLP11 em geração T1, mantidas em hidroponia, foram divididas, junto com plantas não transgênicas (WT), em um grupo irrigado, cultivado em solução nutritiva ao longo de todo o ensaio, e um grupo estressado, submetido a quatro ciclos sucessivos de seca, retirando a solução do sistema por 72 horas, seguidos de 48 horas de reidratação. Ao final do último ciclo de seca foram avaliadas a morfologia e a biomassa seca dos cultivos. Verificou-se nas plantas WT do grupo estressado, que à medida que os ciclos de seca progrediam, os sintomas de desidratação aumentaram gradativamente. Enquanto isso, nas linhagens transgênicas, além dos sintomas de seca terem sido mais brandos em comparação com o WT estressado, observou-se ainda que as plantas demonstraram maior capacidade de recuperação após a reidratação. Nas linhagens transgênicas constatou-se também que a perda de biomassa seca (73,5 %), em relação ao controle irrigado, foi consideravelmente menor que a das plantas WT estressadas (88,6 %). Concluiu-se que a superexpressão do gene AdMLP11 em tabaco aumenta a tolerância à seca recorrente.

Termos para indexação: mudanças climáticas, memória transcricional, melhoramento genético, planta modelo, *Nicotiana tabacum*.



Avaliação da expressão de genes de defesa em plantas de tomateiro Cv. microtom superexpressando uma endoquitinase⁽¹⁾

Ana Clara Muniz Martins Vilela⁽²⁾, Lucas José de Sousa⁽²⁾, Osmundo Brilhante de Oliveira Neto⁽³⁾ e Angela Mehta⁽⁴⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio da Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAP-DF). ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Professor, Centro Universitário Unieuro, Brasília, DF.

⁽⁴⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília – DF. E-mail autor correspondente: angela.mehta@embrapa.br

Resumo - A ativação de mecanismos de defesa é essencial para que as plantas consigam resistir à infecção por patógenos. A superexpressão de genes relacionados à degradação de componentes da parede celular fúngica, como as endoquitinases, pode atuar como gatilho para modulação de outras vias de defesa. Neste trabalho, objetivou-se quantificar a expressão da endoquitinase em três linhagens transgênicas superexpressando o gene BoCHB4 de *Brassica oleracea*, bem como verificar o efeito da superexpressão na expressão de genes de defesa associados a respostas imunes. Para isso, as linhagens transgênicas #1, #2 e #3 e plantas wild type foram cultivadas em casa de vegetação, sob condições controladas de temperatura e fotoperíodo, e confirmada a inserção do transgene por meio de PCR utilizando KOD One™ PCR Master Mix. Aos 15 dias após a emergência, as plantas foram coletadas para extração de RNA total com uso de Trizol, seguido do tratamento com DNase I para eliminação de gDNA e síntese de cDNA utilizando Go Script Reverse Transcription System. A RT-qPCR foi realizada utilizando primers específicos para o transgene BoCHB4 e genes de defesa de tomateiro induzidos por fitopatógenos. Os resultados evidenciaram que houve a superexpressão do transgene nas três linhagens analisadas. Além disso, alguns genes de defesa foram induzidos, indicando um possível efeito da superexpressão da endoquitinase na modulação de vias de defesa contra fitopatógenos. A análise da expressão gênica, realizada aos 15 dias após a emergência, evidenciou diferenças entre as plantas transgênicas e o controle, sugerindo que a presença do transgene pode ativar mecanismos de defesa mesmo na ausência do estresse biótico, contribuindo para uma resposta preventiva mais eficiente.

Termos para indexação: superexpressão, endoquitinase, Micro-Tom, qPCR, defesa vegetal.



Influência da quantidade de camadas de células nos complexos-cumulus-ovócitos na eficiência da Tifoi em bovinos⁽¹⁾

Guilherme Nassif Marcomini⁽²⁾ e Margot Alves Nunes Dode⁽³⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio financeiro da Fundação de Apoio a Pesquisa (FAP-DF), ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: margot.dode@embrapa.br

Resumo - O objetivo deste estudo foi avaliar o impacto da quantidade de camadas de células do cumulus na eficiência da transferência intrafolicular de ovócitos imaturos (TIFOI). Complexos-cumulus-ovócitos (CCOs) foram obtidos a partir de ovários de abatedouro, selecionados, medidos e distribuídos em dois grupos: muitas CC (M-CCs), e poucas CC (P-CCs), apresentando diâmetro médio de 1956,42 µm (M-CCs) e 1089,84 µm (P-CCs; n=410). Esses dois grupos foram utilizados na TIFOI. Após a maturação *in vivo* e recuperação por aspiração folicular, foram formados quatro grupos experimentais para comparar a produção *in vitro* de embriões entre ovócitos maturados *in vivo* (TIFOI) e *in vitro* (MIV): TIFOI M-CCs e P-CCs, MIV M-CCs e P-CCs. As injeções intrafoliculares seguiram a metodologia Embrapa TIFOI® e os dados foram analisados pelo teste de qui-quadrado. A taxa de recuperação foi maior no grupo P-CCs (166/410 injeções = 40,4%) em comparação ao grupo M-CCs (124/370 injetados = 33,5%). Quanto ao desenvolvimento embrionário, não houve diferença significativa entre M-CCs e P-CCs quanto às taxas de clivagem e de blastocistos nos dias 6 e 7 de cultivo (51,4% e 60%; 4,6% e 8,6%; 17,75% e 22%, respectivamente). Embora os grupos MIV não tenham diferido entre si, observou-se diferença na taxa de blastocistos no D7 entre os grupos TIFOI (20,2%) e MIV (44,8%). Os resultados indicam que a menor quantidade de camadas de células do cúmulo favorece a recuperação dos CCOs após TIFOI, mas não afeta a produção embrionária.

Termos para indexação: Embrião, maturação, taxa de recuperação.



Metodologia alternativa para a produção de esporos de *Moniliophthora Perniciosa*, sem o uso de vassouras secas

Dayanne Moura Silva⁽¹⁾, Thifany Nayan de Sousa Pires da Silva⁽¹⁾, Lucilia Helena Marcellino⁽²⁾ e Loeni Ludke Falcão⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽³⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: loeni.falcao@embrapa.br

Resumo - *Moniliophthora perniciosa* é o agente causal da vassoura-de-bruxa, doença que afeta o cacau no Brasil, podendo comprometer até 90% da produção. Os métodos de controle manejo cultural, variedades resistentes e controle biológico, muitas vezes ineficientes ou de difícil aplicação em larga escala, o que torna essencial a produção de esporos viáveis para estudos em laboratório. As metodologias atuais dependem de material vegetal, como vassouras secas colonizadas, ou seja, ramos mortos após a infecção pelo fungo, nem sempre disponíveis. Este trabalho tem como objetivo desenvolver uma metodologia alternativa para induzir o crescimento de basidiomas e a produção de esporos do fungo em substratos sem o uso de vassouras secas. Assim, a técnica chinesa JunCao para crescimento de macrofungos foi adaptada utilizando diferentes substratos vegetais e agroindustriais. Inicialmente, o micélio foi cultivado em meio Batata Dextrose Ágar e usado para produzir o inóculo primário em combinações de grãos: arroz e aveia, arroz e milho, vermiculita e aveia, e vermiculita e milho. Em seguida, foram testadas formulações de substrato, considerando a possibilidade de crescimento do micélio na fase necrotrófica, sendo: F1 – amêndoas de cacau, F2 – galhos de cacau, F3 – folhas de cacau, F4 – casca de frutos de cacau, todos suplementados com gesso, farelo de milho e água. Cada formulação foi acondicionada em sacos de polipropileno contendo material base (~800 g), gesso (~30 g), farelo de milho (~200 g) e água, totalizando 2 kg. As formulações foram autoclavadas por 90 min, a 121 °C, inoculadas e incubadas por 24 dias, a 24 °C. As combinações arroz, milho e arroz e aveia apresentaram a melhor produção de inóculo. As formulações F2, F3 e F4 apresentaram crescimento expressivo do fungo e seguem em monitoramento para proceder à etapa de frutificação. Este resultado indica a viabilidade da metodologia para futura obtenção de esporos.

Termos para indexação: *Moniliophthora perniciosa*, técnica juncao, vassoura de bruxa, Theobroma.



Suplementação com melatonina na PIVE bovina: produção embrionária, expressão gênica e padrões de metilação

Hallya Beatriz Sousa Amaral⁽¹⁾, Ana Caroline Chaves Vall Nicolás⁽¹⁾, Laryssa Ketelyn Lima Pimenta⁽¹⁾, José Eduardo Vieira Chaves⁽¹⁾, Márcia Marques Silveira⁽²⁾, Maurício Machaim Franco⁽³⁾ e Margot Alves Nunes Dode⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Fundação de Amparo à Pesquisa do Distrito Federal (FAP-DF), Brasília, DF. Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF.

Resumo - A melatonina tem efeitos benéficos bem estabelecidos durante a MIV e CIV, especialmente por sua ação antioxidante e na modulação do metabolismo e de mecanismos epigenéticos. No entanto, em bovinos, esses efeitos ainda são pouco explorados, particularmente quanto à suplementação contínua durante toda a PIVE. Este estudo avaliou a estratégia de suplementação mais eficaz para otimizar os resultados da PIVE bovina, considerando a produção embrionária, expressão gênica e metilação global do DNA. Ovócitos bovinos foram coletados de ovários de abatedouro e alocados em quatro grupos: Controle (sem melatonina), MIV + Mlt, CIV + Mlt e MIV/CIV + Mlt (10<U+207B><U+2079> M). Foram registradas as taxas de clivagem (D2) e de blastocisto (D6 e D7). Em D7, os embriões foram analisados quanto à expressão gênica (SOD1, GSS, CAT, CPT1A, PLIN2, PPRA<U+F067>, TET1, TET2, TET3, DNMT3A e DNMT3B), metilação de DNA (Satellite I e LINE-1) e criotolerância. As taxas de blastocisto em D7 foram significativamente maiores nos grupos MIV + Mlt (43%) e CIV + Mlt (44%) do que nos grupos Controle (35%) e MIV/CIV + Mlt (40%). A melatonina acelerou a cinética de desenvolvimento e aumentou a proporção de blastocistos expandidos e eclodidos. A expressão gênica revelou modulação de genes (SOD1, GSS, CAT) e epigenéticos (TET1, TET3, DNMT3A), enquanto a metilação foi reduzida nas regiões repetitivas. Apesar das melhorias na qualidade embrionária, a criotolerância não foi alterada. Conclui-se que a melatonina exerce efeitos positivos multifatoriais, sendo mais eficaz quando suplementada durante a CIV.

Termos para indexação: antioxidante, epigenética, espécies reativas de oxigênio, qualidade embrionária, suplementação.



Determinação da CL50 do dicloroisocianurato de sódio (Hidrossan®) em sementes de alface para controle de contaminação in vitro⁽¹⁾

Ana Vitória Coelho de Castro e Souza⁽²⁾, Rennan Oliveira Meira⁽²⁾ e Jonny Everson Scherwinski-Pereira⁽³⁾

⁽¹⁾Trabalho realizado com apoio da Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAP-DF). ⁽²⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisador, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: jonny.pereira@embrapa.br

Resumo - A eficácia do controle de contaminação no cultivo in vitro depende da concentração e tempo de exposição à solução desinfetante, os quais variam conforme a sensibilidade dos tecidos vegetais. Este estudo teve como objetivo determinar a concentração letal 50% (CL50) do desinfetante comercial Hidrossan® (princípio ativo: 65% de dicloroisocianurato de sódio) em sementes de alface (*Lactuca sativa*), como bioindicador, a fim de identificar a concentração que compromete 50% das sementes sem eliminar totalmente a sua capacidade germinativa. Foram testadas quatro concentrações do princípio ativo (0,1%, 0,2% e 0,4%), calculadas com base nos 65% de dicloroisocianurato de sódio presentes no Hidrossan®, além de um controle com água destilada. Cada tratamento contou com quatro repetições de 20 sementes. A germinação foi monitorada diariamente por sete dias, permitindo o cálculo das taxas de germinação e mortalidade. A CL50 foi estimada por regressão linear (dose-resposta), com coeficiente de determinação de 95%, a 5% de significância. Verificou-se que a concentração de 0,4% resultou em 100% de mortalidade, enquanto o tratamento controle apresentou 96,25% de germinação e 3,75% de mortalidade. Pela análise de regressão (dose-resposta), a CL50 foi estimada em $0,207\% \pm 0,013\%$ ($p < 0,05$), indicando que essa concentração pode ser eficaz na eliminação de microrganismos sem comprometer de forma significativa a viabilidade das sementes. Os resultados sugerem que o Hidrossan® pode ser ajustado para protocolos de desinfecção em cultivos in vitro, minimizando contaminações sem prejudicar tecidos vegetais sensíveis.

Termos para indexação: desinfecção in vitro, concentração letal 50%, microrganismos, germinação, *Lactuca sativa*.



Portfólio de microrganismos de ambientes hipersalinos da baixada litorânea nordestina de cultivo raro ou com potencial pré-tecnológico para a agricultura e a bioindústria nacionais

Rafael Botelho Rangel⁽¹⁾, Priscila Grynberg⁽²⁾ e Roberto Coiti Togawa⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: roberto.togawa@embrapa.br

Resumo - Organismos extremófilos, em especial os halotolerantes, possuem elevado potencial biotecnológico ainda pouco explorado, e os dados genômicos disponíveis sobre esses microrganismos são escassos. Suas características únicas os tornam promissores para diversas aplicações na agroindústria, como a transformação enzimática de biomassa lignocelulósica, produção de biocombustíveis e desenvolvimento de cultivares tolerantes à seca. Com o objetivo de ampliar o portfólio genômico de interesse da Embrapa, foram caracterizadas 14 estirpes isoladas da baixada litorânea nordestina, majoritariamente do gênero *Halobacillus*. Os genomas foram anotados com a ferramenta Prokka e analisados em três eixos principais: filogenia, produção de metabólitos secundários e perfil enzimático. A análise filogenômica, com ANIClusterMap e OrthoFinder, indicou a presença de ao menos seis prováveis espécies entre os isolados. Os clusters de biossíntese de metabólitos secundários foram identificados com o antiSMASH, categorizados e organizados para análises posteriores. O perfil enzimático, com foco em enzimas ativas sobre carboidratos, foi traçado a partir do cruzamento com o banco CAZy por meio de buscas Blastp, com posterior visualização gráfica no Krona. Os resultados foram integrados em uma página web interativa, desenvolvida para uso interno, visando facilitar o acesso aos dados e apoiar futuras pesquisas. Espera-se que essa iniciativa contribua para a valorização e aplicação de microrganismos extremófilos em soluções sustentáveis voltadas à agropecuária.

Termos para indexação: extremófilos, halotolerância, bioinformática, filogenia, metabólitos secundários, enzimas.



Perfil de expressão de novos potenciais fatores de susceptibilidade em tomate

Isabela Pereira⁽¹⁾, Marcela Gomes Rodrigues⁽¹⁾, Abner Reurisson de Medeiros Palhares⁽¹⁾, Angela Mehta⁽²⁾, Lucas Oliveira Netto⁽¹⁾, Lucas José de Sousa⁽¹⁾ e Priscila Grynberg⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: priscila.grynberg@embrapa.br

Resumo - Ao longo da história evolutiva, as plantas desenvolveram mecanismos de defesa sofisticados para neutralizar ameaças patogênicas, impulsionando uma dinâmica corrida coevolutiva entre hospedeiros e invasores. Essa interação frequentemente força os patógenos a se adaptarem, explorando vulnerabilidades moleculares no hospedeiro, especialmente através da manipulação de genes de suscetibilidade (S-genes), que facilitam o estabelecimento e a progressão da doença. Este estudo teve como objetivo identificar S-genes compartilhados por três importantes fitopatógenos do tomateiro: a bactéria *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *perforans* (Xep) e os fungos *Verticillium dahliae* e *Sclerotinia sclerotiorum*. Utilizando qRT-PCR, analisamos a expressão de genes associados a processos celulares críticos em estágios iniciais e tardios da infecção. Para *Sclerotinia*, observamos indução sustentada de BGLU (β -glucosidase) em todos os tempos (6-48 hpi), ativação precoce de XTH (6-12 hpi) e indução tardia de TIFY e FH2 (12-48 hpi). Em *Verticillium*, TIFY e UNK1 foram consistentemente reprimidos (8-52 hpi), enquanto FH2 e eIF4E1 mantiveram-se ativados. Já para Xep (24 hpi), destacou-se a alta indução de GST (>100x) e TIFY (24x). Padrões contrastantes emergiram: TIFY foi induzido por *Sclerotinia* e Xep, mas reprimido por *Verticillium*, sugerindo exploração patogênica distinta dependente do modo de vida. FH2 mostrou ativação consistente em ambos os fungos, indicando um papel central na suscetibilidade a patógenos necrotróficos. Estes resultados demonstram como patógenos com estratégias distintas modulam diferencialmente S-genes ligados à integridade da parede celular, detoxificação e sinalização hormonal. Ao identificar S-genes essenciais para a progressão da doença causada por patógenos diversos, este trabalho fornece uma base sólida para o desenvolvimento de novas estratégias de melhoramento genético, visando a criação de cultivares de tomateiro com resistência ampliada e durável por meio da edição genética de alvos precisos, oferecendo uma alternativa sustentável aos controles químicos convencionais.

Termos para indexação: genes de suscetibilidade, resistência recessiva, expressão gênica.



Método otimizado para extração do vírus da meleira a partir de látex do mamoeiro

Viviana Ramirez Rios⁽¹⁾, Ava de Faria Giubertti⁽¹⁾, Eliza Bellard do Nascimento⁽¹⁾, Marília Santos Silva Patriota⁽²⁾, Patrícia Machado Bueno Fernandes⁽¹⁾, Simone Ribeiro⁽²⁾ e Emanuel Felipe Medeiros Abreu⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: emanuel.abreu@embrapa.br

Resumo - A doença da meleira do mamoeiro causada pelo complexo viral *Papaya meleira virus 1 e 2* (PMeV1 e PMeV2) limita significativamente a produção de *Carica papaya* L. no Brasil. A doença altera os níveis de proteases nos laticíferos onde o vírus se acumula induzindo à exsudação de látex nos frutos e lesões necróticas nas folhas. A dinâmica de transmissão ainda não é totalmente compreendida. A localização exclusiva do vírus nos laticíferos levanta questões sobre os mecanismos de transmissão e persistência. Este estudo apresenta um protocolo otimizado de purificação e isolamento do complexo PMeV a partir do látex. O método combina centrifugação diferencial, ultracentrifugação em almofada de sacarose e separação por gradiente isopícnico de cloreto de célio (CsCl) para obter partículas virais com alto grau de pureza. Os resultados demonstraram o isolamento bem-sucedido de partículas virais em cinco frações do gradiente (super topo, topo, meio, baixo e ultra baixo) com uma concentração viral máxima de 12,84 mg/mL. A microscopia eletrônica de transmissão (MET) revelou partículas icosaédricas bem definidas (~42–50 nm), observadas em alta concentração. A extração de RNA e a amplificação por PCR confirmaram a presença dos vírus com amplicons de 302 pb (gene CP) e 850 pb (gene RdRP). O teste ELISA demonstrou forte reatividade antígeno-anticorpo, validando a imunogenicidade das proteínas virais purificadas. Este protocolo otimizado permite a purificação de partículas virais do complexo PMeV com alto rendimento, facilitando estudos estruturais, desenvolvimento de diagnósticos e pesquisas sobre mecanismos de transmissão viral.

Termos para indexação: *Papaya meleira* vírus, purificação viral, gradiente de CsCl, MET.



Obtenção de planta de tomateiro editada via CRISPR-Cas9 visando plantas resistentes à mancha bacteriana do tomateiro

Nátaly Duarte Lopes da Costa⁽¹⁾, Lucas José de Sousa⁽²⁾, Adriane Wendland Ferreira⁽³⁾ e Angela Mehta⁽⁴⁾

⁽¹⁾Doutoranda, Universidade Federal de Goiás, GO. ⁽²⁾Bolsista FAP-DF, Embrapa Recursos Genéticos, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO. ⁽⁴⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: angela.mehta@embrap.br

Resumo - O tomate está presente na mesa da população mundial, sendo necessária a produção durante todo o ano. A produtividade do fruto sofre importantes perdas devido a doenças como a mancha bacteriana do tomateiro, causada por espécies do gênero *Xanthomonas*, patógeno de difícil controle no campo. Pensando nesse fator, é necessária a busca por tecnologias que impeçam o avanço da doença pelas áreas de cultivo. Nesse sentido, o objetivo deste trabalho foi a obtenção de plantas editadas via CRISPR-Cas9 através do knockout do gene LIN6, apresentando resistência à patógenos do gênero *Xanthomonas*. Plantas de tomateiro MicroTom foram transformadas geneticamente via *Agrobacterium tumefaciens*, a fim de inserir a maquinaria CRISPR-Cas9 com gRNA visando o gene LIN6. Uma planta, proveniente desta transformação, positiva para a presença da Cas9 e editada na região alvo, foi cultivada em casa de vegetação para obtenção de progênie T1. Foram obtidas 163 sementes, das quais 43 foram semeadas em sementeira contendo substrato e houve a germinação de 28 sementes. As plantas obtidas foram testadas para a presença da Cas9, onde foi vista uma proporção de 3:1, atendendo a proporção mendeliana. As plantas T1 foram ainda submetidas à sequenciamento para observação da conservação da edição gênica ou novas edições em plantas que ainda possuem a maquinaria CRISPR-Cas9. A obtenção de plantas T1 editadas é um passo na busca por plantas de tomateiro resistentes a patógenos do gênero *Xanthomonas*, as quais serão utilizadas para obtenção de progênie T2, análise dos frutos e testes com o patógeno.

Termos para indexação: *Xanthomonas*, edição gênica, biotecnologia.



Síntese ajustada de nanopartículas de ouro para aplicação em imunoenaios de fluxo lateral

Lorran Kalil Oliveira Ramos⁽¹⁾, Breno Cunha Pinto Coelho⁽¹⁾, Viviana Ramirez Rios⁽¹⁾, Loeni Ludke Falcão⁽²⁾, Lucília Helena Marcellino⁽²⁾, Marcelo Henrique Sousa⁽³⁾ e Emanuel Felipe Medeiros Abreu⁽⁴⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Professor, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: emanuel.abreu@embrapa.br

Resumo - As nanopartículas de ouro possuem ressonância plasmônica de superfície (SPR), uma função óptico-eletrônica que permite seu uso em áreas como biossensores, nanomedicina e catálise. Para sua utilização, a obtenção de nanopartículas com características adequadas é essencial. Este trabalho teve como objetivo a otimização e padronização da síntese de nanopartículas de ouro (AuNP) com diâmetro alvo de 40 nanômetros para futura aplicação em imunoenaios de fluxo lateral (LFIA) visando a detecção de fitopatógenos em soja e mamão. A técnica segue o protocolo de Turkevich-Frens, no qual o íon citrato atua simultaneamente como agente redutor do precursor (ácido cloroáurico) e como agente estabilizador da superfície das AuNP criadas. Para regular o tamanho das partículas, a razão molar entre o agente redutor e o sal de ouro foi metodicamente variada. As amostras feitas foram avaliadas quanto ao diâmetro hidrodinâmico, medido pela dispersão dinâmica de Luz (DLS), e ao índice de polidispersão (PDI). Foram feitas cinco sínteses reprodutíveis, gerando AuNP com diâmetro médio entre 20 e 40 nanômetros e baixo índice de polidispersão (entre 0,1 e 0,3), indicando alta homogeneidade dos sistemas coloidais obtidos. As condições ideais levaram à criação de coloides com diâmetro médio de 40 nanômetros e índice de polidispersão de aproximadamente 0,3. O controle da razão molar entre os reagentes permitiu a produção de AuNP com atributos aptos para o avanço de biossensores, especificamente de imunoenaios de fluxo lateral. Este avanço é crucial para a próxima etapa de união com anticorpos, visando a criação de um teste rápido e de baixo custo.

Termos para indexação: ressonância plasmônica de superfície, lateral flow immuno assay, diagnóstico de fitopatógenos, índice de polidispersão.



Desenvolvimento de plantas de cana-de-açúcar geneticamente modificadas para o controle da broca gigante por piramidação de toxina cry e silenciamento gênico via RNAi

Mariana Santos Hildebrand⁽¹⁾, Leonardo Lima Pepino Macedo⁽²⁾, Thuanne Pires Ribeiro⁽¹⁾, Isabela Tristan Lourenço Tessutti⁽³⁾ e Maria Fátima Grossi de Sá⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: fatima.grossi@embrapa.br

Resumo - A broca gigante (*Telchin licus licus*) e a broca-da-cana (*Diatraea saccharalis*) são pragas de relevância econômica para a cultura da cana-de-açúcar no Brasil. Visando desenvolver uma estratégia genética robusta e de amplo espectro para o seu controle, este trabalho propõe a piramidação de dois mecanismos complementares: a expressão da toxina Cry de *Bacillus thuringiensis* e o silenciamento gênico por RNA de interferência (RNAi). A combinação de RNAi com toxina Cry oferece vantagens importantes, como maior eficácia, redução da pressão de seleção e mitigação da evolução da resistência. Inicialmente, quatro toxinas Cry foram avaliadas quanto à toxicidade em larvas neonatas de *D. saccharalis*, e a toxina Cry1Ac apresentou a maior atividade inseticida, com desempenho superior às demais, sendo escolhida para a construção genética. As plantas transgênicas foram desenvolvidas para expressar simultaneamente a toxina Cry1Ac e dsRNA visando o controle tanto de *T. licus licus* quanto de *D. saccharalis*. Entretanto, devido à dificuldade de obtenção e manutenção de colônias laboratoriais de *T. licus licus*, os bioensaios de seleção de eventos foram conduzidos com *D. saccharalis* em laboratório e casa de vegetação. Seis eventos transgênicos independentes apresentaram mortalidade superior a 80% contra *D. saccharalis*, sendo que dois eventos atingiram 100% de mortalidade. Os eventos candidatos demonstraram estabilidade molecular e bom desempenho fenotípico, estando aptos para avançar às etapas regulatórias de Liberação Planejada no Meio Ambiente (LPMA). Esses resultados destacam o potencial da piramidação de mecanismos moleculares para o controle sustentável de pragas-chave da canavicultura brasileira.

Termos para indexação: Broca gigante da Cana-de-açúcar, dsRNA, manejo integrado de pragas.



Edição de GmAIP10 Via CRISPR-Cas9 visando maior produtividade e resistência à estresse hídrico em soja

Sara Vitorino da Rocha Lemes⁽¹⁾, André Soares Campos⁽¹⁾, Nayara Sabrina de Freitas Alves⁽¹⁾, Carolina Vianna Morgante⁽²⁾ e Maria Fátima Grossi de Sá⁽²⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: fatima.grossi@embrapa.br

Resumo - As mudanças climáticas têm intensificado a frequência e severidade das estiagens, impactando a produtividade agrícola. A soja (*Glycine max*), principal commodity brasileira, demanda soluções biotecnológicas que ampliem sua resiliência ao estresse hídrico. Este projeto objetiva editar o gene GmAIP10, cuja repressão em *Arabidopsis* está associada à maior divisão celular, produção de biomassa e tolerância à seca. Foram desenhados RNAs guias específicos com base no genoma da cultivar Williams 82, utilizando a ferramenta CHOPCHOP para garantir especificidade e evitar off-targets. Os guias foram clonados em vetores compatíveis com o sistema Gateway, contendo promotores ativos em soja e a endonuclease Cas9 otimizada. A validação funcional foi feita em folhas destacadas transformadas com *Agrobacterium rhizogenes*, com indução de raízes cabeleiras. A eficiência de edição foi confirmada por PCR, sequenciamento e análise nas plataformas ICE e TIDE. Os guias mais eficientes foram utilizados na transformação estável. As plantas regeneradas foram analisadas por PCR e sequenciamento, e os eventos com edições confirmadas serão conduzidos até a geração T3. Plantas T3 editadas serão submetidas a bioensaio de seca (100%, 50% e 25% da capacidade do solo), com avaliação de variáveis fisiológicas (fotossíntese, transpiração e eficiência hídrica via IRGA) e análises bioquímicas de folhas e sementes (proteínas, açúcares e pigmentos). O projeto visa gerar cultivares mais produtivas e tolerantes, promovendo avanços na biotecnologia agrícola.

Termos para indexação: Soja, estresse hídrico, CRISPR-Cas9.



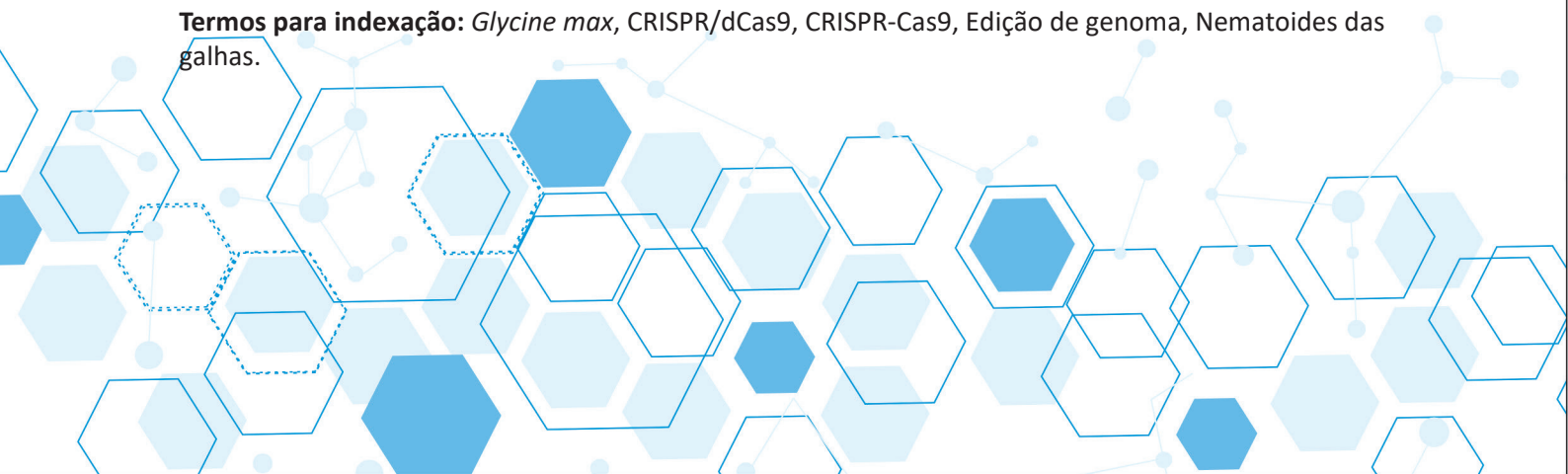
Modulação transcricional e traducional via CRISPR para a promoção da tolerância da soja a *Meloidogyne incognita*

Nayara Sabrina de Freitas Alves⁽¹⁾, Clidia Eduarda Moreira Pinto⁽²⁾, Lorena Sousa de Loiola Costa⁽³⁾, Gustavo Ruffo⁽⁴⁾, Ruth Elena Guzmán Ardiles⁽⁵⁾, Fabrício Barbosa Monteiro Arraes⁽⁶⁾, Maria Eugênia Lisei-De-Sá⁽⁷⁾, Bruno Paes de Melo⁽⁸⁾, Janice de Almeida Engler⁽⁹⁾, Yiping Qi⁽¹⁰⁾, Carolina Vianna Morgante⁽¹¹⁾ e Maria Fátima Grossi de Sá⁽¹²⁾

⁽¹⁾Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília-DF, Brasil. ⁽²⁾Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia, INCT PlantStress Biotech, Brasília-DF, Brasil. ⁽³⁾Universidade Federal Paraná, Curitiba-PR, Brasil. ⁽⁴⁾Universidade de Brasília, Brasília-DF, Brasil. ⁽⁵⁾Universidade Católica de Brasília, Brasília-DF, Brasil. ⁽⁶⁾INRAE, Université Côte d'Azur, CNRS, ISA, Sophia Antipolis, France. ⁽⁷⁾University of Maryland, College Park, USA. E-mail autor correspondente: nayara.alves@ufpr.br

Resumo - Os nematoides das galhas (NGs) podem causar perdas significativas na produção mundial de soja. Neste contexto, as tecnologias de melhoramento genético surgem como ferramentas para acelerar o desenvolvimento de novas cultivares tolerantes. O objetivo deste estudo, portanto, foi avaliar o potencial dos genes Expansina A (GmEXPA) e Expansina Like-B (GmEXPLB) na promoção da tolerância de *Glycine max* ao NGs *Meloidogyne incognita* utilizando tecnologias de modulação transcricional e traducional. O gene GmExpA foi selecionado por ser regulado negativamente no genótipo suscetível (BRS133) e tolerante (PI 595099). O gene GmExpLB foi escolhido com base em seu ortólogo em *Arachis duranensis*, AdEXLB8, que promove tolerância a nematoides. A modulação transcricional da GmEXPA e GmEXPLB via CRISPR/dCas9, realizada em raízes em cabeleira (hairy roots) de soja, causou reduções de 58,7% e 67,4% no número de galhas, respectivamente. Análises histológicas indicaram atrasos no desenvolvimento das galhas e a presença de células gigantes com conteúdo citoplasmático reduzido. Em seguida, três upstream open reading frames (uORFs) foram identificadas na região 5' UTR do gene GmExpLB. A região 5' UTR foi amplificada e clonada em um sistema repórter de luciferase dupla, contendo a Firefly luciferase (LUC) e a renilla luciferase (REN). Os códons de iniciação das uORFs foram deletados por mutagênese sítio-dirigida. A deleção das uORFs 2 e 1+2 aumentou a tradução da luciferase em 1,7 e 2,9 vezes em protoplastos de *Nicotiana benthamiana*, respectivamente. Posteriormente, foram desenvolvidas duas estratégias de edição para o nocaute das uORFs1+2 via CRISPR-Cas9. Essas abordagens utilizaram os sgrNAs 1+7 e 6+7, os quais foram validados em hairy roots de soja, resultando em eficiências de edição (EE) de 15,8% e 12,5%, respectivamente. Em seguida, a transformação estável de plantas com os sgrNAs1+7 gerou uma EE de 18,5%. Estes dados indicam que o método de depleção de uORFs apresenta potencial para modular a tradução do gene alvo e gerar plantas não-transgênicas tolerantes a NGs.

Termos para indexação: *Glycine max*, CRISPR/dCas9, CRISPR-Cas9, Edição de genoma, Nematoides das galhas.



Validação in planta do gene GMNBS no controle de fitonematoides formadores de galhas na cultura da soja

Naiara Cordeiro Santos⁽¹⁾, Isabela Tristan Lourenço-Tessutti⁽²⁾, Andressa Fabiane Faria de Souza⁽¹⁾, Gisele Pereira Domiciano⁽¹⁾, Luanna Pinheiro de Albuquerque Freitas Bezerra⁽¹⁾, Carolina Vianna Morgante⁽³⁾ e Maria Fatima Grossi de Sá⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: fatima.grossi@embrapa.br

Resumo - A soja (*Glycine max*), principal cultura agrícola do Brasil, enfrenta perdas significativas causadas pelos nematoides formadores das galhas (NFG), do gênero *Meloidogyne* spp., um desafio fitossanitário que compromete sua produtividade. Nesse contexto, diversas iniciativas de pesquisa têm explorado abordagens biotecnológicas inovadoras com o objetivo de mitigar os danos causados por nematoides. Este estudo objetiva a validação funcional em um sistema modelo do gene GmNBS (Glyma.13g194700), pertencente à classe dos genes de resistência (R) NBS-LRR, envolvidos no reconhecimento de efetores de patógenos e o desencadeamento de respostas de defesa. um potencial alvo para aumentar a resistência da soja a esse patógeno. Para isso, utilizaram-se abordagens de modulação gênica via CRISPR/dCas9 para ativar GmNBS em raízes em cabeleira (hairy roots) induzidas por *Agrobacterium rhizogenes* em genótipos suscetível e resistente aos NFG. A metodologia envolveu o desenho de RNAs guias na região promotora do gene GmNBS, a clonagem dos guias em vetores específicos de sistemas CRISPR/dCas9, a indução e transformação de hairy roots e a avaliação da expressão de GmNBS. Apesar da eficiência do sistema de transformação, os sgRNAs testados não induziram alterações significativas na expressão do GmNBS em comparação com os controles, indicando limitações no desenho dos guias ou na acessibilidade cromatínica. Esses resultados sugerem a necessidade de otimizar os sgRNAs e explorar promotores alternativos, como o AtU3, para maior eficácia. Contudo, o sistema de transformação de raízes demonstrou ser uma plataforma robusta para triagem de genes-alvo, com potencial para acelerar a validação funcional. Este estudo contribui para o desenvolvimento de cultivares de soja mais resilientes, promovendo a sustentabilidade agrícola e a segurança alimentar no Brasil, onde a soja é essencial para a economia e a alimentação global.

Termos para indexação: *Glycine max*, *Meloidogyne* spp., CRISPR-Cas9, *Agrobacterium rhizogenes*, genes de resistência (NBS-LRR).



Edição gênica em tomateiro por meio de CRISPR-Cas9 visando resistência à mancha bacteriana

Lucas José de Sousa⁽¹⁾, Osmundo Brilhante de Oliveira Neto⁽²⁾, Alice Maria Quezado Duval⁽³⁾, Luiz Eduardo Bassay Blum⁽⁴⁾ e Angela Mehta⁽⁵⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Professor, Centro Universitário Unieuro, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadora, Embrapa Hortaliças, Brasília, DF. ⁽⁴⁾Professor, Universidade de Brasília, Brasília, DF. ⁽⁵⁾Pesquisadores, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: angela.mehta@embrapa.br

Resumo - O sistema CRISPR/Cas tem viabilizado novas estratégias para conferir resistência de plantas a fitopatógenos, incluindo a resistência recessiva obtida por meio do nocaute de genes de suscetibilidade (genes S), cuja perda de função limita o desenvolvimento da doença. Este projeto teve como objetivo a edição do gene SITFIIA<U+03B3>, previamente associado à suscetibilidade do tomateiro à mancha bacteriana. Para isso, o vetor B357p9ioR-35sCasWT contendo a enzima Cas9 e um RNA-guia específico para o gene SITFIIA<U+03B3>, foi utilizado para induzir mutações gênicas na cultivar MicroTom. Foram obtidas sete linhagens T0 positivas para Cas9, apresentando mutações bialélicas e quiméricas na sequência alvo. Linhagens T1 e T2 com mutações bialélicas foram obtidas, e em algumas plantas da geração T2 foi observada a ausência do transgene Cas9, indicando segregação. Bioensaios com *Xanthomonas euvesicatoria* pv. *perforans* e *X. hortorum* pv. *gardineri* para avaliação da resistência, demonstraram que a edição gênica possibilitou o controle da doença.

Termos para indexação: Genes de suscetibilidade, Resistência recessiva, Edição gênica.



Otimização de sistema de edição de genoma livre de DNA por CRISPR-Cas9 via entrega de ribonucleoproteínas por bombardeamento

Gustavo Ruffo⁽¹⁾, Isabela Tristan Lourenço Tessutti⁽²⁾, Fabrício Barbosa Monteiro Arraes⁽¹⁾, Nayara Sabrina de Freitas Alves⁽¹⁾, Carolina Vianna Morgante⁽³⁾ e Maria Fátima Grossi de Sá⁽³⁾

⁽¹⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. ⁽³⁾Pesquisadoras, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF. E-mail autor correspondente: fatima.grossi@embrapa.br

Resumo - Os sistemas de edição de genoma CRISPR-Cas9 emergiram como ferramenta promissora para o melhoramento genético de plantas. Tradicionalmente, metodologias de entrega utilizam fragmentos de DNA, o que enquadra cultivares editadas em regulamentações para organismos geneticamente modificados. Técnicas livres de DNA, nas quais são realizadas as entregas dos componentes em forma de RNP (ribonucleoproteína) ou em RNA, apresentam uma alternativa promissora para acelerar o melhoramento. Neste trabalho, otimizou-se um protocolo de edição livre de DNA para soja (*Glycine max* L.) via bombardeamento de RNPs complexadas a partículas de ouro para eixos embrionários. A expressão heteróloga da Cas9 de *Staphylococcus aureus* (SaCas9) foi realizada em *E. coli* BL21 pLysS. RNAs guias foram desenhados e sintetizados in vitro para alvejar o gene fitoene desaturase (GmPDS), cuja depleção causa albinismo. foram testadas variações na pressão do bombardeamento, número de tiros e o tempo de sonicação dos embriões. Plantas regeneradas com aparente perda de pigmentação foram pré-selecionadas para sequenciamento Sanger. Análises pelo algoritmo ICE (Synthego) indicaram 8% de eficiência em um dos tratamentos. Em seguida, o protocolo foi aplicado para o gene da proteína de interação com ABAP1 (AIP10), visando aumento de biomassa. Edições foram detectadas em 20% das plantas regeneradas. Resultados preliminares da caracterização em T1 indicam herdabilidade das mutações. O presente sistema apresenta uma alternativa promissora para acelerar o melhoramento genético da soja por edição de genoma, evitando embargos regulatórios aplicados a OGM.

Termos para indexação: *Glycine max*, livre de transgenia, RNP, biolística.



Engenharia genética de precisão via Crispr para modulação do circuito DCD/NRP e da morte celular programada, visando aumento da tolerância à seca em soja

Luanna Pinheiro de Albuquerque Freitas Bezerra⁽¹⁾, Isabela Tristan Lourenço Tessutti⁽²⁾, Gisele Pereira Domiciano⁽³⁾, Carolina Vianna Morgante⁽⁴⁾, Bruno Paes de Melo⁽⁵⁾, Fabrício Barbosa Monteiro Arraes⁽³⁾, Nelson Geraldo de Oliveira⁽³⁾, Mariana Santos Hildebrand⁽³⁾, Naiara Cordeiro Santos⁽¹⁾, Sara Vitorino da Rocha Lemes⁽³⁾, Rosângela Andrade Vieira⁽³⁾, Elizabeth Pacheco Batista Fontes⁽⁶⁾ e Maria Fátima Grossi de Sá⁽⁴⁾

⁽¹⁾Bolsista, Universidade Católica de Brasília - UCB, Brasília, DF, ⁽²⁾Analista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽³⁾Bolsista, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽⁴⁾Pesquisadora, Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, ⁽⁵⁾Pesquisador, Centro de Tecnologia Canaveieira, Piracicaba - SP, ⁽⁶⁾Professora, Universidade Federal de Viçosa, MG. E-mail autor correspondente: luannapinheiro@gmail.com

Resumo - Compreender os mecanismos moleculares associados à tolerância à seca é fundamental para o melhoramento genético de cultivares frente às mudanças climáticas. Dessa forma, neste estudo, foram empregadas duas estratégias baseadas no sistema CRISPR para reduzir a sensibilidade da soja à seca. Para tanto, objetivou-se a repressão da via de morte celular programada (MCP) mediada por proteínas ricas em asparagina com domínios de desenvolvimento e morte celular (DCD/NRP). Na primeira estratégia, foi utilizado sistema CRISPR/dCas9-VP64 para superexpressão do gene GmBiP, regulador negativo do circuito DCD/NRP. Na geração T3, plantas superexpressando GmBiP via CRISPR/dCas9-VP64 apresentaram repressão dos genes do circuito DCD/NRP, sendo selecionadas para ensaios de déficit hídrico em três níveis de capacidade de campo (CC) (100%, 50% e 25%). Em 25% da CC, essas plantas apresentaram, em relação às wild type (WT) e GmBiPox (plantas superexpressando GmBiP via promotor constitutivo pUceS8.3), aumentos na assimilação líquida de CO₂ (147%), condutância estomática (57%), transpiração (45%), eficiência do uso da água (73%) e eficiência intrínseca do uso da água (59%), além de maior atividade de enzimas antioxidantes e menor acúmulo de malondialdeído. Na segunda estratégia, foi realizado nocaute do gene GmNAC30 (regulador positivo do circuito DCD/NRP e da MCP) via CRISPR-Cas9. Plantas de soja foram editadas com um ou dois sgRNAs, apresentando eficiências de edição de 26,66% (T0) e 19,6% (T3), respectivamente, com detecção de eventos com edição em homozigose. Para avaliar o impacto da edição na tolerância à seca, ensaios sob déficit hídrico com delineamento experimental equivalente ao da primeira estratégia foram conduzidos. As análises fisiológicas e bioquímicas estão em fase de execução. Os resultados evidenciam que a superexpressão de GmBiP via CRISPR/dCas9-VP64 apresenta maior precisão e eficiência, promovendo desempenho fisiológico superior sob seca. A edição de GmNAC30 configura uma estratégia promissora que, por não envolver transgenia, tende a enfrentar menos restrições regulatórias.

Termos para indexação: estresse de retículo endoplasmático, edição de genomas, modulação genética, GmBiP, GmNAC30.



MINISTÉRIO DA
AGRICULTURA E
PECUÁRIA