

ALAN MARIO ZUFFO
JORGE GONZÁLEZ AGUILERA
ORGANIZADORES

PESQUISAS AGRÁRIAS E AMBIENTAIS

Volume V



Pantanal Editora

2021

Alan Mario Zuffo
Jorge González Aguilera
Organizadores

PESQUISAS AGRÁRIAS E AMBIENTAIS
VOLUME V



Pantanal Editora

2021

Copyright© Pantanal Editora
Copyright do Texto© 2021 Os Autores
Copyright da Edição© 2021 Pantanal Editora
Editor Chefe: Prof. Dr. Alan Mario Zuffo
Editores Executivos: Prof. Dr. Jorge González Aguilera
Prof. Dr. Bruno Rodrigues de Oliveira

Diagramação: A editora

Edição de Arte: A editora. Imagens de capa e contra-capa: Canva.com

Revisão: O(s) autor(es), organizador(es) e a editora

Conselho Editorial

- Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – OAB/PB
- Profa. Msc. Adriana Flávia Neu – Mun. Faxinal Soturno e Tupanciretã
- Profa. Dra. Albys Ferrer Dubois – UO (Cuba)
- Prof. Dr. Antonio Gasparetto Júnior – IF SUDESTE MG
- Profa. Msc. Aris Verdecia Peña – Facultad de Medicina (Cuba)
- Profa. Arisleidis Chapman Verdecia – ISCM (Cuba)
- Prof. Dr. Arinaldo Pereira da Silva – UFESSPA
- Prof. Dr. Bruno Gomes de Araújo - UEA
- Prof. Dr. Caio Cesar Enside de Abreu – UNEMAT
- Prof. Dr. Carlos Nick – UFV
- Prof. Dr. Claudio Silveira Maia – AJES
- Prof. Dr. Cleberton Correia Santos – UFGD
- Prof. Dr. Cristiano Pereira da Silva – UEMS
- Profa. Ma. Dayse Rodrigues dos Santos – IFPA
- Prof. Msc. David Chacon Alvarez – UNICENTRO
- Prof. Dr. Denis Silva Nogueira – IFMT
- Profa. Dra. Denise Silva Nogueira – UFMG
- Profa. Dra. Dennyura Oliveira Galvão – URCA
- Prof. Dr. Elias Rocha Gonçalves – ISEPAM-FAETEC
- Prof. Me. Ernane Rosa Martins – IFG
- Prof. Dr. Fábio Steiner – UEMS
- Prof. Dr. Fabiano dos Santos Souza – UFF
- Prof. Dr. Gabriel Andres Tafur Gomez (Colômbia)
- Prof. Dr. Hebert Hernán Soto Gonzáles – UNAM (Peru)
- Prof. Dr. Hudson do Vale de Oliveira – IFRR
- Prof. Msc. Javier Revilla Armesto – UCG (México)
- Prof. Msc. João Camilo Sevilla – Mun. Rio de Janeiro
- Prof. Dr. José Luis Soto Gonzales – UNMSM (Peru)
- Prof. Dr. Julio Cezar Uzinski – UFMT
- Prof. Msc. Lucas R. Oliveira – Mun. de Chap. do Sul
- Profa. Dra. Keyla Christina Almeida Portela – IFPR
- Prof. Dr. Leandris Argentele-Martínez – Tec-NM (México)
- Profa. Msc. Lidiene Jaqueline de Souza Costa Marchesan – Consultório em Santa Maria
- Prof. Dr. Marco Aurélio Kistemann – UFJF
- Prof. Msc. Marcos Pisarski Júnior – UEG
- Prof. Dr. Marcos Pereira dos Santos – FAQ
- Prof. Dr. Mario Rodrigo Esparza Mantilla – UNAM (Peru)
- Profa. Msc. Mary Jose Almeida Pereira – SEDUC/PA
- Profa. Msc. Nila Luciana Vilhena Madureira – IFPA
- Profa. Dra. Patrícia Maurer
- Profa. Msc. Queila Pahim da Silva – IFB
- Prof. Dr. Rafael Chapman Auty – UO (Cuba)
- Prof. Dr. Rafael Felipe Ratke – UFMS
- Prof. Dr. Raphael Reis da Silva – UFPI
- Prof. Dr. Ricardo Alves de Araújo – UEMA
- Prof. Dr. Wéverson Lima Fonseca – UFPI
- Prof. Msc. Wesclen Vilar Nogueira – FURG
- Profa. Dra. Yilan Fung Boix – UO (Cuba)
- Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – UFT

Conselho Técnico Científico

- Esp. Joacir Mário Zuffo Júnior

- Esp. Maurício Amormino Júnior
- Esp. Tayronne de Almeida Rodrigues
- Lda. Rosalina Eufrausino Lustosa Zuffo

Ficha Catalográfica

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
(eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)**

P472 Pesquisas agrárias e ambientais [livro eletrônico] : volume V / Organizadores Alan Mario Zuffo, Jorge González Aguilera. – Nova Xavantina, MT: Pantanal Editora, 2021. 191p.

Formato: PDF

Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader

Modo de acesso: World Wide Web

ISBN 978-65-88319-70-3

DOI <https://doi.org/10.46420/9786588319703>

1. Ciências agrárias – Pesquisa – Brasil. 2. Meio ambiente.
3. Sustentabilidade. I. Zuffo, Alan Mario. II. Aguilera, Jorge González.
CDD 630

Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422

O conteúdo dos e-books e capítulos, seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva do(s) autor (es) e não representam necessariamente a opinião da Pantanal Editora. Os e-books e/ou capítulos foram previamente submetidos à avaliação pelos pares, membros do Conselho Editorial desta Editora, tendo sido aprovados para a publicação. O download e o compartilhamento das obras são permitidos desde que sejam citadas devidamente, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais, exceto se houver autorização por escrito dos autores de cada capítulo ou e-book com a anuência dos editores da Pantanal Editora.



Pantanal Editora

Rua Abaete, 83, Sala B, Centro. CEP: 78690-000. Nova Xavantina – Mato Grosso – Brasil.
Telefone (66) 99682-4165 (Whatsapp).
<https://www.editorapantanal.com.br>
contato@editorapantanal.com.br

APRESENTAÇÃO

As áreas de Ciências Agrárias e Ciências Ambientais são importantes para a humanidade. De um lado, a produção de alimentos e do outro a conservação do meio ambiente. Ambas, devem ser aliadas e são imprescindíveis para a sustentabilidade do planeta. A obra, vem a materializar o anseio da Editora Pantanal na divulgação de resultados, que contribuem de modo direto no desenvolvimento humano.

O e-book “Pesquisas Agrárias e Ambientais Volume V” é a continuação de uma série de volumes de e-books com trabalhos que visam otimizar a produção de alimentos, o meio ambiente e promoção de maior sustentabilidade nas técnicas aplicadas nos sistemas de produção das plantas e animais. Ao longo dos capítulos são abordados os seguintes temas: construção de habitação popular para pessoas de baixa renda, modelos baseados em processos aplicados à ciência florestal, efeito alelopático de *Ateleia glazioveana* Baill na germinação de picão-preto e soja, análise da viabilidade econômica de reconstituição de pastagens no sistema tradicional e consorciado, utilização do resíduo do mamão em processos biotecnológicos para produção de ração animal, valorização do coproduto do melão para a ração animal, seletividade de inseticidas a *Trichogramma Pretiosum* em ovos de *Helicoverpa Armigera*, efeito da temperatura base para emissão de nós e soma térmica do feijão-de-porco, efeito da temperatura no trigo, análise multitemporal da cobertura vegetal no município de Paracambi, caracterização e modelos estatísticos para estimativa do volume de frutos de babaçu, desempenho agrônômico de cultivares de alface crespa em duas épocas de cultivo, marcadores moleculares utilizados para estudo da diversidade genética de plantas ameaçadas de extinção no Brasil, análise de transição do uso e cobertura do solo em área de preservação permanente, coinoculação de *Bradyrhizobium* e *Azospirillum* associada à aplicação de estimulantes na soja, sistema de tratamento de esgoto doméstico de baixo custo para residências familiares. Portanto, esses conhecimentos irão agregar muito aos seus leitores que procuram promover melhorias quantitativas e qualitativas na produção de alimentos e do ambiente, ou melhorar a qualidade de vida da sociedade. Sempre em busca da sustentabilidade do planeta.

Aos autores dos capítulos, pela dedicação e esforços sem limites, que viabilizaram esta obra que retrata os recentes avanços científicos e tecnológicos na área de Ciência Agrárias e Ciências Ambientais Volume V, os agradecimentos dos Organizadores e da Pantanal Editora. Por fim, esperamos que este e-book possa colaborar e instigar mais estudantes e pesquisadores na constante busca de novas tecnologias e avanços para as áreas de Ciências Agrárias e Ciências Ambientais. Assim, garantir uma difusão de conhecimento fácil, rápido para a sociedade.

Alan Mario Zuffo
Jorge González Aguilera

SUMÁRIO


Apresentação	4
Capítulo I	7
Construção de habitação popular para pessoas de baixa renda com blocos estruturais ecológicos.....	7
Capítulo II	15
Modelos baseados em processos aplicados à ciência florestal: uma revisão do estado da arte.....	15
Capítulo III	28
Contribuição ao estudo alelopático de <i>Ateleia glazjoveana</i> Baill na germinação de picão-preto e soja.....	28
Capítulo IV	37
Análise da viabilidade econômica de reconstituição de pastagens no sistema tradicional e consorciado: estudo de caso	37
Capítulo V	49
Utilização do resíduo do mamão (<i>Carica papaya</i> L.) em processos biotecnológicos para produção de ração animal.....	49
Capítulo VI	59
Valorização do coproduto do melão (<i>Cucumis melo</i> L.) através de bioprocessos destinados a ração animal	59
Capítulo VII	68
Temperatura base para emissão de nós e soma térmica do feijão-de-porco.....	68
Capítulo VIII	77
Heatwave implications in wheat during heading phenophase	77
Capítulo IX	85
Análise multitemporal da cobertura vegetal no município de Paracambi – RJ	85
Capítulo X	110
Caracterização e modelos estatísticos para estimativa do volume de frutos de babaçu (<i>Attalea</i> sp.) de duas populações	110
Capítulo XI	121
Desempenho agrônômico de cultivares de alface crespa em duas épocas de cultivo no município de Uruçuí-PI	121
Capítulo XII	133
Marcadores moleculares utilizados para estudo da diversidade genética de plantas ameaçadas de extinção no Brasil.....	133
Capítulo XIII	142
Análise de transição do uso e cobertura do solo em área de preservação permanente na bacia hidrográfica do rio Maguari-açu/PA.....	142
Capítulo XIV	153

Coinoculação de <i>Bradyrhizobium</i> e <i>Azospirillum</i> associada à aplicação de estimulantes melhora o desenvolvimento inicial de plantas de soja.....	153
Capítulo XV	161
Sistema de tratamento de esgoto doméstico de baixo custo para residências familiares na região semiárida potiguar.....	161
Capítulo XVI	175
Análise biométrica e trocas gasosas na fase de floração da berinjela submetida às fontes e doses de potássio.....	175
Índice Remissivo	189
Sobre os organizadores	191


Marcadores moleculares utilizados para estudo da diversidade genética de plantas ameaçadas de extinção no Brasil

Recebido em: 15/05/2021


Aceito em: 18/05/2021


 10.46420/9786588319703cap12

Maria de Fatima Ribeiro Chicatte Lima^{1*} 


Letícia Cezar Kraetzig¹ 

Francisco Boelter Praça¹ 

Laura Wobeto Burtet¹ 

Raquel Stefanello¹ 

Tiago Azevedo Pereira¹ 

Estêvão de Lima Benhard¹ 

Liliana Essi¹ 

INTRODUÇÃO

O Brasil é considerado um país mega diverso, com diferentes biomas que permitem o desenvolvimento, reprodução e propagação de grande variedade de espécies. As plantas compõem um dos grupos mais estudados no Brasil, por sua grande diversidade e seus diversos usos. De acordo com a Flora do Brasil (Flora do Brasil, 2020), o Brasil apresenta 4.993 espécies de Algas, 35.553 espécies de Angiospermas, 1.610 espécies de Briófitas, 6.320 espécies de Fungos, 114 espécies de Gimnospermas e 1.403 espécies de Samambaias e Licófitas. Considerando apenas os grupos classicamente tratados como plantas (plantas avasculares, plantas vasculares sem sementes, gimnospermas e angiospermas), são 38.680 espécies de plantas (Flora do Brasil, 2020). Destas, aproximadamente 19.700 são consideradas endêmicas do país (Flora do Brasil, 2020).

A biodiversidade de plantas está cada vez mais em declínio no mundo e muitas espécies de plantas são consideradas ameaçadas de extinção. Essa perda de biodiversidade pode ser causada por muitos fatores, naturais ou de causa antrópica, como fragmentação e redução de hábitat, impactando diretamente na redução da biodiversidade (Forgiarini et al., 2017; Alencar et al., 2018; Planchuelo et al., 2020). Acredita-se que muitas espécies já foram extintas sem mesmo terem sido conhecidas (descritas) pela ciência (Sodhi et al., 2009; Brummitt et al., 2015). O estudo da biologia das espécies é essencial para a conservação das mesmas, e uma das estratégias para embasar as políticas conservacionistas é a geração de listas de espécies ameaçadas – as Listas Vermelhas. Tais listas dão o indicativo de *status* de conservação

¹ Universidade Federal de Santa Maria

*Autora correspondente: mchicatte1995@gmail.com

individual de cada espécie na natureza, sendo de extrema importância para o aumento da conservação (Ibrahima et al., 2013; Forgiarini et al., 2017).

Infelizmente, para as espécies ameaçadas de extinção existe uma grande deficiência de dados importantes para a caracterização das mesmas, os quais são essenciais para gerar estratégias de conservação e até mesmo para fundamentar estudos futuros. Dados sobre a genética das populações naturais, por exemplo, são muito importantes na compreensão das espécies, mas paradoxalmente são escassos para as espécies de plantas ameaçadas de extinção no Brasil, como demonstraram Essi et al. (2020).

Dentre os estudos genéticos que contribuem com informações relevantes para a conservação das espécies, têm-se os estudos com marcadores moleculares. Nas últimas décadas, os estudos utilizando marcadores têm avançado, permitindo entender polimorfismos e variações que existem no DNA dos organismos e encontrar informações importantes sobre a genética e as relações taxonômicas e evolutivas de diversos indivíduos (Grover et al., 2016).

Os marcadores moleculares permitem analisar a variabilidade do DNA em sítios específicos do genoma. Considera-se como um marcador molecular qualquer fenótipo molecular resultante de um gene expresso, como no caso de isoenzimas, ou de um fragmento específico de DNA, permitindo observar o polimorfismo, ou seja, as diferenças genéticas que existem entre os indivíduos (Faleiro et al., 2011; Segatto et al., 2017; Zanella et al., 2017).

A tecnologia de marcadores moleculares teve um grande avanço, onde os métodos iniciais eram baseados em fenotipagem e isoenzimas, e paulatinamente foram sendo substituídos por métodos baseados em sequências de DNA (Nadeem et al., 2018). Há várias formas de agrupar os diferentes tipos de métodos para acesso à informação genética. Milach (1998) organiza os marcadores conforme o método de detecção: por hibridização ou por PCR (Reação em Cadeia da Polimerase). Também podemos agrupar os métodos de acordo com a forma em que o resultado é “lido”: marcadores baseados em padrão de bandas e marcadores obtidos pela leitura direta da sequência de DNA. Em geral, os marcadores moleculares baseados em padrões de bandas são separados em dois grupos principais: marcadores dominantes e codominantes. Os marcadores dominantes permitem perceber a presença ou ausência de bandas, já os marcadores codominantes permitem determinar a frequência alélicas nos *loci* (Fu et al., 2013; Al-Samarai et al., 2015; Nadeem et al., 2018).

Para a avaliação da diversidade genética de diferentes espécies, vários tipos de marcadores moleculares podem ser utilizados (Ravi et al., 2003). Segundo Arif et al. (2011), os marcadores de DNA nuclear mais frequentemente utilizados para a conservação são os RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), em que se utiliza apenas um *primer* de sequência de nucleotídeo arbitrária, amplificando sequências aleatórias de DNA genômico (Cordeiro et al., 2019). Os marcadores AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) são obtidos através de uma combinação de digestão do DNA com enzimas de restrição e

PCR: uma técnica baseada em PCR que usa a amplificação seletiva de DNA digeridos para gerar e analisar sequências de interesse (Paun et al., 2012).

Os marcadores SSR (*Simple Sequence Repeat*), também conhecidos como microssatélites, empregam regiões de um a seis pares de bases repetidas *em tandem* no genoma (SSR) na análise, e são muito utilizados na análise da diversidade genética por serem relativamente abundantes e amplamente dispersos pelo genoma (Feng et al., 2016). Os ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*) são marcadores de alta reprodutibilidade, apresentando abundância de laços polimórficos, já que eles se anelam em regiões específicas do genoma, ou seja, os *primers* se anelam nos SSR (Domingues et al., 2017; Nikanta et al., 2017). Embora nesta técnica o *primer* anele em um SSR conhecido, a região amplificada (região entre dois SSR adjacentes) é desconhecida, e o padrão de bandas é bastante variável. Esta técnica, assim como RAPD, tem sido muito utilizada quando existe pouca ou nenhuma informação sobre o genoma da espécie-alvo.

Considerando o acesso direto a sequências de DNA, dos três genomas vegetais (nuclear, plastidial e mitocondrial), o genoma mitocondrial é o menos utilizado, ao contrário de estudos com animais, em que genes mitocondriais, tais como COI (citocromo oxidase C subunidade I) são muito populares (Neves et al., 2011). Para plantas, os genes ou espaçadores nucleares constituem um grupo de marcadores genéticos preferidos para a identificação de espécies, por serem altamente regiões repetidas, contendo regiões variadas flanqueadas por sequências de DNA mais conservadas, como também para a reação de PCR se utiliza *primer* universais (Patwardhan et al., 2014). Também são muito utilizados os genes ou espaçadores plastidiais, que possuem fácil amplificação, sequenciamento e alinhamento múltiplo, em que a quantidade de variação exibida é suficiente para analisar diversidade genética (Simeone et al., 2013).

Embora os estudos genéticos sejam de extrema importância para a conservação de espécies, nem sempre a escolha do marcador molecular para iniciar um estudo é uma tarefa fácil. Dentre as diversas opções de marcador, é necessário avaliar o custo-benefício, exequibilidade, necessidade de conhecimento prévio do genoma da espécie ou não, aceitação da técnica na comunidade científica, dentre outros fatores. Para espécies ameaçadas, que são particularmente difíceis de localizar e coletar, este cuidado deve ser redobrado. Também a urgência dos estudos interfere na escolha do marcador. Não se pode desperdiçar material e tempo.

Para auxiliar nesta tarefa, foi realizada uma revisão sobre estudos de genética de populações de espécies de plantas brasileiras ameaçadas de extinção, procurando identificar quais foram os marcadores moleculares mais utilizados pela comunidade científica nos últimos 15 anos. Espera-se que os resultados apresentados auxiliem os pesquisadores na seleção de marcadores moleculares para aqueles que se engajarem em estudos com genética de populações de espécies de plantas ameaçadas do Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Foi realizada uma revisão de literatura em busca de estudos genéticos de espécies da flora brasileira ameaçadas de extinção. Para tal, as espécies vegetais listadas no site do Centro Nacional de Conservação da Flora (CNC Flora, <http://cncflora.jbrj.gov.br/portal>) como ameaçadas (Vulneráveis - VU, Ameaçadas - EN, Criticamente Ameaçadas - CR) ou da categoria de deficiente de dados (DD) foram organizadas em planilhas. Após isso, para cada espécie foi realizada uma busca bibliográfica avançada no site “Periódicos Capes” (<http://www.periodicos.capes.gov.br>), contendo como critérios de busca: “espécie” (nome científico binomial sem autor de espécie, como um termo de pesquisa exclusivo), AND, genet*. Foram considerados os nomes aceitos e sinônimos relevantes citados no próprio CNC Flora. Foram considerados apenas artigos, publicados do ano de 2006 até 2021. Os resultados de cada busca foram depurados, separando apenas aqueles artigos que utilizaram de marcadores moleculares num contexto de genética de populações, em estudos no território brasileiro (ou envolvendo populações naturais das espécies no Brasil, para aquelas espécies ameaçadas não endêmicas). Os resultados obtidos foram compilados em planilhas, para somatório e identificação dos marcadores moleculares mais utilizados. As técnicas e marcadores citados nos artigos foram categorizados em dois grupos principais: marcadores baseados em padrões de bandas e marcadores baseados em sequências de DNA. Os marcadores baseados em padrões de bandas foram classificados em dominantes ou codominantes. Já os marcadores baseados em sequências de DNA foram separados conforme o genoma de origem: plastidial, nuclear ou mitocondrial.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Segundo CNC Flora (2020) existem 2.953 espécies de plantas ameaçadas de extinção no Brasil. Destas, foram encontrados na busca estudos para apenas 137 espécies, com os critérios escolhidos. Para estas espécies, obteve-se um total de 3.126 resultados de busca, porém apenas 194 resultados atendem ao escopo de trabalho buscado. Esses artigos incluíram diferentes tipos de técnicas, apresentadas na Tabela 1, tais como marcadores dominantes de DNA (ISSR, AFLP, RAPD), marcadores de DNA codominantes (RFLP - *Restriction Fragment Length Polymorphism* - e SSR), marcadores de proteínas (isoenzimas e aloenzimas), como também sequenciamento de DNA (genes, espaçadores, introns ou sequenciamento genômico e outras sequências analisadas como SNPs - *Single Nucleotide Polymorphism*). Alguns artigos apresentaram o uso de mais de um tipo de marcador, totalizando 231 para 194 artigos.

Os marcadores mais usados foram os SSR (64 estudos), seguido de genes plastidiais (56 estudos), genes nucleares (32 estudos), AFLPs (30 estudos), ISSRs (17 estudos) e RAPDs (16). Também foram encontrados estudos utilizando isoenzimas/aloenzimas (9), SNPs (5). Um estudo envolveu sequenciamento de genoma.

Uma grande variedade de genes ou espaçadores plastidiais foi utilizada nos estudos. Alguns espaçadores muito citados foram: rpl32-trnL, rps16-trnK, trnD-trnT, psbC-trnS e trnS-trnfM, atpB-rbcL, trnS-psbC, rbcL, psbA-trnH, trnL, trnQ-rpS16, trnT-F, trnS-G, trnH-psbA, trnD-T, rps16, matK e trnL-trnF. Com relação aos genes ou espaçadores do genoma nuclear, o destaque são os ITS (*Internal Transcribed Spacers*). Não foram encontrados estudos com genes mitocondriais com nossos critérios de busca.

Tabela 1. Número de artigos sobre diversidade genética de espécies de plantas ameaçadas de extinção no Brasil, separados por tipo de marcador molecular utilizado no estudo. *Artigos utilizando mais de um marcador foram contabilizados duplamente. **Sequências de DNA identificadas nos artigos como SNPs foram contabilizadas separadamente na tabela, mesmo que pudessem ser enquadradas em outras categorias da tabela (classificação acompanhou o descrito em cada artigo). Fonte: os autores.

Tipo de marcador	Subtipo de marcador	Técnica	Número de artigos utilizando esse marcador*
Marcadores baseados em padrões de bandas de DNA	Marcadores Dominantes	RAPD	16
		ISSR	17
		AFLP	30
	Marcadores Codominantes	SSR	64
		RFLP	1
Marcadores baseados em sequências de DNA	Genes ou espaçadores nucleares		32
			56
	Outros	SNPs**	5
		Sequenciamento do genoma	1
Outros marcadores moleculares	Alozimas ou izoenzimas		9

Existe uma evidente carência de estudos genéticos específicos para a conservação das espécies ameaçadas de extinção em comparação com o elevado número de espécies na lista vermelha nacional (Essi et al., 2020). Ainda que insuficientes, os estudos disponíveis auxiliam no direcionamento para a escolha dos marcadores para espécies ameaçadas, bem como para nativas não ameaçadas. A partir dos resultados obtidos, foi possível concluir que o tipo de marcador molecular mais utilizado em espécies ameaçadas de extinção até o momento é o SSR. Esse achado corrobora com o apontado por Oleas et al. (2013) e por Paunescu (2009) para plantas em geral. Silva Junior et al. (2020) afirmam que esse marcador molecular é mais utilizado por apresentar alta reprodutibilidade e polimorfismo, promovendo

identificação simultânea de vários alelos, como também essas sequências *em tandem* estão distribuídas de forma uniforme pelo genoma, e possuem um melhor custo benefício.

Os genes ou espaçadores plastidiais também estão sendo muito utilizados em espécies ameaçadas de extinção, esse resultado também, foi encontrado por Jhon et al. (2019). Fragmentos plastidiais em geral são de fácil amplificação, esses genes apresentam um genoma conservado, de tamanho pequeno e estrutura simples (Liu et al., 2020). Yang et al. (2017) apontam que esse tipo de marcador molecular é essencial para reconstrução de filogenia, sendo de extrema importância para entender a história evolutiva de diferentes espécies de plantas ameaçadas de extinção.

Os genes ou espaçadores nucleares, em especial as sequências ITS, estão também entre os marcadores mais utilizados em espécies de plantas ameaçadas de extinção. Resultado semelhante foi encontrado por Al-Qurainy et al. (2013). Esse marcador apresenta grande variabilidade genética, por apresentar regiões com comprimentos variáveis devido a mutações pontuais e inserções ou deleções (Giudicelli et al., 2017). As sequências de ITS têm sido amplamente utilizadas, assim como os marcadores plastidiais, para compreender hipóteses filogenéticas ou em estudos de evolução molecular em plantas, como também incluindo vários níveis taxonômicos (Trifonova et al., 2016).

Também tem sido bastante utilizada a técnica de AFLP para obtenção de marcadores, por ser uma ferramenta eficaz para genética populacional de plantas, revelando um alto polimorfismo, principalmente para espécies que não possuem muitos estudos moleculares (Costa et al., 2016). Na busca realizada, observou-se que a maior parte dos estudos utilizando AFLP foram para estudo do palmitero, *Euterpe edulis* Mart., uma espécie ameaçada de grande importância comercial.

Marcadores dominantes como os ISSR tem sido pouco utilizado, comparados com os microssatélites, esses resultados reforçam os estudos feitos por Khan et al. (2012). Os marcadores ISSR possuem alto polimorfismo, não necessitam de estudos prévios da sequência de DNA, como também apresentam um baixo custo para o desenvolvimento (Vijayan, 2005; Silva et al., 2016; Guizado et al., 2020). São marcadores bastante úteis quando não se tem muita informação prévia sobre o genoma de uma espécie, do mesmo modo que os RAPDs, mas perdem para os SSRs em possibilidades de análises, visto que são marcadores dominantes, e a informação sobre os heterozigotos não fica disponível (Felix et al., 2020).

Existe uma grande demanda para o aumento de estudos com marcadores moleculares para espécies ameaçadas. Tais estudos têm sido uma ferramenta poderosa para entender as variações genéticas dentro e entre as populações ameaçadas de extinção. Também têm permitido uma análise mais aprofundada da dinâmica populacional, auxiliando na compreensão da dispersão, fragmentação e isolamentos das populações. Esses dados são de extrema importância para desenvolver estratégias de conservação, que levem em consideração a diversidade genética das espécies.

CONCLUSÃO

Os marcadores moleculares mais utilizados em estudos de diversidade genética em espécies de plantas ameaçadas de extinção no Brasil são SSR, genes ou espaçadores plastidiais, genes ou espaçadores nucleares, AFLP e ISSRs. Esses marcadores permitem analisar as variações genéticas que existem entre as populações de espécies ameaçadas de extinção, permitindo desenvolver estratégias de conservação para as mesmas.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alencar JLM et al. (2018). Genetic and ecological niche modeling of *Calydorea crocoides* (Iridaceae): an endemic species of subtropical Highland Grasslands. *Genetics and Molecular Biology*, 41(1): 327-340.
- Al-Qurainy F et al. (2013). Assessment of phylogenetic relationship of rare plant species collected from Saudi Arabia using internal transcribed spacer sequences of nuclear ribosomal DNA. *Genetics and Molecular Research*, 12(1): 723-730.
- Al-Samarai FR et al. (2015). Molecular Markers: an Introduction and Applications. *European Journal of Molecular Biotechnology*, 9(3): 118-130.
- Arif IA et al. (2011). DNA marker technology for wildlife conservation. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 18: 219-225.
- Brummitt NA et al. (2015). Green plants in the red: a baseline global assessment for the IUCN sampled red list index for plants. *PLOS One*, 10(8):0135152.
- Cordeiro G et al. (2019). Molecular identification of three species of *Oncideres* (Coleoptera: Cerambycidae) using RAPD markers. *Anais da Academia Brasileira de Ciências*, 91(3): e20180209.
- Costa R et al. (2016). Comparison of RAPD, ISSR, and AFLP Molecular Markers to Reveal and Classify Orchardgrass (*Dactylis glomerata* L.) Germplasm Variations. *PLoS ONE* 11(4): 0152972.
- Domingues SD et al. (2017). Selection of primers for Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) in *Cereus* sp. (Cactaceae). *Revista Biotecnologia & Ciência*, 6(2): 46-54.
- Essi L et al. (2020). Threatened and understudied: the lack of genetic data of endangered Brazilian plant species. *Ciência e Natura*, 42.
- Faleiro FG et al. (2011). *Biotecnologia: estado da arte e aplicações na agropecuária*. 1 ed. Embrapa Cerrados. 730p.
- Felix FC et al. (2020). Applications of issr markers in studies of genetic diversity of *Pityrocarpa moniliformis*. *Revista Caatinga, Mossoró*, 33(4): 1017-1024.
- Feng S et al. (2016). Development of SSR Markers and Assessment of Genetic Diversity in Medicinal *Chrysanthemum morifolium* Cultivars. *Frontiers in Genetics*, 7(113).

- Flora do Brasil (2020). Disponível em: <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/reflora/listaBrasil/ConsultaPublicaUC/ConsultaPublicaUC.do#CondicaoTaxonCP>>. Acessado em: 13/05/2021.
- Forgiarini C et al. (2017). Using population characteristics to evaluate the conservation status of endangered grassland species – The case of *Herbertia zebra* in southern Brazil. *Flora*. 119-125.
- Fu X et al. (2013). RADtyping: an integrated package for accurate de novo codominant and dominant RAD genotyping in mapping populations. *PLoS ONE* 8(11): e79960.
- Giudicelli GC et al. (2017). Secondary structure of nrDNA Internal Transcribed Spacers as a useful tool to align highly divergent species in phylogenetic studies. *Genetics and Molecular Biology*, 40(1): 191-199.
- Grover A et al. (2016). Development and use of molecular markers: past and present. *Critical reviews in biotechnology*, 36(2): 290-302.
- Guizado SJV et al. (2020). Genetic diversity and population structure of endangered rosewood from the Peruvian Amazon using ISSR markers. *Acta Amazonica*, 50(3): 204-212.
- Ibrahima MA et al. (2013). Significance of endangered and threatened plant natural products in the control of human disease. *PNAS*, 1010(42): 16832-16937.
- Jhon ALW et al. (2019). Genetic diversity and population structure of naturally rare *Calibrachoa* species with small distribution in southern Brazil. *Genetics and Molecular Biology*, 42(1): 108-119.
- Khan S et al. (2012). Biotechnological approaches for conservation and improvement of rare and endangered plants of Saudi Arabia. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 19: 1-11.
- Liu L et al. (2020). The complete chloroplast genome of *Papaver setigerum* and comparative analyses in Papaveraceae. *Genetics and Molecular Biology*, 43(3): e20190272.
- Milach SCK (1998). Principais tipos de marcadores moleculares e suas características. In: *Marcadores Moleculares em Plantas*. Porto Alegre: UFRGS, 17-28.
- Nadeem MA et al. (2018). DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 32(2): 261-285.
- Neves SS et al. (2011). Plant DNA Sequencing for Phylogenetic Analyses: From Plants to Sequences. *Network Biology: Methods and Applications, Methods in Molecular Biology*. 183-235p.
- Nikanta H et al. (2017). ISSR Marker Based Population Genetic Study of *Melocanna baccifera* (Roxb.) Kurz: A Commercially Important Bamboo of Manipur, North-East India. *Hindawi Publishing Corporation Scientifica*. 2017: 9.
- Oleas NH et al. (2013). Molecular Markers and Conservation of Plant Species in the Latin-America: The Case of *Phaedranassa viridiflora* (Amaryllidaceae). *The Botanical Review*, 79:507–527.

- Patwardhan A et al. (2014). Molecular Markers in Phylogenetic Studies-A Review. *Phylogenetics & Evolutionary Biology*, 2(2):100013.
- Paun O et al. (2012). Amplified fragment length polymorphism: an invaluable fingerprinting technique for genomic, transcriptomic, and epigenetic studies. *Methods in Molecular Biology*, 862.
- Paunescu A (2009). Biotechnology for endangered plant conservation: a critical overview. *Romanian Biotechnological Letters*, 14(1): 4095-4103.
- Planchuelo G et al. (2020). Endangered plants in Novel Urban Ecosystems are filtered by strategy type and dispersal syndrome, not by spatial dependence on natural remnants. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 8(18).
- Ravi M et al. (2003). Molecular Marker based Genetic Diversity Analysis in Rice (*Oryza sativa* L.) using RAPD and SSR markers. *Euphytica*, 133: 243–252.
- Segatto AL et al. (2017). Marcadores moleculares baseados na análise de sequências: utilização em filogenia e filogeografia. *Marcadores Moleculares na Era Genômica: Metodologias e Aplicações. Sociedade*, 77–94.
- Silva Junior MSFS et al. (2020). SSR and ISSR markers in assessing genetic diversity in *Gallus gallus domesticus*: a quantitative analysis of scientific production. *Ciência Rural*, 50(7): e20190401.
- Silva BM et al. (2016). Genetic diversity estimated using inter-simple sequence repeat markers in commercial crops of cupuassu tree. *Ciência Rural*, 46(1): 108-113.
- Simeone MC et al. (2013). Application of plastid and nuclear markers to DNA barcoding of Euro-Mediterranean oaks (*Quercus*, Fagaceae): problems, prospects and phylogenetic implications. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 172: 478–499.
- Sodhi NS et al. (2009). Causes and consequences of species extinctions. *The Princeton guide to ecology*, 1: 514-520.
- Trifonova AA et al. (2016). Analysis of the ITS1/ITS2 Nuclear Spacers and the Secondary Structure of 5.8S rRNA Gene in Endemic Species *Bellevalia sarmatica* (Pall. ex Georgi) Woronow and Related Species of the Subfamily Scilloideae. *Russian Journal of Genetics*, 52(5): 530–534.
- Vijayan K (2005). Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) Polymorphism and Its Application in Mulberry Genome Analysis. *International Journal of Industrial Entomology*, 10(2): 79-86.
- Yang R et al. (2017). Genetic structure and demographic history of *Cycas chenii* (Cycadaceae), an endangered species with extremely small populations. *Plant Diversity*, 39: 44-41.
- Zanella CM et al. (2017). Microssatélites: Metodologias de identificação e Análise. In: *Marcadores Moleculares na Era Genômica: Metodologias e Aplicações. Sociedade Brasileira de Genética*, 95-117.

ÍNDICE REMISSIVO

A

alelopatia, 27, 32, 33, 35
Alto Alegre/RR, 6, 9
altura, 11, 164, 174, 175, 176, 177, 197, 198, 199, 207
área de preservação permanente, 4, 160
Ateleia glazjoviana, 4, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 34
atividades antrópicas, 160, 161

B

babaçu, 4, 125, 126, 128, 129, 132, 135, 136, 137
bacias hidrográficas, 100, 121, 123, 160
berinjela, 195, 196, 197, 198, 199, 200, 202, 203, 204, 206, 207, 208
blocos ecológicos, 9, 10, 11

C

Canavalia ensiformis, 82
cobertura vegetal, 4, 99, 100, 101, 102, 104, 105, 107, 110, 115, 116, 117, 118, 119, 120, 121, 165
condições climáticas, 58, 139, 144, 145, 148
controle químico, 70
cultivo, 4, 33, 36, 37, 41, 48, 49, 51, 57, 82, 88, 138, 139, 140, 141, 142, 143, 144, 145, 146, 147, 148, 149, 172, 195, 196, 203

D

degradação ambiental, 102, 160
dieta, 49, 56, 57, 59, 60, 65, 68

E

espécies ameaçadas de extinção, 151, 154, 155, 156

F

fibra, 53, 55, 64, 184
fisiologia, 136, 203
fotossíntese, 15, 18, 19, 20, 32, 144, 175, 195, 197, 200, 202, 203, 204

G

genética, 4, 49, 148, 150, 151, 152, 153, 154, 155, 156
genótipos, 138
germinação, 4, 27, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 136, 180

H

habitação popular, 4, 6
heading phenophase, 91, 92, 95, 96
Heatwave, 91, 92, 93, 94, 95

I

inibição, 28, 32, 199
inoculante, 172

L

Lactuca sativa L., 29, 34, 138, 148
levedura, 51, 52, 54, 55, 56, 60, 61, 62, 63, 64, 65

M

mamão, 4, 48, 49, 50, 52, 54, 55, 56, 57
marcadores dominantes, 151, 153, 155
massa seca, 30, 32, 139, 144, 174, 177
melão, 4, 55, 58, 59, 60, 61, 62, 63, 64, 65
micro-organismo, 51, 54, 56, 61, 64, 65
modelos estatísticos, 4, 125, 127
mutirão, 6, 8, 9, 10, 12

N

NDVI, 104, 108, 109, 110, 115, 116, 117, 118, 119, 120
nitrogênio, 18, 20, 61, 82, 172, 177, 178, 179

P

parasitoide, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 74, 75, 76, 80
populações naturais, 126, 129, 135, 151, 153
potássio, 59, 89, 173, 195, 196, 197, 198, 199, 200, 202, 203, 204, 205, 206, 207, 208, 209

R

ração, 4, 48, 50, 58, 125
raiz, 29, 30, 32, 178
rendimento, 58, 60, 89, 126, 135, 143, 145, 179

S

seletividade, 4, 67, 68, 69, 70, 71, 72, 73, 75, 76,
78

sementes, 18, 28, 29, 30, 31, 32, 34, 35, 38, 39,
90, 125, 136, 137, 148, 150, 173, 179, 180,
197

Sensoriamento Remoto, 99, 103, 123, 124, 170

SIG, 15, 16, 100, 103, 120, 163

T

temperature, 89, 91, 92, 94, 98

Trichogramma, 4, 67, 68, 71, 72, 73, 74, 75, 76,
77, 78, 79, 80

V

variabilidade fenotípica, 125

variáveis biométricas, 125, 128, 197

W

wheat, 91, 92, 94, 95, 97, 98

Z

zonas ripárias, 160

SOBRE OS ORGANIZADORES



  **Alan Mario Zuffo**

Engenheiro Agrônomo, graduado em Agronomia (2010) na Universidade do Estado de Mato Grosso (UNEMAT). Mestre (2013) em Agronomia - Fitotecnia (Produção Vegetal) na Universidade Federal do Piauí (UFPI). Doutor (2016) em Agronomia - Fitotecnia (Produção Vegetal) na Universidade Federal de Lavras (UFLA). Pós - Doutorado (2018) em Agronomia na Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul (UEMS). Atualmente, possui 150 artigos publicados/aceitos em revistas nacionais e internacionais, 124 resumos simples/expandidos, 52 organizações de e-books, 32 capítulos de e-books. É editor chefe da Pantanal editora e revisor de 18 revistas nacionais e internacionais. Contato: alan_zuffo@hotmail.com.



  **Jorge González Aguilera**

Engenheiro Agrônomo, graduado em Agronomia (1996) na Universidad de Granma (UG), Bayamo, Cuba. Especialista em Biotecnologia (2002) pela Universidad de Oriente (UO), Santiago de Cuba, Cuba. Mestre (2007) em Fitotecnia na Universidade Federal do Viçosa (UFV), Minas Gerais, Brasil. Doutor (2011) em Genética e Melhoramento de Plantas na Universidade Federal do Viçosa (UFV), Minas Gerais, Brasil. Pós - Doutorado (2016) em Genética e Melhoramento de Plantas na EMBRAPA Trigo, Rio Grande do Sul, Brasil. Professor Visitante na Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS) no campus Chapadão do Sul (CPCS), MS, Brasil. Atualmente, possui 61 artigos publicados/aceitos em revistas nacionais e internacionais, 29 resumos simples/expandidos, 39 organizações de e-books, 24 capítulos de e-books. É editor da Pantanal Editora e da Revista Agrária Acadêmica, e revisor de 19 revistas nacionais e internacionais. Contato: jorge.aguilera@ufms.br.

ISBN 978-658831970-3



Pantanal Editora

Rua Abaete, 83, Sala B, Centro. CEP: 78690-000

Nova Xavantina – Mato Grosso – Brasil

Telefone (66) 99682-4165 (Whatsapp)

<https://www.editorapantanal.com.br>

contato@editorapantanal.com.br

